Ultima ratio

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии

Том 1, № 2

2008 июль

Российская Академия ДНК-генеалогии

ISSN 1942-7484

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Научно-публицистическое издание Российской Академии ДНК-генеалогии. Издательство Lulu inc., 2008.

Издание 2-е, исправленное.

Авторские права защищены. Ни одна из частей данного издания не может быть воспроизведена, переделана в любой форме и любыми средствами: механическими, электронными, с помощью фотокопирования и т. п. без предварительного письменного разрешения авторов статей.
При цитировании ссылка на данное издание обязательна.

Составитель
Российская Академия ДНК-генеалогии

Оформление издания
Михаил Темош

© Авторские права статей принадлежат их авторам, 2008.

© РА-ДНК, 2008.

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление ……...……..... 233

Предисловие ……. 234

Се - Человек. *А. Клёсов*…….……..…….. 237

Основные положения ДНК-генеалогии. *А. Клёсов*..…….. 252

Веса, или относительные скорости мутаций маркеров. *В. Урасин* . 349

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии.
А. Клёсов ……....……. 387

Предисловие

Уважаемый читатель,

Уже тот факт, что вы открыли и читаете это издание, говорит о том, что вы или работаете в области ДНК-генеалогии, или интересуетесь ею. В обоих случаях вы правы.

Этот выпуск – первое на русском языке издание Вестника Российской Академии ДНК-генеалогии. Это название звучит громко для людей, привыкших к тому, что Академия – это нечто заоблачное, связанное с высокими зарплатами, государственными квартирами в домах на набережных, домработницами, машинами с персональным шофером, дачами и санаториями. Ну и, само собой, белый халат, черная академическая шапочка, золотой значок на лацкане. В общем, все атрибуты Мосфильма.

Но самом деле это не так, и никогда не было так во всем мире, кроме одной шестой части суши. Академия – это обычно ассоциация людей, объединенных общими интересами в познании мира и его отражении доступными им средствами, будь то академия художеств, академия искусств или академия наук. Академия предоставляет информацию для широкого круга людей, публикует работы и устраивает выставки и конференции.

Это и есть цель и основная задача Российской Академии ДНК-генеалогии. Один из первых ее трудов – у вас в руках. Материалы этого выпуска – результат десятков и сотен обсуждений небольшой группы энтузиастов, которые по своей основной работе представляют совершенно различные профессии – наука, инженерия, металлургия, гидрология, история, лингвистика, компьютерное программирование, антропология, археология, книжный и плакатный дизайн, искусство, и так далее. А значит, мы видим картину мира с самых разных сторон. И эти наши видения в данном случае устремлены на фрагменты ДНК, несущие информацию о наших предках от сотен лет до десятков тысяч лет вглубь. Ни один генетик, историк или лингвист не может владеть таким разнообразием понятийных аппаратов, каким – в совокупности – владеем мы.

Наша задача – не подменять историю, этнографию, лингвистику, не переписывать их заново, не огульно «отметать» их, как это свойственно многим «новохронологам». Да и глупо заново переписывать и отметать знания, накопленные в профессиональных областях науки. Наша задача – взять представителей этих дисциплин за руку, с уважением подвести к ДНК-генеалогии, и сказать – смотрите, какая сокровищница новой информации! Мы

вам поможем со всем этим разобраться. Мы знаем как это интерпретировать. Мы поможем вам рассчитать, когда были те или иные события и как они проходили. А вы сверите с вашими результатами, и решите, насколько возможна оптимизация наших с вами подходов в совокупности, чтобы в итоге получить новое знание, ответить на загадки древности.

Принцип работы любой Академии – это обмен информацией и создание нового знания. Наша Академия создана именно для этого.

Поэтому Вестник Академии – это мультидисциплинарное, многопрофильное издание, рассматривающее вопросы ДНК-генеалогии как таковой, а именно, принципы биологической и биохимической организации фрагментов ДНК, несущих информацию, которой оперирует ДНК-генеалогия, причины и закономерности возникновения мутаций в этих фрагментах, приводящих к появлению гаплотипов и гаплогрупп, но также и вопросы истории древнего мира, языкознания древнего мира, миграций народов древнего мира – то, на что современные науки отвечают с большой неопределенностью и трудностью. То, в чем имеется многообразие конфликтующих научных точек зрения. То, о чем официальная наука зачастую просто не хочет говорить, все еще будучи под влияние политических догм недавнего прошлого.

В этом – сила ДНК-генеалогии. Она предоставляет количественную информацию во всех этих направлениях, она в принципе свободна от политических мотивов и пристрастий, которые, конечно, привносят сами люди, и она пока свободна от клановости, от доминирования научных школ, которых пока практически нет.

Основным критерием публикации статей в Вестнике является рассмотрение гаплотипов и гаплогрупп. Если статья, например, освещает вопросы истории, лингвистики или антропологии, в ней непременно должна быть привязка к особенностям ДНК в отношении гаплотипов и гаплогрупп, которая или направлена на решение вопросов истории, лингвистики или антропологии с помощью ДНК-генеалогии, или наоборот, на прояснение, интерпретацию вопросов ДНК-генеалогии с помощью других дисциплин.

Статьи будут публиковаться на русском или английском языках, с возможным размещением статей на английском языке в специальных выпусках.

Вестник будет также содержать раздел «Дискуссии», материал для которого будет браться с дискуссионного сайта http://www.dnatree.ru/index.php

Несколько слов о самой Академии. Членом Академии может стать любой человек, который определил свой гаплотип/гаплогруппу, принимает активное

участие в дискуссиях на указанном выше сайте, публикует статьи в Вестнике и/или профессиональных изданиях в области ДНК-генеалогии, кто изъявил(а) желание стать членом Академии и кто избран членом Академии.

Академия ДНК-генеалогии не является коммерческим изданием, но публикует данный Вестник как платное издание. Гонорары авторам статей не выплачиваются, а все деньги от продажи Вестника идут на организационные и прочие нужды Академии. Для оказания консультационной помощи на коммерческой основе Академия может по согласованию направить подобные запросы в соответствующие коммерческие организации. Академия не имеет отношения к работе отдельных ее членов в коммерческих организациях и предоставлению ими платных консультаций.

Лозунг Академии, размещенный на обложке Вестника – Ultima Ratio, что означает «последний аргумент». Хочется верить, что именно так историки, лингвисты, археологи и представители смежных дисциплин будут рассматривать гаплотипы и гаплогруппы в своих изысканиях – конечно, когда гаплотипы и гаплогруппы собраны и обработаны правильно.

И приблизить то время – это тоже задача Академии и ее Вестника. Давайте, уважаемые читатели, решать эту задачу по возможности вместе.

Анатолий А. Клёсов

Июнь 2008

Се - Человек

Анатолий Клёсов

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

Разрешите представиться. Я - *13-24-16-11-11-15-12-12-10-13-11-30*. Это по мужской линии. По материнской - *16519C, 263G, 309.1C, 315. 1C, 477C*.

Это - то, что я на самом деле имею. Это мой настоящий паспорт. Моя идентификация. Мой гаплотип. Все остальное в жизни я мог выбрать - по своему желанию или по обстоятельствам. Но не наследственный код, записанный в моих генах.

Эти два ряда цифр уходят во тьму веков и тысячелетий. Первый набор цифр я получил от своего отца, он - от своего отца, тот - от своего, моего прадеда. И так далее, на глубину примерно 80 тысяч лет. Туда, к моему предку 80 тысяч лет назад, сходятся все прямые генеалогические нити от всех живущих сегодня мужчин. Он - прямой праотец всех мужчин на сегодняшней Земле.

Его условно называют "хромосомным Адамом". Конечно, он не был первым человеком, первым мужчиной на Земле. Просто остальные, кроме его прямых предков, в том числе старше его на тысячелетия, на десятки и сотни тысяч лет, не выжили, не оставили мужского потомства, или потомство оборвалось на протяжении этих тысячелетий. Войны, сражения, убийства, болезни, рождение только дочерей, ранняя смерть сыновей - все это терминирует прямую мужскую генеалогическую линию. Тысячи таких терминирований происходят сегодня, каждый день. Но тысячи каждый день получают продолжение, с рождением каждого мальчика.

Первая цепочка цифр передается только мужчинам. Они, эти цифры, передают в привычной для нас арифметической системе определенные последовательности нуклеотидов в нашей мужской хромосоме Y, которой нет у женщин. Эти последовательности очень консервативные, и не мутируют многие поколения. Они записаны в так называемых "никчемных" последовательностях хромосом, которые ничего не кодируют. Но они, эти последовательности, с поразительной точностью копируются от отца к сыну, из поколения в поколение.

У женщин - своя система. Второй ряд цифр, приведенный в самом верхнем абзаце, передает расположение нуклеотидов в короткой цепочке митохондриальной ДНК. Какой такой митохондриальной ДНК - об этом речь позже. Главное - что эти последовательности передаются тоже с поразительной точностью от матери - дочери. Дочь получила их от своей матери, та - от своей. И так далее, на глубину примерно 140 тысяч лет. Туда, к "митохондриальной Еве" сходятся все прямые генеалогические нити от всех живущих сегодня людей. Она - прямая прамама всех людей на сегодняшней Земле. Да, и женщин, и мужчин. Потому что та цепочка ДНК, передающаяся от матери дочери, передается в том же виде и сыну.

Так что наша Ева никогда не встречала нашего Адама. А почему митохондриальная Ева гораздо старше хромосомного Адама - на то есть причины. Женщины в целом дольше живут. Их меньше выбивали на войнах. И, самое главное - что женская генеалогическая информация хотя и терминируется на мальчиках, но девочкам-то передается, а те передают ее своим детям, как девочкам, так и мальчикам. Так что сыновья эту информацию хоть и не передают, но сохраняют.

Часть 1.
О мужчинах

Все люди на Земле - генетические и генеалогические родственники. Все произошли от одного предка по мужской линии, и от одной - по женской. Остальные, как уже было сказано, не выжили. Все мужчины на Земле, все 100%, имеют вот такой набор маркеров в той самой «никчемной» части ДНК:

DYS# 19, 388, 390, 391, 392, 393

Это – минимальный набор, который обычно рассматривают в ДНК-генеалогии. Но на самом деле маркеров в ДНК-генеалогии гораздо больше, несколько сотен. Все они имеют присвоенные им номера, которые особенного смысла не имеют. Просто номера по принятой классификации. Эти «маркеры» еще называют «локусы», и с ними связаны такие понятия, как «микросателлиты», или STRs, short tandem repeats. Почему repeats, то есть повторы, они же аллели – об этом чуть ниже.

Этот набор еще называют «научным», потому что именно его используют во многих научных публикациях. В ДНК-генеалогии чаще используют 12-маркерный набор, например, тот, который приведен в самом начале этого рассказа. Для более детальных описаний – 25-маркерный, 37 –маркерный, или

даже 67-маркерный. В принципе, каждому мужчине можно выдать «паспорт», состоящий из сотен таких цифр, но это пока не имеет практического значения.

Эти наборы сохранились в наших ДНК от самых первых мужчин, которые смогли передать нам всем свою генеалогическую память, и потомство которых выжило 80 тысяч лет назад, и пронесло эти маркеры до настоящего времени.

DYS расшифровывается как "ДНК Y Сегмент", по-английски DNA Y Segment. Y - это та самая мужская половая хромосома, о которой речь шла выше. Мою ДНК анализировали по 67 маркерам, первые двенадцать из которых приведены в начале статьи. Я мог бы привести и все 67 цифр, но всему свое время.

А что такое "анализировали"? - спросит любознательный читатель.

А вот что. Сама хромосома Y - относительно невелика по сравнению с другими хромосомами человека. Все 46 хромосом, 23 пары, в совокупности состоят из трех миллиардов нуклеотидов, и в их составе примерно 30 тысяч генов. Стало быть, в среднем по 65 миллионов нуклеотидов и по 652 гена на хромосому. Хромосома Y состоит из 50 миллионов нуклеотидов, и в ней - всего 27 генов. Остальная часть - некодирующая, "никчемная". Оказалось, в этой "никчемной" части имеются некие загадочные повторы нуклеотидов. Например, шестнадцать раз повторяется квадруплет ТАГА (тимин - аденин - гуанин - аденин). Вот так:

ТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТ
АГАТАГАТАГА

Или - одиннадцать раз триплет ТАТ (тимин - аденин - тимин). Ну, суть ясна. Оказалось, что эти повторы могут служить генеалогическими маркерами. Потому что эти повторы одинаковы у меня и моего отца. И моего дедушки. И дедушки его дедушки. И так далее, в ту самую глубину веков. А у другого человека, не моего прямого родственника, число этих повторов уже другое, хотя сам маркер - тот же.

На самом деле, если пройти в глубь веков, число повторов будет немного различаться, и именно это делает возможной ДНК-генеалогию. Потому что если бы у всех было одинаково, то и у любого другого человека было бы то же самое. И тогда не было бы ДНК-генеалогии. Но в жизни абсолютного постоянства нет. Об этом немного позже.

Число повторов в генетике называют аллелями, но не будем насыщать этот рассказ научными терминами. Пусть будут повторы.

Квадруплетный маркер ТАГА (в повторах) носит номер DYS#19. Все мужчины на Земле имеют этот маркер, но в повторах от 11 до 19 раз подряд (их называют "тандемные повторы"). У меня этот маркер повторяется 16 раз подряд. А, скажем, у Томаса Джефферсона, третьего президента США - 15 раз. То есть по этому одному маркеру мы с Джефферсоном удалены генеалогически на один шаг. По другому маркеру, DYS#392, повторяющемуся триплету ТАТ, у меня 11 повторов подряд. У Джефферсона, раз уж мы взяли его за сравнение - 15 раз. То есть дистанция выросла до пяти шагов только по двум маркерам. Из этого уже можно сразу сказать, что он не мой близкий родственник. В смысле, что наш с Джефферсоном общий предок жил много тысяч лет назад, и ближе по времени общих предков у меня с ним уже не было. Потому что для «научных» наборов из шести маркеров дистанция в один шаг – это уже в среднем три тысячи лет до общего предка. А тут на двух маркеров пять шагов – десятки тысяч лет разницы.

Так вот, генеалогический анализ хромосомы Y - это и есть определение числа повторов в каждом маркере. Результатом является гаплотип конкретного человека, например, в том виде, который записан в самом начале этого рассказа. Обычно анализ проводят или по 12 маркерам (это сейчас стоит 150 долларов), по 37 маркерам (260 долларов) или по 67 маркерам (350 долларов), но для того, чтобы платить такие ощутимые деньги, нужно понимать, что эти анализы могут дать и зачем они нужны.

Итак, подводим промежуточный итог. "Мужской" генеалогический анализ, или определение гаплотипа, можно проводить по определенному набору маркеров. Чем набор больше, тем точнее, но и дороже. Результат даст вам возможность найти своих родственников, имеющих одного общего предка, и оценить, насколько этот наш общий предок удален во времени. Масштаб удаления - сотни лет, тысячи, десятки тысяч лет, в зависимости от "генеалогической дистанции".

А почему число повторов в маркерах разное, и какое это имеет отношение к удаленности общего предка? А то, что чем дальше предок во времени, тем большее количество мутаций произошло в его хромосомах, и, в частности, в тех самых маркерах. Фермент, считывающий число повторов в зоне маркеров, работает исключительно точно. Представляете - пилит фермент вдоль квадруплетного повтора ТАГА, каждая из идентичных четверок повторяется, скажем, шестнадцать раз (DYS#19 = 16), в сумме 64 однообразных остатка, и наш фермент ни разу не ошибается, воспроизводя - реплицируя - эту тандемную цепочку. То есть не ошибается пятнадцать поколений, около четырехсот лет. И вдруг бац - ошибся. Напутал. Повторил не 16 раз, как завещали предки, а 15 или 17 раз. Мутация. Shit happens.

И родился мальчик с другим числом повторов данного маркера, сам того не подозревая. И, когда подрастет, родятся у него мальчики уже с DYS#19 = 15

или DYS#19 = 17, смотря по тому, в какую сторону произошла мутация. И если племя этого мальчика, ставшего к тому времени мужем, и оставившего мужское потомство, успешно передвинется в новые края, то вместе с ними передвинется и DYS#19 = 17, по пути приобретая новые мутации в среднем одну на каждые 15 поколений. Так образуются гаплогруппы - характерные картины повторов в маркерах ДНК, присущие группам населения, плюс дополнительные метки-мутации.

При этом маркеров много, и мутации в каждом происходят с разной вероятностью во времени. В каждом маркере как бы свои часы, со своим текущим положением стрелок. И вот совокупность этих стрелок по всем маркерам и дает индивидуальность того «паспорта», о котором шла речь в самом начале. Да еще и циферблаты разные – у каждого рода – свой. Эти разные циферблаты и есть дополнительные метки-мутации. То есть у каждого рода – своя гаплогруппа.

Чем более изолирована группа - тем более характерна и четка гаплогруппа. Но даже и при перемешивании групп населения гаплогруппы достаточно легко прослеживаются, поскольку отражают гаплотипы наших далеких предков, живших тысячелетия назад. То есть люди перемешались, а их гаплотипы - нет. Они, повторяю, неизбежно передаются из поколения в поколение.

Так что добавим к нашему "промежуточному итогу" - помимо возможностей найти родственников по прямой нисходящей мужской линии и оценить, примерно когда жил наш общий с найденным родственником предок - еще возможность найти, к какой исторической общности людей, к каким племенам относились наши предки. Ясно, что все они вышли из Африки (или там и остались - для многих чернокожих), потом двигались на север, оседая - одни на юге Аравийского полуострова, другие на Ближнем Востоке, или в Малой Азии, третьи двинулись в Европу, четвертые - в Сибирь, и по северной части, перейдя Берингов пролив (в то время - посуху), распространились по Америкам, пятые прошли по низам Гималаев в нынешние Китай и Юго-Восточную Азию, и оттуда переправились в Полинезию. Именно анализ гаплотипов показал, что неправ был Тур Хейердал, не из Южной Америки, а из Азии заселилась Полинезия.

И генеалогический анализ нашей Y-хромосомы позволяет ясно видеть отблески тысячелетней истории наших предков. Не предков вообще, а наших, каждого в отдельности прямых предков. Наших прародителей.

История в лицах

К настоящему времени база данных по маркерам Y-хромосомы составляет примерно 115 тысяч данных. Пока – капля в море, половина одной сотой процента мужского населения мира. Но уже с помощью компьютера можно получить интересные данные. Мои первые 12 маркеров были введены в эту базу данных, и компьютер показал восемь человек с абсолютно точным совпадением по всем 12 маркерам и по повторам в каждом из них. То есть этот мой конкретный гаплотип делят со мной восемь человек. Кто такие? Имена - вовсе не Иванов-Петров-Сидоров. Хотя, с другой стороны, по 12 маркерам наш общий предок - а что он был, и относительно недавно в историческом масштабе лет, несомненно - мог жить три-четыре тысячи лет тому назад. В общем, имена тех, у кого со мной полное совпадение по 12 маркерам:

Timothy Meese (Англия)
Wayne Henderson (Англия)
Michael Halfman (Германия)
James Cashner (Эльзас-Лотарингия, Германия)
David Schmidt (Gohrau, Германия)
Cedric Grifin (Англия)
Alvin Benson (Норвегия)
Lukasz Burczynski (Польша)

Понятно, что если бы охват по тестируемым был не 115 тысяч человек, а 115 миллионов, то список был бы в тысячу раз длиннее, и Россия появилась бы. Но пока что есть, то есть. Да, еще есть Эрик Римехауг, норвежец, с кем у меня два отклонения на 16 маркерах. Его самый далекий известный прямой предок Эйкли Хермунд родился в 1515 году в городке Гол в Норвегии, прожил 65 лет.

Ну, хорошо. А как насчет того, чтобы проверить гораздо более жестко - по 25 маркерам? Сузить поиск?

Оказался родственник - один, и то с двумя шагами (мутациями) в сторону. Что для 25 маркеров - просто почти родной. Кстати, это объясняет, что 37 маркеров мне пока в этом отношении пользы не принесли. Как и 67 маркеров. С 25-ю - и то не густо.

Да, к моему родственнику, Михаэлю Хафману. Живет в Германии. Его наиболее удаленный во времени предок, о котором имеются достоверные сведения - Хейнрих Хафман, родился в 1790 году в Германии. Прожил, чертяка, в те времена 70 лет. Статистически, с учетом двух мутаций на 25 маркерах, наш с Михаэлем общий предок родился задолго до Хейнриха, примерно 600 лет назад, то есть в 1400-х годах. Либо его занесло в те времена в Россию (вспомним на

момент Ван-Дорна), чтобы в 1580 году в России родился Иван Клёсов, сын боярский, которому в 1636 году царским указам за рейтарскую службу дали надел в 300 гектаров на Курщине (http://www.lebed.com/2007/art5160.htm, http://www.lebed.com/2007/art5167.htm), и который дал жизнь - по прямой линии - сыну Кирею, тот – Сергею, тот – Кондрату, тот – Афанасию, тот – Парамону, тот – Федору, тот – Авксентию, тот – Василию, тот – Илье, тот - Ермолаю, тот - Ивану, тот - Алексею, а тот - Анатолию, стало быть, мне. Либо моего прямого предка 600 лет тому занесло в Европу, и его (пра)n- внуком стал Хейнрих, а потом и Михаэль Хафман - сие мне пока неизвестно.

А на самом деле скорее всего было вовсе не так. Потому что все мы, с моей гаплогруппой – потомки одного рода ариев, и наш общий предок жил на территории нынешней России-Украины примерно 3700 лет назад. И предок наш отправился с сородичами-ариями походами и в Центральную Европу, и на юг, до Ближнего Востока, и в Иран, и в Индию. И везде разнес нашу, праславянскую гаплогруппу и наши гаплотипы. И живут их потомки, а значит, члены нашего рода, и на Западе, и на Юге, и на Востоке.

И дата эта, 3700 лет назад, не с потолка взята, а из наших же гаплотипов. Потому что те мутации в них тикают как часы, с размеренной средней скоростью, что и позволяет вычислить то время, когда они в наших гаплотипах начали тикать. А именно, с нашего общего предка. Об этом речь пойдет в следующих рассказах, и довольно подробно.

И вот к чему это приводит. Давайте посмотрим не на точные совпадения с моими 12 маркерами, а на те, которые отклоняются всего на один шаг. Всего на одну мутацию. Это – более информативное сопоставление, времени-то от нашего общего предка прошло немало, тысячи лет. Вот мутации и набежали. Так какая география моих сородичей-ариев?

Одну мутацию на моих 12 маркерах имеют по семь человек из России, Польши, Германии и Норвегии, шестеро из Финляндии, по четыре из Литвы, Англии, Швеции. Вот уже география походов ариев стала проясняться. А если по два отклонения, две мутации?

35 человек – Польша, 27 – Германия, 25 – Шотландия, 22 – Индия, 20 – Россия, 18 – Англия, 14 – Украина, 13 – Норвегия, по 10 – Греция и Италия.

Вот он, арийский ареал. Иной спросит – а Индия-то при чем? Так Индия – наши прямые родственники. Треть Индии – наш народ, тот, которого в России больше половины, с гаплогруппой R1a1. Их еще по старинке, а ныне политкорректно именуют «индоевропейцы». А на самом деле арии они. Как и мы, славяне, R1a1. Так наш древний род именуют в научных трудах. Вот здесь про это рассказано:

http://www.lebed.com/2007/art5034.htm

На самом деле родственников у меня значительно больше, с теми же гаплотипами, но их потомки пока не сдавали ДНК на анализ.

А те, кто сдал, что могут видеть? А вот что. Взглянем опять на классический набор маркеров

DYS# 19 - 388 - 390 - 391 - 392 - 393,

и на то, сколько повторов имеется в каждом маркере для разных групп людей. Напомним, что характерный рисунок этих повторов, в виде конкретных гаплотипов, определяет гаплогруппу, то есть генеалогическую общность людей, несущих одну потомственную характерную метку в ДНК.

Наиболее известный европейский гаплотип - так называемый "Атлантический модальный гаплотип" (АМГ), поскольку он характерен для многих людей, живущих вблизи Атлантического океана. Число повторов маркеров такое:

14 - 12 - 24 - 11 - 13 - 13

Более правильная, но более громоздкая запись была бы такой:

DYS19=14, DYS388=12, DYS390=24, DYS391=11, DYS392=13, DYS393=13.

Этот гаплотип принадлежит к гаплогруппе R1b.

У меня соответствующие шесть цифр следующие:

16 - 12 - 24 - 11 - 11 - 13

Как видно, я отклоняюсь от атлантического гаплотипа на четыре шага при шести маркерах. У меня - та же гаплогруппа R1, но другая подгруппа (R1a1), но об этом ниже.

Продолжение истории в лицах. О президентах, царях и завоевателях

Томаса Джефферсона я уже здесь упоминал, показав два его маркера в числе повторов. Приведем его гаплотип, или "подпись", как иногда говорят генетики:

13 – 24 – 15 – 10 – X – Y – Z – 12 – Q – 12 – 15 – 27

Здесь - более длинная цепочка аллелей (повторов), чем я приводил выше, поскольку она записана в стандартной системе 12 маркеров. Но у Джефферсона (точнее, у его ныне живущих родственников) четыре из этих 12 не определялись, и я просто поставил вместо них ничего не значащие буквы. Эти стандартные 12 маркеров в правильном порядке следующие:

DYS# 383 - 390 - 19 - 391 – 385a – 385b - 426 – 388 – 439 – 389-1 – 392 – 389-2

У меня они такие:

13 – 24 – 16 – 11 – 11 – 15 – 12 – 12 – 10 – 13 – 11 – 30

Как видим, суммарно мой гаплотип по восьми маркерам отходит от гаплотипа Джефферсона на десять шагов. В среднем 1.25 мутаций на маркер. Это значит, что наш общий предок удален примерно на 30 тысяч лет. Его нет и близко.

Посмотрим на гаплотип Чингиз-хана (точнее, тот, который приписывают Чингиз-хану). Он для меня интересен вдвойне. Согласно молве, татаро-монголы, пройдя Русь огнем и мечом, сильно изменили генетический профиль русского народа, за исключением северных русских. Ну-ка, посмотрим, есть ли в моем гаплотипе монгол. Поскольку генеалогический рисунок Y-хромосомы передается только по мужской линии, всего один монгол за триста лет ига оставил бы неизгладимый след в своем потомстве. В общем-то я уже знаю путь моих прямых предков из Африки в Черноморские и Каспийские степи Европы, о чем расскажу позже, и в Монголию их не заносило, но все-таки... Итак, гаплотип Чингиз-хана:

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

Отстоит от моего на 9 шагов, то есть в среднем 0.75 мутаций на маркер. Это – 15 тысяч лет разницы. Но поскольку вопрос принципиальный, представим гаплотип хана в 25-маркерном варианте. Это – значительно более точная оценка:

13-25-16-10-12-13-11-14-10-13-11-29-18-8-8-11-12-26-14-22-27-11-11-12-16

Мой 25-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

38 мутаций на 25 маркерах, 1.52 мутации на маркер. Еще дальше, чем от Джефферсона. Зашкаливает по всем критериям. То есть не то что далеко, а дальше некуда. Да и гаплогруппа другая, у меня R1a1, у него C3. Мои с монголами предки, судя по всему, только из Африки вместе выходили, да и то

разными путями. Так что не повезло татаро-монголам с моими прабабушками, не дались они. Или молва преувеличивает масштабы тех событий.

Посмотрим на 12-маркерный гаплотип И. Сталина:

14 – 23 – 15 – 9 – 15 – 16 – 11 – 12 – 11 – 11 – 10 – 28

17 шагов в сторону от моего на 12 маркерах. 1.42 мутации на маркер. А на 25-маркерном гаплотипе Сталина -

14-23-15-9-15-16-11-12-11-11-10-28-17-9-9-11-11-25-16-21-28-13-13-14-14

39 отклонений. 1.56 мутаций на маркер. Оказалось, дальше есть куда, в сравнении с Чингиз-ханом. Да и гаплогруппа у Сталина другая, G2a. Это всё – и гаплотип, и гаплогруппу, определили у внука Сталина, который согласился помочь науке. Действительно, и то, и другое характерны для осетин.

Да и между Чингиз-ханом и Сталиным дистанция тоже огромна – 35 отклонений на 25-маркерных гаплотипах.

А вот гаплотип Пржевальского. Это тот, которого лошадь.

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

Вот это другой разговор. Сравните с моим:

13 – 24 – 16 – 11 – 11 – 15 – 12 – 12 – 10 – 13 – 11 – 30

Всего два отклонения на 12 маркерах. И понятно почему – мы с Н.М. Пржевальским принадлежим одному роду, R1a1, к которому принадлежит большинство русских, и все восточные славяне, которых от 50 до 70% в старинных русских (а также украинских и белорусских) городах, городках, деревнях. Это отклонение соответствует примерно 2300 лет до общего нашего с ним предка, то есть близко к началу нашей эры. А общий предок нас, восточных славян России, гаплотипы которых известны, жил 3700 лет назад, как уже было упомянуто выше. Когда больше русских узнают свои гаплотипы, эта дата будет уточнена.

Пока рассмотрим интересный маркер, DYS#388, второй по счету в «научной» записи, или восьмой в «стандартной». У "коренных" европейцев (обратите внимание на примеры выше) там обычно 12 повторов, как и у восточных славян. У выходцев с Ближнего Востока там часто 15 или 16 повторов (один из признаков гаплогруппы J1 или J2). Например, как в "Модальном гаплотипе

коэнов" (МГК), «классическом» гаплотипе ближневосточных евреев и их современных потомков, как ашкенази, так и сефардов. В 6-маркерном варианте этот гаплотип выглядит так:

14 – 16 – 23 – 10 – 11 - 12

А в 12-маркерном расщепляется на два гаплотипа (маркеры, где произошло расщепление, выделены):

12-23-14-10-13-**17-**11-16-**11-**13-11-**31**

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

Прародитель этой генеалогической группы жил на Ближнем Востоке 4300 лет тому назад, плюс-минус 500 лет, а оба «гаплотипа коэнов» возникли уже в нашей эре, один примерно 1650 лет назад, другой – 1350 лет назад. Первый (верхний) повел действительно священник, коэн, второй – выживший в 7-м веке нашей эры прямой потомок царя Давида.

Перейдем к еврейской тематике.

О евреях и палестинских арабах

Кстати, о модальном гаплотипе коэнов

14 - 16 - 23 - 10 - 11 - 12

Он является действительно частым среди еврейских священников, коэнов, и в целом характерен среди евреев ближневосточного происхождения. Этот гаплотип практически отсутствует среди практически всех других народностей, и что любопытно – его очень мало среди палестинских арабов, да и то, что есть – случайности мутаций.

А вот и модальный гаплотип палестинских арабов:

14 - 17 - 22 - 11 - 11 - 12

Три шага в сторону от коэнов всего на шести маркерах, что значит – более десяти тысяч лет от общего предка. Это времена намного более ранние, чем когда можно говорить о евреях и арабах.

А как насчет бедуинов? Вот их модальный гаплотип:

14 - 15 - 23 - 10 - 11 - 13

Два шага в сторону на шести маркерах. Ближе, чем палестинцы, но все равно много тысяч лет от общего предка. Точнее, 6-7 тысяч лет.

Ну ладно, вот курдские мусульмане:

14 - 15 - 23 - 10 - 11 - 12

Один шаг в сторону. Уже теплее, хотя и не менее трех тысяч лет. Но совпадения все равно нет.

Раз уж мы заговорили о евреях, то заметим, что среди евреев-мужчин выделяются несколько групп, которые оставили свой ранний след в ДНК-генеалогии – коэны (наследственные высшие священники), левиты (другая группа наследственных служителей обрядов) и израэлиты, к которым принадлежат 90% евреев, в том числе ашкенази (европейские евреи), сефарды (северо-африканские и пиренейские евреи) и остальные евреи. Эфиопские евреи и народность Лемба в Южной Африке, которые себя причисляли к евреям, и о чем они – по их словам – знали с незапамятных времен, евреями по генеалогическим корням совсем не оказались. Первые – просто эфиопы, как и все эфиопы, вторые – арабы, йеменцы.

Так как насчет моей гаплогруппы, R1a1? С одной стороны, мои ДНК-генеалогические корни в Европе, с другой стороны – есть некоторые отклонения между западно- и восточно-европейскими гаплотипами. Куда я ближе? И сколько вообще гаплогрупп?

История моей славянской гаплогруппы: из Африки через Аравию, Месопотамию, Иран, Среднюю Азию и Сибирь - в Восточную Европу

Всего основных гаплогрупп насчитывают 18, по буквам от A до T, плюс масса подгрупп, общим числом более трехсот. Например, A, B и E3a - Африка, E3b – Северная Африка и Ближний Восток, C – монголоидная Азия, но C3 много и у индейцев Навахо, D2 – Япония, G – многие на Кавказе (например G2 – адыги), в Иране, немало среди евреев-ашкенази, H – Индия, I1 – Прибалтика, Германия, Скандинавия, примерно 5% русских, I2 – Балканы, и 11% русских, J1 - Ближний Восток, евреи, арабы, бедуины, J2 – европейское Средиземноморье, примерно 2% русских, K – Меланезия (острова в Тихом океане к северо-востоку от Австралии), Средиземноморье, M – опять же Меланезия, N – многие прибалты,

финно-угорские группы, сибирские народы (якуты, например), американские индейцы, японцы (N1), O – Китай (O1), Япония (O3), Q – сибирские народы, американские индейцы (Q3 – индейцы Бразилии), R1a1 – восточные славяне (более 50% России), многие таджики, киргизы, индусы (примерно 30% Индии, особенно на севере) [поэтому я и пишу индусы, а не индийцы], R1b – западноевропейцы, но и многие жители Средней Азии (узбеки, казахи, уйгуры).

Моя гаплогруппа, R1a1, как большинства русских, в особенности восточных славян – это ДНК-метка рода ариев, часть которых ушли в Индию примерно 3400-3600 лет назад, и названы ариями в ведах, а часть остались в среднерусской полосе.

Наши, славянские предки являются потомками того самого "хромосомного Адама", жившего в северо-восточной Африке. 60 тысяч лет назад, когда на Земле по примерным оценкам жили примерно 10 тысяч человек, мой прямой древний предок двинулся на север, и переправился через Красное море на Аравийский полуостров. Он и стал прародителем всех людей, живущих ныне за пределами Африки, помимо самих африканцев. Что заставило его уйти? Видимо, повторяющиеся засухи, о которых знают современные палеоклиматологи. Конечно, "предок" здесь - имя собирательное. Тем не менее, определено, что он имел первый неафриканский общий маркер M168 (в системе записи гаплогрупп), что соответствует древней собирательной гаплогруппе C-R. Эта гаплогруппа ныне объединяет всех потомков предка, у которого в определенном месте ДНК примерно 60 тысяч лет назад произошла мутация цитозина в тимин (C→T). Так и осталась у всех, ныне входящих в гаплогруппы от C до R, а по последней номенклатуре уже до T. A у чернокожих африканцев остались гаплогруппы A и B.

Эта часть пути заняла для моих предков несколько тысяч лет. Уже на Аравийском полуострове, сразу за Красным морем, следующая мутация изменила его общий маркер на M89, приведя в сводную гаплогруппу F-R. Это произошло примерно 45 тысяч лет назад. Этот маркер имеется ныне примерно у 90% всех неафриканцев. У остальных гаплогруппы C, D и E. Многие мужчины с этим маркером M89 осели на юге Аравийского полуострова, но мой предок пошел дальше на северо-восток, где на территории современного Ирака, в Месопотамии, поток разделился - часть нашей семьи надолго задержалась на Ближнем Востоке, а многие там осели и навсегда (гаплогруппа J с последующими подгруппами), часть продолжила идти на север (гаплогруппы G, I, J2), и, пройдя Малую Азию, отправилась на Кавказ, а часть через Босфор и Дарданеллы ушла на Балканы, в Грецию, в Европу.

Мой же прямой предок повернул направо, на восток, прошел вдоль северной части Персидского залива, пересек Иран и Афганистан, оставляя справа

Гиндукушский хребет, и уперся в горы Памира, в Памирский узел, где сходятся горы Гиндукуша, Тянь-Шаня и Гималаев. Дальше прямо, на восток, идти было некуда. К этому времени ДНК моего прямого предка мутировала еще раз, и он стал носителем маркера M9, маркера так называемого евразийского клана, сводной гаплогруппы K-R. Это произошло 40 тысяч лет назад. На Земле в то время было, вероятно, несколько десятков тысяч людей.

Итак, перед непроходимыми горами выхода было всего два - или наверх, в Среднюю Азию, либо вниз, в нынешние Пакистан и Индию. И опять единокровная семья разделилась - одни ушли в обход гор на юг, а мой прямой предок пошел на север, в евроазиатские степи, на юг Сибири. Все они тогда жили охотой. В итоге, большинство современных жителей Европы произошли от моего прямого предка, двинувшегося в Сибирь.

На этом пути, занявшем несколько тысячелетий, у моего евразийского предка случилась очередная мутация, M45, превращение гуанина в аденин (G→A). Это произошло в Средней Азии, 35 тысяч лет назад. Сводная гаплогруппа сузилась до P-R. За ней - следующая мутация, M207, уже на юге Сибири, 30 тысяч лет тому, по пути на запад. Это определило моего предка в гаплогруппу R. Далее, все еще в Азии, произошла мутация M173, что дало гаплогруппу R1, и вслед за ней мутация P25, что дало будущий западноевропейский вариант R1b. Это произошло 15 тысяч лет назад. Часть носителей R1b остались в Азии, и продолжают нести эту гаплогруппу и сейчас, вместе с древними гаплотипами. Остальные ушли в Западную Европу.

Но моего предка в той группе R1b не было – ни с теми, кто остался в Азии, ни с теми, кто ушел в Западную Европу. Мой предок отделился от них раньше, пронес гаплогруппу R1 в Восточную Европу и расселился по пути к Черному и Каспийскому морям, на территории нынешней Украины и юга России, заработав по дороге последние мутации M17/M198, 10-15 тысяч лет назад. Эти мутации осталась и у меня. Гаплогруппа R1a1. По некоторым данным, предок и его ближайшие родственники прошли и дальше, вплоть до Балкан и Адриатического моря, но вернулись в степи, между Днепром и Урал-рекой

Там, в степях Украины и России, мои прямые предки тысячелетия назад оставили много погребальных курганов, в которых позже находили массу золотых и серебряных украшений. Это они, мои прямые предки, много тысяч лет назад впервые приручили лошадь. Это они первые заговорили на языке, который положил начало индоевропейской семье языков, включающей английский, французский, немецкий, русский, испанский, греческий, несколько индийских языков, таких как бенгали и хинду, и много других. Сейчас около 40% мужчин, живущих в Европе, особенно на севере Франции и в Англии, Шотландии, Германии, Швеции, в Прибалтике, Украине и Белоруссии, и в

России вплоть до Сибири и Дальнего Востока, являются потомками этой гаплогруппы R1a1. Моей гаплогруппы. Нашей, славянской.

А остальная часть племени из Средней Азии и Южной Сибири ушла дальше на север, в ледники, в итоге стала эскимосами, часть посуху перешли на Аляску и стали американскими индейцами. Но у них были уже другие генетические маркеры.

Пошли бы мои прямые предки дальше на северо-восток - быть бы мне эскимосом. Перебрались бы через пролив с Аляской - быть бы мне американским индейцем. Пошли бы южнее - быть бы мне индусом, китайцем, а то и полинезийцем.

Не судьба...

****

Впервые опубликовано в Бостонском Альманахе «Лебедь» 28 мая 2006 года. Данный материал дополнен и переработан.

Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов

Анатолий Клёсов

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

Резюме

Дается обзор Десяти Заповедей ДНК-генеалогии:

1. Да не будет у тебя генов важнее нерекомбинантных фрагментов ДНК.
2. Не делай себе идола из гаплотипов только одной длины.
3. Чти общих предков и рассчитывай времена их жизни.
4. Чти базовый гаплотип и считай мутации от него.
5. Не делай неправильных расчетов, исходя из мутаций в гаплотипах.
6. Не смешивай понятия SNP и STR.
7. Не используй необоснованных скоростей мутаций в гаплотипах.
8. Не рассчитывай времена до общих предков только для пары гаплотипов, чти статистику.
9. Не произноси ложного свидетельства на гаплогруппу ближнего своего.
10. Проверяй, происходит ли выборка гаплотипов от одного общего предка, или от нескольких. Даю тебе закон, как это делать.

Разработан критерий, позволяющий определять наличие одного или нескольких общих предков в выборке гаплотипов, и базирующийся на логарифме отношения числа гаплотипов во всей выборке и базовых гаплотипов (предковых, модальных, идентичных гаплотипов в выборке). Разработано положение, описывающее динамику мутаций в гаплотипах, и позволяющее определять временные дистанции до общего предка, основываясь на доле базовых (предковых) гаплотипов в выборке или ее отдельных генеалогических линиях (без подсчета мутаций в гаплотипах). Если критерий показывает, что в выборке больше чем одна генеалогическая линия (то есть более одного общего предка), строится

дерево гаплотипов, и анализ линий (ветвей дерева) производится по отдельности. Проведена калибровка средних скоростей мутаций 6-, 9-, 10-12-, 25-, 37 - и 67- маркерных гаплотипов. Предложенный подход продемонстрирован на многих примерах, включающих гаплогруппы:

- C2 (полинезийцы Самоа, Новой Зеландии и островов Кука),
- F (индийцы племени Койя),
- G (жители Швеции),
- H1 (цыгане Болгарии и Хорватии, индийские племена Койя и Корагас),
- I1 (шведы, фламандцы),
- I21b (шведы),
- J (евреи и жители Швеции),
- J1 (евреи),
- J2 (евреи),
- N3 (шведы),
- N3a (прибалтийские народы, в основном финны),
- N3a1 (русские),
- Q (американские индейцы),
- R1a1 (русские, евреи, индусы, арабы Оманского залива [Катар и ОАЭ], турки Анатолии, индийцы племени Ченчу, армяне, шведы, жители Балкан и Адриатического побережья),
- R1b (фламандцы [северная Бельгия], шведы, армяне, жители Балкан и Адриатического побережья, жители британских островов, баски, европейцы в целом),
- R2 (индийцы и пакистанцы).

Введение

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

В ДНК-генеалогии эта принадлежность к одному роду идентифицируется по наличию у каждого члена рода характерного признака – определенной «метки» в ДНК. Причем не просто в ДНК, а в нерекомбинируемой части ДНК, которая не перетасовывается с материнской ДНК. Эта нерекомбинируемая часть ДНК находится в Y-хромосоме, мужской половой хромосоме. Потому и не рекомбинируется с женской половой хромосомой, а передается мужчинам целиком и полностью от отца.

Таким образом, если говорить о любой относительно стабильной и многочисленной общности людей, которые идентифицируют себя как относящиеся к этой общности, то они подразделяются на несколько доминирующих родовых групп. Однородными в этом смысле были бы только те общности, которые в течение тысяч и десятков тысяч лет лет жили бы в полной изоляции в пределах своего рода. Но так обычно не бывает.

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

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

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

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

фактически то же самое, только методология другая и другие диапазоны времени.

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

Как вынесено в заголовок, мы будем оперировать понятиями ДНК-генеалогии. Напомню основные положения этой новой дисциплины. Понимаю, что это может быть длинно и подробно, но – нужны обоснования. А они нуждаются в изложении понятийного аппарата.

Основные положения ДНК-генеалогии

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

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

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

комбинированную молекулу ДНК, в которой хромосомы отца и матери перетасовываются. Перетасовываются все, кроме мужской Y-хромосомы.

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

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

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

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

И вот оказалось, что многие повторы нуклеотидов находятся у разных людей в одних и тех же участках Y-хромосомы. Эти участки уже биохимиками пронумерованы, классифицированы, сведены в списки. Они получили название «маркеры». Набор маркеров, точнее, повторов в них, называется «гаплотип». Уже известных маркеров – многие сотни. И они, как правило, одни и те же у всех людей на Земле. Отличаются только числом повторов, что вызвано теми самыми ошибками ферментов при копировании из поколения в поколение. Внимательное рассмотрение маркеров и гаплотипов позволило сделать вывод, что все люди на Земле произошли от одного предка. Иначе говоря, все люди – родственники. Пока не удалось найти ни одного человека, у которого маркеры и гаплотипы были бы принципиально другие. И это – серьезный аргумент против «теории мультирегиональности», согласно которой люди произошли от разных племянников современного человека, включая неандертальцев, синантропов и прочих гоминидов. То, что эти кузены

человека существовали, сомнению не подвергается, но то, что выжившего потомства они не оставили – это, так сказать, экспериментальный факт. Пока не опровергнутый, но с каждым новым определением гаплотипа подтверждаемый.

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

Положение четвертое – гаплотипы изображают в виде числа тандемов, или повторов, по каждому маркеру, выбранному из десятков и сотен. В англоязычной литературе их называют STR, или Short Tandem Repeats. Самый простой и короткий гаплотип из тех, которые рассматривает ДНК-генеалогия, состоит из шести маркеров. Например, у восточных славян, к которым относится от 50% до 70% жителей старинных руссих городов, городков и селений, базовый (или предковый) 6-маркерный гаплотип, в той записи, в которой обычно приводят в научных публикациях, такой

16-12-25-11-11-13

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

16-12-24-11-11-13

(в третьем маркере). Именно такая мутация есть у меня, поскольку она произошла у моего предка. Только я не знаю, когда она произошла – может, тысячелетия назад, может – я такой в нашей генеалогической линии первый. И узнать это можно только изучая ДНК моих прямых предков, или самых ближайших родственников. Например, если у моего родного брата такая же мутация – тогда я точно не первый. Надо смотреть ДНК у дедушки или у брата дедушки, и так далее по генеалогической цепочке. Но это не имеет большого практического значения. Что есть, то есть.

Мутация могла произойти и в первом маркере:

15-12-25-11-11-13

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

А, например, еврейский ближневосточный гаплотип («гаплотип двенадцати колен израилевых», «гаплотип коэнов»), записанный в таком же 6-маркерном виде, такой:

14-16-23-10-11-12

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

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

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

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

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

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

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

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

У него с восточно-славянским уже 16 мутаций-расхождений, то есть в среднем 1.33 мутаций на маркер. Чем длиннее гаплотип, тем лучше статистика, тем точнее расчеты. 1.33 мутаций на маркер в 12-маркерном гаплотипе – это все равно более 40 тысяч лет до общего предка.

У ближневосточных евреев часто наблюдается следующий 25-маркерный гаплотип:

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

Это дает 31 мутацию на 25-маркерном гаплотипе, или в среднем 1.24 мутации на маркер. По скоростям мутаций это примерно соответствует 1.35 мутации на маркер для 12-маркерного гаплотипа. Так что статистика работает, и данные в целом вполне соответствуют друг другу на гаплотипах разной длины. Опять же, чем диннее, тем точнее.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Забегая вперед, сообщу, что восемь мутаций у пары 37-маркерных гаплотипов соответствуют дистанции примерно в 67 поколений между ними, или примерно 1700 лет разницы во времени. То есть их условный общий предок жил на половине этого временного срока, или примерно 850 лет назад. Кстати, одна мутация на 12 маркерах соответствует примерно тысяче лет, как будет упомянуто чуть ниже. Так что здесь неплохое сходство во времени.

Но здесь это совпадение просто случайное. Потому что надо привести **положение пятое**: нельзя сравнивать мутации в парах гаплотипов. Мутации – дело статистическое, и их можно количественно (или скорее полуколичественно) расчитывать только на больших выборках. Чем выборка меньше – тем результат расчета менее точный. А на двух гаплотипах мутация–другая могла добавиться буквально в предыдущем или нынешнем поколении. Это может сразу привести к прибавлению-отнятию тысячи лет «в одном поколении». А в большой выборке разница относительно нивелируется статистикой.

А как часто происходят мутации в гаплотипах? Для ответа на этот вопрос надо вернуться к тому, что мутации бывают двух разных типов – тандемные и точечные. Для тандемных мутаций средняя скорость мутации в 6-маркерном гаплотипе равна 0.0096 мутаций на гаплотип в поколение, то есть одна мутация в гаплотипе происходит в среднем примерно за 100 поколений, или за 2500 лет, если считать поколение за 25 лет (а именно это часто заложено в ДНК-генеалогические расчеты). На самом деле, это будет не 100 поколений, а 116, то есть 2900 лет, если принять в расчет возвратные мутации. Об этом речь будет позже.

В 12-маркерном гаплотипе средняя скорость тандемных мутаций равна 0.024 на гаплотип в поколение, то есть одна мутация в 12-маркерном гаплотипе происходит в среднем примерно за 40 поколения, или примерно раз в 1000 лет. Опять, если принять в расчет возвратные мутации, то будет раз в 43 поколения, или примерно 1075 лет. А точечные мутации происходят раз и навсегда. Они и являются метками гаплогрупп (см. ниже).

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

А от чего считать? От того предка, кто имел такой гаплотип. Поскольку его сыновья сохраняют гаплотип отца, переданный по наследству, и мутации в этом гаплотипе проскакивают в среднем только раз примерно в 2900 лет (6-маркерный гаплотип) или раз в 1075 лет (12-маркерный гаплотип), то даже через 5000 лет у потомков сохранится 20% исходного 6-маркерного гаплотипа, без изменений. То есть в списке из 100 гаплотипов потомков – 15 гаплотипов будут такими же, какой был у предка 5000 лет назад. Это если рассматривать 6-маркерные гаплотипы. При рассмотрении 12-маркерных гаплотипов те же 20% гаплотипов предка сохранятся через 70 поколений, или 1750 лет.

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

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

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

Но есть еще один тип мутации – помните? Точечные мутации, однонуклеотидные. Они – практически вечные. Раз появившись, они уже не исчезают. Теоретически, в том же нуклеотиде может произойти другая мутация, изменив первую. Но нуклеотидов – миллионы, и вероятность такого события крайне мала. Всего в хромосомах насчитали более трех миллионов точечных мутаций, и ДНК-генеалоги нашли применение нескольким сотням. Эти точечные мутации называют «снипы», от английского сокращения SNP, что и расшифровывается примерно как «единичная нуклеотидная мутация». Так вот, те, кто в древности покинул свой род по своей или чужой воле, всегда имели в своей Y-хромосоме эти самые снипы, причем во множестве. Все они передавались сыновьям, в

результате того самого копирования ДНК от отца к сыну. Так что все мы имеем и тандемные мутации, и снипы. Из нескольких сотен снипов, которым ДНК-генеалоги нашли применение, около двухсот оказались удачными метками определенных популяций на Земле. Эти популяции и есть те самые роды, о чем речь шла выше, в самом начале. Их, эти роды, потомки которых несут соответствующие метки в ДНК, назвали «гаплогруппы», и присвоили им буквенные обозначения от А до Т, в хронологическом порядке появления соответствующего рода на планете. Или по крайней мере в том порядке, как ученые полагают эти роды появились. Хотя ревизий на этот счет предстоит еще много.

Итак, **положение восьмое** – людей можно классифицировать по древним родам не только (и не столько) по виду гаплотипов, но и по наличию определенных снипов. Например, гаплогруппы А и В – исконно африканские и самые древние, гаплогруппа С – монголоидная (и значительной части американских индейцев, потомков монголоидов), гаплогруппа J – исходно Ближний Восток, причем J1 – в основном евреи и арабы, гаплогруппа J2 – в основном жители Средиземноморья (хотя и часть евреев тоже), гаплогруппа N – жители Сибири, севера России, части Скандинавии, а также многие американские индейцы, которым сибиряки с гаплогруппой N и дали начало. Гаплогруппа R – Западная Европа (R1b) и Восточная Европа (R1a1), а также Азия, в частности, треть Индии, куда этот снип (R1a1) был принесен из Восточной Европы. Гаплогруппой R1a1 отмечены и довольно резко очерчены территории Средней Азии (в Киргизии и Таджикистане), куда снип, образующий R1a1, был принесен его обладателями – ариями - по дороге в Индию и Китай. Интересно, что эти довольно резкие очертания границ гаплогруппы R1a1 в Средней Азии в ряде случаев, возможно, воспроизводят маршрут похода обладателей R1a1. А на переходе из горной долины Памира в Индостан, в самой теснине перехода, по которому шли предки, целая малая народность так и донесла до современности этот европейский снип, образующий R1a1, в 80 процентов состава этой народности. Называются ишкашим. Но об этом тоже отдельный разговор.

Итак, это положение сводится к тому, что у каждого мужчины есть снип из определенного набора, по которому можно сразу отнести носителя к определенному древнему роду. Времена появления снипов, обычно применяемых в ДНК-генеалогии, относятся к диапазону от 40-50 тысяч лет для «старых» снипов до 10-15 тысяч лет для «молодых». Снип гаплогруппы R1a1 образовался примерно 10-12 тысяч лет назад, но это пока не доказано, хотя соображения есть.

Положение девятое – в ДНК-генеалогии обычно оперируют поколениями. Поколение в контексте ДНК-генеалогии – это событие,

которое происходит четыре раза в столетие. Численно и по времени оно близко к продолжительности поколения в житейском смысле этого слова, но не обязательно равно ему. Хотя бы потому, что продолжительность поколения не может быть точно, или хотя бы в среднем определена, и «плавает» в реальной жизни, в зависимости от многих факторов. Я калибровал скорости мутаций под поколение продолжительностью 25 лет. Если кому-то больше нравится 30 лет на поколение, или любое другое количество лет, скорости придется перекалибровать, и в итоге окажутся ровно те же величины в годах. Так что сколько лет приходится на поколение – в данном случае не имеет значения.

Положение десятое разработано мной, и это было несложно, поскольку моя специальность по образованию и по опыту работы – химическая кинетика. И изменение мутаций в гаплотипах во времени – это мой вопрос, в отличие от тематики многих специалистов в области ДНК-генеалогии. Суть этого положения сводится к тому, что только те мутации в гаплотипах имеет смысл рассчитывать, экстраполируя к времени общего предка – которые подчиняются определенным количественным закономерностям. Другими словами, ДНК-генеалогия теперь может оперировать тремя экспериментальными факторами – (1) наличием снипов, относящих человека к определенному роду, (2) наличием мутаций, позволяющих оценивать время, прошедшее от общего предка совокупности гаплотипов, и – при больших выборках – от начала самого рода, от самого далекого из предков ныне живущих потомков данного рода, и (3) закономерности переходов гаплотипов в их мутированные формы, без численного учета самих мутаций. Это позволяет оценить, насколько достоверны расчеты предка по мутациям, и дает еще один, независимый способ расчетов.

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

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

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

Первые шесть гаплотипов в каждом наборе – базовые (предковые) гаплотипы. Остальные четыре – мутированные, в первом наборе 5 мутаций, во втором - 12. Если обращать внимание только на мутации, то количество поколений до общего предка будет равно 5/10/0.0096 = 52 поколения, и 12/10/0.0096 = 125 поколений, соответственно. Однако в обоих случаях число поколений, рассчитанное по доле базовых гаплотипов, равно ln(10/5)/0.0096 = 53 (принципы расчетов описаны ниже). Как видно, только первый набор дал примерно такое же число поколений (52 и 53), и, таким образом, представляет «чистую выборку», имеющую одного общего предка. Второй набор искажен, и соответствует более чем одному общему предку. Поэтому он не может быть использован для прямых расчетов временной дистанции до общего предка.

Многочисленные примеры расчетов по реальным выборкам гаплотипам даны ниже.

«Научные» и «коммерческие» выборки гаплотипов

Выборки гаплотипов, которые публикуются в научной литературе, часто бедны, немногочисленны и урезаны, и они обычно относятся только к коротким, шестимаркерным гаплотипам, намного реже к 8- или 10-маркерным. Гаплотипы с 25, 37 и 67 маркерами в научной литературе не приводятся. Наверное, на это у ученых нет средств. Да и задачи в основном другие, опять же из-за отсутствия достаточных средств. Зато в коммерческих базах данных таких протяженных, полновесных гаплотипов – тысячи. Но в науке к таким базам данных – предубеждение. Этакий научный снобизм – выборки «ненаучные», кто хотел – тот и

прислал свой материал на тестирование, контроля за «контингентом пользователей» - никакого.

Полагаю, что в целом этот разрыв между «наукой» и «коммерцией» должен быть закрыт. Мой опыт показывает, что коммерческие базы данных предоставляют значительно более полную и многочисленную информацию по гаплотипам, и – более того, выводы из тех и других, где данные можно сопоставить, принципиально совпадают, и коммерческие базы данных, сверх того, позволяют получать более полные и более надежные данные.

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

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

Сравним научную выборку (Бехар и др., 2003) и коммерческую.

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

14-16-23-10-11-12

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

А в коммерческой выборке? В ней – 90 гаплотипов евреев, все гаплогруппы J1. Это – все, кто там оказались, судя по именам и

фамилиям. Всего в этой базе данных 294 гаплотипа гаплогруппы J1, так что евреи в ней занимают немалую долю, около трети. Из остальных – наверняка многие тоже евреи, но с нехарактерными (на мой взгляд) для евреев именами и фамилиями, а также арабы и другие обладатели гаплотипов группы J1. И из этих выбранных мной 90 «коммерческих» гаплотипов 41 – той же самой структуры

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

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

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

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

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

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

предка уходят вдаль в виде неких протуберанцев. Это и дает основания для расчетов.

Как будет показано ниже, средняя скорость мутации шестимаркерных гаплотипов, таких, как приведены выше – 0.0096 мутации на гаплотип на поколение. И тогда приведенные выше 1.36 мутации на гаплотип дадут 142 поколения до общего предка, а 1.37 мутации на гаплотип дадут 143 поколения до общего предка. То есть примерно 3600 лет, считая 25 лет на поколение.

Казалось бы, можно объявить, что на двух разных выборках евреев, одна общей гаплогруппы J, другая – гаплогруппы J1 получено, что общий предок ближневосточных евреев жил 3600 лет назад. И с Ветхим Заветом сходится.

Но что-то мне не давала покоя эта цифра. Потому что для срока в 142-143 поколения, или 3600 лет, слишком много сохранилось базового, предкового гаплотипа. Почти половина от гаплотипов в выборке. Его должно быть меньше.

А сколько меньше? И вот здесь я придумал (а точнее, применил к гаплотипам в ДНК-генеалогии) способ расчета, связывающий долю оставшегося нетронутым базового гаплотипа и временем до общего предка, причем независимо от числа мутаций. И чтобы понять, как рассматривать гаплотипы в отношении их происхождения, нам придется заняться немного математикой и картинками «деревьев гаплотипов».

Кинетика мутаций гаплотипов, их калибровка и проверка

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

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

где B – это общее количество гаплотипов в списке, A – число сохранившихся базовых гаплотипов, k – средняя скорость (частота) мутации (0.0096 на гаплотип на поколение для шестимаркерного гаплотипа), t – число поколений до общего предка, ln – натуральный

логарифм. Профессиональные кинетики эту формулу знают, только ее в ДНК-генеалогии никто не применял.

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

Семейство Мак-Доналдов

Есть такие гаплотипы, для которых время общего предка известно. Это, например, обширное семейство Мак-Доналдов, предок которых, Джон Лорд Островов (John Lord of the Isles), умер в 1386 году, и для которых на сегодняшний день известны 68 гаплотипов семейства, а именно мужчин. Принимая те же 25 лет на поколение, можно предположить, что Джон жил 26 поколений назад. Посмотрим, что нам дадут гаплотипы.

В списке из 68 шестимаркерных гаплотипов имеются 53 базовых

15-12-25-11-11-13

и на остальные приходится 17 одношаговых мутаций. Посмотрим, какая должна быть средняя скорость мутаций гаплотипа, чтобы эти данные показали 26 поколений до общего предка. Оказалась – 0.0096 мутаций на гаплотип за поколение. Действительно, ln 68/53, деленное на 0.0096, дает 26 поколений. А по мутациям? То же самое, 17/68/0/0096 = 26 поколений. Как в аптеке. То есть у МакДоналдов дерево гаплотипов в самом деле простое, симметричное, не искажено.

А насколько эта величина средней скорости согласуется с другими данными по скоростям мутаций 6-маркерных гаплотипов в ДНК-генеалогии? Данные варьируются, но обычно вокруг 0.0019±0.0003 мутаций на маркер на поколение (усреднено на маркер для 12-маркерных гаплотипов), то есть для 6-маркерного гаплотипа это будет в шесть раз больше, то есть 0.0114±0.0018. Полученная мной здесь величина попадает в обозначенный диапазон. Да хоть бы и не попала – она вычислена на основании объективных данных.

Итак, подход работает. Иначе говоря, количество мутаций в гаплотипах и доля базового гаплотипа должны быть жестко завязаны друг на друга. И это есть основной критерий того, что мы получаем достоверные даты жизни общего предка рассматриваемого семейства гаплотипов.

Но недоверчивый читатель может потребовать еще доказательств, на других примерах, из других гаплогрупп. И будет прав. То, что работает для Мак-Доналдов, не обязательно работает для всех. Может, гаплогруппа влияет на результаты счета, на распределение мутаций, на количество сохраняющегося базового гаплотипа.

Хорошо, давайте рассмотрим другие этнические группы. Трудность в том, что далеко не всегда имеются надежные данные, если вообще какие-то данные, о событиях сотни и тысячи лет назад, которые можно привязать к определенным популяциям, да еще с определенными гаплогруппами. Но что-то найти можно.

Болгарские цыгане (гаплогруппа H1)

Еще пример – болгарские цыгане. Пришли в Болгарию - по сведениям того времени – в средние века. Гаплотипы цыган были определены у 179 человек из двенадцати таборов, все в Болгарии (Zhivotovsky et al, 2004). На удивление, у всех гаплотипы похожи, явно от общего предка. Напрашивается объяснение, что в средние века в Болгарию пришел очень ограниченный коллектив цыган, может, всего один табор. Остальные, видимо, не прошли «бутылочное горлышко» популяции, и всего один патриарх дал выжившее потомство. Или патриархами были близкие родственники. Так, например, в наиболее многочисленном таборе «Рудари» 62 человека из тестированных 67 имели следующий гаплотип:

15-12-22-10-11-12

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

Всего на 179 гаплотипов тестированных цыган пришлось 34 мутации, что дает 34/179/0.0096 = 20 поколений до общего предка, то есть 500 лет назад. Действительно, средние века.

Сравним с расчетом по остаточным базовым гаплотипам. Их – 146 из всех 179. Это соответствует 21 поколению до общего предка (ln 179/146, деленное на 0.0096), или 525 лет назад. Практически то же самое время.

Итак, и у цыган нормальная ДНК-генеалогия, при которой имеется весьма жесткое соответствие между убывающими базовыми гаплотипами и накоплением мутаций в их производных. Кстати, гаплотипы болгарских цыган принадлежат гаплогруппе H1, которая характерна для Индии, и за пределами Индии встречается только у цыган и их потомков. Но в Индии возраст этих гаплотипов, с тем же базовым гаплотипом 15-12-22-10-11-12 – несколько тысяч лет. Например, как будет показано ниже, у индийцев племени Койя с общий предок с базовым гаплотипом 15-12-22-10-11-12 жил 2,400±400 лет назад, а у индийцев племени Корагас с гаплотипом X-Y-22-10-Z-12 – 2,300 лет назад (здесь неопределенные аллели обозначены латинскими буквами). У тех и других – гаплогруппа H1.

Из независимых источников, присутствие цыган в Болгарии было отмечено 700 лет назад (Zhivotovsky et al, 2004). Однако, эти сведения не обязательно точны, они могут относиться к другим цыганам, не обязательно гаплогруппы H1, потомство у первых цыган могло не выжить, и так далее. Тем не менее, 500-525 лет назад – это вполне удовлетворительное совпадение.

Полинезийцы (гаплогруппа C2)

У полинезийцев – маори (Новая Зеландия), жителей островов Кука, и самоанцев – гаплогруппа C2. У них суммарно было определено 36 гаплотипов (Zhivotovsky et al, 2004), и наиболее распространенный оказался следующий:

16-15-20-10-12-14

Таких среди указанных 36 гаплотипов оказалось 28. А в остальных нашлось всего 10 мутаций. По мутациям время общего предка соответствует 10/36/0.0096 = 29 поколений, или примерно 725 лет. А по остаточным гаплотипам – 26 поколений (ln 36/28, деленное на 0.0096), или примерно 650 лет. Сходство для наших задач вполне приличное. Кстати, источники отмечают, что предполагаемое время прибытия маори в Новую Зеландию варьируется от 650-700 лет до 800-1000 лет, и даже до 1200 лет назад. Как видно, согласование с первыми двумя оценками вполне приемлемое, а 1200 лет назад – цифра несколько экстремальная, судя по данным ДНК-генеалогии.

Так что методы расчета времен до общего предка работают на разных гаплогруппах. Но для того, чтобы еще более усилить это положение,

рассмотрим еще несколько гаплогрупп, совершенно других. В целом же в этой статье будут даны примеры расчетов общего предка по гаплотипам гаплогрупп C2, H1, N3, N3a, N3a1, R2, F, Q, R1a1, R1b, R1b1c, J*, J1, J2, I1, I2, G и других.

Скорости мутаций и деревья коротких и протяженных гаплотипов

Надеюсь, что даже скептики пришли к выводу, что в этих методах расчетов общего предка что-то есть, и соответствие двух методов расчета – по мутациям и по остаточным базовым гаплотипам – вполне может служить критерием обоснованности расчетов.

А в каких случаях эти два метода дадут серьезно расходящиеся результаты? Например, тогда, когда один из потомков древнего рода бурно размножился в относительно недавнее время. С этого недавнего времени (например, 500-1000 лет назад) гаплотипы еще не успели набрать много мутаций, и в списке гаплотипов окажется явный перекос в сторону этого недавнего гаплотипа. Его даже вполне можно принять за базовый, поскольку доля его на общем фоне будет велика. И тогда мы будем иметь несоответствие – по остаточным «базовым» гаплотипам предок жил относительно недавно, а по мутациям (которые представлены древними гаплотипами в том же списке) – давно, а точнее – где-то на пути к древнему общему предку. Другими словами, расчеты по остаточному базовому гаплотипу будут просто неверны, как, впрочем, и по мутациям, которые будут представлять собой суперпозицию «сигналов» по меньшей мере двух предков – древнего и относительно недавнего. Произойдет просто никому не нужное и вводящее в заблуждение усреднение гаплотипов. Вроде средней температуры по больнице.

Поэтому важным критерием в расчетах является именно соответствие в данных двух описанных методов расчетов общего предка. Не совпадают – тревога, ни тот, ни другой возраст предков неверен.

А что делать? – Строить деревья гаплотипов, и смотреть, как выглядят ветви, не являются ли они смесью древних и молодых ветвей. Если так – тогда нужно вести расчет по каждой ветви в отдельности. Или изъять молодую ветвь, точнее, образующие ее гаплотипы, как инородные, и считать по двум частям дерева раздельно.

Как проницательный читатель уже догадывается, во многих случаях именно так и оказывается. Иначе зачем бы я столько времени и пространства это объяснял?

В этом разделе мы рассмотрим построение деревьев и расчеты общего предка для 12-, 25-, 37- и 67-маркерных гаплотипов. Но поскольку ситуация будет сложная, давайте для начала опять потренируемся, как сказал герой известного фильма, «на кошках». А лучше опять на Мак-Доналдах, поскольку мы уже знаем, что у них случай «чистой» генеалогии. Как в таком случае выглядит дерево гаплотипов?

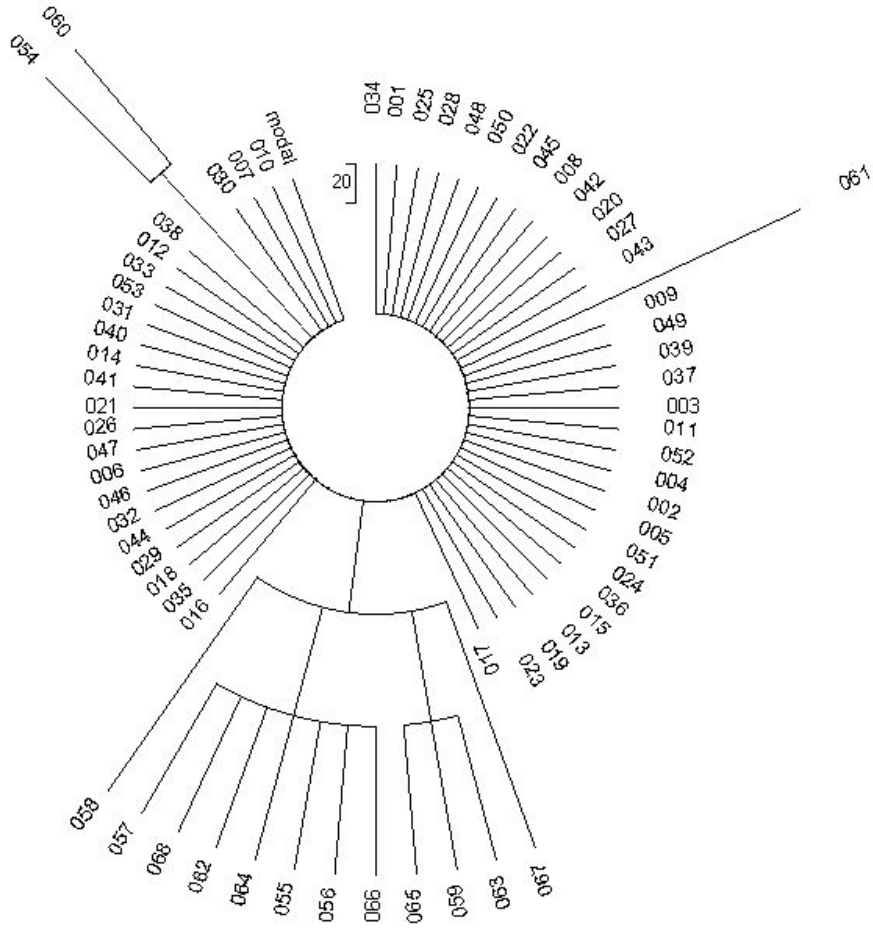


Рис. 1. Дерево 6-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке – 68 гаплотипов.

Для 6-маркерных гаплотипов дерево выглядит так, как показано на рис. 1, и построено с помощью специальной программы. Программа называется Phylip, или the Phylogeny Inference Package (Felsenstein, 2005).

Это дерево следовало бы назвать скорее «колесом гаплотипов». «Гребенкой» по кругу располагаются базовые 6-маркерные гаплотипы, а данном случае гаплотипы, унаследованные в неизмененном виде от Джона Лорда Островов, жившего 26 поколений, или 650 лет назад. Их – те самые 53 штуки из 68 по списку. Для остальных, мутированных пятнадцати гаплотипов, дерево показывает вычисленную (предполагаемую) последовательность мутаций.

Чтобы было понятнее, базовый гаплотип здесь такой:

15-12-25-11-11-13

Это – гаплотип гаплогруппы R1a1, пришедшей предположительно из Восточной Европы, с территории нынешних России-Украины-Польши, а может и с Балкан, от рода, населявшего те территории 8-10 тысяч лет назад. И вот его-то и унаследовал Джон, а за ним – и его потомки Мак-Доналды.

Давайте теперь разбираться с гаплотипами и мутациями, а то другие деревья не поймем. Они гораздо более сложные, чем у Доналдов.

Итак, гаплотипы с 001 до 053 – базовые. Они образуют «колесо» у основания дерева. Технически они самые «молодые», мутаций в них нет, по крайней мере в показанном на рис. 1 шестимаркерном варианте. Но их количество, как мы убедились выше, довольно точно соответствует возрасту первопредка. А именно, в данном случае, 26 поколений, примерно 650 лет.

Гаплотип 061 – с единичной мутацией базового гаплотипа (15-12-25-11-11-13), а именно

15-12-25-11-11-**14**

Вот его и вынесло в сторону (вправо от основания дерева).

Гаплотипы 054 и 060 – идентичные, в них одна и та же мутация:

16-12-25-11-11-13

Поэтому они сидят симметричной парой в другой стороне.

Как видно, в этих трех гаплотипах третий маркер сохраняется, он имеет 25 повторов (аллелей). А в относительно сложной ветви в нижней части имеются четыре варианта этого маркера, с аллелями 23, 24, 26 и 27. Отсюда и четыре подветви, в каждой – по одной своей мутации:

Ветвь из семи идентичных гаплотипов (между 057 и 066, включая 068)

15-12-**24**-11-11-13

Ясно, что эта мутация – самая популярная. Гаплотип 058 получился двойной мутацией базового по одному и тому же маркеру:

15-12-**23**-11-11-13

Гаплотип 067 – такая же двойная мутация, но в противоположную сторону

15-12-**27**-11-11-13.

Они и сидят по разные стороны «букета», поскольку не производные друг друга.

Гаплотипы 059, 063 и 065 – идентичные, с одной и той же мутацией:

15-12-**26**-11-11-13

А длины ветвей соответствуют среднему возрасту гаплотипов, в условных поколениях от базового гаплотипа. Например, гаплотипы 058 и 067 – вдвое старее, чем остальные на той же ветке, потому что у них уже прошло две мутации (25→23 и 25→27), а у остальных на ветке – только по одной (25→24, 25→26). По той же причине ветка 054-060 – тоже молодая. А вот одиночка 061 – старая мутация, потому что редкая (13→14). Програма учитывает и это.

Понятнее теперь? Иначе говоря, программа сортирует гаплотипы, исходя из структуры мутаций и предполагаемой связи между ними. На коротких 6-маркерных гаплотипах соседние гаплотипы на ветках вовсе не означают обязательное близкое родство их, гаплотипов, обладателей. Соседство на ветвях – часто результат чистой статистики. Но с удлинением гаплотипов, от 6 к 12, 37 и далее к 67 маркерным, родственники все больше и больше находят друг друга на одних ветвях. Потому что совпадение мутаций, скажем, в 37-маркерных гаплотипах, и

тем более в 67-маркерных, простой статистикой объяснить трудно. Случайные совпадения, конечно, могут быть, но не массово.

Покажем, как выглядит дерево гаплотипов тех же Мак-Доналдов, но для 12-маркерных гаплотипов (рис. 2). Здесь в соответствии с установившимися традициями формат записи будет не в «научном» варианте, как в случае 6-маркерных гаплотипов выше, а в так называемом формате FTDNA (Family Tree DNA).

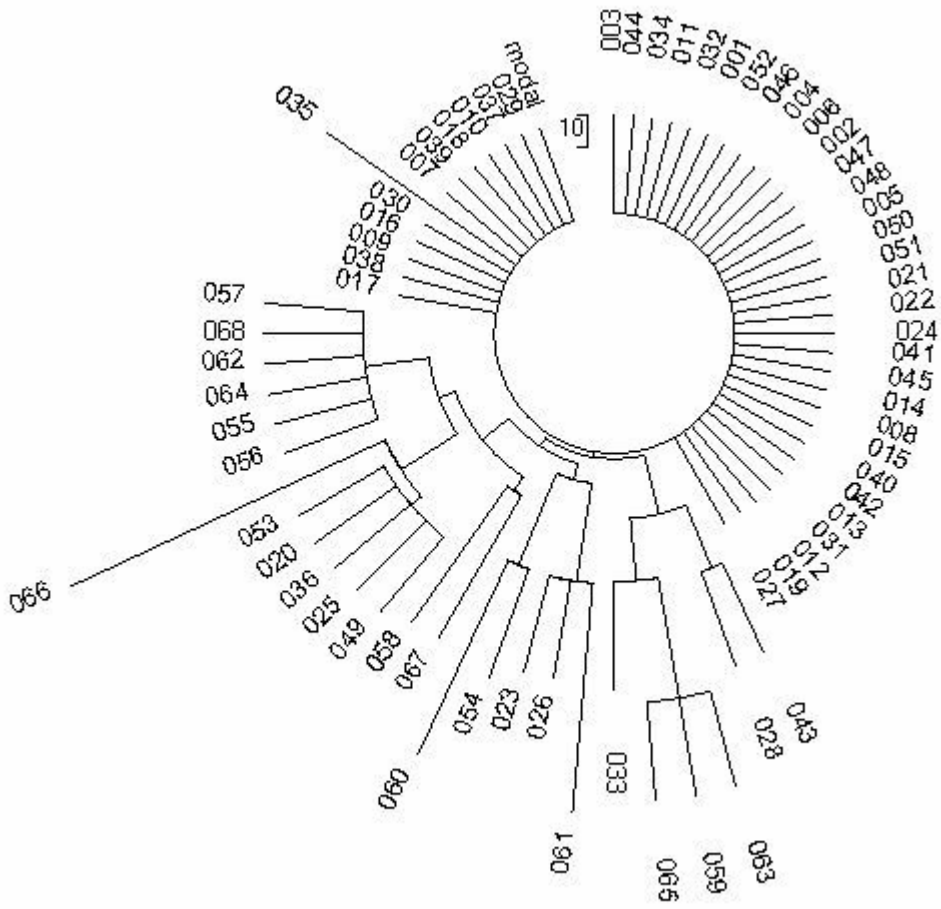


Рис. 2. Дерево 12-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке – 68 гаплотипов.

Базовый гаплотип у МакДоналдов в этом случае такой:

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

6-маркерный базовый гаплотип в этой записи соответствует маркерам с порядковыми местами 3, 8, 2, 4, 11, 1:

15-12-25-11-11-13

Как видно, удлинение гаплотипов привело к усложнению дерева, поскольку проявились мутации в остальных шести маркерах. Число базовых 12-маркерных гаплотипов уменьшилось от 53 (для 6-маркерных) до 42, но их все еще довольно много. 650 лет – и для них не такой большой срок. Стало появляться более детальное распределение по родственным ветвям, но еще в недостаточной степени для выявления близкого родства.

По 12-маркерным базовым гаплотипам расстояние до общего предка ln (68/42)/0.024 = 20 поколений. Вообще-то в данном случае более подошла бы скорость мутаций 0.0019 на гаплотип на поколение, но последующие расчеты показывают, что величина скорости 0.024 представляется более приемлемой для широкого круга гаплогрупп и временных диапазонов. По отношению к этим базовым гаплотипам во всей 12-маркерной выборке – 44 мутации, что дает 44/68/0.024 = 27 поколений до общего предка. Это – вполне приемлемая цифра, с той же скоростью мутаций 0.024 на гаплотип на поколение.

У 25-маркерных гаплотипов МакДоналдов (рис. 3) базовый гаплотип такой:

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

Их – 18 базовых из 60 гаплотипов в общем списке. По остаточным гаплотипам до общего предка ln (60/18)/0.046 = 26 поколений.

Во всей выборке – 69 мутаций до базового гаплотипа, приведенного чуть выше. Это дает 69/60/0.046 = 25 поколений, что практически совпадает с величиной, расчитанной по остаточным базовым гаплотипам.

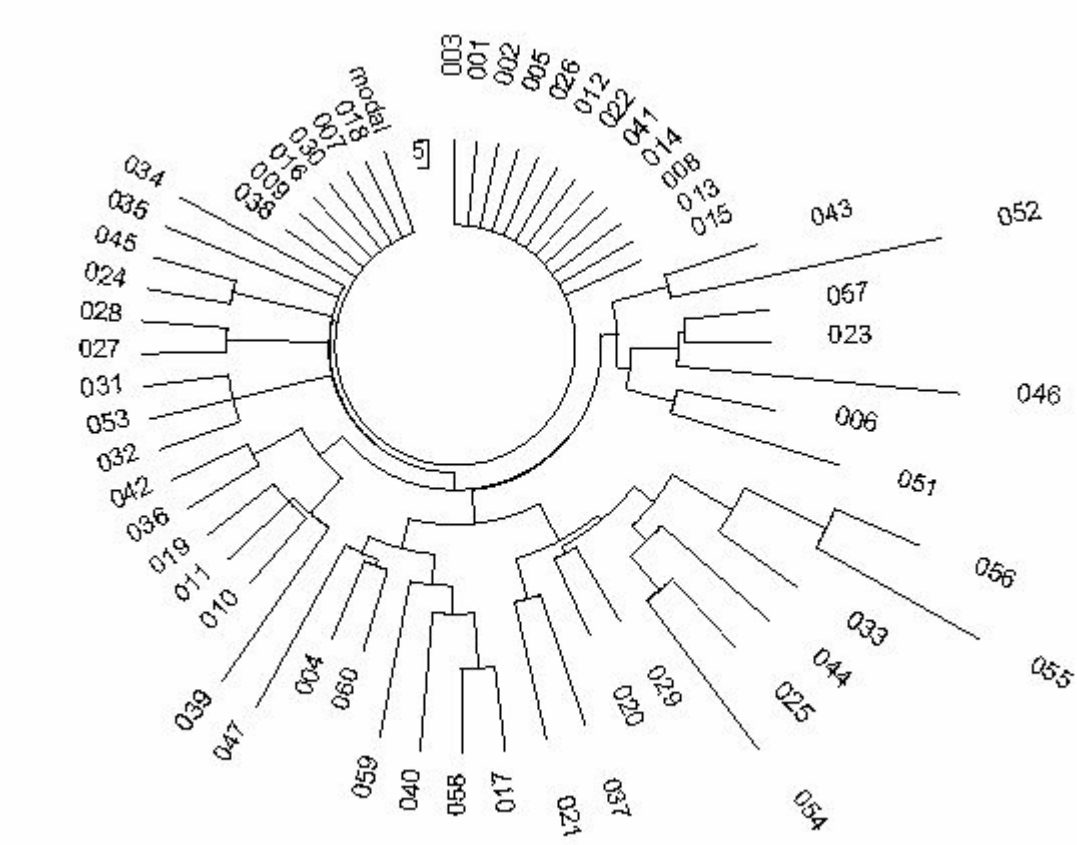


Рис. 3. Дерево 25-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке – 60 гаплотипов.

А вот то же самое – но для 37-маркерных гаплотипов (рис. 4). Базовый гаплотип МакДоналдов для них - следующий:

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

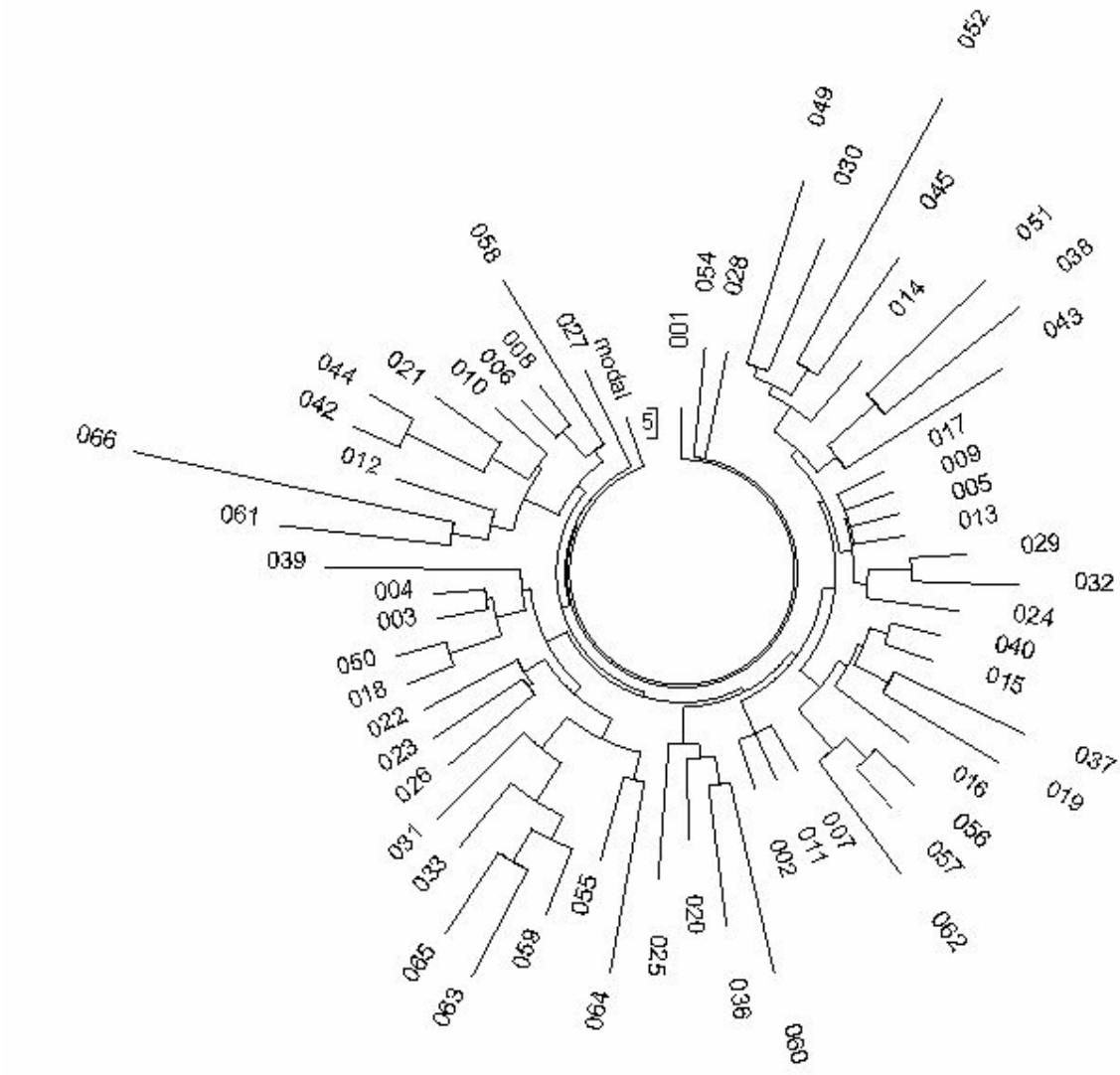


Рис. 4. Дерево 37-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке – 59 гаплотипов.

Видно, что из 59 гаплотипов (для девяти гаплотипов из списка МакДоналдов 37-маркерные не определялись) остался только один базовый, 001. Естественно, «вручную» его уже не определить, но компьютер помог. Остальные гаплотипы распались на десяток семейств. В принципе, для каждого из этих семейств можно посчитать время, прошедшее от общего предка. Естественно, эти предки будут уже относительно недавними, жившими зачастую 200-300 лет назад.

Всего в 59 гаплотипах содержится 178 мутация по отношению к тому базовому гаплотипу, но пятую часть из них, 36 мутаций, дал явно аномальный (35-й) маркер CDYb. Как показало последующее рассмотрение, далеко не во всех выборках этот маркер дает столь непропорциональное число мутаций. Видимо, семейство МакДоналдов расщепилось на две половины по этому маркеру, что и дало завышенное число мутаций. Это показывает, насколько надо быть осторожными при подобных калибровках. Поэтому я провел здесь два варианта калибровки – по всем 37 маркерам, с учетом маркера CDYb, и по 36 маркерам, без учета этого маркера. Соответствующие скорости мутаций равны 0.12 и 0.09 мутаций на гаплотип на поколение. Это дает 178/59/0.12 = 25, и 142/59/0.09 = 27 поколений до общего предка. Как видно, разницы практически нет, 26±1 поколение. Однако основываясь на обработках десятков и сотен выборок гаплотипов, я выбрал скорость мутаций в 37-маркерных гаплотипах, равной 0.09 мутаций на гаплотип на поколение. Это дает более согласованные результаты с гаплотипами разной длины.

Наконец, взглянем на 67-маркерные гаплотипы тех же Мак-Доналдов (рис. 5). Базовый гаплотип их, рассчитанный компьютером, следующий:

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

Всего в списке 26 гаплотипов. В них – 98 мутаций, или 3.77 мутаций на гаплотип. Поскольку общий предок жил те же 26 поколений назад, то в среднем на 67-маркерных гаплотипах происходит 0.145 мутаций на поколение.

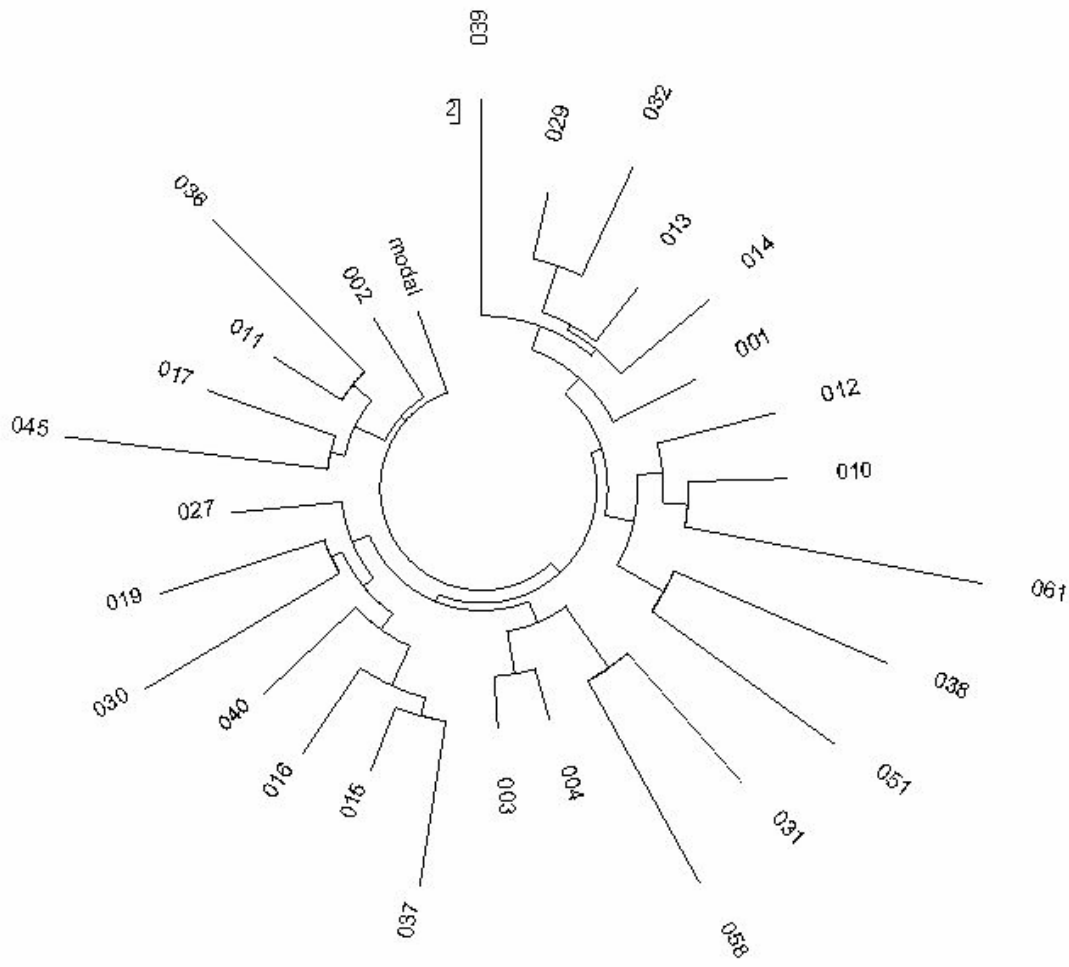


Рис. 5. Дерево 67-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке – 26 гаплотипов.

Дерево гаплотипов разошлось на пять семейств, образованных в свою очередь двумя предками. От одного из них идут гаплотипы 002, 036, 011, 017 и 045. В них – 17 мутаций, то есть эта ветвь образовалась 23 поколения назад. Другая ветвь значительно более обширная, и в свою очередь разбивается на четыре ветви. Возможно, следующий способ представления дерева, линейно, поможет это лучше увидеть:

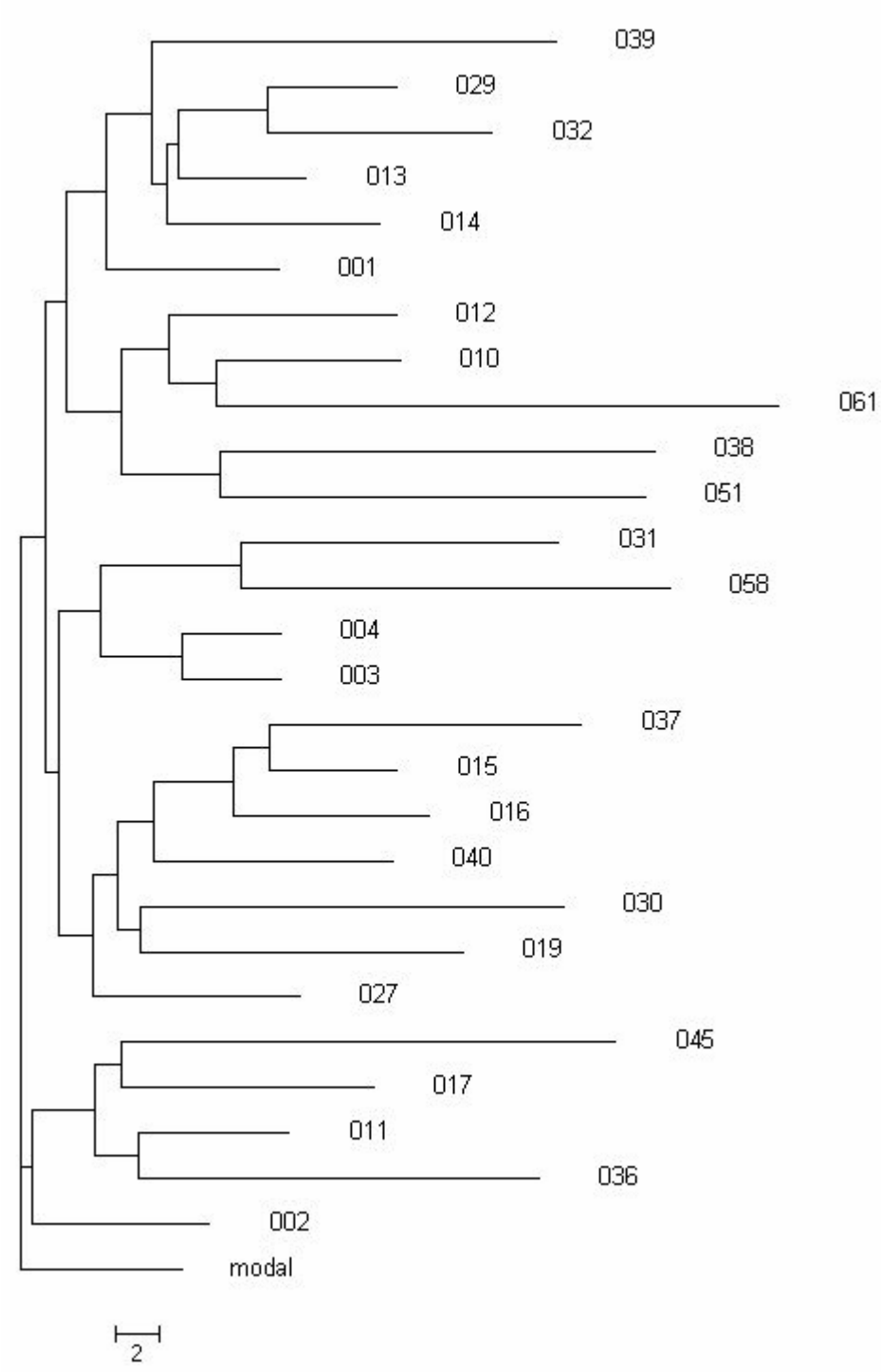


Рис. 6. Дерево 67-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке – 26 гаплотипов.

Естественно, чем длиннее гаплотипы, тем более четко выявляются близкородственные связи между ними. Например, гаплотипы 038 и 051, 003 и 004, 029 и 032 – как сидели парами в 37-маркерном дереве, так продолжают сидеть на 67-маркерном. Есть и другие устойчивые образования. Это и понятно – поскольку у меня и моего родного брата гаплотипы практически одинаковы, мы так и будем находиться рядом на любом дереве гаплотипов. Просто на дереве коротких гаплотипов мы с ним будем «разбавлены» случайными короткими же гаплотипами, образованными чисто статистически, а чем гаплотипы длиннее, тем больше мы с братом будем освобождаться от случайных совпадений.

В результате этой и других подобных калибровок получаем следующую таблицу:

Гаплотипы	Средняя скорость мутаций	
	На гаплотип	На маркер
6-маркерные	0.0096	0.0016
7-маркерные	0.024	0.0034
9-маркерные	0.025	0.0028
10- маркерные	0.026*	0.0026
10- маркерные	0.025**	0.0025
12- маркерные	0.024	0.0020
25- маркерные	0.046	0.0018
37- маркерные	0.090	0.0025
67- маркерные	0.145	0.0022

Здесь 12- и выше маркерные гаплотипы имеют последовательность согласно протоколу записи в формате FNDNA и YSearch.
-- 6-маркерные гаплотипы имеют «научный» формат записи, то есть DYS## 19, 388, 390, 391, 392, 393 (хотя порядок записи не влияет на расчеты),
-- 7-маркерные гаплотипы имеют состав DYS##19, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, и 393,
-- 9-маркерные гаплотипы имеют состав DYS##19, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 385a, и 385b, или DYS##19, 388, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, и 439,
-- 10-маркерные гаплотипы - DYS##19, 388 (или 439), 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 385a, и 385b (*), или DYS##19, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 385a, 385b, и 439 (*), или DYS##19, 388, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 426, и 439 (**).

Я буду обычно представлять гаплотипы с числом маркеров от 7 до 11 в формате 12-маркерных гаплотипов, замещая пропущенные аллели латинскими буквами X, Y, Z, в порядке DYS: 393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 426, 388, 439, 389-1, 392, 389-2.

Как видно, усредненные скорости мутаций на маркер относительно близки для разных гаплотипов, за исключением вклада 35-го маркера (CDYb).

Здесь надо отметить, что скорости мутаций продолжают оставаться дискуссионным вопросом в научной литературе. Вот названия только недавних статей «Определение скоростей мутаций по маркерам» (Журнал генетической генеалогии, США, 2006), «Скорости мутаций – у кого правильные величины?» (там же, 2007), «Неупорядоченность мутаций» (там же, 2007, письмо в редакцию). И в каждом случае авторы применяют свои приближенные (всегда!) подходы и свои допущения. Иначе нельзя, поскольку речь идет о неоднородных популяциях людей, популяциях разного размера, и при рассмотрении разных временнЫх периодов.

Например, при рассмотрении более восьми тысяч гаплотипов в базе данных YSearch первый автор получил средние скорости мутаций для 12-маркерных гаплотипов 0.0019±0.0003 мутаций на маркер на поколение (по моим данным - 0.0020), для 25-маркерных 0.0028±0.0004 (по моим данным 0.0018), для 37-маркерных 0.0049±0.0007 (по моим данным 0.0025 или 0.0032). Это уже мутации не на гаплотип, а на маркер. Второй автор приводит скорости, полученные другим способом, и объявленные сотрудниками крупнейшей компании в области ДНК-генеалогии (FTDNA), и они следующие – для 12-, 25- и 37-маркерных гаплотипов 0.0039, 0.0044 и 0.0058, соответственно. Там же автор приводит и другую величину скорости мутаций, определенную по 75258 маркерам-поколениям в 37-маркерных гаплотипах, в которых были обнаружены 309 мутаций, что дало авторам среднюю скорость мутаций 0.0041±0.0002. Еще один набор данных той же компании – для 12-маркерных гаплотипов 0.0024, для 25-маркерных 0.0027 мутаций на маркер на поколение.

Как видно, почти все литературные величины скоростей выше, чем мои. Этому есть довольно простое объяснение. Дело в том, что считая гаплотипы тысячами, авторы не разделяют общих предков, не разделяют разные генеалогические линии, не строят деревья гаплотипов, как показано выше. Порой даже не разделяют гаплогруппы, а считают все чохом. Естественно, число мутаций между столь разнородными

гаплотипами резко возрастает, что и приводит к якобы более высокой скорости мутаций за тот же промежуток времени.

Для упорядоченности изложения сведем эти литературные величины в одну таблицу величин скоростей мутаций в расчете на маркер (Chandler, 2006; Athey, 2007). Но повторяю – эти данные в основном завышенные, особенно для более протяженных гаплотипов:

12-маркерные – 0.0019±0.0003
25-маркерные – 0.0028±0.0004
37-маркерные – 0.0049±0.0007

12-маркерные – 0.0039; 0.0024
25-маркерные – 0.0044; 0.0027
37-маркерные – 0.0058; 0.0041±0.0002

Они или в пределах ошибок с моими данными (см. выше), или просто неверные, и не попадут в калибровку.

Так что данные разнятся, и за каждыми данными – определенная философия. Напомню, что свой набор данных я получал по 68 гаплотипам семейства МакДоналдов, где современные гаплотипы отстоят на 26 поколений от предка при 25 годах на поколение.

Тем не менее, для еще большего обоснования величин полученных мной скоростей мутации, причем не на 26 поколениях, а до многих сотен поколений, то есть вплоть до десятков тысяч лет до общего предка, приведу еще много серий данных. Но до этого рассмотрим так называемые возвратные мутации в гаплотипах, и как правильно считать, когда общий предок удален во времени на тысячелетия.

Скорости мутаций, расчет времени до общего предка, и возвратные мутации

Как отмечалось выше, мутации гаплотипов происходят согласно кинетике первого порядка. Это значит, что мутации происходят «сами по себе», спонтанно, и зависят только от случайности этого события, то есть происходят статистически. Это – допущение, которое, как показывает опыт, достаточно хорошо подтверждается практикой, экспериментом. В качестве аналогичных примеров часто приводят радиоктивный распад вещества, хотя здесь есть неточность в сравнении. Если аллель в гаплотипе, скажем, из 17 мутирует в 18, то есть вероятность (и вполне возможно, такая же, как и вероятность предыдущего события), что 18 со

временем мутирует не только далее в 19, но и обратно в 17. То есть произойдет возвратная мутация. Ясно, что такие возвратные мутации должны приводить к кажущемуся замедлению мутаций. Процесс продолжает быть неравновесным, исходного гаплотипа в течение долгого времени больше, чем его мутированных производных, но со временем, в ходе накопления мутированных гаплотипов, количество возвратных мутаций постепенно нарастает, прогрессивно замедляя общую скорость мутаций исходного гаплотипа.

Именно согласно кинетике первого порядка, пока мутированного гаплотипа (или маркера) мало, скорость возвратной мутации пренебрежима мала. С накоплением мутированного маркера скорость возвратной мутации становится ощутимой, и затем, как было сказано, нарастает прогрессивно. Но для этого в реальных условиях нужны тысячелетия. Для 12-маркерного гаплотипа, например, если простой расчет по мутациям дает время до общего предка, равное 8000 лет, на самом деле это уже 11800 лет. Таким образом, реальная скорость мутаций будет уже не 0.0020 мутаций на маркер на гаплотип, а 0.0014.

Это явление, иногда называемое гомоплазией, может быть описано в виде следующей схемы

D ↔ B ↔ A ↔ C ↔ E

где A – базовый, или предковый маркер, и остальные – его ближайшие мутированные формы. При гомоплазии мы видим меньше мутаций, чем их на самом деле имело место, и чем глубже во времени, тем больше несоответствие. Мы видим меньше мутаций, и рассчитываем (если без учета гомоплазии), что предок жил, скажем, 10 тысяч лет назад, а он на самом деле жил почти 17 тысяч лет назад.

Давайте разбираться, так ли это, насколько велико несоответствие, стоит ли его учитывать, и как это делать.

Следует отметить, что кинетическое уравнение, учитывающее гомоплазию по схеме выше, весьма сложно, и решается в численном виде. Автор признателен коллеге Михаилу Семенову за написание и предоставление программы для расчетов гомоплазии, и Вадиму Урасину за составление соответствующих таблиц. Расчеты показывают, что двумя шагами мутации от базового маркера в каждую сторону при известных скоростях мутаций можно вполне ограничиться, поскольку даже через 10 тысяч лет количество маркеров, отличающихся от базового на две мутации, составит менее 4%. Это – с учетом гомоплазии.

Будем исходить из того, что для 12-маркерных гаплотипов скорость мутаций, усредненная по всем 12 маркерам, равна 0.002 мутаций на маркер на поколение, или одна мутация на маркер в среднем раз в 500 поколений (12500 лет, считая 25 лет на поколение). Для 6-маркерных гаплотипов эта средняя скорость равна 0.0016 мутаций на маркер на поколение.

Как было описано выше, калибровка для нашего случая проводилась по гаплотипам МакДоналдов, при временном расстоянии до общего предка, равном 26 поколениям.

Рассмотрим три модели:

1. Линейная модель. Эта простейшая модель применима для расчетов при относительно малом числе поколений, или (что по смыслу то же самое) малом числе мутаций в базовом (предковом) гаплотипе. В этом случае формула для расчета времени, прошедшего от общего для всей выборки предка, проста:

$t = n/N/k$

где t – время до общего предка, в поколениях,
n – количество мутаций во всех N галотипах выборки,
k – средняя скорость (частота) мутаций, выраженная в числе мутаций на маркер на поколение.

2. Вероятностная модель. Она рассматривает вероятности мутации в том или ином направлении, в сторону увеличения или уменьшения аллеля (числа тандемных повторов в маркере). При вероятности события, а именно мутации маркера в ту или иную сторону, равной 0.002, вероятность события, дополнительного к этому, равна 0.998. Это – вероятность того, что за одно поколение мутации не произойдет. Тогда через 10 поколений нетронутыми останутся $0.998^{10} = 0.98018$, то есть 98% маркеров. В этом случае линейная модель вполне применима. В целом после x поколений вероятность того, что мутация в маркере не произойдет равна 0.998^x.

3. Модель с учетом возвратных мутаций. Численные значения величины поколений до общего предка выборки рассчитывается по специальной программе или находятся по специальным таблицам. Пример сокращенной таблицы дан для иллюстрации ниже. Скорости мутаций принимались теми же, 0.002 мутаций на поколение на маркер в любом направлении.

Таблица
Пересчет среднего числа мутаций в 12-маркерных гаплотипах в число поколений – для трех моделей, описанных в тексте

Среднее число мутаций в 12-маркерных гаплотипах*	Число поколений (в скобках - годы) до общего предка			Эффективная скорость мутаций на маркер на поколение для различных временных дистанций до общего предка
	Линейная модель	Вероятностная модель (без учета возвратных мутаций)	Модель с учетом возвратных мутаций	
0.020	10 (250)	10 (250)	10 (250)	0.0020
0.052	26** (650)	27 (650)	27 (675)	0.0020
0.080	40 (1,000)	42 (1.050)	42 (1,050)	0.0019
0.12	60 (1,500)	64 (1,600)	64 (1,600)	0.0019
0.20	100 (2,500)	111 (2,775)	111 (2,775)	0.0018
0.40	200 (5,000)	255 (6,375)	250 (6,250)	0.0016
0.80	400 (10,000)	804 (20,100)	675 (16,875)	0.0012
1.16	580 (14,500)	>4,000 (>100,000)	1,700 (42,500)	0.0007
1.20	600 (15,000)	>5,000 (>125,000)	2,200 (55,000)	0.00055

* Для 6-, 25-, 37- и 67-маркерных гаплотипов необходимо вносить корректирующий фактор на скорость мутаций в гаплотипах (см. предыдущий раздел). Скорость мутаций на гаплотип по отношению к 12-маркерным гаплотипам равна – для 6-маркерных гаплотипов 125%, для 25-маркерных гаплотипов 109%, для 37-маркерных наплотипов 82%, для 67-маркерных гаплотипов 93%.

** Число поколений, использованное для калибровки скоростей мутаций (см. предыдущий раздел)

Таблица показывает, что даже всего после 1000 лет мутационной эволюции наблюдаются небольшие отклонения числа поколений, рассчитанных по линейной модели от более правильной вероятностной модели и от модели с учетом возвратных мутаций. Линейная модель может быть использована до наступления примерно 0.2 мутаций на маркер, то есть примерно до 100-110 поколений до общего предка. При наступлении этого временного и мутационного порога вычисленное с помощью линейной модели число поколений до общего предка оказывается заниженным на 10%. При наступлении 6000 лет до общего предка линейная модель приводит к значительному отклонению, примерно на 25% занижению расчетного числа поколений и времени до общего предка, и уже не должна быть использована.

Вероятностная модель становится непригодной после примерно 10 тысяч лет до общего предка, поскольку начинает намного переувеличивать это время, а именно, на 20% после 10 тысяч лет. Как показывает Таблица, при 14500 годах до предка по линейной модели это оказывается 42500 для модели с учетом обратных мутаций, но завышается до более 100 тысяч лет по модели вероятностной, что просто нереалистично.

Именно при 42,500 годах до общего предка эффективная скорости мутации становится 0.007 мутаций на маркер на поколение (см. Таблицу). У этой величины скорости короткая, но любопытная история. Ее предложил Л.А. Животовский (Zhivotovsky et al, 2004) для популяционных измерений, которые не имеют практически ничего общего с ДНК-генеалогическими, которые мы здесь рассматриваем. Эта величина, 0.0007, применима (и притом с огромной неопределенностью) для очень приблизительного вычисления времен начала (зарождения) всей популяции, многие линии которой оказались потеряны вследствии «бутылочных горлышек» популяции, и поэтому общая измеряемая эволюционная скорость оказывается на практике заниженной, в идеале (при огромной статистике) в 3-4 раза по сравнению с «генеалогической».

Коротко говоря, эту «эволюционную скорость» мутаций можно применять в ДНК-генеалогии только для выборок гаплотипов, имеющих общего предка именно и только 42500 лет назад. При временах меньших, чем 42500 лет, эффективная скорость будет выше, а при временах более 42500 лет эффективная скорость будет еще ниже чем 0.0007 (см. Таблицу).

К сожалению, эту величину «популяционной скорости» некритично применяют в литературе для малых популяций с малым числом мутаций, в пределах одной гаплогруппы, и с временами общего предка часто в пределах 500 до 5000 лет – то есть там, где вполне возможно (и нужно) применять «ДНК-генеалогические подходы». В результате времена жизни общего предка оказываются заниженными в несколько раз. Примеры будут даны ниже.

Как видно, влияние возвратных мутаций на временные оценки в ДНК-генеалогии имеет фундаментальную значимость при временах жизни общего предка глубже, чем 3000-5000 лет назад, и при временах больше чем 10 тысяч лет назад может удвоить и утроить эти временных расстояния.

Конкретные примеры влияния возвратных мутаций рассматриваются ниже.

Продолжение примеров расчетов времен до общих предков

6-маркерные гаплотипы

6-маркерные гаплотипы – далеко не лучший выбор для расчетов времен до общего предка. Однако порой это единственный выбор, поскольку в научных публикациях ими часто и ограничиваются. Считая мутации в 6-маркерных гаплотипах, мы играем в лотерею. Иногда число мутаций на 6 маркерах пропорционально числу мутаций в более протяженных гаплотипах, то есть получается, например, 0.46 мутации на маркер в 6-маркерных, 0.37 – в 12-маркерных, 0.40 – в 25-маркерных, 0.30 – в 37-маркерных, и 0.34 – в 67-маркерных гаплотипах. С учетом скоростей мутаций во всех этих гаплотипах – это ровно одно и то же число поколений до общего предка. А именно, 227 поколений, то есть 5,б75 лет до общего предка. При таком точном совпадении я осторожно напишу 5,700±100 лет до общего предка. Но обычно разброс значительно выше. Указанная ± ошибка здесь относится к точности расчетов, а не к привязке этой даты к фактическим историческим событиям. Я полагаю, что эта привязка довольно приемлемая, но в ДНК-генеалогии с этим надо еще много работать.

Чаще бывает, что при 6-маркерных гаплотипах среднее число мутаций на маркер оказывается выше или ниже, чем это число у более протяженных гаплотипов. Тогда время до общего предка, расчитанное по 6-маркерным

гаплотипам, окажется соответственно завышенным или заниженным. Часто сравнивать и не с чем, потому что в наличии только 6-маркерные гаплотипы. Однако опыт показывает, что если предок недавний, то это не имеет никакой разницы, поскольку мутации редки, и во многих 6-маркерных гаплотипах мутации прсто отсутствуют. Тогда сразу видно, что предок недавний, и этого бывает знать вполне достаточно. На дереве гаплотипов это плоские ветви, все (или большинство) гаплотипов на которых идентичны. Если же предок древний, то и 6-маркерные гаплотипы об этом сразу говорят. Дело в том, что у 6-маркерных гаплотипов три маркера очень медленные (DYS# 388, 392, 393). Если они заметно мутированы, значит предок очень древний. Это тоже о многом говорит. А вот в промежуточных вариантах 6-маркерные гаплотипы часто дают отклонения. Но это часто опять не особенно критично, потому что при современном состоянии ДНК-генеалогии часто уже информативно – древний предок, молодой, или промежуточный. 6-маркерные гаплотипы на такие вопросы отвечают, и часто дают приемлемую оценку событий.

Индийцы и пакистанцы (гаплогруппа R2)

Рассмотрим, когда жил общий предок для некоторой довольно большой выборки гаплотипов гаплогруппы R2. В недавней статье Sengupta и др. (2006) был опубликован набор гаплотипов 81 индийцев и пакистанцев (последних было 13 человек), имеющих гаплогруппу R2. 21 из них имели следующий базовый гаплотип

14-12-23-10-10-14

Все эти 81 гаплотипов имели 105 мутаций от указанного базового гаплотипа. Это дает ln (81/21)/0.0096 = 141 поколение от общего предка на основе доли базовых гаплотипов, и 105/81/0.0096 = 135 поколений от общего предка на основе мутаций. Это – хорошее совпадение результатов, и указывает, что для данной выборки был один предок. Но поскольку число поколений до него превышает сотню, следует ввести поправку на возвратные мутации. Тогда получаем, что общий предок жил 160±6 поколений, или 4,000±150 лет назад. Как видно, в этой ситуации поправка прибавила 20-25 поколений, или примерно 500-600 лет, что весьма существенно.

Индийцы племени Ченчу (гаплогруппа R1a1)

Ченчу, племя австралоидов Южной Индии, имеют R1a1 гаплогруппу у 27% своего состава, а именно у 11 человек из тестированных 41 (Kivisild et al, 2003). Представляется логичным связать эту гаплогруппу у Ченчу с прибытием ариев (R1a1) в Индию примерно 3400-3500 лет назад, или даже раньше, если было несколько волн ариев в Индостан. Однако авторы цитируемой и последующих статей по гаплотипам в Индии (Sengupta et al, 2006; Sahoo et al, 2006) объявили, что эти гаплогруппы в Индии древние, и что они поэтому и зародились в Индии. Была дана и оценка – 14,000±3,100 лет назад для гаплогруппы R1a1 в целом по стране (Sengupta et al, 2006).

Проверим.

11 гаплотипов – это неважная статистика, но кое-что можно определить, даже просто посмотрев на гаплотипы. Если большинство их идентичны друг другу – общий предок жил в пределах тысячи лет назад. Если хотя бы два гаплотипа из 11 будут идентичны, то есть шанс, что общий предок жил ln(11/2)/0.096 = 178 поколений, или 4,450 лет назад, а с поправкой на возвратные мутации – 216 поколений, то есть 5,400 лет назад. Если все гаплотипы разные, то есть все мутированы, то общий предок мог жить не ближе, чем 6 тысяч лет назад. Так что и с 11 гаплотипами, даже 6-маркерными, можно получить неплохую информацию, пусть предварительную.

У одиннадцати Ченчу семь (!) гаплотипов были идентичными:

16-12-24-11-11-13

Между прочим, мой гаплотип. Как и моя гаплогруппа. Предок не подкачал.

Это – только одна мутация в сторону от базового 6-маркерного восточно-славянского гаплотипа:

16-12-25-11-11-13

Для Ченчу это дает ln(11/7)/0.0096 = 47 поколений до общего предка, если считать по доле сохранившегося базового гаплотипа. А поскольку все гаплотипы содержат только 9 мутаций от базового гаплотипа, это дает 9/11/0.0096 = 85 поколений до общего предка. Ясно, что разнобой, и это

означает, что предков по меньшей мере двое. Причем один из них недавний, он и оставил много немутированных, базовых гаплотипов.

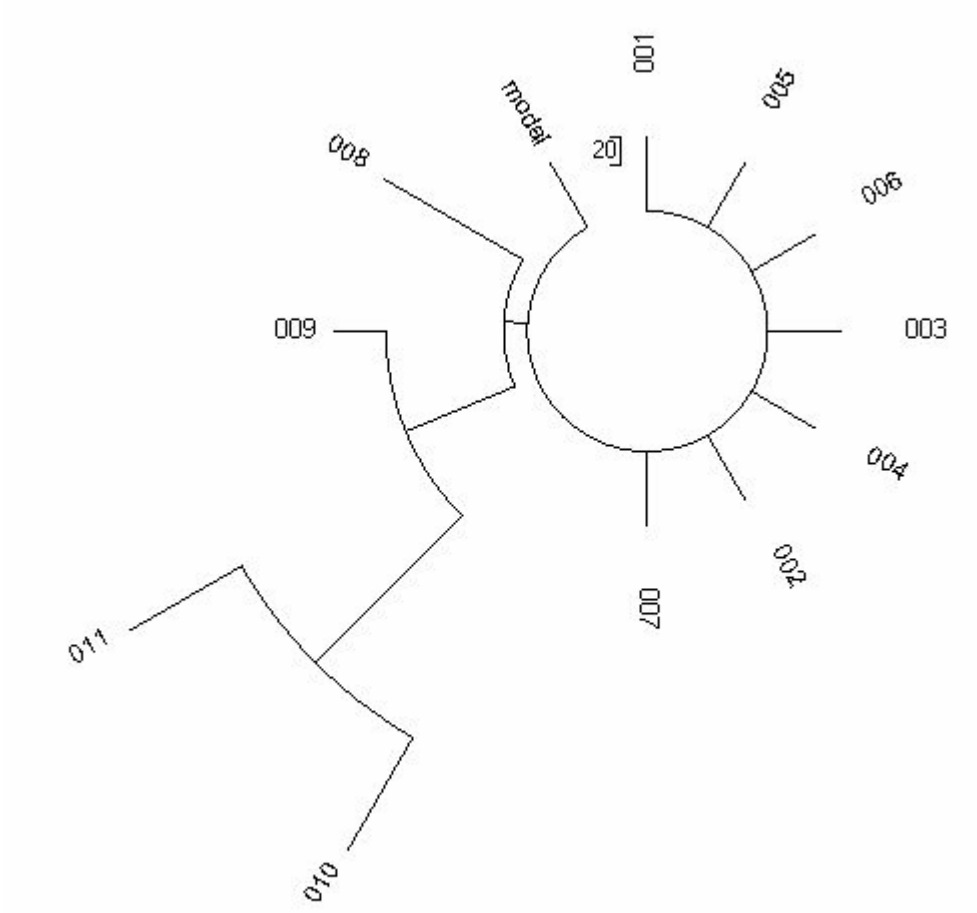


Рис. 7. Дерево 6-маркерных гаплотипов индийцев племени Ченчу, построено по данным (Kivisild et al, 2003). В выборке – 11 гаплотипов.

Действительно, дерево гаплотипов, приведенное на рис. 7, четко показало наличие двух ветвей – одна недавняя, из 8 гаплотипов, 7 из которых идентичны друг другу, то есть базовые, и имеют всего одну мутацию, и другая, из трех гаплотипов, в которых имеются три мутации от своего базового гаплотипа

Недавняя ветвь дает ln(8/7)/0.0096 = 14 поколений, и 1/8/0.0096 = 13 поколений до общего предка. Это явно от одного и того же предка, который жил примерно 350 лет назад, в 17-м веке. А старая ветвь дает 3/3/0.0096 = 104 мутации, с поправкой на возвратные мутации – 116 поколений, то есть 2,900 лет до общего предка. Статистика плоха, но данные вполне разумные, поскольку древними эти три гаплотипа быть никак не могут, с тремя мутациями на всех. А поскольку арии прибыли в Индию предположительно 3400-3500 лет назад, то им могло вполне хватить 500-600 лет, чтобы добраться до племени Ченчу в джунглях. Короче, легенда о древности R1a1 в племени и об «аборигенном» происхождении этой гаплогруппы в Индии не выдерживает даже минимальной проверки.

Что же касается вопроса, откуда у Ченчу появилась R1a1 второй раз, в 17-м веке, то это становится ясным после цитаты из статьи (Kivisild et al, 2003): «Ченчу как мирные охотники-собиратели впервые описаны армией Мохаммедана в 1694 году».

Индийцы племени Койя (гаплогруппы F и H1)

Выборка гаплотипов еще одного южно-индийского племени, Койя, приведена в работе Кивисилда и др. (2003). В этом племени обнаружен всего один гаплотип гаплогруппы R1a1 среди 41 тестированных человек, и большинство остальных имели более характерные для Индии гаплогруппы F и H1, в количестве 11 и 25 гаплотипов, соответственно.

Из 11 гаплотипов гаплогруппы F два были одинаковыми:

16-13-21-11-11-14

Это формально соответствует ln(11/2)/0.0096 = 178±40 поколениям до общего предка. Оценка стандартного отклонения такова потому, что в выборке только 2 базовых гаплотипа. Окажись там совершенно случайно один или три – вот и приведет к тому самому отклонению плюс-минус 40. Например, три базовых дадут 135 поколений до общего предка. Так что малое число базовых гаплотипов весьма чувствительно к вариациям времени до общего предка.

Но поскольку те 11 гаплотипов имеют 15 мутаций от базового гаплотипа, это даст 15/11/0.096 = 142±10 поколений до общего предка. Оценка стандартного отклонения проведена по тем же принципам, и отражает

плюс-минус одну случайную мутацию. Мы видим, что эти две цифры, по удаленности от общего предка, вполне соответствуют друг другу в пределах минимальной ошибки. Получается, что общий предок членов племени Койя с гаплогруппой F жил (с поправкой на возвратные мутации) 4,800±700 лет назад.

Перейдем к гаплогруппе H1. В 25 гаплотипах этой гаплогруппы имеется 11 базовых:

15-12-22-10-11-12

Это соответствует ln(25/11)/0.0096 = 86±10 поколений до общего предка. А поскольку те же 25 гаплотипов содержат 22 мутации, то получаем 22/25/0.0096 = 92±4 поколения. То есть практически одно и то же в пределах ошибки. Таким образом, данные показывают, что общий предок 25 членов племени Койя гаплогруппы H1 жил (с поправкой на возвратные мутации) 2,400±400 лет назад.

Индийцы племени Корагас (гаплогруппа H1)

Чтобы завершить пока разговор о южно-индийских племенах, рассмотрим еще одно, под названием Корагас. 28 гаплотипов его членов были описаны в статье (Cordaux et al, 2004). Там были даны только 5-маркерные гаплотипы, с маркерами DYS#389-1, 389-2, 390, 391, 393. В таком порядке они и даны ниже. Пришлось калибровать эти гаплотипы по серии Доналдов, и получилось, что средняя скорость их мутаций равна 0.023 на гаплотип на поколение, или 0.0046 на маркер на поколение.

Все 28 гаплотипов принадлежали одной гаплогруппе, H1, и включали 10 идентичных, базовых гаплотипов. Уже видно, что общий предок жил не головокружительно далеко. Так и оказалось – близко к началу нашей эры.

Базовые гаплотипы были такие:

11-27-22-10-12

Они содержали 27 мутаций от данного базового. Это дает по остаточным базовым гаплотипам ln(28/10)/0.023 = 45 поколений, а по мутациям 27/28/0.023 = 42 поколения до общего предка. Практически одно и то же. Это означает, что общий предок был один, и он жил примерно 1,100±100 лет назад.

Кстати, в принятой «научной» 6-маркерной системе базовый гаплотип индийцев Корагас имеет вид

X-Y-22-10-Z-12

то есть такой же, как и базовый гаплотип индийцев Койя гаплогруппы H1, за исключением того, что пропущенные аллели здесь обозначены латинскими буквами.

Видно, что все три рассмотренные племени не столь древние. Байки про исключительную древность индийских гаплотипов, публикуемые в научной литературе, пока остаются байками. Естественно, эти три не исчерпывают индийские племена, но в литературе-то приводятся данные именно по этим трем! А также рассуждения про «разнообразие» индийских гаплотипов, смутные расчеты общих предков этого разнообразия, да еще с делением получаемого времени на три.

Все на свете может быть. Но не на таком уровне доказательств, какие приводят уважаемые специалисты по расчетам времен жизни древних предков в научной литературе.

Вот и получается, что в обобщающей недавней работе по Индии (Sengupta et al, 2006) расстояние до общего предка гаплогруппы R2 в Индии оказывается от 11,600 до 18,100 лет, а по данным самих же авторов, но мной пересчитанным, всего 4,000±150 лет (см. выше). Расстояние до общего предка гаплогруппы R1a1 в племенах по данным тех же авторов 10,900 лет, а в целом по стране – 14,000 лет. На самом деле цифры по племенам дают 2,900 лет (на примере племени Ченчу), а в целом – 3,800 лет (см. ниже). Все та же разница в 3-4 раза, уже приведенная выше при обсуждении скоростей мутаций.

Американские индейцы (гаплогруппа Q)

В научной литературе (Bortolini et al, 2003) были опубликованы 117 гаплотипов американских индейцев гаплогруппы Q-M3. Эти гаплотипы определенно принадлежали разным общим предкам. На это указывает несоответствие числа базовых гаплотипов и мутаций. Идентичны друг другу были 31 гаплотип, и это дает 138 поколений до общего предка, а 273 мутации в тех же 117 гаплотипах дают 243 поколения до общего предка, а с поправкой на возвратные мутации даже 321 поколение.

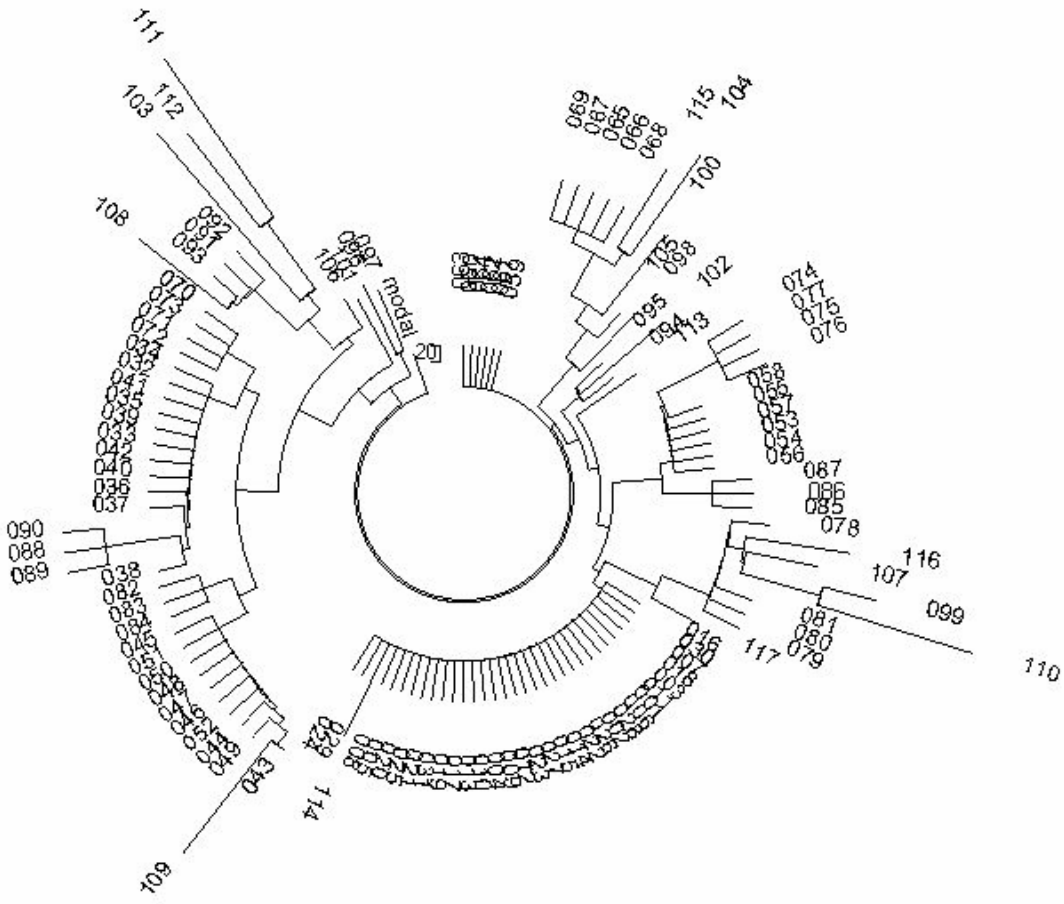


Рис. 8. Дерево 6-маркерных гаплотипов американских индейцев гаплогруппы Q, построено по данным (Bortolini et al, 2003). В выборке – 117 гаплотипов.

Действительно, дерево гаплотипов, приведенное на рис. 8, показывает наличие по меньшей мере шести общих предков для этих 117 индейцев. Четверо из них оказались совсем недавними общими предками, жившими в пределах последней тысячи лет. У них – следующие базовые гаплотипы:

13-12-24-10-14-13
13-12-23-10-14-13
13-12-24-10-15-12
13-12-24-10-13-14

Самая древняя ветвь – из 11 гаплотипов – имеет следующий базовый гаплотип:

13-13-24-10-14-14

Эта ветвь содержит 32 мутации, что дает 436 поколений, или 10,900 лет до общего предка.

Так что когда предок древний, так он и получается древним.

Армяне (гаплогруппа R1b)

Выборка из 238 гаплотипов армян гаплогруппы R1b была представлена в работе (Weale et al, 2001). Она включала гаплотипы из шести регионов Армении, Карабаха, Ирана, и других районов армянской диаспоры в мире. Рассмотрение нами этих гаплотипов показало, что часть из них относятся к древним, а часть - к относительно «молодым» предкам. Иначе говоря, все эти выборки представляют неоднородную смесь популяций, и для всех расчеты по остаточным гаплотипам и по мутациям дают весьма различные результаты.

Тем не менее, во всех шести регионах базовый гаплотип был один и тот же:

14-12-24-11-13-12

Он отличается на одну мутацию от «Атлантического модального гаплотипа»

14-12-24-11-13-**13**

Например, для Иранского региона число поколений до «общего предка», рассчитанное по остаточным базовым гаплотипам и по мутациям оказалось равно 157 и 179, соответственно. Для Карабаха это равно 140 и 156 поколений. Для Восточной Турции – 168 и 203 поколения. Для Северной Армении – 160 и 206 поколений. Для Южной Армении – 107 и 138 поколений. Самое высокое число поколений оказалось для Араратского региона – 168 и 260 поколений, то есть, формально (и неправильно) говоря, 4,200 и 6,500 лет до общего предка. Дело в том, что при смеси общих предков в выборке первая цифра обычно оказывается завышенной, а вторая – заниженной. При разделении предков эти цифры обычно расходятся шире. Насколько шире расходятся – зависит от ряда

факторов, в особенности от того, сколько потомков в выборке от каждого общего предка, и сколько до него поколений от настоящего времени.

Для того, чтобы разобраться с этой проблемой, было построено дерево для 52-х гаплотипов для объединенной выборки Араратского региона и Северной Армении

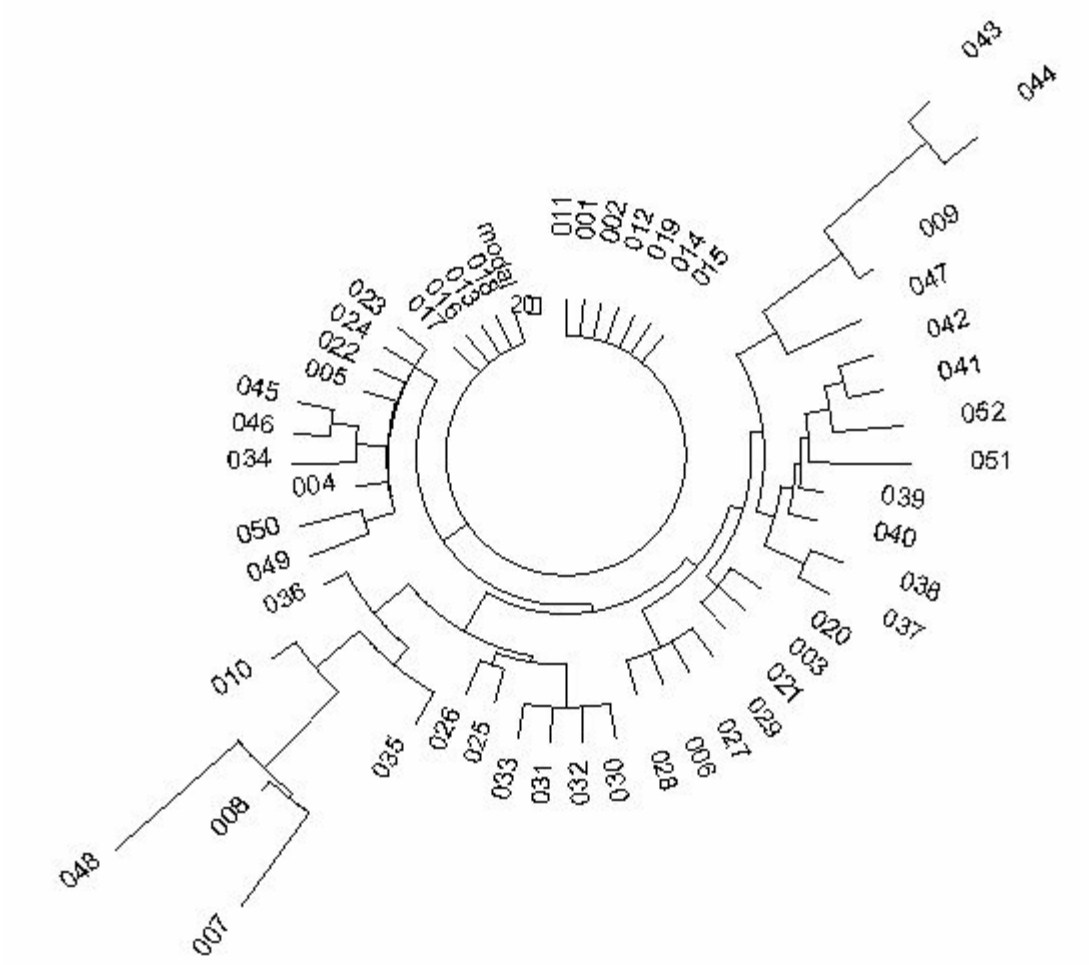


Рис. 9. Дерево 6-маркерных гаплотипов объединений выборки Араратского региона и Северной Армении, гаплогруппа R1b, построено по данным (Weale et al, 2001). В выборке – 52 гаплотипа.

Дерево подразделилось на пять ветвей. Одна ветвь очень древняя, с предком 456 поколений, или 11,400 лет назад (!). Другая ветвь дала 217

поколений, то есть 5,500 лет назад до общего предка. Третья ветвь – 200 поколений, 5000 лет назад. Четвертая ветвь – 150 поколений, то есть 3,750 лет назад. Пятая ветвь оказалась совсем недавней, в ней были только базовый гаплотипы, 11 штук, поэтому возраст посчитать было нельзя. Примерно несколько сот лет до общего предка.

Ясно, что большинство армянских общих предков значительно старше западно-европейских, которые жили между 3,100 и 3,900 годами назад, как будет показано ниже. Только еврейский R1b предок, который жил 5,000±200 лет назад, может сравниться с армянскими по древности, да и то не с самым древним. Похоже, что европейские R1b предки или исчезли с европейского континента во 2-м тысячелетии до н.э. (или ранее), или никогда там до того не были.

Поэтому армянские и еврейские члены рода R1b значительно старше, чем их западноевропейские сородичи.

Армяне (гаплогруппа R1a1)

Выборка из 37 гаплотипов была представлена в той же статье (Weale et al, 2001), упомянутой выше. Они тоже включают гаплотипы из пяти регионов Армении, Карабаха, Ирана и т.д. Также, как и в случае гаплотипов гаплогруппы R1b, все подвыборки по регионам показывают более чем одного общего предка. Например, если считать по всем 37 гаплотипам, то остаточные базовые гаплотипы покажут 64 поколения до общего предка, а число мутаций – 96 поколений. Опять, первая цифра обычно завышена, вторая – занижена при таком способе расчета, при смешивании общих предков.

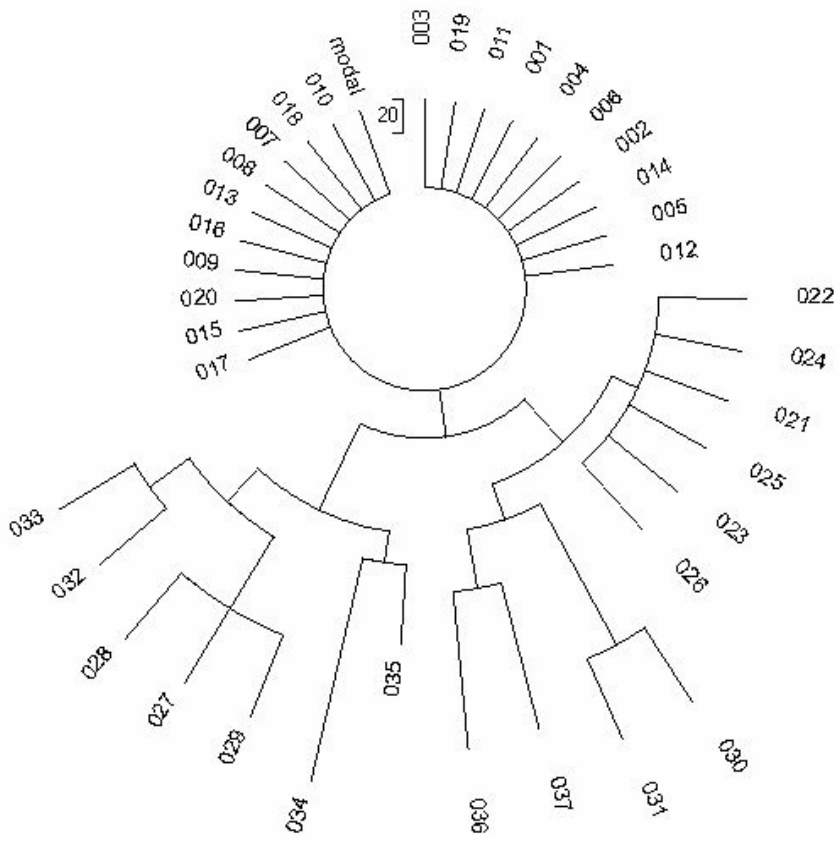


Рис.10. Дерево 6-маркерных гаплотипов объединений выборки Араратского региона и Северной Армении, гаплогруппа R1a1, построено по данным (Weale et al, 2001). В выборке – 37 гаплотипов.

Более внимательное рассмотрение дерева гаплотипов (рис. 10) показало, что оно содержит большое количество гаплотипов от недавнего предка:

15-12-25-11-11-13

которые даже не могут быть идентифицированы во времени, настолько они недавние. Таких в выборке 20 идентичных гаплотипов. Примечательно, что их не содержат выборки из Ирана и Восточной Турции.

17 мутированных гаплотипов имеют свой базовый гаплотип

16-12-25-11-11-13

всего лишь одну мутацию от недавнего базового гаплотипа. Это – «классический» восточно-славянский гаплотип, который в 12-маркерном формате выглядит следующим образом

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

и будет обсуждаться ниже. Общий предок современных русских с восточно-славянским гаплотипом жил 148±12 поколений, то есть 3,700±300 лет назад (см. ниже). Общий предок современных армян гаплогруппы R1a1 жил 164±20 поколений, то есть 4,100±500 лет назад. Здесь ошибки даны оценочно.

В целом понятно, почему пра-славянский, или арийский базовый гаплотип присутствует во всех армянских популяциях, в то время как совсем недавний базовый гаплотип присутствует только у армян на территориях бывшей советской Армении, но не в Иране или Турции.

Евреи (гаплогруппы J и J1)*

Список из 194 гаплотипов евреев гаплогруппы J* был опубликован в работе Бехара и др. (Behar et al, 2003). 91 из них были идентичны друг другу:

14-16-23-10-11-12

Это так называемый «Модальный гаплотип коэнов» (МГК). В общем, уже ясно, что когда 91 базовый гаплотип из 194, то есть половина, то предок явно не древний. Тем не менее, авторы самой нашумевшей работы по ДНК-генеалогии, опубликованной в журнале Nature в 1997 году, и затем там же, в 1998-м, объявили, что МГК появился больше 3 тысяч лет тому назад. А этого просто не может быть, глядя на эти гаплотипы.

Проверим.

Полный набор из 194 гаплотипов содержит 263 мутации, то есть указывает на общего предка, жившего 263/194/0.0096 = 141 поколение назад. Действительно, вроде бы 3,525 лет назад. А если с поправкой на возвратные мутации – то и вовсе 164 поколения, 4,100 лет назад. Но

посмотрим на долю остаточных базовых гаплотипов: ln(194/91)/0.0096 = 79 поколений, примерно 2 тысячи лет. Значит, там не один предок, а больше. Нельзя так считать, как авторы статей в Nature. И в десятках других статей.

Посмотрим на другую выборку, гаплогруппы J1 евреев, извлеченную из базы данных YSearch. 90 гаплотипов, в них 41 базовый, и 123 мутации от точно такого же базового гаплотипа. Это дает 123/90/0.0096 = 142 поколения до общего предка (а в «научной выборке» было 141 поколение!) и ln(90/41)/0.0096 = 82 поколения («научная» выборка дала 79 поколений). Иначе говоря, «коммерческая» и «научная» выборка дали одни и те же результаты. Но в любом случае и та, и другая показывают, что предок был не один.

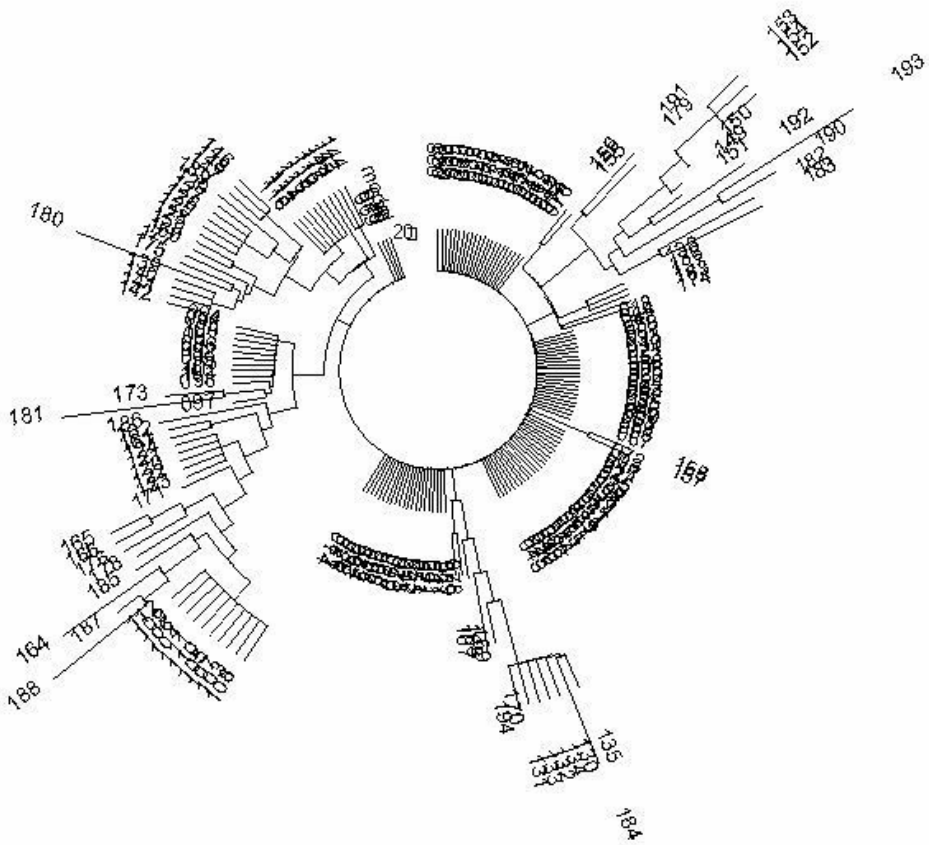


Рис.11 Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J, построено по данным Бехара и др. (2003). В выборке – 194 гаплотипов.

Детальное изучение выборок показало (Klyosov, 2008) что эти выборки содержат по меньшей мере восемь (!) генеалогических линий, каждая из которых берет начало от своего общего предка, и предки эти жили 11,100±600, 6,200±400, 5,100±500, 3,500±200, 1,800±200, 775±50, 1,650±350 and 1,350±100 лет назад. Последние две линии – «Модальный гаплотип коэнов», которых оказалось два уже в 12-маркерных гаплотипах. Некоторые древние линии повели свое начало от обших предков, которые жили 13,400±2,400 и 9,000±1,000 лет назад, но потом расщепились, пройдя, видимо, бутылочные горлышки популяции. Деревья гаплотипов «научной» и «коммерческой» выборки евреев в 6-макерном варианте приведены на рис. 11 и 12.

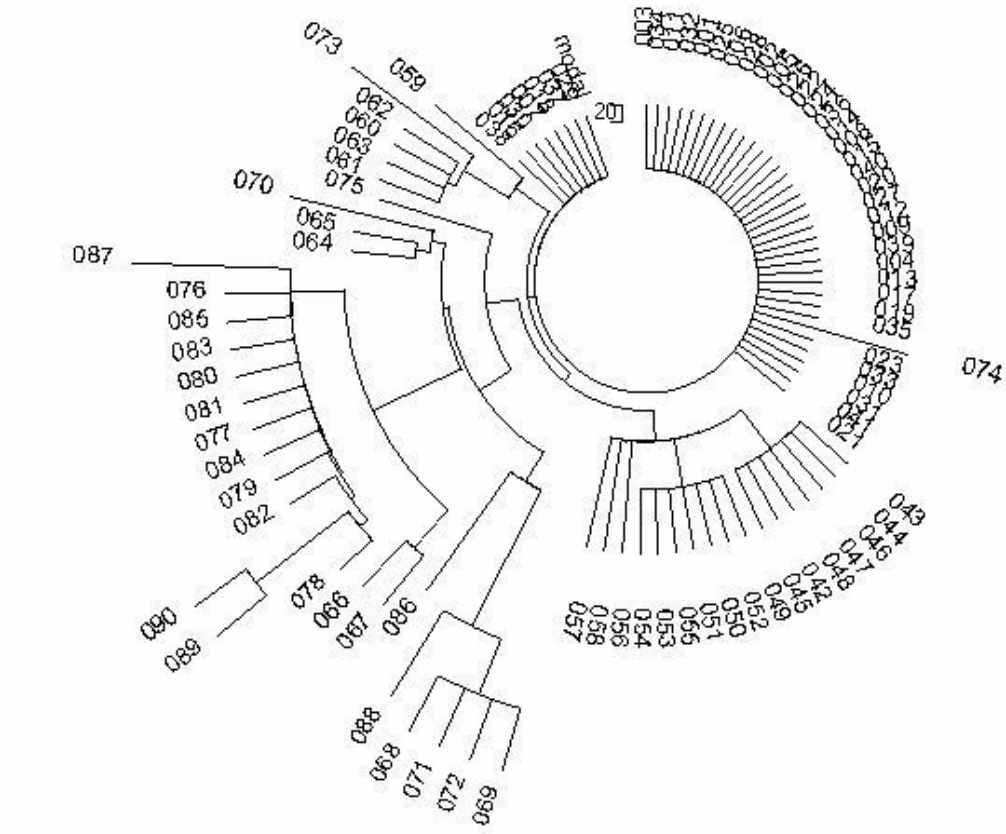


Рис.12 Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J1, построено по данным базы данных YSearch (2008). В выборке – 90 гаплотипов.

Евреи (гаплогруппа J2)

В работе Бехара и др. (Behar et al, 2004) была опубликована выборка из 88 гаплотипов евреев гаплогруппы J2. 25 гаплотипов были идентичны друг другу:

14-16-23-10-11-12

По случайной статистике этот 6-маркерный гаплотип идентичен «модальному гаплотипу коэнов» гаплогруппы J1. Эта идентичность вызвала массу дискуссий, которые продолжаются и сейчас – почему идентичны гаплотипу коэнов, ведь это же другая гаплогруппа! А это просто причуды статистики.

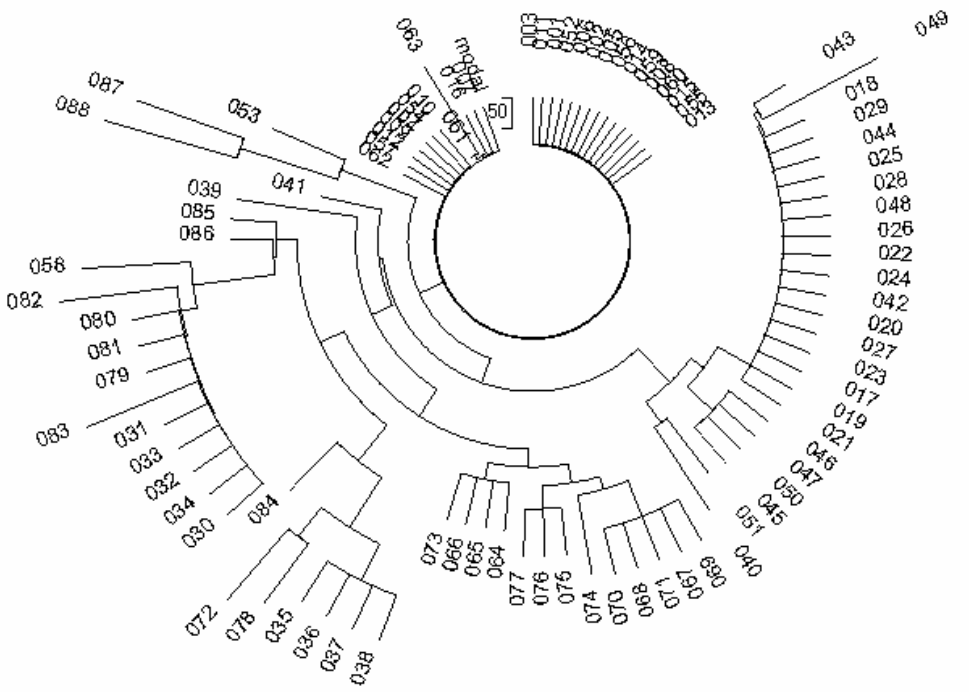


Рис.13 Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J2, построено по данным Бехара и др. (2004). В выборке – 88 гаплотипов.

Все 88 гаплотипов содержат 160 мутаций от базового гаплотипа. По доле базового гаплотипа число поколений до общего предка равно ln(88/25)/0.0096 = 131 поколение, по мутациям – 160/88/0.0096 = 189 поколений. Опять разнобой, значит – более одного общего предка (рис. 13)

Проверим по другой базе данных, по другой выборке, «коммерческой» (рис. 14). В ней – 75 гаплотипов евреев, которые включают 15 базовых гаплотипов, таких же, как и в «научной» выборке, и содержат 135 мутаций. Это дает ln(75/15)/0.0096 = 168 поколений и 135/75/0.0096 = 188 поколений до общего предка. Опять более одного общего предка, на что указывает и дерево гаплотипов (рис.14).

Рис.14 Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J2, построено по данным базы данных YSearch (2008). В выборке – 75 гаплотипов.

Анализ деревьев гаплотипов показал, что у евреев гаплогруппы J2 имеется по меньшей мере пять общих предков. Те, от которых произошло наибольшее количество современных евреев гаплогруппы J2, жили 6,100±1,000, 900±50, и 1,200±200 лет назад. Последняя генеалогическая линия – «модальные гаплотипы коэнов».

Эти примеры показывают, что нельзя рассчитывать времена до общего предка основываясь только на числе мутаций в гаплотипах, без приложения других критериев, которые показывают, «чистая выборка» или нет, происходит ли она от одного общего предка или нет.

Евреи (гаплогруппа R1a1)

В литературе имеется выборка гаплотипов евреев гаплогруппы R1a1 (Behar at al, 2003), в которой имеются 42 гаплотипа, 25 из которых идентичны друг с другом:

16-12-25-10-11-13

Любопытно, что этот базовый гаплотип отличается от других базовых гаплотипов гаплогруппы R1a1, которые мы здесь рассматриваем, а именно от базовых гаплотипов Доналда, шведского и армянского базовых гаплотипов

15-12-25-11-11-13

русского (восточные славяне) и индийского базовых гаплотипов

16-12-25-11-11-13

и базового гаплотипа Ченчу

16-12-24-11-11-13

Похоже, что все они образуют поток гаплотипов, в направлении их предполагаемой мутации:

15-12-25-11-11-13 ←16-12-25-11-11-13→ 16-12-24-11-11-13
↓
16-12-25-10-11-13

или

западно-европейский, армянский ←славянский→ индийский → ченчу
↓
еврейский

На самом деле не исключено, что стрелка от западно-европейского направлена в сторону славянского:

15-12-25-11-11-13 → 16-12-25-11-11-13→ 16-12-24-11-11-13
↓
16-12-25-10-11-13

Это еще предстоит выяснить.

Возвращаясь к гаплотипам евреев, отметим, что их 42 гаплотипа включают 25 базовых, и 22 мутации. Это дает соответственно ln(42/25)/0.0096 = 54 поколения, и 22/42/0.0096 = 55 поколений (54.6, если быть точным до абсурда). Таким образом, евреи гаплогруппы R1a1 происходят от общего предка, который жил 1,350 лет назад, в 7-м веке нашей эры.

Для сведения, 12-маркерные гаплотипы евреев гаплогруппы R1a1, извлеченные из базы данных YSearch (поскольку в научной литературе такие гаплотипы отсутствуют), образуют набор из 44 гаплотипов, 14 из которых идентичные друг другу, базовые:

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

Вся выборка содержит 57 мутаций. Это дает ln(44/14)/0.024 = 48 поколений, и 57/44/0.024 = 54 поколения до общего предка. Таким образом, евреи гаплогруппы R1a1 произошли от общего предка, который жил 53±3 поколения, или 1,325±75 лет назад. Более детальное рассмотрение этих гаплотипов проведено в (Klyosov, 2008).

Характерно, что базовый гаплотип евреев гаплогруппы R1a1 отличается всего на одну мутацию как в 6-маркерном, так и в 12-маркерном формате от русского (восточные славяне) базового гаплотипа (мутированный маркер помечен жирным шрифтом)

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

Для сведения, западно-европейский гаплотип R1a1 генеалогической линии Доналдов

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

отличается от восточно-славянского на три мутации (помечено жирным шрифтом), а от еврейского – на четыре мутации. Похоже, что гаплотип евреев произошел от славянского.

* * *

Как видно, подход, разрабатываемый автором, работает весьма неплохо даже на 6-маркерных гаплотипах. «Неплохо» в том отношении, что получаются разумные результаты, не противоречащие здравому смыслу. Естественно, такой критерий недостаточен, и в следующих разделах я рассмотрю более протяженные гаплотипы. Это будет сделано не столько для проверки получаемых дат до общих предков, потому что база для проверки, как правило, отсутствует, но скорее для выработки у внимательного читателя ощущения связи картины мутаций в гаплотипах и времени до общего предка. В тех случаях, когда эти времена превышают (или приближаются к) примерно 40 поколений, или 1000 лет, будет проводиться поправка числа поколений на возвратные мутации, как описано выше.

Прибалтийские народы (гаплогруппа N3a)

Эта серия гаплотипов была любезно представлена коллегой Владимиром Волковым. В ней – 249 гаплотипов, все они гаплогруппы N3a. Не вдаваясь в детали, поскольку сами данные и выводы из них еще не опубликованы, сообщу только, что в 12-маркерной серии 51 гаплотип был базовым, что дает ln (249/51)/0.024 = 66 поколений до общего предка. Эти гаплотипы имели 558 мутаций по отношению к базовым, что дает 558/249/0.024 = 93 поколения до общего предка. Ясно, что этот набор гаплотипов происходит от нескольких предков. Действительно, построение дерева гаплотипов выявило отдельную ветвь, состоящую из 126 гаплотипов, со следующими базовыми

14-12-24-11-14-14

14-24-14-11-11-13-11-12-10-14-14-30

и соответствующими мутациями:

6-маркерный гаплотип 77 базовых 54 мутации
12-маркерный гаплотип 48 базовых 134 мутации

Это приводит

для 6-маркерных гаплотипов: ln (126/77)/0.0096 = 51 поколение, 54/126/0/0096 = 45 поколений

для 12-маркерных гаплотипов: ln (126/48)/0.024 = 40 поколений, 134/126/0.024 = 44 поколения.

Средняя величина этих четырех величин равна 45±5 поколений до общего предка, то есть примерно между 1000 и 1250 лет, 8-10 век нашей эры. Интересно, что среди этих 126 человек на ветви 116 составляют финны. Из России и Германии были по двое, и шесть из Швеции. 123 гаплотипа с девяти других ветвей представляли Польшу, Литву, Белоруссию, Германию и некоторые другие страны, и их обший предок жил примерно 110 поколений, или 2,750 лет назад.

Русские (гаплогруппа N3a1)

Выборка из 12-маркерных гаплотипов общим числом 37 была приведена в статье Деренко и др. (2007). Однако это была не стандартная 12-маркерная панель, а включала маркеры DYS#437 и 438 из 25-37-маркерной панели. Их можно было специально откалибровать, но, чтобы получать сопоставимые с другими сериями данные, анализировались только 10 маркерные гаплотипы из данной работы. Оказалось, что базовым гаплотипом для всей выборки был следующий:

14-23-14-11-11-13-X-Y-10-14-14-30

Его в выборке оказалось 7, при 97 мутациях. Расчет по обычной схеме дал 64 и 112 поколений до общего предка. Ясно, что общий предок не один, и базовый гаплотип принадлежит не древнему, а недавнему предку.

Дерево гаплотипов подтвердило этот вывод (рис.15).

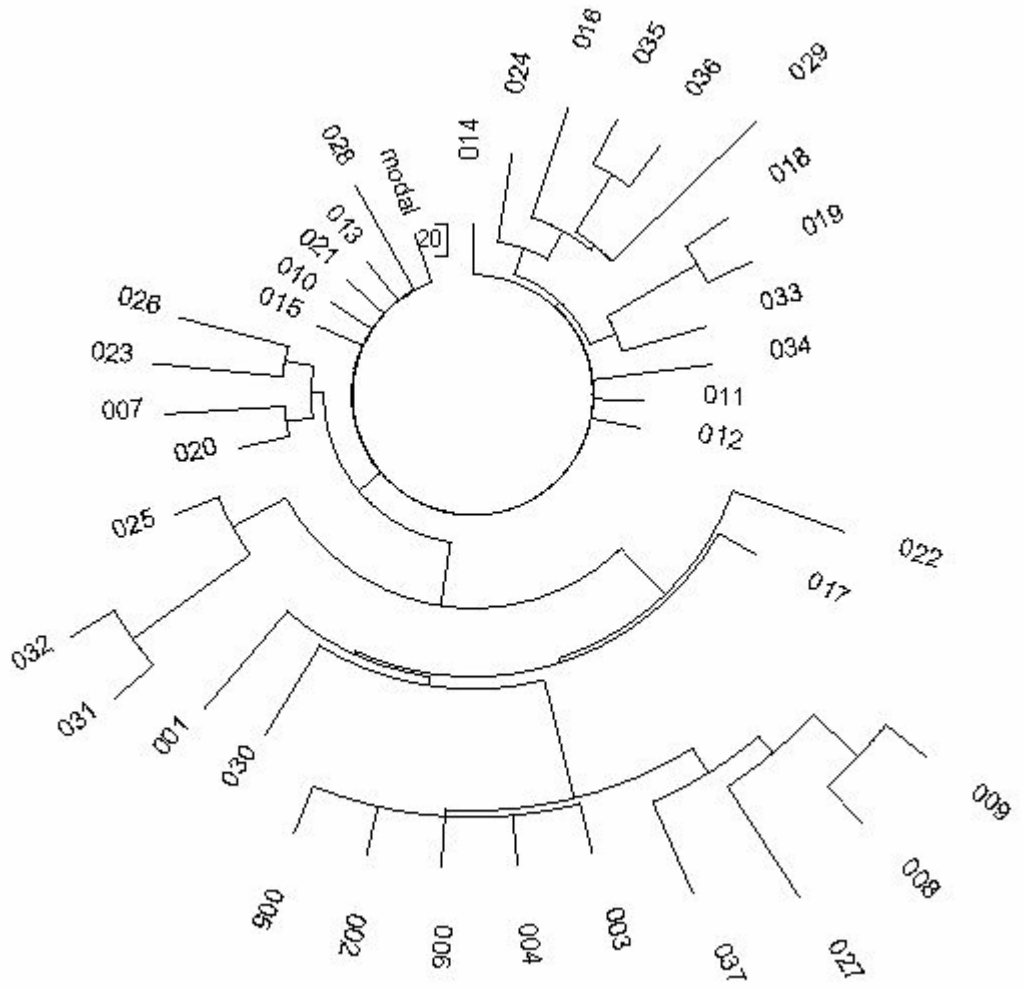


Рис.15 Дерево 10-маркерных гаплотипов русских гаплогруппы N3a1, построено по данным (Derenko et al, 2007). В выборке – 37 гаплотипов.

Как видно, на дереве по меньшей мере четыре основные ветви. Семь «базовых» гаплотипов, определенных выше, сидят в виде «гребенки» на «стволе» дерева, в его верхней части, как часть ветви из 9 гаплотипов. Кстати, этот базовый отличается на одну мутацию от «прибалтийского» базового гаплотипа N3a, приведенного выше. Эти 7 гаплотипов из 9 на ветви дают ln(9/7)/0.026 = 10 поколений от общего предка. Поскольку все 9 гаплотипов содержат только две мутации, это дает 2/9/0.026 = 9

поколений, или примерно 225 лет до общего предка. Как видно, общий предок для этой генеалогической линии был один.

Внизу дерева находится плоская, явно недавняя по происхождению ветвь из 9 гаплотипов. Она удалена от ствола только потому, что значительно отличается по предковому гаплотипу

14-23-15-11-11-14-X-Y-10-13-14-29

от недавнего же базового, приведенного выше, а именно на четыре мутации. Это соответствует разнице в 206 поколений между двумя общими предками, или примерно 5,200 лет.

Данные 9 гаплотипов содержат 5 базовых, и только 4 мутации. Таким образом, получаем ln(9/5)/0.026 = 23±5 поколений и 4/9/0.026 = 17±4 поколений. Это означает, что у всех 9 человек, гаплотипы которых образуют данную ветвь, был один общий предок, который жил примерно 500 лет назад.

Наконец, зная, что оба общих предка разделяются 5,200 годами мутационной эволюции, и сами они жили 225 и 500 лет назад, получаем, что ИХ общий предок жил (225+500+5200)/2 = 3,000 лет назад.

Самая древняя ветвь на дереве состоит из 8 гаплотипов, и имеет 19 мутаций. Это дает 100 поколений, или 2,500 лет до общего предка.

Следует заметить, что авторы (Derenko et al, 2007) использовали «эволюционный коэффициент» величиной 0.00069 мутации на поколение, который ообсуждался выше, и получили «эволюционное расстояние до общего предка», равное «8.21±2.01 тысяч лет». Эта величина имеет совершенно другой смысл по сравнению с теми, что мы обсуждаем в данной статье, и не относится к генеалогическим линиям. Обычно в популяционных работах так пытаются оценить время возникновения популяции в целом. К тому же писать 8.21±2.01 – это вообще математически неприемлемо. Нельзя давать определяемую величину с точностью до сотых долей, когда ее ошибка оценена в основном знаке, еще «до запятой». 8±2 – вот как надо было написать в лучшем случае.

Русские (восточные славяне) и индусы (гаплогруппа R1a1)

Здесь я умышленно пишу «индусы», а не «индийцы» - во-первых, потому, что эти два слова стали уже практически синонимами в русском языке, во-вторых, чтобы отличить от индийцев-дравидов, австралоидных индийцев и прочих аборигенов Индии, у которых, как правило, другие гаплогруппы, и в третьих, потому, что именно индусы, по религии, составляют основную долю носителей гаплогруппы R1a1 в Индии.

Проведем расчет времени до общего предка с помощью 25-маркерных гаплотипов на примере группы русских, а именно восточных славян, и индусов, обе выборки гаплогруппы R1a1. Эту гаплогруппу имеют от 50% до 70% жителей старинных русских городов и селений, около 30% жителей Индии, и до 60% членов высших индийских каст.

Гаплотипы были извлечены из базы данных YSearch, разделы R1a и R1a1, и скомбинированы. В отношении гаплотипов и мутаций в них эти два раздела практически эквивалентны.

Всего в нашем распоряжении было 15 славянских 25-маркерных гаплотипов. К сожалению, это все, что нашлось в базе данных YSearch среди 50 тысяч гаплотипов. Не сдают пока наши славяне свою ДНК для генеалогического анализа. На основании этих гаплотипов было построено дерево. Оно симметричное, не распадается на отдельные резко различающиеся ветви. Это указывает, для предок для всех 15 славян был один.

Для сведения – «распадаются» - это когда ветви расположены отдельно, как, например, на рис. 8, 11, 12, 15. Тогда, как правило, у них разные базовые гаплотипы. На рис. 16 все ветви сидят на одной основе, на одной широкой, «базовой» ветви.

Среди гаплотипов не было двух одинаковых, и неудивительно. При двух базовых гаплотипах время до общего предка можно было бы оценить, хотя и очень примерно, как ln(15/2)/0.046 = 44 поколения, то есть всего 1100 лет. И даже один немутированный базовый, то есть предковый, дал бы всего 59 поколений до общего предка, то есть примерно 1500 лет. Хотя, конечно, один базовый в выборке не определить.

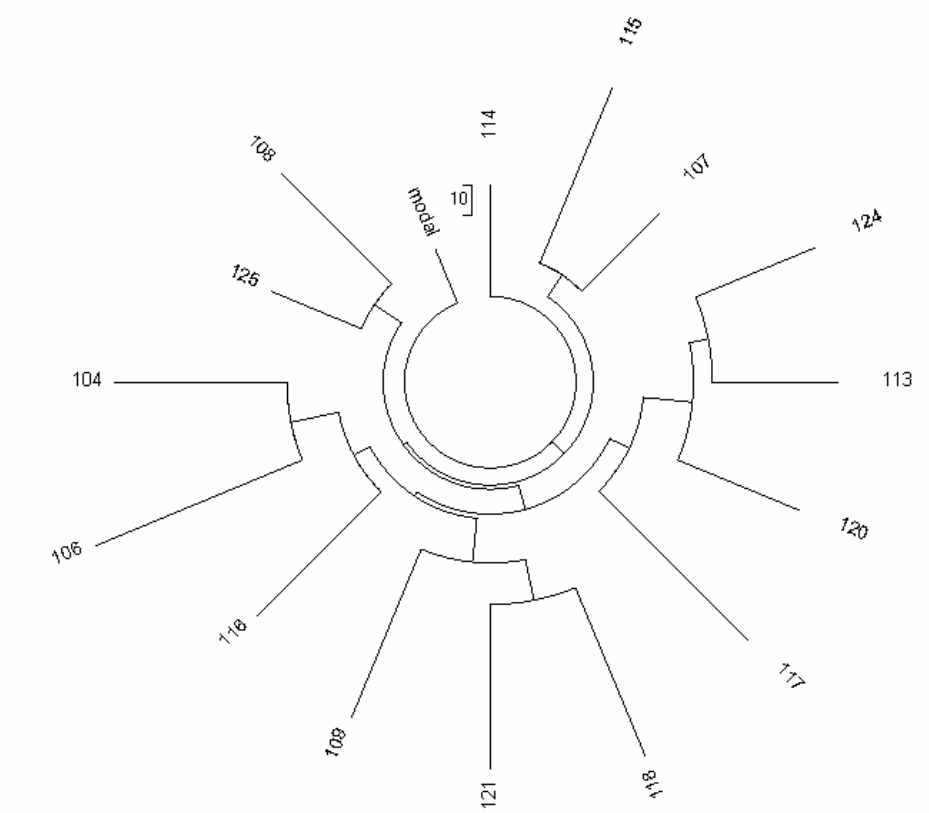


Рис.16. Дерево 25-маркерных гаплотипов русских (восточных славян) гаплогруппы R1a1, построено по данным базы данных YSearch (2008). В выборке – 15 гаплотипов.

На самом деле базовый восточно-славянский гаплотип такой:

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

Среди 15 гаплотипов оказалось 88 мутаций, что дает 146 поколений, или 3,700±200 лет до общего предка. 17-18 вв до н.э.

Поскольку по некоторым сведениям примерно 3600-3500 лет назад наши предки, точнее, потомки наших предков, ушли в Индию и принесли туда гаплогруппу R1a1, то можно ожидать, что возраст общего предка в Индии будет примерно в том же временном диапазоне.

В базе данных YSearch обнаружились 15 индийских (из них 4 пакистанских и один из Шри-Ланка) гаплотипов гаплогруппы R1a1, и базовый их – следующий:

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

Он отличается всего на 0-2 мутации от славянского на 25-маркерном гаплотипе. Ноль-две мутации – это потому, что по этим маркерам проходит «разлом», и в одинаковой степени может быть или одна, или другая величина базовой аллели. На расстоянии до общего предка это не сказывается, поскольку число мутаций до базового гаплотипа практически одинаково. Иначе говоря, мутационной разницы между славянским и индийским базовыми гаплотипами практически нет.

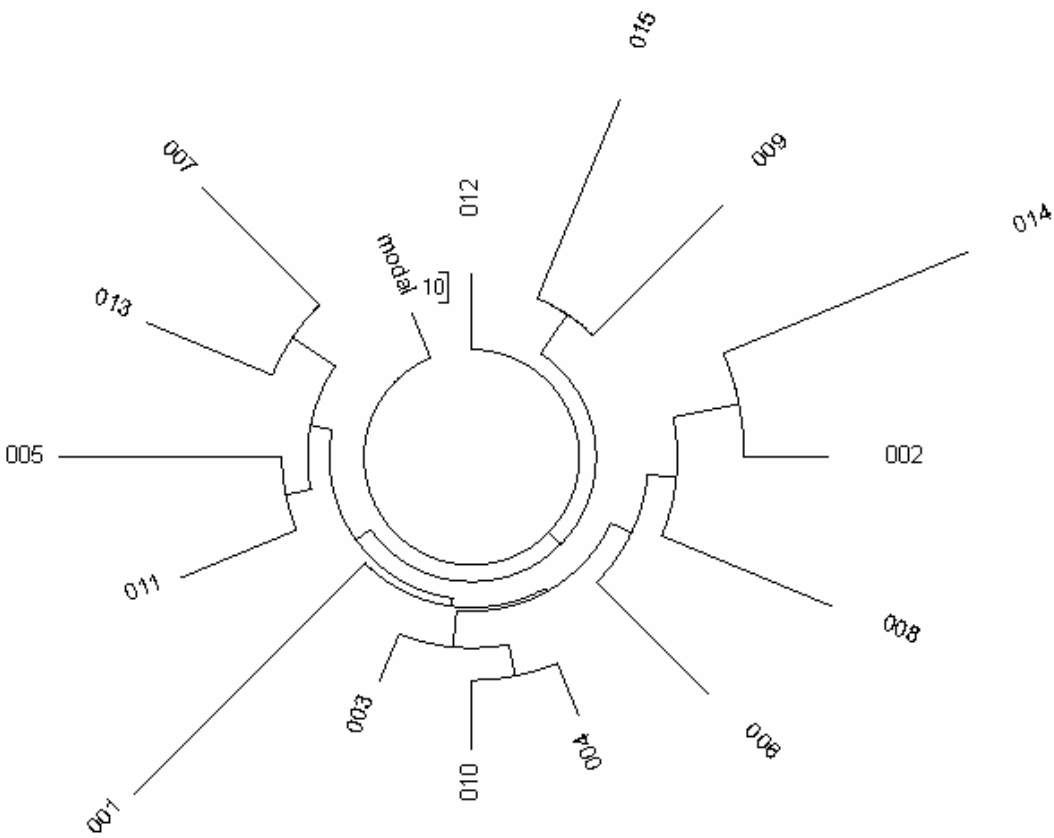


Рис.17. Дерево 25-маркерных гаплотипов индусов (индийцев) гаплогруппы R1a1, построено по данным базы данных YSearch (2008). В выборке – 15 гаплотипов.

Дерево гаплотипов индийских R1a1 гаплотипов приведено на рис. 17.

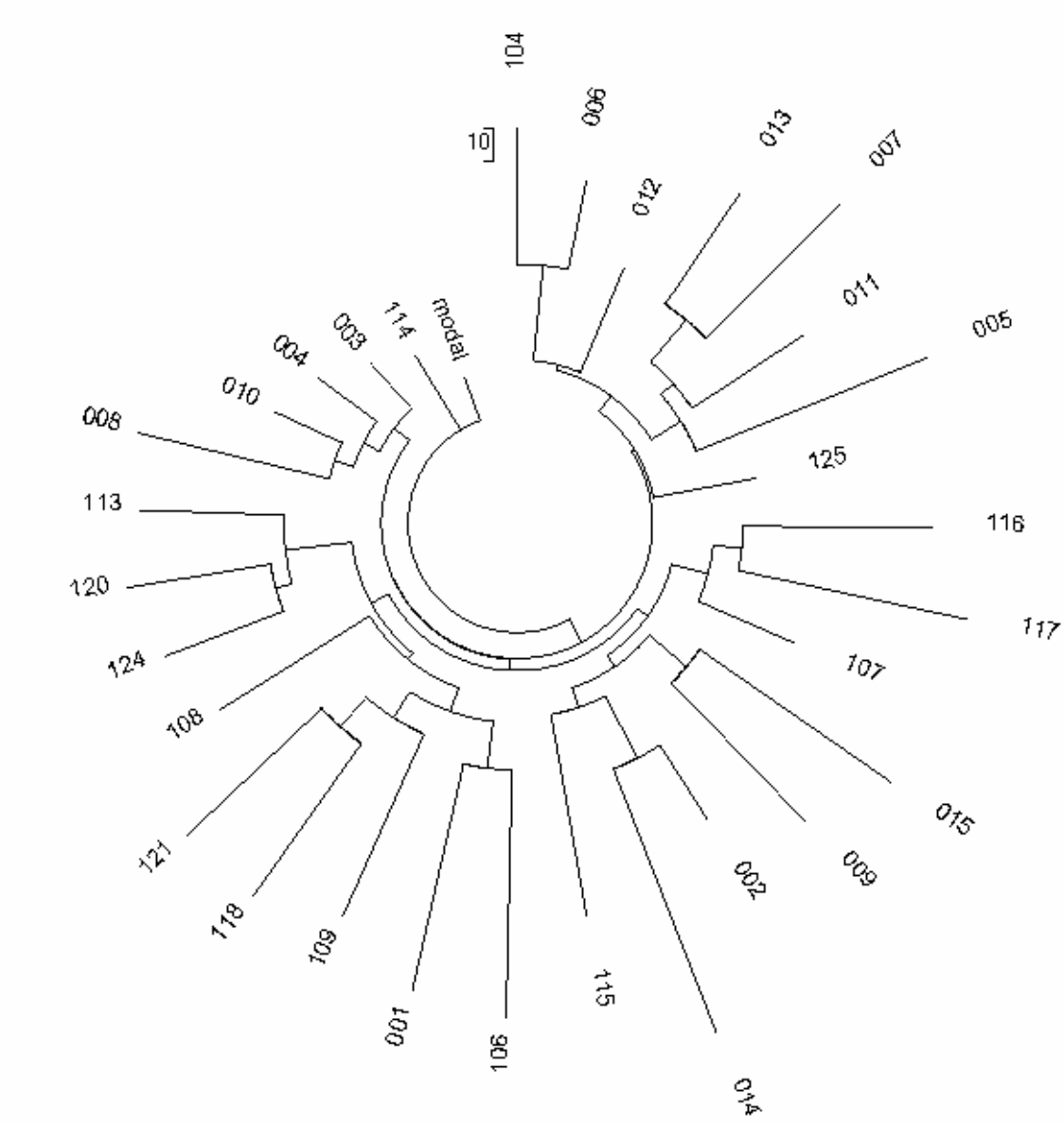


Рис.18 Дерево 25-маркерных гаплотипов славян и индусов (индийцев) гаплогруппы R1a1, построено по данным базы данных YSearch (2008). В выборке – 30 гаплотипов. Номера гаплотипов ниже ста – индийские, выше ста – славянские.

В этих 15 гаплотипах 47 мутаций в первых 12 маркерных гаплотипах, и 44 мутации во второй панели гаплотипов, то есть всего 91 мутация во всех гаплотипах. Это дает 150 поколений, или 3,750±200 лет до общего предка по первой, 12-маркерной панели, и 152 поколения, или 3,800±200 лет по более полной, 25-маркерной панели. Как видно, по времени общий предок для индусов практически совпадает с общим предком для восточных славян.

Для более полного прояснения этого вопроса было построено сводное дерево из 30 гаплотипов – половина славян, половина индусов (рис. 18). Оказалось, что в этом случае их совместный базовый гаплотип становится полностью славянским

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

На дереве их гаплотипы тоже в значительной степени перемешаны.

В этой совместной выборке имеется 178 мутаций на тридцать 25-маркерных гаплотипов. Это дает 148 поколений, или 3,700 лет до общего предка, то есть практически совпадает со временем общего предка для славянского базового гаплотипа.

Так что общий предок и славян, и индусов жил примерно 3,700 лет назад. А вот где именно он жил – пока остается загадкой. Но загадка решается без особого труда – ну где мог жить общий предок R1a1 славян и индусов, если предки славян ушли в Индию (видимо, с Южного Урала) примерно 3600 лет назад, общий предок современных индусов гаплогруппы R1a1 жил 3,800±200 лет назад, и общий предок славян той же гаплогруппы жил 3700±200 лет назад? Ясно, что на территории современной России, либо на Южном Урале, либо в Европейской части нынешней России.

Арабские гаплотипы R1a1 Оманского залива

В литературе были опубликованы 17-маркерные гаплотипы R1a1 для 16 жителей Катара и Объединенных Арабских Эмиратов (Cadenas et al, 2008). Для расчетов я использовал только 10 маркеров, чтобы данные можно было напрямую сравнивать с другими данными по гаплогруппе R1a1, здесь приводимыми. Во всем списке есть только один гаплотип, который можно было бы считать базовым, поскольку по отношению к нему общее число мутаций, а именно 46, было минимальным (эта процедура называется «минимизацией мутаций), и в нем, соответственно, мутаций не было. Тогда вполне разумно – на первый взгляд – получается

хорошее совпадение между двумя способами расчета расстояния до общего предка: ln(16/1)/0.026 = 107 поколений, и 46/16/0.026 = 111 поколений до общего предка.

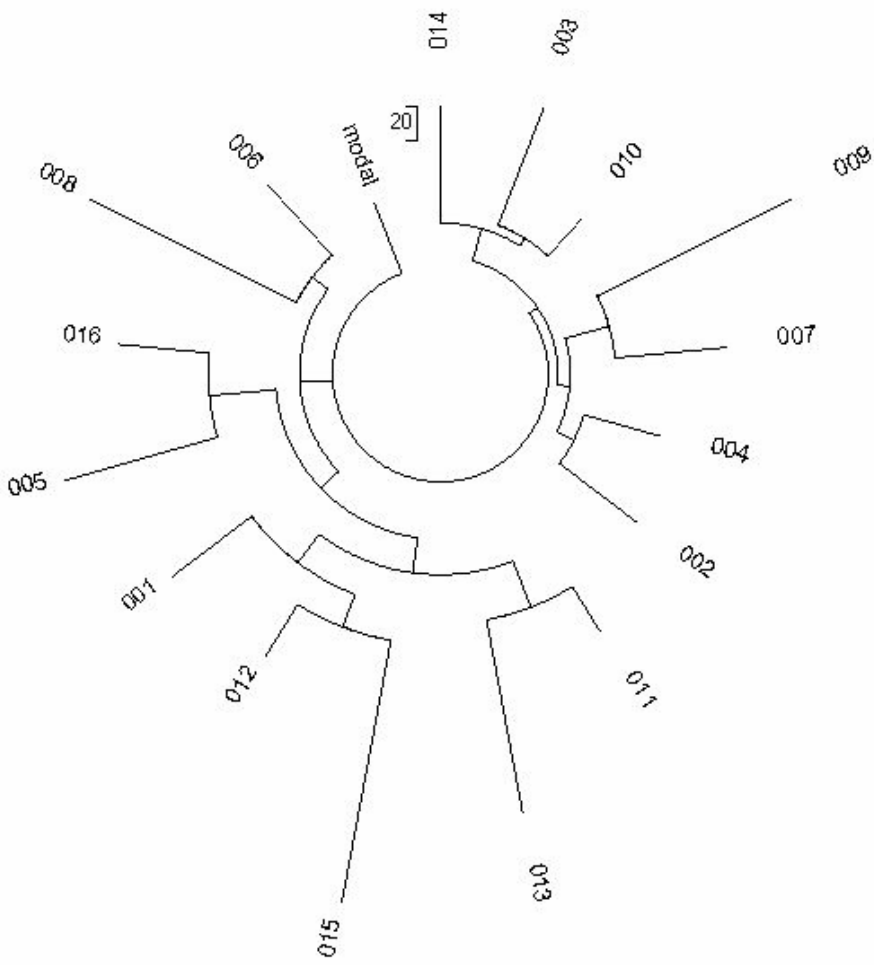


Рис.19. Дерево 10-маркерных арабских гаплотипов R1a1 Оманского залива, построено по данным (Cadenas et al, 2008). В выборке – 16 гаплотипов.

Но две причины мешали сделать такой вывод. Во-первых, один базовый гаплотип – это не дело. Случайное появление в списке еще одного такого же или, напротив, «неявка» того конкретного человека драматически меняли результаты расчетов. Нельзя базировать расчеты на одной точке, хотя для исключительно предварительной «прикидки» это не возбраняется. Во-вторых, в маркерах DYS#19 и 389-1, и именно в этих

двух, имелось непропорционально высокое число мутаций, и было очевидно, что там кроются два разных базовых гаплотипа. Так и оказалось.

Рис. 19 показывает, как дерево распадается на две половины. У каждой – свой базовый гаплотип:

13-25-**15**-11-11-14-X-Y-10-13-11-**30**

13-25-**16**-11-11-14-X-Y-10-13-11-**31**

Эти базовые гаплотипы различаются двумя мутациями (показано жирным шрифтом). Интересно, что каждый из них отличается на одну мутацию от базового славянского гаплотипа, но на две мутации от базового гаплотипа Доналдов:

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

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

Так что это явно след нашего, пра-славянского крыла наших предков, не западно-европейского.

В правой верхней половине дерева 7 гаплотипов, и они содержат 13 мутаций. Это дает 77 поколений, или примерно 1900 лет от общего для них предка. Остальные 9 гаплотипов имеют 26 мутаций – кстати, и видно, что ветвь дальше отстоит от «ствола» дерева, что приводит к 125 поколениям, или 3,125 годам от общего предка. Это – времена ариев, 12-й век до нашей эры. Они уже 300-400 лет как ушли в Индию, и вот другое крыло их дошло до Аравийского моря и Персидского залива.

Гаплотипы R1a1 в Малой Азии. Анатолия.

36 десятимаркерных гаплотипов были приведены в статье (Cinnioglu et al, 2004), но среди них был маркер DYS#A7.2 (DYS#461), который не числится среди 37 маркеров стандартного набора, и поэтому был мной исключен из рассмотрения. Среди 36 гаплотипов были 5 идентичных (предположительно базовых), и все они содержали 80 мутаций. Это даст ln(36/5)/0.025 = 79 поколений, и 80/36/0.025 = 89 поколений до общего предка. Это цифры разнятся весьма заметно, особенно при том, что

маркеры DYS#19 и 389-2 показывают слишком много мутаций. Видно, что по ним проходит «разлом» между двумя потенциальными сериями гаплотипов, потенциальными ветвями.

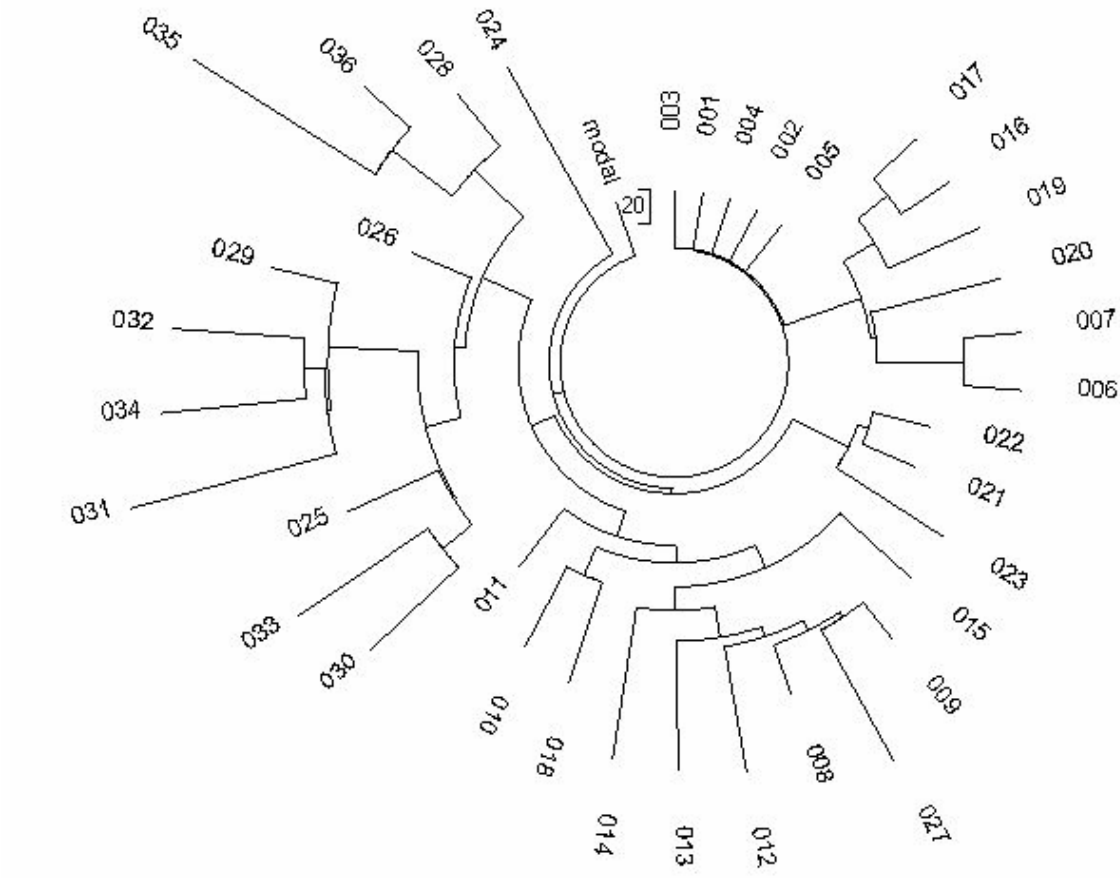


Рис.20. Дерево 9-маркерных гаплотипов R1a1 в Анатолии, построено по данным (Cinnioglu et al, 2004). В выборке – 36 гаплотипов.

Дерево гаплотипов (рис. 20) подтвердило это предположение. Оказзалось, что на дереве имеются по меньшей мере три ветви, со следующими базовыми гаплотипами:

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

13-25-15-11-X-Y-Z-12-10-13-11-30

13-25-16-11-X-Y-Z-12-11-13-11-30

Первый базовый гаплотип относится к ветви слева, состоящей из 11 гаплотипов, в которой имеются 26 мутаций. Это соответствует 103 поколениям, или 2,600 годам до общего предка. Этот базовый гаплотип отличается всего на одну мутацию от базового гаплотипа восточных славян и от «более недавнего базового гаплотипа Оманского залива» (см. выше), и на четыре (!) мутации от западно-европейского базового гаплотипа Мак-Доналдов. Опять мы видим, то Западная Европа более удалена (в отношении гаплотипов) от Ближнего Востока и Малой Азии по сравнению с гаплотипами восточных славян.

Второй базовый гаплотип был получен из 10-гаплотипной ветви, которая находится в нижней части рис. 20, и содержит 17 мутаций. Это соответствует 72 поколениям, или 1,800 годам до общего предка. Этот базовый гаплотип отличается на одну мутацию от восточно-славянского гаплотипа и на две мутации от базового гаплотипа Доналдов, и точно совпадает с «недавним базовым гаплотипом Оманского залива», который происходит от общего предка, жившего 1,900 лет назад. Похоже, что это один и тот же общий предок.

Третий базовый гаплотип самый недавний. Его ветвь, сверху справа на рис. 20, содержит 11 гаплотипов, и имеет только 12 мутаций. Это соответствует 45 поколениям, или 1,100 лет до общего предка, который жил в 9-м веке нашей эры. У этой ветви маркер DYS#439 в базовом гаплотипе имеет аллель 11, и это почти уникально для базовых гаплотипов гаплогруппы R1a1. Это, видимо, продукт относительно недавней мутации.

Гаплотипы R1a1 в на Адриатическом побережье и на Балканах

Много гаплотипов Хорватии было опубликована в статье Барак и др (Barac et al, 2003), но там не было данных по гаплогруппам. 67 девятимаркерных гаплотипов с указанием соответствующих гаплогрупп были мне высланы автором цитируемой статьи, д-ром Марьяной Pericic.

Рассмотрение гаплотипов показало, что они определенно происходят более чем от одного общего предка. Это видно и из дерева гаплотипов, приведенного на рис. 21.

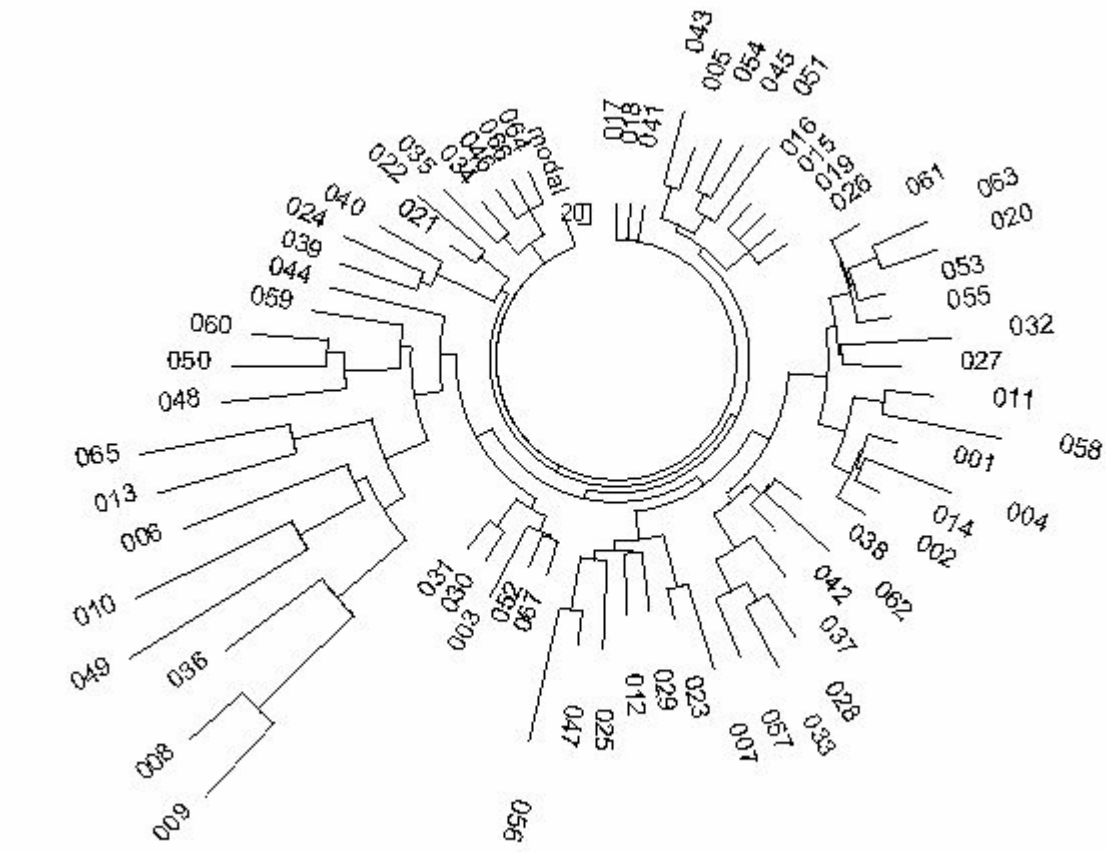


Рис.21. Дерево 9-маркерных балканских гаплотипов R1a1, представленных д-ром Марьяной Pericic, Хорватия. В выборке – 67 гаплотипов.

На дереве видны по меньшей мере четыре отдельных ветви. Самая молодая ветвь, имеющая 12 гаплотипов, включает три «базовых» гаплотипа, расположенных на «стволе» на самой вершине дерева:

13-25-16-10-11-14-X-Y-Z-13-11-30

и имеет 14 мутаций. Это дает ln(12/3)/0.025 = 55 поколений, и 14/12/0.025 = 47 поколений до общего предка. С поправкой на возвратные мутации последнее число дает 48 поколений, или 1,200 лет до общего предка, который жил в 7-м веке нашей эры.

Этот гаплотип отличается только на одну мутацию от восточно-славянского базового гаплотипа

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

который происходит от общего предка, жившего 3700 лет назад.

Широкая ветвь справа, состоящая из 27 гаплотипов, имеет базовый гаплотип

13-25-16-11-11-14-X-Y-Z-13-11-30

в точности соответствует восточно-славянскому гаплотипу, и содержит 68 мутаций. Это дает 111 поколений, или 2,800 лет до общего предка. У восточных славян этот предок старше, ему 3,700 лет.

Наконец, самая древняя ветвь слева внизу на рис. 21, дала ошеломляющие результаты. Эти 13 гаплотипов содержат 73 мутации от базового гаплотипа

13-24-15-10-12-15-X-Y-Z-13-11-29

и соответствует 287 поколениям, или 7,200 годам от общего предка. Это – самый древний общий предок, обнаруженный в гаплогруппе R1a1.

Сопоставление его с базовым восточно-славянским гаплотипом показало, что они различаются на 6 мутаций, или на 9,100 лет на 9 маркерах. Поскольку общий предок восточных славян жил 3,700 лет назад, то общий предок балканских и восточнославянских R1a1 жил 10,000 лет назад. Где он жил – остается загадкой, но скорее всего западнее восточно-славянских гаплотипов. К востоку, как мы видели, гаплотипы более молодые, от русских до индийских с возрастом общего предка 3700 лет.

Гаплотипы H1 (цыгане?) в Хорватии

Как я упоминал в предыдущем разделе, я получил от д-ра Марьяны Перичич из Хорватии несколько серий гаплотипов балканского происхождения. Среди них были 34 гаплотипа гаплогруппы H1, все с одной территории. Обычно гаплогруппа H1 за пределами Индии встречается только у цыган и их потомков, особенно на Балканах и сопредельных странах. Выше мы показали, что гаплотипы болгарских

цыган гаплогруппы H1 имеют одного общего предка, который жил 20-21 поколение назад, то есть 500-525 лет тому. Раздел завершался так:

«Из независимых источников, присутствие цыган в Болгарии было отмечено 700 лет назад (Zhivotovsky et al, 2004). Однако, эти сведения не обязательно точны, они могут относиться к другим цыганам, не обязательно гаплогруппы H1, потомство у первых цыган могло не выжить, и так далее. Тем не менее, 500-525 лет назад – это вполне удовлетворительное совпадение».

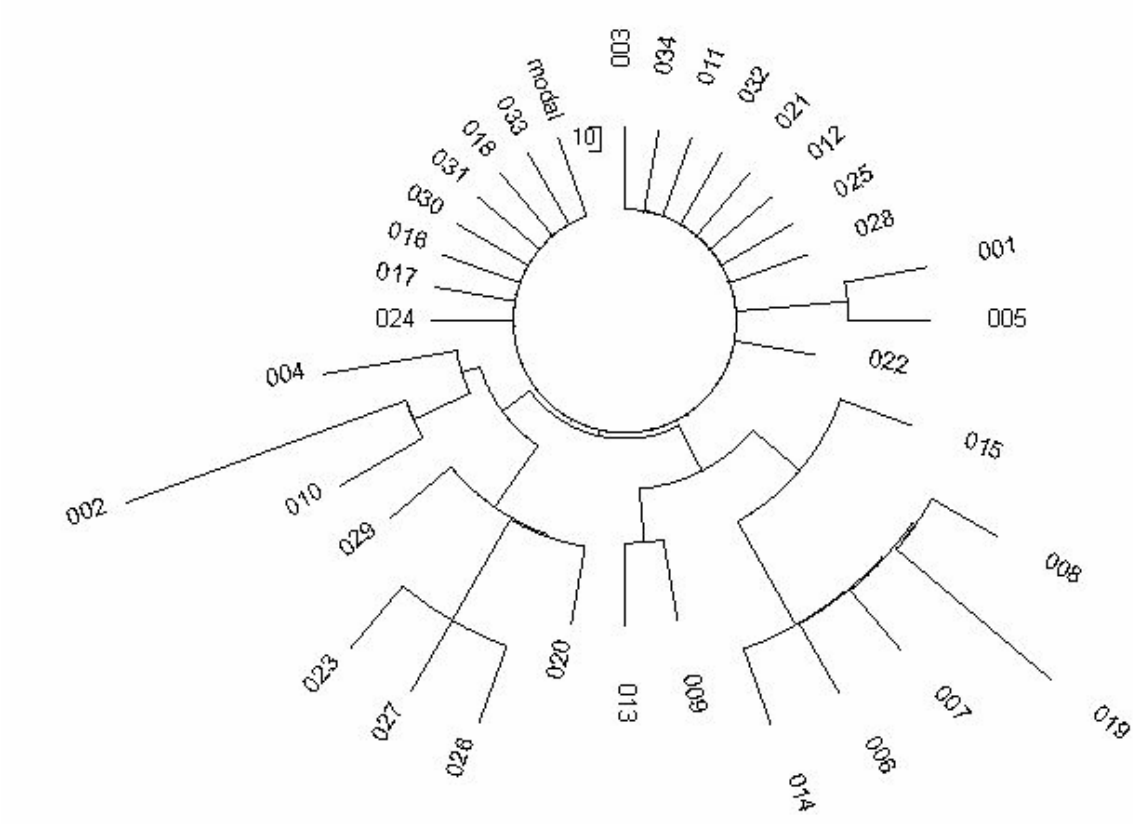


Рис.22. Дерево 9-маркерных балканских гаплотипов H1, представленных д-ром Марьяной Pericic, Хорватия. В выборке – 34 гаплотипов.

И вот нам предоставилась возможность проверить эти соображения на другой серии гаплотипов гаплогруппы H1, теперь из Хорватии. Было построено дерево гаплотипов (рис. 22), из которого видно, что общий предок жил относительно недавно, поскольку дерево включает 16 идентичных, базовых, предковых гаплотипов из общего числа 34 гаплотипа.

12-22-15-10-15-17-X-Y-Z-14-11-29

Это соответствует ln(34/16)/0.025 = 30 поколений до общего предка. Вся серия имеет 24 мутации. Это дает 24/34/0.025 = 28 поколений до общего предка.

Итак, имеем 29±2 поколений, или 725±50 лет до общего предка. Вот 700 лет и появились, как и было отмечено в статье Л.А. Животовского, цитируемой выше. То, что это цыгане, сомнений уже не вызывает.

Кстати, базовый гаплотип болгарских цыган в 6-маркерном варианте был следующий:

15-12-22-10-11-12

У хорватских цыган, если перевести его в 6-маркерный -

15-X-22-10-11-12

Так что, похоже, у хорватских и болгарских цыган общий предок один, и не столь давний. Видимо, тот, кто в те времена перебрался в Европу.

Для сведения, второй маркер, тот, что помечен буквой X (DYS#388), в гаплогруппе H1 в большинстве случаев имеет значение 12. В базе данных YSearch имеются только 22 гаплотипа H1 с подгруппами (H1a и H1b), и в 15 случаях DYS#388 = 12. Пять раз встречается 14, но почти исключительно в подгруппе H1a.

Гаплотипы R1b на Балканах

Наконец, среди присланных мне д-ром Marijana Pericic серий гаплотипов оказались 36 гаплотипов гаплогруппы R1b, собранных на разных территориях Балкан, побережья Адриатического моря, и островах Адриатики. Дерево гаплотипов показано на рис. 23.

Рис.23. Дерево 9-маркерных балканских гаплотипов R1b, представленных д-ром Марьяной Pericic, Хорватия. В выборке – 46 гаплотипов.

Вся серия содержит 12 «базовых» гаплотипов, что дало бы ln(46/12)/0.025 = 54 поколения до общего предка, но из дерева гаплотипов совершенно ясно, что предков на самом деле несколько. Можно выделить четыре явно разные ветви, соответствующие четырем генеалогическим линиям. Одна из них совсем недавняя, из 15 гаплотипов, включает 12 тех самых «базовых», и содержит всего три мутации. Это дает ln(15/12)/0.025 = 9 поколений, 3/15/0.025 = 8 поколений. Таким образом, молодая ветвь, в

количестве одной трети от всех R1b, имеет общего предка, который жил всего 200-225 лет назад, в конце 18-го – начале 19-го веков. Почти все они – жители острова Корсула в Адриатике. Базовый гаплотип у них

13-24-14-11-11-11-X-Y-Z-13-13-29

Он на три мутации отходит от известного Атлантического модального гаплотипа (АМГ):

13-24-14-11-11-**14**-12-12-12-13-13-29

Вторая ветвь, справа внизу на рис. 23, содержит 11 или 14 гаплотипов, в зависимости от того, как ее рассматривать. Базовый гаплотип при этом не меняется:

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

Здесь – две мутации в сторону от АМГ

В ней 26 мутаций при 11 гаплотипах, или 31 мутация при 14 гаплотипах. Это дает соответственно 103 или 96 поколений, то есть 2,575 или 2,400 лет до общего предка. Можно записать 2,500±200 лет.

Третья ветвь, слева внизу, из 6 гаплотипов, содержит 17 мутаций от базового гаплотипа

13-24-14-11-11-**11**-X-Y-Z-**14**-13-29

и отстоит на четыре мутации от АМГ. Возраст до общего предка этой ветви составляет 3,200 лет (с поправкой на возвратные мутации).

Наконец, самая древняя ветвь, как и видно из дерева гаплотипов, состоит из 7 гаплотипов и содержит 21 мутацию. Это дает 21/7/0.025 = 120 поколений, но с поправкой на возвратные мутации, которые необходимо вводить при таких временных дистанциях, составляет 135 поколений, или 3,400 лет. Это – обычная среди среди R1b цифра для возраста общего предка в Европе. Более того, этот возраст в данном случае держится только на одном гаплотипе, номер 042 на рис. 23. Если его убрать, то останется 15 мутаций на 6 гаплотипах, и это даст вполне умеренные для Европы 110 поколений, то есть примерно 2,800 лет до общего предка. Но это, к сожалению, общие недостатки малых выборок.

Шведские гаплотипы (гаплогруппы R1a1, R1b1c, I1, I2b1, N3, G, и J)

Набор из 383 гаплотипов Швеции был опубликован в работе (Karlsson et al, 2006). Он включает 48 гаплотипов гаплогруппы R1a1, 76 гаплотипов R1b3 (ныне R1b1c), 133 гаплотипа I1 (ранее назывался I1a), 15 гаплотипов I2b1 (ранее I1c), 7 гаплотипов гаплогруппы G, 72 гаплотипа гаплогруппы N3, и 11 гаплотипов гаплогруппы J. Эти серии гаплотипов представляют особый интерес, так как могут указывать на разных общих предков в отношении сроков их передвижения в Скандинавию.

R1a1

Базовый гаплотип 48 гаплотипов гаплогруппы R1a1 следующий:

13-25-15-11-11-14-X-Y-Z-13-11-30

Их всего три среди всех 48. Остальные содержат 137 мутаций. Это дает ln(48/3)/0.025 = 111 поколений до общего предка, и 137/48/0.025 = 114 поколений. Это практически одна и та же величина, хотя базовых гаплотипов мало, и число поколений, полученное из доли базового гаплотипа, чувствительно к ошибкам. Нужны дополнительные свидетельства. И само дерево гаплотипов их предоставляет.

Из рис. 24 видно, что никаких явно отдельных ветвей на дереве гаплотипов нет. Все они выходят из одного «корня». Так что предок действительно один.

Считая на все дерево, 137 мутаций на 48 гаплотипов по 9 маркеров в каждом дают среднее количество мутаций 0.317 на маркер. Вводя поправку на возвратные мутации, получим 128 поколений, то есть 3,200 лет до общего предка. Это – заметно меньшая величина, чем у восточных славян (3,700 лет, см. выше). Похоже, что славяне пришли в Швецию чеиез 500 лет после появления их общего предка в Восточной Европе.

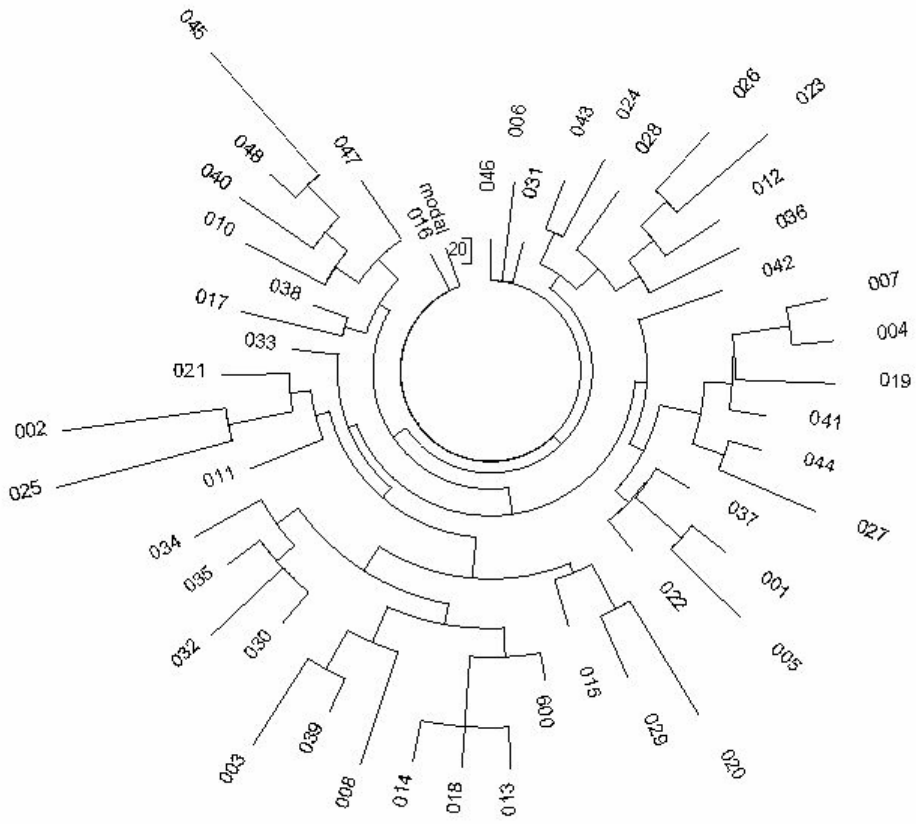


Рис.24. Дерево 9-маркерных шведских гаплотипов R1a1, по данным (Karlsson et al, 2006). В выборке – 48 гаплотипов.

Сравним их базовые гаплотипы. У славян, как приводилось выше -

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

Всего одна мутация в сторону (показано жирным шрифтом). Да и то не совсем, поскольку у 48 шведских гаплотипов аллелей 15 и 16 насчитывается 25 и 18, соответственно, остальные пять аллелей мутированы в 14 (одна мутация) и 17 (четыре мутации). Так что отношение фактически почти поровну, 26:22, между «шведским» и «славянским» вариантами. У славян это отношение более сдвинуто к 16, и отношение между аллелями 15 и 16 равно 3:12. У индусов, кстати, 2:13, практически то же самое, что и у славян. А поскольку одна мутация – это примерно тысяча лет разницы, то так и получается – славянский предок на 500 лет старше шведского, той же гаплогруппы.

В итоге передвижения ариев (или пра-славян) R1a1 в Швецию, число потомков выявленного общего предка сейчас там насчитывает примерно 13% от всего населения.

R1b1c

Базовый гаплотип в Швеции следующий:

13-24-14-11-11-14-X-Y-Z-13-13-29

Это – классический Атлантический модальный гаплотип, который в 12-маркерном формате выглядит так:

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

Все 76 шведских гаплотипов гаплогруппы R1b1c включают 7 базовых гаплотипов и содержат 187 мутаций. Это дает ln(76/7)/0.025 = 95 поколений, и 187/76/0.025 = 98 поколений до общего предка. Опять мы видим одинаковые величины, что указывает на одного общего предка в выборке. Поскольку число поколений подходит к сотне, необходимо ввести поправку на возвратные мутации, которые в данном случае увеличат возраст предка примерно на 15%, а именно до 111 поколений, то есть до 2,800 лет до общего предка.

Дерево гаплотипов (рис. 25) также показывает, что общий предок был один. Никакого расщепления дерева на несвязанные между собой ветви не отмечается. Некоторое подозрение может вызвать ветвь вверху справа, но там 11 гаплотипов, имеющих всего 16 мутаций, что дает всего 61 поколений, или 1,525 лет до общего предка. Это – просто один из более поздних вариантов генеалогической линии, в которой маркер DYS#389-1 мутировал из 13 в 14, что и сдвинуло также маркер DYS#389-2:

13-24-14-11-11-14-X-Y-Z-**14**-13-**30**

Это – нормальные мутации в гаплотипах, которые скорее интересны тем, кто занимается «фамильной историей».

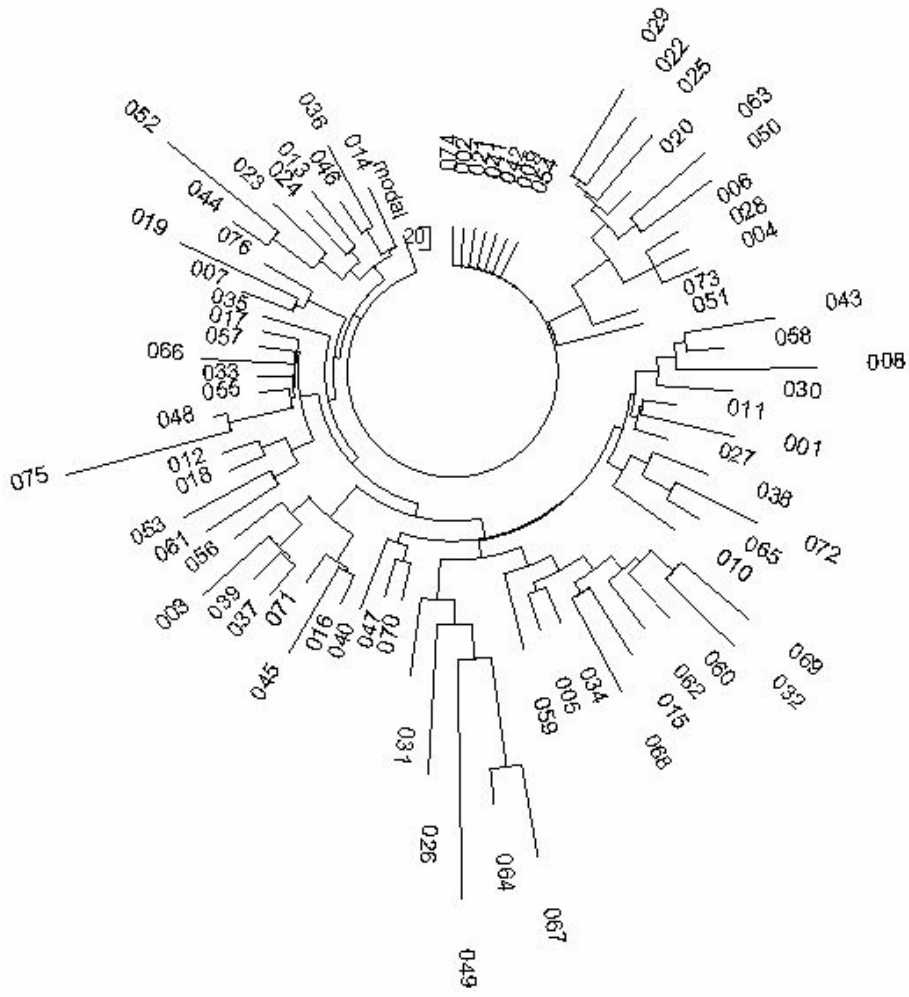


Рис.25. Дерево 9-маркерных шведских гаплотипов R1b1c, по данным (Karlsson et al, 2006). В выборке – 76 гаплотипов.

I1

133 шведских гаплотипов гаплогруппы I1 включают 27 идентичных, базовых гаплотипов

13-23-14-10-14-14-X-Y-Z-12-11-28

остальные содержат 302 мутации. Это дает ln(133/27)/0.025 = 64 поколения, и 302/133/0.025 = 91 поколение до общего предка. Ясно, что

гаплотипы выборки смешанные, и произошли более, чем от одного общего предка. Для определения времен жизни каждого необходимо разделение ветвей на дереве гаплотипов, что и было сделано.

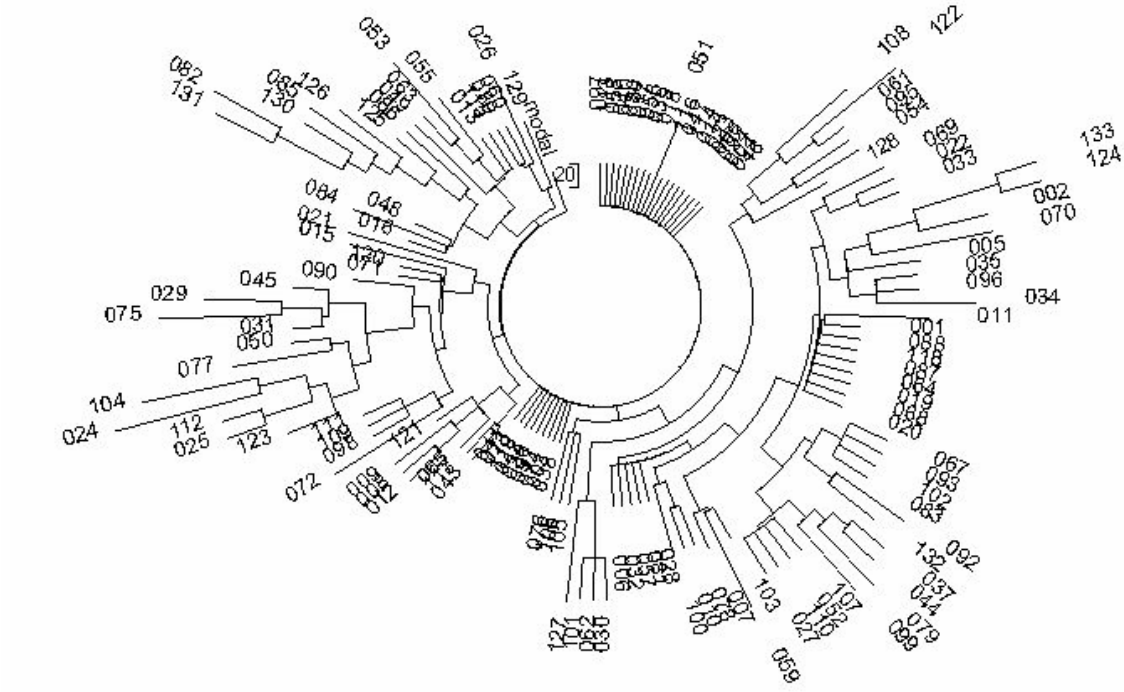


Рис.26. Дерево 9-маркерных шведских гаплотипов I1 по данным (Karlsson et al, 2006). В выборке – 133 гаплотипов.

Действительно, оказалось, что дерево гаплотипов содержит четыре ветви. Одна – 28 гаплотипов от недавнего предка, в которых 27 базовых, и на все 28 приходится всего одна мутация. Этот общий предок жил совсем недавно, в пределах десятка поколений. На дереве гаплотипов его потомки представлены в виде «гребенки» в верхней и нижней части дерева.

Вторая, широкая ветвь, занимает всю правую часть дерева. В ней 58 гаплотипов, из них 8 идентичны друг другу:

13-**22**-14-10-**13**-14-X-Y-Z-12-11-28

Эти базовые гаплотипы видны в середине ветви. Они на две мутации (показано жирным шрифтом) отличаются от базового гаплотипа самого

недавнего предка. Во всей ветви 121 мутация по отношению к этому базовому гаплотипу. Применим правило проверки, один ли общий предок для данной ветви, или несколько. ln(58/8)/0.025 = 79 поколений, и 121/58/0.025 = 83 поколения. Очевидно, что предок ветви один, и вычисления сделаны правильно. Проводим поправку на возвратные мутации, и получаем 90±3 поколений, или примерно 2,300±100 лет до общего предка.

Третья ветвь – в левой нижней части дерева. Она состоит из 27 гаплотипов, имеет 58 мутаций, и включает два идентичных гаплотипа, которые после некоторой проверки можно отнести к базовым:

13-23-14-10-14-14-X-Y-Z-12-11-**29**

Этот гаплотип только на одну мутацию отличается от базового для самого недавнего предка. Исходя из числа мутаций, общий предок для этой ветви жил 58/27/0.025 = 86 поколений назад (без поправки на возвратные мутации). При таком числе поколений среди 27 гаплотипов будут только 3 базовых гаплотипа, поскольку ln(27/3)/0.025 = 88 поколений. На самом деле их 2, что вполне соответствует теории, с учетом статистики. Таким образом, и для этой ветви общий предок один. Вводя поправку на возвратные мутации, получаем что он жил 93 поколения, или примерно 2,300±200 лет назад. То есть практически тогда же, когда и общий предок предыдущей ветви, но между предковыми гаплотипами – три мутационных различия. Это сответствует примерно 135 поколениям между ними, или примерно 3,400 годам, и означает, что ИХ общий предок жил примерно 4,000 лет назад.

Четвертая ветвь – в левой верхней части дерева. Они имеет 20 гаплотипов, и базовых среди них нет. Правда, и гаплотипов меньше всех. Вычисленный минимизацией мутаций базовый гаплотип – следующий:

13-23-14-10-**13**-14-X-Y-Z-12-11-28

Он всего на одну мутацию отличается от базового гаплотипа самого недавнего предка. Во всей ветви – 49 мутаций, что соответствует 107 поколениям, или 2,700 лет до общего предка.

Как видно, I1 гаплотипы не столь древние в Швеции, и по возрасту общего предка примерно равны R1b, и моложе, чем R1a1 примерно на тысячу лет.

I2b1

Подобная же ситуация со смешанными общими предками наблюдается при рассмотрении 15 шведских гаплотипов гаплогруппы I2b1. Их всего 4% в Швеции, если судить по тому, что общее число представленных гаплотипов было 383.

Четыре из этих 15 гаплотипов идентичны друг другу, и могут рассматриваться как базовые одной из относительно недавних генеалогических линий (ветвей на дереве гаплотипов):

14-23-15-10-15-15-X-Y-Z-14-12-32

Все 15 гаплотипов содержат 28 мутаций. Получаем: ln(15/4)/0.025 = 53 поколения, и 28/15/0.025 = 75 поколений. Явный разнобой, что и означает, что в выборке разнородная смесь гаплотипов, причем общие предки жили позже, чем общие предки гаплогруппы I1 в Швеции. Там вилка в числе поколений (как было показано, некорректно рассчитанных) была от 64 до 91.

Интересно, что между четырьмя базовыми шведскими гаплотипами гаплогрупп I1, с одной стороны, и I2b1, с другой, имеется разница в 10-13 мутаций на 9 маркеров. Эта разница в среднем 1.11-1.44 мутации на маркер соответствует временной разнице между их общими предками от 16 до 28 тысяч лет. Это в свою очередь означает, что ИХ общие предки жили между 10 и 16 тысяч лет назад.

N3

72 гаплотипа этой гаплогруппы в Швеции также оказались смесью от разных общих предков. 18 идентичных гаплотипов из этой группы имеют вид

14-24-14-11-11-13-X-Y-Z-14-14-30

Этот базовый гаплотип в свою очередь идентичен базовому прибалтийскому гаплотипу гаплогруппы N3a, представленному выше:

14-24-14-11-11-13-11-12-10-14-14-30

Данные 72 гаплотипа содержат 149 мутаций, что в свою очередь дает заметные разногласия по числу поколений до общего предка,

рассчитанных как ln(72/18)/0.025 = 55, и 149/72/0.025 = 83. В случае прибалтийских гаплотипов N3a, описанных выше, был обнаружен только один общий предок, который жил 45±5 поколений, то есть 1,125±125 лет назад, 8-10 век н.э.

G

Среди 383 шведских гаплотипов только семь относятся к гаплогруппе G. Рассмотрим их, именно потому, что эта гаплогруппа совершенно нехарактерна для Скандинавии. В этой выборке не было базовых гаплотипов, что уже позволяет предположить, что эта гаплогруппа не ведет свою генеалогическую линию в Швеции, а скорее всего была привнесена со стороны уже в нескольких вариантах. В таком случае базовый гаплотип будет не «шведский», а тот, «со стороны». Другой вариант, конечно, что это местный, исконный, древний гаплотип.

Вычисленный базовый гаплотип выглядит следующим образом:

14-22-15-10-14(15)-15-X-Y-Z-12-11-29

Все семь гаплотипы содержат 162 мутации, что соответствует примерно 142 поколениям, или 3,600 лет до общего предка. Исходя из того, что доля этой гаплогруппы в Швеции составляет менее двух процентов, вряд ли она «исконная». Ее принесли в Швецию сразу несколько человек, поэтому общий предок и жил на родине этих нескольких.

J

Аналогичная ситуация и с гаплогруппой J в Швеции. Ее обладателей в шведской выборке – 11 человек. Все гаплотипы сильно мутированы, «базовый» гаплотип отсутствует, и может быть только вычислен:

12-24-14-10-13-17-X-Y-Z-13-11-30

Он только на одну мутацию отклоняется от древнейшего еврейского гаплотипа в гаплогруппе J1 (выделено жирным шрифтом)

12-24-14-10-**12**-17-11-16-13-13-11-30

обладатель которого жил 9,200±1,200 лет назад (Klyosov, 2008).

Эти 11 шведских гаплотипов содержат 47 мутаций, что соответствует 204 поколениям, или 5,100 годам до общего предка. Как и в предыдушем случае, носители этого гаплотипа прибыли в Швецию или одновременно, или в разное время, но их было определенно несколько человек. Прибыть они могли в любое время, результат по расчету общего предка от этого бы не изменился. Этот древний предок вполне мог жить тысячелетия назад на Ближнем Востоке.

Гаплотипы R1b в Европе

104 37-маркерных гаплотипа гаплогруппы R1b европейского происхождения были неупорядоченно извлечены из базы данных YSearch, и представлены в виде дерева гаплотипов (рис 27). Видно, что гаплотипы в 37-маркерном формате распадаются на две четкие части, значительно отделенные друг от друга.

Оказалось, что в 12-маркерном формате базовые гаплотипы этих двух ветвей неотличимы друг от друга, и представляют собой классический Атлантический модальный гаплотип:

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

Среди 104 12-маркерных гаплотипов имеются четыре этих базовых, что соответствует ln(104/4)/0.024 = 136±12 поколений (без поправки на возвратные мутации). Все 104 гаплотипа имеют 268 мутаций, что соответствует 268/104/0.024 = 120±10 поколений (без поправки на возвратные мутации). Эти величины совпадают в пределах ошибки расчетов, и примерно равны в совокупности 126±14 поколений, или с поправкой на возвратные мутации 144±20 поколений, или 3,600±500 лет до общего европейского предка гаплогруппы R1b.

Чтобы сравнить результаты с теми, что получены на 6-маркерных гаплотипах (например, R1b гаплотипы Армении, разобранные выше), заметим, что на 104 шестимаркерных гаплотипах число мутаций составляет 110, и 110/104/0.0096 = 110 поколений, или с поправкой на возвратные мутации в 6-маркерных гаплотипах это составляет 124 поколения, то есть примерно 3,100 лет. Это в пределах ошибки с величиной, полученной с использованием 12-маркерных гаплотипов. Таким образом, число поколений до общего предка, полученное с помощью 6-маркерных гаплотипов, является вполне адекватным, или даже слегка заниженным.

При увеличении числа маркеров до 25 базовые гаплотипы начинают расходиться. Проявляются два общих предка, живших примерно в одно и то же время, и имевшие одинаковые 12-маркерные гаплотипы. В 25-маркерном формате их базовые гаплотипы выглядят следующим образом (мутационные различия обозначены жирным шрифтом):

13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29- 17-9-**10**-11-11-25-15-19-**30**-15-15-**17**-17

13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29-17-9-**9**-11-11-25-15-19-**29**-15-15-**16**-17

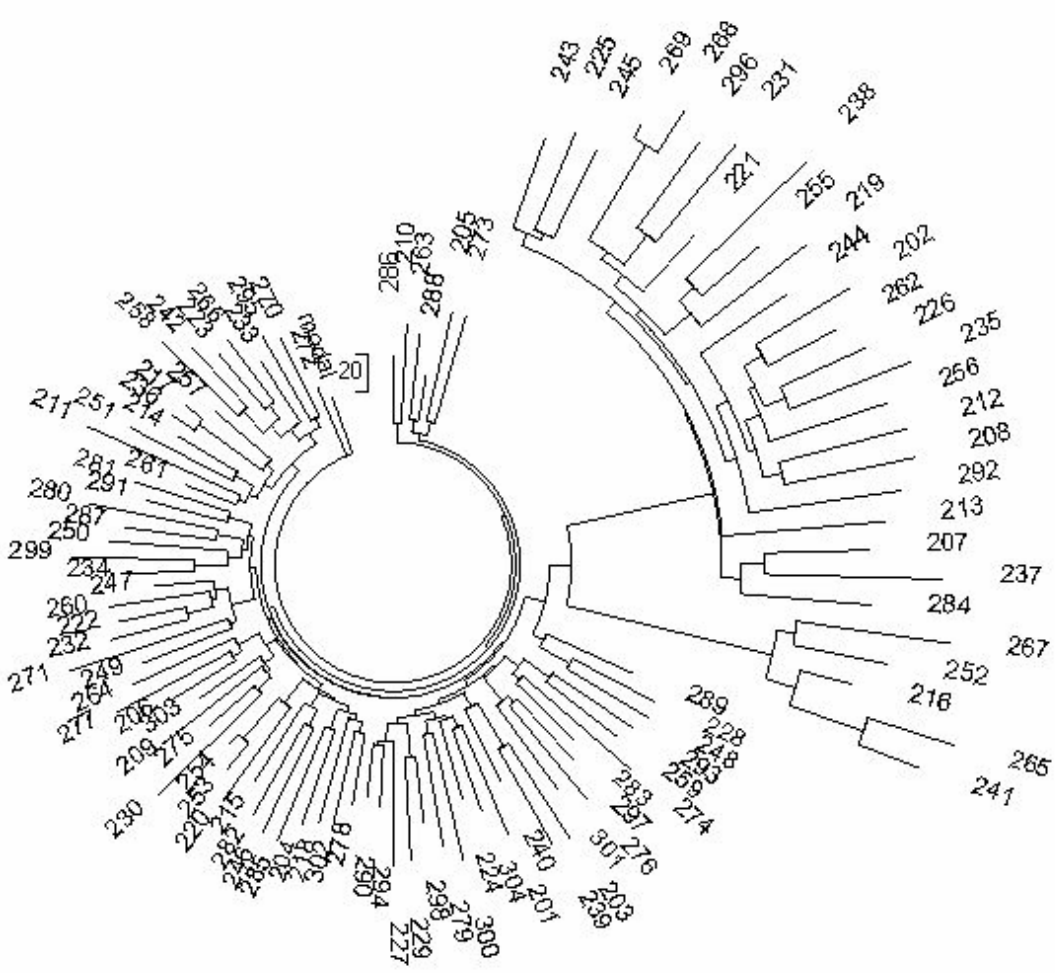


Рис.27. Дерево 37-маркерных европейских гаплотипов R1b, неупорядоченно извлеченных из базы данных YSearch (2008). В выборке – 104 гаплотипа.

Верхний базовый гаплотип соответствует левой и нижней части дерева на рис. 26, из 75 гаплотипов, нижний базовый гаплотип – правой части, из 24 гаплотипов.

Левая часть дерева имеет 460 мутаций на 75 гаплотипов, что соответствует 154 поколениям, или 3,850 годам до общего предка. Правая часть дерева – 169 мутаций на 24 гаплотипа, что соответствует 4,500 лет до общего предка.

При удлинении гаплотипов до 37-маркерных, базовые гаплотипы для левой и правой частей дерева выглядят следующим образом:

13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29-17-9-**10**-11-11-25-15-19-**30**-15-15-**17**-17-11-11-19-23-16-15-18-17-36-**38**-12-12

13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29-17-9-**9**-11-11-25-15-19-**29**-15-15-**16**-17-11-11-19-23-16-15-18-17-36-**37**-12-12

Левая часть дерева имеет 873 мутаций на 75 гаплотипов, что соответствует 149 поколениям, или 3,725 годам до общего предка. Правая часть дерева – 337 мутаций на 24 гаплотипа, что соответствует 4,625 лет до общего предка.

Поскольку мы не знаем, какое именно число поколений и для какой панели более достоверно по сравнению с другими, возьмем среднюю величину и покажем среднеквадратичное отклонение от средней величины, что фактически будет соответствовать ошибке расчетов. В таком случае временное расстояние до общего предка европейских гаплотипов R1b равно для левой ветви (верхний базовый гаплотип) 3,700±200 лет, для правой ветви (нижний базовый гаплотип) 4,200±600 лет. Четыре мутации на 37-маркерных гаплотипах соответствуют примерно 1,200 годам разницы между общими предками. Таким образом можно заключить, что общий предок этих двух базовых гаплотипов жил в Европе примерно 4,600±600 лет назад.

Гаплотипы R1b на британских островах

Выборка из 1242 гаплотипов R1b была представлена в работе (Campbell, 2007). К сожалению, автор выбрал их из общего списка в 1625 гаплотипов как наиболее «популярные», Остальные гаплотипы для счета оказались потеряны, а следовательно, фактически потеряны все, включая и те, что были представлены. На самом деле автор привел в работе только 50

десяти-маркерных «наиболее популярных» гаплотипов со всеми их повторами, а всех вариантов гаплотипов было 291. В итоге не показаны 383 гаплотипа с наибольшим количеством мутаций.

Рассмотрим, что нам даст даже неполный список гаплотипов в отношении расчетов времени до общего предка.

Все показанные 1242 гаплотипа включают 262 идентичных, базовых, предковых гаплотипа

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

Это – все тот же классический Атлантический модальный гаплотип в 12-маркерном формате:

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

Все 1242 гаплотипа содержали 1708 мутаций от приведенного базового. Поскольку наиболее мутированные гаплотипы оказались потерянными, естественно, время до «общего предка» окажется значительно заниженным, то есть ближе к нам. Действительно, 1708/1242/0.026 = 53 поколения, или всего 1325 лет назад, 7-й век нашей эры. Понятно, что это искаженные данные, однако, мы уже знаем их верхний потолок. А из доли базового гаплотипа в общем списке (эти данные уже предоставлены полностью) получаем ln(1625/262)/0.026 = 70 поколений, или 1,750 лет до общего предка, 3-й век нашей эры. Что-то здесь не то. Или это относительно недавний общий предок, наличие которого мы не можем проверить по мутациям, хотя верхний потолок этим данным не противоречит. Выше мы видели, что по Европе в целом 12-маркерные гаплотипы дали 126±14 поколений, то есть 3,150±350 лет до общего предка (без поправки на возвратные мутации), или 144±20 поколений, 3,600±500 лет (с поправкой на возвратные мутации) до общего европейского предка гаплогруппы R1b. Остается условно предположить, что R1b на Британских островах намного моложе по сравнению с остальной Европой. Мы знаем, что римские легионеры были в Британии намного раньше 3-го века нашей эры, но мы не знаем, какие именно гаплогруппы они принесли, и какие популяционные бутылочные горлышки имели место после того. Но данные, полученные с полутора тысячами гаплотипов, нельзя просто так отбросить. Они несут важную информацию, нуждающуюся в объяснении. Возможно, недавние генеалогические линии полностью «забивают» старые на Британских островах, в отличие от остальной Европы, как показывает дерево гаплотипов на рис. 26.

Фламандские гаплотипы R1b (северная Бельгия)

Серия из 64 двенадцати-маркерных гаплотипов была приведена в статье (Mertens, 2007). Но эти 12-маркерные включали только 10 маркеров из первой панели, а остальные два (DYS## 437 и 438) были взяты из 25- и 37-маркерной панелей. Для того, чтобы можно было напрямую сравнивать данные с другими выборками, я рассмотрел только 10-маркерные гаплотипы, в которых не было маркеров DYS## 388 и 426.

Вся серия имела следующий базовый гаплотип

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

Это – опять классический Атлантический модальный гаплотип (АМГ), приведенный выше. Кстати, маркеры 437 и 438, удаленные из расчетов, имели «базовые» аллели, равные 15 и 12, соответственно, что тоже характерно для АМГ.

Во всей выборке было только два таких базовых гаплотипа. Это уже показывает, что выборка не содержит примесей АМГ от недавних общих предков, иначе этих «базовых» было бы гораздо больше. Например, среди 1242 гаплотипов с британских островов 262 были базовыми (см. выше), то есть 21%. У фламандцев их только 3%, в 7 раз меньше. Именно поэтому британские гаплотипы в представленной выше выборке – в основном от недавних предков (или предка). У фламандцев – от предка древнего.

Сравним два дерева гаплотипов R1b, общего по Европе (рис. 26) и фламандское (рис. 28). Разница принципиальная. У фламандского – явно один общий предок. По доле остаточных базовых гаплотипов число поколений до общего предка равно $\ln(64/2)/0.026 = 133\pm15$. Поскольку все 64 гаплотипа содержат 199 мутаций, то $199/64/0.026 = 120$ поколений. Погрешность в логарифмическом варианте расчитывалась исходя из того, что если бы в выборке по статистической случайности оказалось не два, а три базовых гаплотипа, то $\ln(64/3)/0.026 = 118$ поколений.

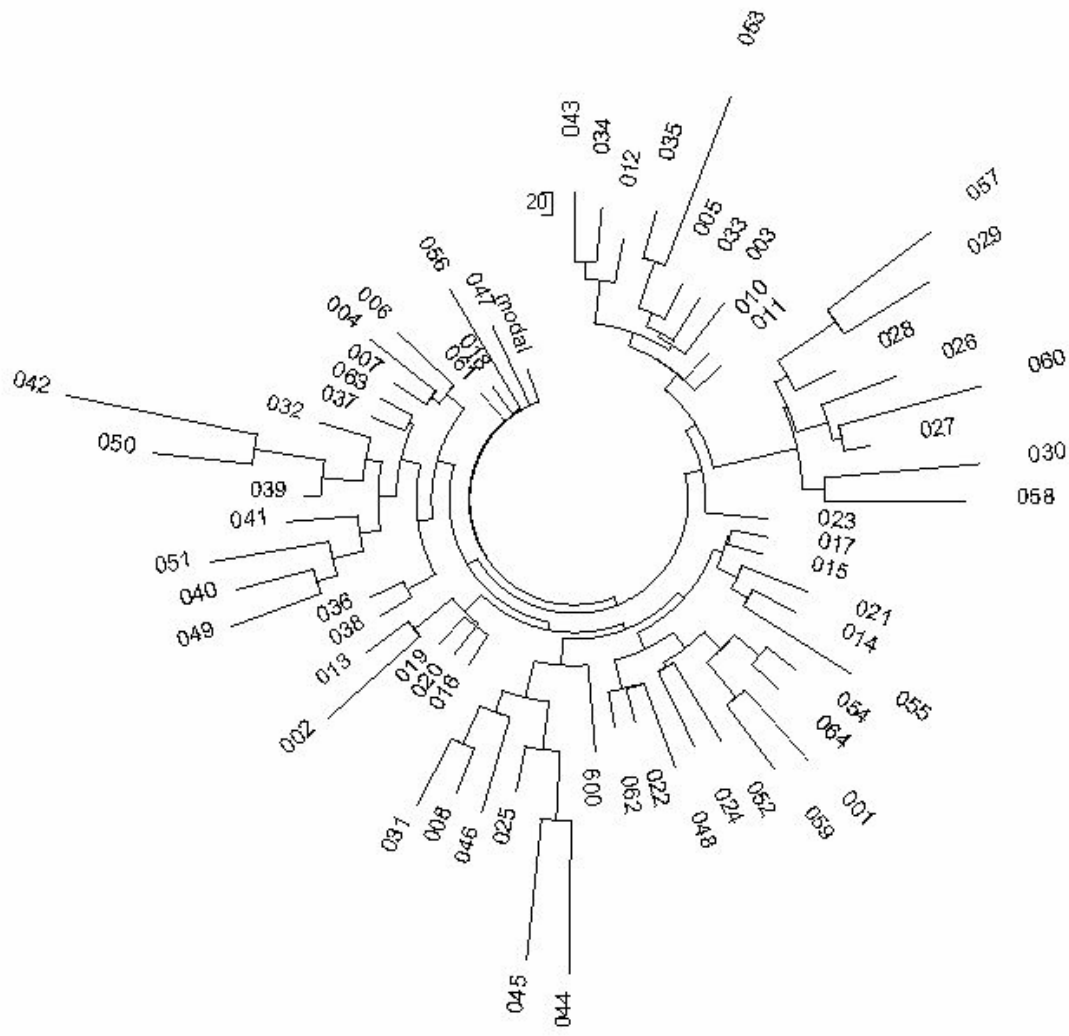


Рис.28. Дерево 10-маркерных фламандских (северная часть Бельгии) гаплотипов R1b, по данным (Mertens, 2007). В выборке – 64 гаплотипа.

С поправкой на возвратные мутации получим, что общий предок фламандцев гаплогруппы R1b из данной выборки жил 136±8 поколений, или 3,400±200 лет назад. Это близко к времени общего предка гаплогруппы R1b1c в Швеции (2,800 лет назад), общим предком R1b в Европе, рассчитанным по 12-маркерным гаплотипам (3,600±500 лет назад), и с одним из двух общих предков в Европе, рассчитанному по 37-маркерным гаплотипам (3,700±200 лет назад).

Фламандские гаплотипы I1 (северная Бельгия)

В той же работе (Mertens, 2007) были представлены 22 двенадцати-маркерных гаплотипа гаплогруппы I1, бывшей I1a. Три гаплотипа из них были идентичными друг другу:

13-22-14-10-13-14-X-Y-12-12-11-28

Они в точности соответствуют одному из четырех базовых гаплотипов I1 в Швеции (широкая ветвь в правой части дерева гаплотипов на рис. 26), возрастом 2,500±100 лет до общего предка. Оба они точно соответствуют базовому гаплотипу I1 у евреев (Klyosov, 2008)

13-22-14-10-13-14-11-14-12-12-11-28

который на самом деле не является «еврейским», а был получен из «окружающей среды» с гаплогруппой I1. Общий предок данного гаплотипа жил 4,100±1,900 лет назад, и неясно, ведет ли он свою генеалогическую линию у евреев все это время, практически с библейских времен (по библейским толкованиям, времена Авраама – это примерно 4,000 лет назад), или вошел в среду евреев значительно позже. Посмотрим на фламанскую сторону этой истории.

Три базовых гаплотипа из 77 дают ln(77/3)/0.026 = 77 поколений до общего предка. Поскольку все 22 гаплотипа содержат 43 мутации от указанного базового гаплотипа, то общий предок жил 43/22/0.026 = 75 поколений назад. Как видно, эти величины практически совпадают, и общий предок – после поправки числа поколений на возвратные мутации - жил 83 поколения, или 2,100 лет назад. Это – на нижней стороне погрешности в определении времени предка гаплогруппы I1 у евреев, которое определено со значительно меньшей точностью. Это мог быть один и тот же обший предок, который жил в 1-5-м веке до нашей эры.

Гаплотипы R1b у басков

В сети есть «Проект басков» (см. перечень ссылок в конце статьи), в котором приведены 12-маркерные гаплотипы R1b (44 гаплотипа), 25-маркерные (17 гаплотипов) и меньшее количество 37- и 67-маркерных гаплотипов. Среди 12-маркерных гаплотипов нет базовых, и считать мутации по отношению к расчетному базовому гаплотипу нецелесообразно, не зная, происходит ли вся выборка от одного общего

предка, или от нескольких. В любом случае, поскольку все 44 гаплотипа содержат 140 мутаций, предварительная оценка дает 140/44/0.024 = 133 поколения до общего предка – без поправки на возвратные мутации. С поправкой это даст 153 поколения, или 3,800 лет до общего предка. Но эту величину надо проверить.

Поэтому было построено дерево 12-маркерных гаплотипов (рис. 29). Видно, что дерево разделяется на две основные ветви ветви, что еще более заметно на дереве 25-маркерных гаплотипов (рис. 30). На рис. 29 справа – более старая ветвь, она отходит от ствола дерева дальше, чем левая, более молодая ветвь.

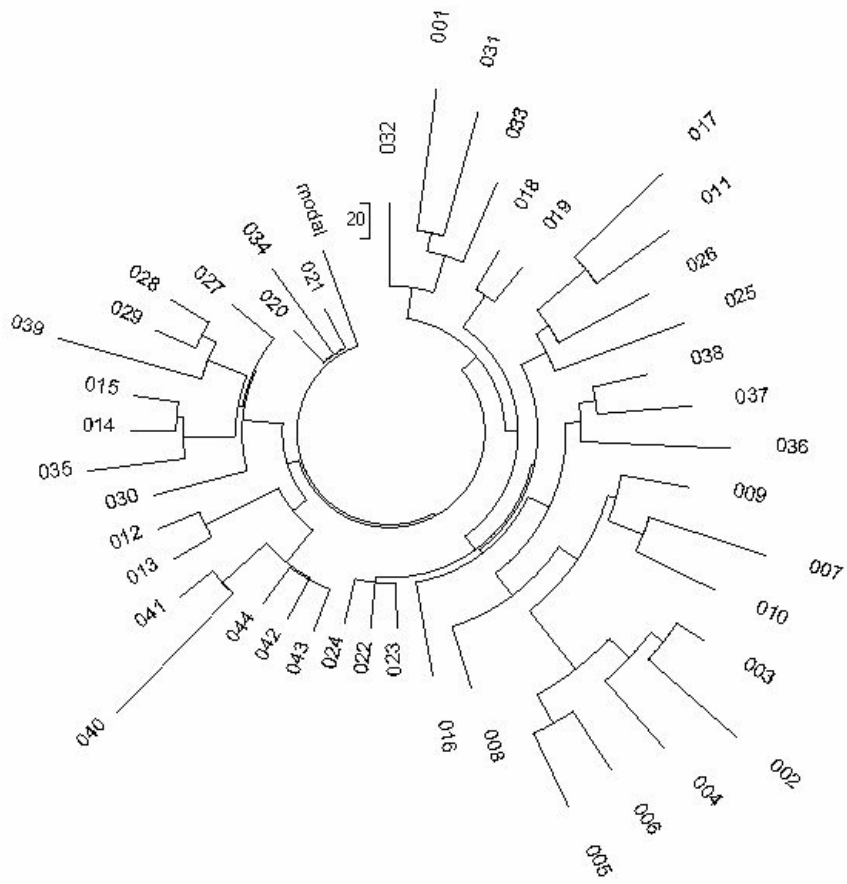


Рис.29. Дерево 12-маркерных гаплотипов басков, по данным «баскского проекта». В выборке – 44 гаплотипа.

Базовые гаплотипы этих двух основных ветвей (левой и правой, соответственно) следующие:

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

13-24-14-11-11-14-12-12-12-**14**-13-**30**

Верхний (слева на дереве) – это классический Атлантический модальный гаплотип в его 12-маркерном варианте.

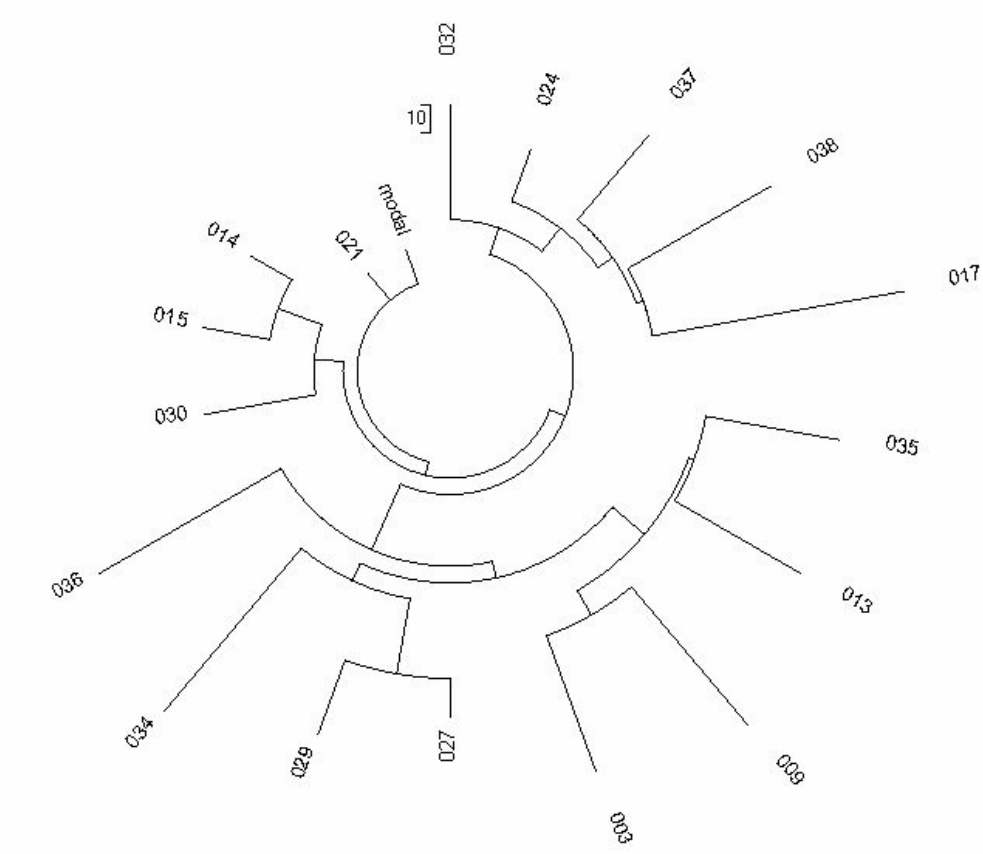


Рис.30. Дерево 25-маркерных гаплотипов басков, по данным «баскского проекта». В выборке – 17 гаплотипов.

Чтобы уточнить эти данные, рассмотрим более внимательно 25-маркерные гаплотипы басков. Дерево с удлинением гаплотипов значительно перестроилось, что указывает на значительную роль мутаций во второй (13-25 маркеров) панели гаплотипов. К сожалению, статистика здесь мала, но все-таки позволяет сделать некоторые выводы. Ветвь из 8 гаплотипов внизу на рис. 30 имеет следующий базовый гаплотип:

13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29-18-9-10-11-11-25-15-19-28-15-15-17-17

Это и есть Атлантический модальный гаплотип. 8 гаплотипов данной ветви содержат 26 мутаций в первых 12 маркерах, что дает 156 поколений до общего предка. Все 25 маркеров содержат 50 мутаций, что дает 157 поколений. Совпадение замечательное. Таким образом, общий предок басков гаплогруппы R1b жил 3,900±200 лет тому назад. Погрешность здесь превышает полученную, и дается скорее в виде экспертной оценки.

Вторая, более молодая ветвь, содержит только 6 гаплотипов, и ее базовый гаплотип такой:

13-24-14-11-11-14-12-12-12-**14**-13-**30**-**17**-9-10-11-11-25-**14-18-29**-15-15-**16**-17

Первые 12 маркеров включают только 7 мутаций, что соответствует примерно 1,600 годам до общего предка. Полная последовательность из 25 маркеров имеет 17 мутаций, что соответствует 2,000 лет до общего предка. Поэтому можно заключить, что общий предок для более молодой ветви жил примерно 1,800±200 лет назад, в начале нашей эры. Это, кстати, соответствует 1,750 годам до общего предка для британских гаплотипов (см. выше).

Заметим, что эти два 25-маркерных гаплотипа различаются на 7 мутаций, что соответствует 180 поколениям, или 4,500 лет между двумя общими предками. Это означает, что они не могли произойти друг от друга. Это – две различные линии. ИХ общий предок жил 5,100±300 лет назад. Подобную же цифру мы нашли раньше, анализируя европейские гаплотипы гаплогруппы R1b, и заключив, что общий предок их жил на европейском континенте 4,600±600 лет назад. Прямые потомки его пока по гаплотипам не найдены; все генеалогические линии европейцев обрываются на рубеже 3-4 тысяч лет назад. Это характерно для балканских линий (2,800-3,400 лет назад), в Швеции (2,800 лет назад), в Бельгии (3400±200 лет назад), и в Европе в целом (3600±500 лет назад).

Самые ранние общие предки с гаплогруппой R1b жили в Азии, примерно 15 тысяч лет назад (будет опубликовано в последующих статьях на эту тему), в Армении, где нами были обнаружены ветви R1b возрастом 11,400, 5,500 и 5,000 лет (см. выше), и у евреев гаплогруппы R1b, с общими предками, жившими 5,400±500 и 5,000±200 лет назад (Klyosov, 2008). Случайно или нет, но все они обнаружены за пределами Западной Европы.

Или что-то драматичное произошло в отношении обитателей Европы с гаплогруппой R1b примерно 4-5 тысяч лет назад, или их там никогда ранее и не было.

* * *

Итак, с примерами пока закончили. Их еще в Вестнике будет много, хороших и разных. Главное – база для расчетов создана. Естественно, я стоял на плечах гигантов, и никак не могу претендовать на создание понятийного аппарата в ДНК-генеалогии. Я его просто слегка «причесал» в отношении расчета времен до общих предков. Собственно, это и дает нам связь с историей. Одни в ДНК-генеалогии выявляют новые маркеры, другие определяют число аллелей в локусах гаплотипов, третьи занимаются тем, как в мире распределены гаплогруппы. Я занимаюсь вычислением того, когда, в какие времена начинаются новые генеалогические линии, и с чем это связано. А связано это зачастую с драматическими событиями в истории народов: передвижениями масс людей, войнами, эпидемиями, заселениями новых территорий - тем, что и описывает история человечества.

И здесь ДНК-генеалогии есть что сказать. И еще больше будет что сказать в будущем, с развитием вычислительного аппарата ДНК-генеалогии, с расширениям круга людей, гаплотипы которых войдут в базы данных. Пока нам известны только примерно 0.005% гаплотипов людей на Земле.

Представляете потенциал?

Литература

Athey, W. Mutation rates – who's got the right values? J. Genetic Genealogy 3, i – iii, 2007

Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Janicijevic, B., Parik, J., Rootsi, S. and Rudan, P. Y chromosome STRs in Croatians. Forensic Sci. Internat. 138, 127-133 (2003)

Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Rootsi, S., Janicijevic, B., Kivisild, T., Parik, J., Rudan, I., Villems, R. and Rudan, P. Y chromosomal heritage of Croatian

population and its island isolates. Europ. J. Human Genetics 11, 535-542 (2003)

Basque DNA Project – http://www.familitreedna.com/public/BasqueDNA

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

Behar, D.M., Garrigan, D., Kaplan, M.E., Mobasher, Z., Rosengarten, D., Karafet, T.M., Quintana-Murci, L., Oster, H., Skorecki, K. and Hammer, M.F. Contrasting patterns of Y chromosome variation in Ashkenazi Jewish and host non-Jewish European populations. Hum. Genet. 114, 354-365 (2004).

Bortolini, M.-C., Salzano, F.M., Thomas, M.G., Stuart, S., Nasanen, S.P.K., Bau, C.H.D., Hutz, M.H., Layrisse, Z., Petzl-Erler, M.L., Tsuneto, L.T., Hill, K., Hurtado, A.M., Castro-de-Guerra, D., Torres, M.M., Groot, H., Michalski, R., Nymadawa, P., Bedoya, G., Bradman, N., Labuda, D. and Ruiz-Linares, A. Y-chromosome evidence for differeing ancient demographic histories in the Americas. Am. J. Hum. Genet. 73, 524-539 (2003)

Cadenas, A.M., Zhivotovsky, L.A., Cavalli-Sforza, L.L., Underhill, P.A. and Herrera, R.J. Y-chromosome diversity characterizes the Gulf of Oman. Eur. J. Human Genetics, 18, 374-386 (2008)

Campbell, K.D. Geographic patterns of haplogroup R1b in the British Isles. J. Gen. Genealogy 3, 1-13 (2007)

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

Cinnioglu, C., King, R., Kivisild, T., Kalfoglu, E., Atasoy, S., Cavalleri, G., Lillie, A.S., Roseman, C.C., Lin, A.A., Prince, K., Oefner, P.J., Shen, P., Semino, O., Cavalli-Sforza, L.L. and Underhill, P,A. Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. Hum. Genet. 114, 127-148 (2004)

Cordaux, R., Bentley, G., Aunger, R., Sirajuddin, S.M. and Stoneking, M. Y-STR haplotypes from eight South Indian groups based on five loci. J. Forensic Sci. 49, 1-2 (2004)

Derenko, M., Malyarchuk, B., Denisova, G., Wozniak, M., Grzybowski, T., Dambueva, I. and Zakharov, I. Y-chromosome haplogroup N dispersals from south Siberia to Europe. J. Hum. Genet. 52, 763-770 (2007)

DNA-Project.Clan-Donald, http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm

Felsenstein, J. Phylip, the Phylogeny Inference Package. PHYLIP, version 3.6. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle, 2005

The International HapMap Consortium. A second generation human haplotype map of over 3.1 million SNPs. Nature 449, 851-862 (2007).

Karlsson, A.O., Wallerstrom, T., Gotherstrom, A. and Holmlund, G. Y-chromosome diversity in Sweden – A long-time perspective. Europ. J. Human Genetics, 14, 963-970 (2006)

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

Klyosov, A.A. Origin of the Jews via DNA Genealogy. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, 1. 54-232 (2008)

Mertens, G. Y-Haplogroup frequencies in the Flemish population. J. Gen. Genealogy 3, 19-25 (2007)

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

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

Weale, M.E., Yepiskoposyan, L., Jager, R.F., Hovhannisyan, N., Khudoyan, A., Burbage-Hall, O., Bradman, N. and Thomas, M. Armenian Y chromosome haplotypes reveal strong regional structure within a single ethno-national group. Hum. Genet. 109, 659-674 (2001)

Zhivotovsky, L.A., Underhill, P.A., Cinnoglu, C., Kayser, M., Morar, B., Kivisild, T., Scozzari, R., Cruciani, F., Destro-Bisol, G., Spedini, G., Chambers, G.K., Herrera, R.J., Yong, K.K., Gresham, D., Tournev, I., Feldman, M.W., and Kalaydjieva, L. The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time. Am. J. Human Genet. 74, 50-61 (2004).

Веса, или относительные скорости мутаций маркеров

Урасин В.М.

Абстракт

Используемые в настоящее время методы построений программой Network [1] филогенетических деревьев по значениям микросателлитных маркеров Y-хромосомы не всегда точно отображают взаиморасположение кластеров и входят в противоречие с информацией о гаплогруппах, полученной по снипам. Для уменьшения количества ошибок были посчитаны относительные скорости мутаций 67 микросателлитных маркеров Y-хромосомы, анализируемых FTDNA [2]. На основе относительных скоростей мутаций маркеров были предложены веса для построения медианных сетей (методом median-joining [3]) в программе Network 4.5.0.0 [1]. Для расчета относительных скоростей маркеров были построены модели мутационного потока в гаплогруппах, а именно медианные сети в программе Network 4.5.0.0 [1] по 10 гаплогруппам (DE, G, I1, I2, J1, J2, NO, Q, R1a, R1b) по выборкам из 67-маркерных гаплотипов (от 70 до 350 гаплотипов в выборке).. Затем по каждой сети было посчитано относительное количество мутаций каждого маркера и полученные данные приняты за относительные скорости мутации маркеров. На примере сетей из гаплотипов гаплогруппы E, рассчитанных разными методами, показано улучшение качества построенной сети с использованием предложенных весов.

Введение

Установление степени родства между людьми производится разными методами. Документальная генеалогия позволяет найти родственников, общий предок с которыми жил в последние 2-3 века. Иногда, получается по документальным источникам построить генеалогические деревья и большей глубины. Но даже в этом случае не получается заглянуть дальше нескольких веков.

В последние годы для частных генеалогических исследований стал доступен анализ ДНК. Он позволяет не только определить родственность однофамильцев, но и проследить происхождение рода в глубь тысячелетий. Особый интерес представляет изучение происхождения

предков по мужской линии. В этом помогает анализ нерекомбинируемой части Y-хромосомы.

На данный момент определено несколько сотен снипов, уникальных мутаций (unique event polymorphisms) Y-хромосомы, однозначно разделяющих людей на группы по происхождению прямой мужской линии предков (гаплогруппы). Но на данный момент, знание своей гаплогруппы позволяет узнать о происхождении и переселении своих предков только в очень давние времена: несколько тысяч лет назад, а то и десятки тысяч лет. Таким образом, между данными из документальных источников и информацией полученной из снипов есть разрыв в несколько тысячелетий. При увеличении количества изученных снипов этот разрыв будет уменьшаться. При проведении генеалогических исследований в настоящее время заполнить этот разрыв помогает анализ микросателлитных мутаций Y-хромосомы.

Микросателлитные мутации анализируются тоже в нерекомбинируемой части Y-хромосомы. Разные лаборатории используют различные наборы участков (локусов) для анализа микросателлитных мутаций. В данной работе рассматриваются данные по микросателлитным мутациям набора из 67 локусов (маркеров), используемых в лаборатории Family Tree DNA [2].

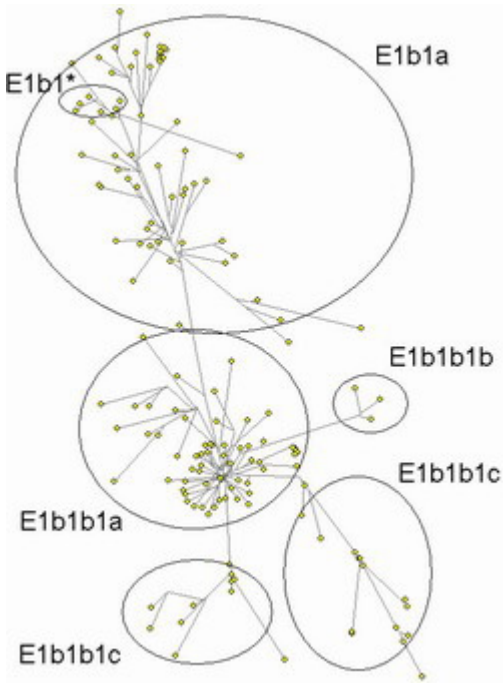
Похожесть и различие наборов значений маркеров (гаплотипов) позволяет построить филогенетические деревья, где более близкие родственники находятся на одних и тех же ветвях, а дальние родственники – на разных ветвях. Причем, филогенетические деревья могут состоять из гаплотипов людей, общий предок которых жил сто, тысячу, две тысячи, десять тысяч лет назад.

Схожесть и различие гаплотипов оценивается по совпадению и различию значений маркеров. После анализа изменяемости маркеров становится понятно, что одни маркеры мутируют чаще, чем другие. Оценке относительной частоты мутаций маркеров и посвящена эта работа.

Одним из методов построения филогенетических деревьев гаплогрупп является построение медианных сетей в программе Network [1] по микросателлитным гаплотипам представителей гаплогруппы. Зачастую исследователи удовлетворяются построением сетей с одинаковым весом мутаций маркеров. Полученные сети хорошо показывают различные кластеры в данных, но их трудно использовать для построения деревьев. В частности, взаиморасположение кластеров иногда не совпадает с информацией о подгруппах, полученных по снипам людей из исследуемой выборки. Например, на рисунке 1 видно,

что подгруппа E1b1b1c (определенная по снипам) разделилась на два кластера, которые соединяются только через кластер подгруппы E1b1b1a. Такое может быть, только если мутация, определяющая E1b1b1c (снип M123) произошла два раза, что очень маловероятно. Второй проблемой является предполагаемая равновероятность мутаций в центре кластеров, графически отображаемая как плотная сетка и мешающая преобразовать сеть в дерево.

Рисунок 1. Медианная сеть гаплогруппы E с использованием равных весов маркеров.



Для решения обоих проблем необходимо ранжировать маркеры по вероятности их мутаций («по скорости маркеров»). Для этого необязательно знать скорости мутаций маркеров в соотнесении ко времени (абсолютные скорости маркеров), но достаточно знать, как скорости маркеров соотносятся между собой (относительные скорости маркеров).

Есть несколько способов вычисления относительных скоростей маркеров. Например, подсчет вариативности каждого маркера, для чего вычисляется среднее значение маркера и подсчитывается среднее арифметическое сумм модулей разностей между значением маркера гаплотипов выборки и средним значением. Но в данной работе

рассматривается другой метод расчета относительных скоростей маркеров. Его суть в первичном построении сети гаплогруппы в программе Network [1] и подсчете количества мутаций каждого маркера на ребрах сети. Веса для последующих построений задаются обратно пропорционально подсчитанному количеству мутаций на ребрах первичной сети.

На форуме сайта dnatree.ru этот метод впервые был применен Павлом Шваревым в ноябре 2007 года для подсчета весов для сетей гаплогруппы R1a [4]. В декабре 2007 года им была предпринята попытка подсчета аналогичных весов для гаплогруппы R1b [5]. Но полученные данные для гаплогрупп R1a и R1b резко отличались, что приостановило изыскания Павла Шварева в данном направлении.

Ниже проводится подсчет частоты мутаций 67 маркеров отдельно для каждой сети гаплогрупп DE, G, I1, I2, J1, J2, NO, Q, R1a, R1b, вычисляется их среднеарифметическое значение. Полученные значения можно принять за относительные скорости маркеров. В частности, их можно использовать для расчета весов мутаций маркеров для медианных сетей программы Network [1] любых гаплогрупп. Затем на примере сети гаплогруппы E показана польза применения полученных весов.

Все расчеты проводились с помощью программы Network 4.5.0.0 [1] и на основе данных о гаплотипах и их гаплогруппах, полученных с сайтов YSearch [6] и FTDNA [2].

Порядок работы:

1. Сбор данных с сайтов YSearch [6] и FTDNA [2].
2. Составление выборок гаплотипов для разных гаплогрупп.
3. Расчет сетей для каждой гаплогруппы с заданием одинаковых весов мутаций маркеров.
4. Подсчет частоты мутаций каждого маркера на ребрах полученных сетей.
5. Вычисление среднеарифметического значения частот мутаций каждого маркера в разных сетях (относительных скоростей маркеров).
6. Вычисление весов для программы Network [1].

1. Сбор данных с сайтов YSearch [6] и FTDNA [2].

Сбор данных производился в январе-феврале 2008 года. Были собраны данные всех пользователей YSearch [6] и данные из примерно тысячи фамильных и географических проектов FTDNA [2] (всего на сайте FTDNA [2] не менее 4 тысяч проектов). Было собрано около 80 тысяч

различных записей, где один и тот же человек мог иметь несколько записей в различных проектах FTDNA [2] и несколько записей на сайте YSearch [6]. Оценочное количество разных людей представленных в выборке: около 30 тысяч.

2. Составление выборок гаплотипов для разных гаплогрупп.

Из общей выборки были отобраны гаплотипы с 67 маркерами, используемых FTDNA [2] (около 10 тысяч записей).

Для каждой гаплогруппы и каждой подгруппы было подсчитано количество записей в нашей выборке. На один уникальный гаплотип могло приходиться несколько записей – в случае, если один и тот же человек участвует в нескольких проектах FTDNA [2] и/или имеет запись в базе YSearch [6] (иногда несколько записей).

Было принято, что подгруппа выделяется в отдельную выборку, если количество записей с указанием этой подгруппы более 100 (исключение было сделано для гаплогруппы Q с 73 записями). Если по этому критерию в составе родительской подгруппы только у одной дочерней подгруппы была отдельная выборка, то анализировалась выборка родительской подгруппы в целом. Например, в общей выборке было 207 записей R1b1b2a2e, но ни у одной из других подгрупп R1b1b2a2 (R1b1b2a2a..R1b1b2a2h) не было более 100 записей. Следовательно, вместо выборки R1b1b2a2e было решено анализировать всю выборку R1b1b2a2. Рассуждая аналогичным образом, было решено не анализировать отдельные выборки R1b1b2a2, R1b1b2a и так далее, но выделить всю R1b в отдельную выборку. Всего было выделено 10 отдельных выборок:

DE - 183 записи, 153 уникальных 67-маркерных гаплотипа
G - 299 записей, 205 уникальных 67-маркерных гаплотипов
I1 - 1071 запись, 762 уникальных 67-маркерных гаплотипа
I2 - 529 записей, 349 уникальных 67-маркерных гаплотипов
J1 - 145 записей, 77 уникальных 67-маркерных гаплотипов
J2 - 341 запись, 225 уникальных 67-маркерных гаплотипов
NO - 187 записей, 83 уникальных 67-маркерных гаплотипа
Q - 73 записи, 49 уникальных 67-маркерных гаплотипов
R1a - 680 записей, 394 уникальных 67-маркерных гаплотипа
R1b - 4994 записи, 3582 уникальных 67-маркерных гаплотипа

Следующим шагом были усечены большие выборки для обеспечения высокой скорости расчета медианных сетей. В выборках I1, R1b было оставлено около 300 гаплотипов, отобранных случайным образом. Остальные выборки оставлены без изменений.

3. Расчет сетей для каждой гаплогруппы с заданием одинаковых весов мутаций маркеров.

Для каждой выборки были рассчитаны медианные сети в программе Network [1], значение ε было установлено равным 0.

4. Подсчет частоты мутаций каждого маркера на ребрах полученных сетей.

Для каждой сети было подсчитано общее количество мутаций маркеров на ребрах сети (отрезка между различными гаплотипами выборки и различными промежуточными гаплотипами, медианными векторами) и доля мутаций каждого маркера в общем количестве мутаций (относительная частота мутации). Например, в сети по выборке 153 гаплотипов из гаплогруппы DE в маркере DYS 393 произошло 27 мутаций из общего количества 2500 тысяч мутаций во всех маркерах. Следовательно, [относительная частота мутации маркера DYS 393] =27/2500 = 0,0108. Полученные данные приведены в таблице 1.

Таблица 1. Относительная частота мутации маркеров в каждой сети.

	DE	**G**	**I1**	**I2**	**J1**
DYS 393	0,0108	0,0162	0,0070	0,0155	0,0033
DYS 390	0,0156	0,0124	0,0103	0,0152	0,0154
DYS 19/394	0,0156	0,0104	0,0153	0,0194	0,0088
DYS 391	0,0064	0,0087	0,0077	0,0116	0,0033
DYS 385a	0,0276	0,0170	0,0246	0,0161	0,0198
DYS 385b	0,0284	0,0298	0,0240	0,0229	0,0451
DYS 426	0,0000	0,0000	0,0007	0,0009	0,0022
DYS 388	0,0028	0,0066	0,0070	0,0086	0,0209
DYS 439	0,0184	0,0224	0,0230	0,0214	0,0231
DYS 389-1	0,0164	0,0120	0,0073	0,0191	0,0110
DYS 392	0,0028	0,0050	0,0030	0,0018	0,0033
DYS 389-2	0,0268	0,0294	0,0220	0,0384	0,0264
DYS 458	0,0236	0,0365	0,0306	0,0310	0,0319
DYS 459a	0,0032	0,0046	0,0060	0,0045	0,0022
DYS 459b	0,0088	0,0021	0,0033	0,0158	0,0044
DYS 455	0,0020	0,0025	0,0007	0,0018	0,0033
DYS 454	0,0028	0,0033	0,0027	0,0018	0,0011
DYS 447	0,0256	0,0174	0,0216	0,0214	0,0187
DYS 437	0,0036	0,0070	0,0063	0,0060	0,0011
DYS 448	0,0100	0,0174	0,0100	0,0110	0,0066

DYS 449	0,0484	0,0481	0,0436	0,0387	0,0715
DYS 464a	0,0232	0,0141	0,0143	0,0122	0,0176
DYS 464b	0,0228	0,0166	0,0236	0,0235	0,0176
DYS 464c	0,0212	0,0137	0,0190	0,0149	0,0209
DYS 464d	0,0208	0,0174	0,0193	0,0143	0,0198
DYS 460	0,0160	0,0199	0,0196	0,0152	0,0198
GATA H4	0,0144	0,0166	0,0103	0,0113	0,0121
YCA IIa	0,0100	0,0104	0,0067	0,0077	0,0121
YCA IIb	0,0096	0,0029	0,0057	0,0095	0,0055
DYS 456	0,0216	0,0236	0,0186	0,0292	0,0154
DYS 607	0,0124	0,0157	0,0133	0,0161	0,0187
DYS 576	0,0416	0,0385	0,0393	0,0363	0,0484
DYS 570	0,0392	0,0365	0,0672	0,0396	0,0396
CDY a	0,0464	0,0435	0,0489	0,0587	0,0385
CDY b	0,0452	0,0493	0,0639	0,0661	0,0649
DYS 442	0,0160	0,0141	0,0196	0,0173	0,0198
DYS 438	0,0032	0,0046	0,0023	0,0060	0,0088
DYS 425	0,0200	0,0174	0,0043	0,0066	0,0143
DYS 531	0,0020	0,0099	0,0033	0,0036	0,0055
DYS 578	0,0020	0,0012	0,0007	0,0018	0,0011
DYS 395S1a	0,0020	0,0050	0,0013	0,0045	0,0011
DYS 395S1b	0,0052	0,0054	0,0010	0,0039	0,0022
DYS 590	0,0044	0,0000	0,0007	0,0015	0,0000
DYS 537	0,0068	0,0075	0,0090	0,0116	0,0077
DYS 641	0,0024	0,0021	0,0040	0,0027	0,0055
DYS 472	0,0004	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
DYS 406S1	0,0160	0,0141	0,0087	0,0155	0,0165
DYS 511	0,0092	0,0211	0,0103	0,0071	0,0033
DYS 413a	0,0176	0,0207	0,0323	0,0179	0,0176
DYS 413b	0,0196	0,0124	0,0340	0,0101	0,0121
DYS 557	0,0280	0,0170	0,0206	0,0235	0,0374
DYS 594	0,0048	0,0058	0,0017	0,0063	0,0011
DYS 436	0,0024	0,0012	0,0007	0,0000	0,0011
DYS 490	0,0040	0,0017	0,0047	0,0018	0,0011
DYS 534	0,0356	0,0377	0,0473	0,0342	0,0385
DYS 450	0,0024	0,0025	0,0010	0,0027	0,0011
DYS 444	0,0116	0,0257	0,0300	0,0259	0,0121
DYS 481	0,0364	0,0220	0,0439	0,0456	0,0407

DYS 520	0,0176	0,0220	0,0153	0,0134	0,0209
DYS 446	0,0324	0,0526	0,0240	0,0161	0,0143
DYS 617	0,0120	0,0116	0,0067	0,0063	0,0033
DYS 568	0,0136	0,0054	0,0043	0,0077	0,0110
DYS 487	0,0096	0,0120	0,0080	0,0107	0,0143
DYS 572	0,0048	0,0066	0,0090	0,0066	0,0099
DYS 640	0,0064	0,0012	0,0023	0,0045	0,0022
DYS 492	0,0032	0,0025	0,0007	0,0027	0,0000
DYS 565	0,0044	0,0099	0,0020	0,0048	0,0011

	J2	**NO**	**Q**	**R1a**	**R1b**
DYS 393	0,0049	0,0153	0,0090	0,0069	0,0065
DYS 390	0,0150	0,0197	0,0195	0,0201	0,0189
DYS 19/394	0,0157	0,0186	0,0045	0,0265	0,0093
DYS 391	0,0059	0,0219	0,0075	0,0152	0,0251
DYS 385a	0,0224	0,0088	0,0195	0,0075	0,0103
DYS 385b	0,0283	0,0208	0,0240	0,0144	0,0186
DYS 426	0,0000	0,0000	0,0015	0,0020	0,0021
DYS 388	0,0175	0,0011	0,0015	0,0026	0,0027
DYS 439	0,0234	0,0120	0,0090	0,0144	0,0292
DYS 389-1	0,0115	0,0175	0,0105	0,0161	0,0120
DYS 392	0,0038	0,0120	0,0090	0,0029	0,0052
DYS 389-2	0,0217	0,0230	0,0254	0,0334	0,0271
DYS 458	0,0304	0,0383	0,0269	0,0282	0,0423
DYS 459a	0,0070	0,0131	0,0045	0,0040	0,0041
DYS 459b	0,0028	0,0099	0,0015	0,0129	0,0131
DYS 455	0,0028	0,0022	0,0000	0,0023	0,0021
DYS 454	0,0024	0,0088	0,0075	0,0014	0,0010
DYS 447	0,0301	0,0340	0,0284	0,0190	0,0220
DYS 437	0,0129	0,0033	0,0030	0,0020	0,0103
DYS 448	0,0154	0,0066	0,0060	0,0089	0,0117
DYS 449	0,0399	0,0427	0,0284	0,0472	0,0467
DYS 464a	0,0178	0,0099	0,0135	0,0173	0,0213
DYS 464b	0,0245	0,0164	0,0195	0,0233	0,0144
DYS 464c	0,0266	0,0077	0,0269	0,0141	0,0268
DYS 464d	0,0301	0,0110	0,0254	0,0152	0,0206
DYS 460	0,0115	0,0208	0,0120	0,0187	0,0192
GATA H4	0,0147	0,0120	0,0090	0,0267	0,0179

YCA IIa	0,0101	0,0066	0,0015	0,0081	0,0062
YCA IIb	0,0126	0,0164	0,0195	0,0095	0,0158
DYS 456	0,0262	0,0197	0,0344	0,0308	0,0398
DYS 607	0,0119	0,0208	0,0225	0,0244	0,0161
DYS 576	0,0416	0,0405	0,0284	0,0434	0,0508
DYS 570	0,0420	0,0460	0,0299	0,0483	0,0326
CDY a	0,0437	0,0570	0,0524	0,0483	0,0474
CDY b	0,0497	0,0526	0,0599	0,0791	0,0505
DYS 442	0,0192	0,0252	0,0254	0,0351	0,0148
DYS 438	0,0059	0,0033	0,0120	0,0035	0,0034
DYS 425	0,0073	0,0000	0,0195	0,0006	0,0014
DYS 531	0,0045	0,0033	0,0030	0,0055	0,0027
DYS 578	0,0014	0,0055	0,0000	0,0026	0,0010
DYS 395S1a	0,0045	0,0022	0,0075	0,0055	0,0038
DYS 395S1b	0,0059	0,0055	0,0180	0,0032	0,0024
DYS 590	0,0003	0,0011	0,0015	0,0012	0,0014
DYS 537	0,0101	0,0120	0,0075	0,0221	0,0065
DYS 641	0,0045	0,0055	0,0045	0,0012	0,0027
DYS 472	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
DYS 406S1	0,0119	0,0142	0,0135	0,0138	0,0127
DYS 511	0,0101	0,0055	0,0165	0,0118	0,0127
DYS 413a	0,0094	0,0186	0,0299	0,0132	0,0206
DYS 413b	0,0136	0,0252	0,0210	0,0095	0,0110
DYS 557	0,0245	0,0208	0,0389	0,0190	0,0189
DYS 594	0,0073	0,0066	0,0045	0,0058	0,0027
DYS 436	0,0024	0,0000	0,0045	0,0000	0,0017
DYS 490	0,0035	0,0000	0,0000	0,0029	0,0027
DYS 534	0,0301	0,0482	0,0254	0,0227	0,0388
DYS 450	0,0045	0,0011	0,0015	0,0012	0,0021
DYS 444	0,0217	0,0241	0,0240	0,0308	0,0175
DYS 481	0,0276	0,0252	0,0225	0,0313	0,0347
DYS 520	0,0133	0,0175	0,0240	0,0127	0,0100
DYS 446	0,0283	0,0318	0,0150	0,0135	0,0210
DYS 617	0,0066	0,0055	0,0165	0,0029	0,0062
DYS 568	0,0021	0,0033	0,0060	0,0026	0,0038
DYS 487	0,0112	0,0077	0,0120	0,0049	0,0072
DYS 572	0,0098	0,0120	0,0165	0,0098	0,0062
DYS 640	0,0094	0,0011	0,0015	0,0017	0,0027

DYS 492	0,0028	0,0000	0,0015	0,0020	0,0206
DYS 565	0,0087	0,0011	0,0045	0,0129	0,0062

5. Вычисление среднеарифметического значения относительных частот мутаций каждого маркера в разных сетях (относительных скоростей маркеров).

Полученные среднеарифметические значения относительных частот мутаций маркера в разных гаплогруппах представляют собой точечную оценку относительных скоростей маркеров. Доверительные интервалы не были вычислены в данной работе. Среднеарифметические значения относительных частот мутаций маркеров приведены в таблице 2.

Таблица 2. Среднеарифметические значения относительных частот мутаций маркеров.

DYS 393	0,0095	**DYS 464c**	0,0192	**DYS 472**	0,0000
DYS 390	0,0162	**DYS 464d**	0,0194	**DYS 406S1**	0,0137
DYS 19/394	0,0144	**DYS 460**	0,0173	**DYS 511**	0,0108
DYS 391	0,0113	**GATA H4**	0,0145	**DYS 413a**	0,0198
DYS 385a	0,0173	**YCA IIa**	0,0079	**DYS 413b**	0,0168
DYS 385b	0,0256	**YCA IIb**	0,0107	**DYS 557**	0,0249
DYS 426	0,0009	**DYS 456**	0,0259	**DYS 594**	0,0047
DYS 388	0,0071	**DYS 607**	0,0172	**DYS 436**	0,0014
DYS 439	0,0196	**DYS 576**	0,0409	**DYS 490**	0,0022
DYS 389-1	0,0133	**DYS 570**	0,0421	**DYS 534**	0,0359
DYS 392	0,0049	**CDY a**	0,0485	**DYS 450**	0,0020
DYS 389-2	0,0274	**CDY b**	0,0581	**DYS 444**	0,0223
DYS 458	0,0320	**DYS 442**	0,0207	**DYS 481**	0,0330
DYS 459a	0,0053	**DYS 438**	0,0053	**DYS 520**	0,0167
DYS 459b	0,0075	**DYS 425**	0,0091	**DYS 446**	0,0249
DYS 455	0,0020	**DYS 531**	0,0043	**DYS 6D17**	0,0077
DYS 454	0,0033	**DYS 578**	0,0017	**DYS 568**	0,0060
DYS 447	0,0238	**DYS 395S1a**	0,0037	**DYS 487**	0,0098
DYS 437	0,0056	**DYS 395S1b**	0,0053	**DYS 572**	0,0091
DYS 448	0,0104	**DYS 590**	0,0012	**DYS 640**	0,0033
DYS 449	0,0455	**DYS 537**	0,0101	**DYS 492**	0,0036
DYS 464a	0,0161	**DYS 641**	0,0035	**DYS 565**	0,0056
DYS 464b	0,0202				

6. Вычисление весов для программы Network [1].

Разброс относительных частот мутаций лежит в пределах от 0,00004 (DYS 472) до 0,0581 (CDY b). Т.е. более чем в 1400 раз. В то время как в программе Network [1] нам доступно задание весов только в диапазоне от 1 до 99. Поэтому представляется целесообразным задавать веса по формуле:

Вес = 99, если 0,1/[частота мутации маркера] > 99

Вес = Округл(0,1/[частота мутации маркера]), если 0,1/[частота мутации маркера] <= 99

В этом случае только очень большие веса оказываются скорректированы в меньшую сторону, а именно веса маркеров DYS 426 и DYS 472, которые бы по формуле 0,1/[частота мутации маркера] имели веса 107 и 2500 соответственно. Но при построении медианных сетей отдельных гаплогрупп будут наблюдаться только единичные мутации этих двух маркеров и уменьшение их весов до 99 будет сказываться незначительно.

Полученные веса приведены в таблице 3.

Таблица 3. Веса маркеров для использования в программе Network.

DYS 393	10	**DYS 464c**	5	**DYS 472**	99
DYS 390	6	**DYS 464d**	5	**DYS 406S1**	7
DYS 19/394	7	**DYS 460**	6	**DYS 511**	9
DYS 391	9	**GATA H4**	7	**DYS 413a**	5
DYS 385a	6	**YCA IIa**	13	**DYS 413b**	6
DYS 385b	4	**YCA IIb**	9	**DYS 557**	4
DYS 426	99	**DYS 456**	4	**DYS 594**	21
DYS 388	14	**DYS 607**	6	**DYS 436**	71
DYS 439	5	**DYS 576**	2	**DYS 490**	45
DYS 389-1	7	**DYS 570**	2	**DYS 534**	3
DYS 392	21	**CDY a**	2	**DYS 450**	50
DYS 389-2	4	**CDY b**	2	**DYS 444**	4
DYS 458	3	**DYS 442**	5	**DYS 481**	3
DYS 459a	19	**DYS 438**	19	**DYS 520**	6
DYS 459b	13	**DYS 425**	11	**DYS 446**	4
DYS 455	51	**DYS 531**	23	**DYS 617**	13
DYS 454	30	**DYS 578**	58	**DYS 568**	17
DYS 447	4	**DYS 395S1a**	27	**DYS 487**	10
DYS 437	18	**DYS 395S1b**	19	**DYS 572**	11

DYS 448	10	**DYS 590**	83	**DYS 640**	30
DYS 449	2	**DYS 537**	10	**DYS 492**	28
DYS 464a	6	**DYS 641**	29	**DYS 565**	18
DYS 464b	5				

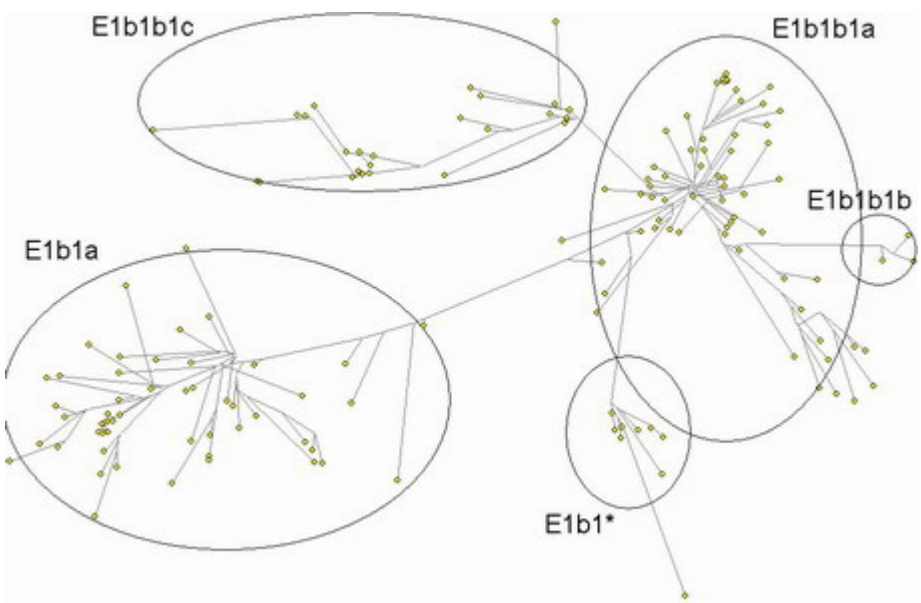
Пример использования рассчитанных весов.

Для примера использования весов взяты 152 уникальных 67-маркерных гаплотипа гаплогруппы E из той же выборки, по которой рассчитывалась частота мутаций маркеров. Сначала была построена медианная сеть с использованием равных весов, затем построена медианная сеть с использованием рассчитанных выше весов. В обоих случаях строилась медианная сеть со значением ε равным 0.

Результаты приведены на рисунках 1 и 2. Как видно на рисунке 1 при использовании одинаковых весов подгруппа E1b1b1c разделилась на два кластера, связанных между собой через подгруппу E1b1b1a. Такая топология кластеров противоречит классификации подгрупп. Между любыми двумя гаплотипами одной подгруппы должен быть путь, не проходящий ни через один гаплотип других подгрупп.

В то же время, на рисунке 2 оба кластера E1b1b1c объединяются в один и отделяются от кластера E1b1b1a за счет увеличения весов медленных маркеров DYS 590, DYS 640, DYS 492.

Рисунок 2. Медианная сеть гаплогруппы E с использованием рассчитанных весов.



Исходя из полученных весов, можно разделить маркеры на три группы по частоте их мутаций.

1. Медленные маркеры и их веса (в порядке возрастания частоты и скорости, или, иначе говоря, уменьшения веса): DYS 472 - 99, DYS 426 - 99, DYS 590 - 83, DYS 436 - 71, DYS 578 - 58, DYS 455 - 51, DYS 450 - 50, DYS 490 - 45, DYS 454 - 30, DYS 640 - 30, DYS 641 - 29, DYS 492 - 28, DYS 395S1a – 27.
2. Средние маркеры и их веса: DYS 531 - 23, DYS 594 - 21, DYS 392 - 21, DYS 395S1b - 19, DYS 438 - 19, DYS 459a – 19, DYS 437 - 18, DYS 565 - 18, DYS 568 - 17, DYS 388 - 14, DYS 459b - 13, DYS 617 - 13, YCA IIa – 13.
3. Быстрые маркеры: и их веса: DYS 572 - 11, DYS 425 - 11, DYS 393 - 10, DYS 487 - 10, DYS 537 - 10, DYS 448 - 10, YCA IIb - 9, DYS 511 - 9, DYS 391 - 9, DYS 389-1 - 7, DYS 406S1 - 7, DYS 19/394 - 7, GATA H4 - 7, DYS 464a - 6, DYS 390 - 6, DYS 520 - 6, DYS 413b - 6, DYS 607 - 6, DYS 460 - 6, DYS 385a - 6, DYS 464c - 5, DYS 464d - 5, DYS 439 - 5, DYS 413a - 5, DYS 464b - 5, DYS 442 - 5, DYS 444 - 4, DYS 447 - 4, DYS 557 - 4, DYS 446 - 4, DYS 385b - 4, DYS 456 - 4, DYS 389-2 - 4, DYS 458 - 3, DYS 481 - 3, DYS 534 - 3, DYS 576 - 2, DYS 570 - 2, DYS 449 - 2, CDY a - 2, CDY b – 2.

Должен отметить, что все расчеты проводились на неподготовленных данных с сайтов FTDNA [2] и YSearch [6]. Не было проведено проверки данных с сайта YSearch [6], где возможны ошибки ручного ввода пользователями значений маркеров, в том числе, не сделанные пользователями корректировки значений маркеров, полученных в иных, чем FTDNA лабораториях. Кроме того, гаплотипы с делецией маркера DYS 425 рассматривались наравне с гаплотипами без делеции маркера DYS 425, что приводило к тому, что делеция маркера принималась равной 10-15 обычным мутациям маркера DYS 425, что представляется неправильным.

Особенности очистки и подготовки данных YSearch [6] и FTDNA [2] для построения гаплотипных медианных сетей Network [1] будут рассмотрены в следующей публикации.

Заключение:

На основе медианных сетей различных гаплогрупп рассчитанных в программе Network 4.5.0.0 [1] по данным сайтов YSearch [6] и FTDNA [2] были получены средняя частота мутаций маркеров и рассчитаны веса мутаций маркеров для построения

медианных сетей произвольных гаплогрупп. На основе полученных весов маркеры были разделены по скорости мутации на медленные, средние и быстрые маркеры. Полученные веса также можно использовать для вычисления времени до общего предка методом подсчета количества мутаций в выборке и в других методах ДНК-генеалогии. Прежде всего, для более точного построения филогенетических деревьев программой Network [1].

Благодарю Павла Шварева за обучение использования программы Network и демонстрацию метода расчета весов для медианных сетей гаплогруппы R1a. Также выражаю благодарность Анатолию Клесову за введение в общую парадигму ДНК-генеалогии.

Использованные материалы:

1. Медианные сети строились на программе Network 4.5.0.0, http://www.fluxus-technology.com.
2. Опубликованные гаплотипы в фамильных, географических и гаплогруппых проектах на сайте Family Tree DNA, http://www.familytreedna.com.
3. Bandelt H.-J., Forster P., Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Mol. Biol. Evol. 1999. V. 16. P. 37–48.
4. Материалы форума сайта dnatree.ru, сообщение Павла Шварева в теме «Относительные скорости маркеров» http://dnatree.ru/index.php?name=Forums&file=viewtopic&p=9537#9537.
5. Материалы форума сайта dnatree.ru, сообщение Павла Шварева в теме «Относительные скорости маркеров» http://dnatree.ru/index.php?name=Forums&file=viewtopic&p=10070#10070.
6. Материалы открытой базы данных YSearch, http://www.ysearch.org.

© **Урасин В.М.** , 2008, wert22@mail.ru

Приложение 1. 152 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы E.

№	Гаплогр.	DYS 393	DYS 390	DYS 19/394	DYS 391	DYS 385a	DYS 385b	DYS 426	DYS 388	DYS 439	DYS 389-1
1	E	13	21	15	9	15	17	11	12	12	12
2	E	13	22	14	9	14	17	11	11	12	12
3	E	13	22	14	9	14	17	11	11	13	12
4	E	13	22	16	9	15	17	11	12	12	12
5	E	13	22	16	9	15	17	11	12	12	12
6	E	13	22	17	10	14	14	11	12	10	12
7	E	13	24	13	10	14	18	11	12	12	13
8	E	13	24	13	10	14	18	11	12	12	13
9	E	13	24	13	10	15	18	11	12	12	13
10	E	13	24	15	10	13	17	11	13	12	13
11	E1a	13	22	17	10	15	16	11	12	12	12
12	E1b1	13	22	16	9	15	17	11	12	12	12
13	E1b1	13	22	16	9	15	17	11	12	12	12
14	E1b1	13	25	13	10	17	17	11	12	14	13
15	E1b1a	12	21	16	10	14	17	11	12	12	14
16	E1b1a	13	20	15	10	17	17	11	12	13	13
17	E1b1a	13	21	14	10	17	17	11	12	12	13
18	E1b1a	13	21	14	10	17	17	11	12	12	13
19	E1b1a	13	21	15	10	15	17	11	12	11	13
20	E1b1a	13	21	15	10	15	18	11	12	12	14
21	E1b1a	13	21	15	10	16	19	11	12	11	13
22	E1b1a	13	21	15	10	16	20	11	12	11	13
23	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
24	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
25	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
26	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
27	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
28	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
29	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
30	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
31	E1b1a	13	21	15	11	16	16	11	12	12	13
32	E1b1a	13	21	15	11	16	17	11	12	11	13
33	E1b1a	13	21	15	11	16	17	11	12	11	13
34	E1b1a	13	21	15	11	16	17	11	12	11	13
35	E1b1a	13	21	15	11	16	17	11	12	12	13
36	E1b1a	13	21	16	10	14	17	11	13	11	14
37	E1b1a	13	21	16	10	16	19	11	12	11	13
38	E1b1a	13	21	16	10	17	18	11	13	11	13
39	E1b1a	13	21	16	10	18	18	11	13	11	13
40	E1b1a	13	21	17	10	16	16	11	12	12	11

DYS 392	DYS 389-2	DYS 458	DYS 459a	DYS 459b	DYS 455	DYS 454	DYS 447	DYS 437	DYS 448	DYS 449	DYS 464a	DYS 464b
12	28	16	9	9	11	11	24	16	20	34	15	15
12	30	15	9	9	11	11	24	16	19	35	15	15
12	30	15	8	9	11	11	24	16	19	35	15	15
12	30	15	9	9	11	11	24	16	20	32	15	15
12	31	15	9	9	11	11	24	16	19	32	15	15
11	29	16	9	10	11	13	25	16	20	27	14	14
11	29	15	9	9	11	11	26	14	20	34	15	15
11	29	15	9	9	11	11	26	14	20	35	15	15
11	29	15	9	9	11	11	26	14	20	34	15	15
11	29	15	9	9	9	11	23	14	19	34	15	15
12	30	15	9	9	11	11	23	16	19	33	15	16
12	29	15	9	9	11	11	24	16	20	32	15	15
12	29	15	9	9	11	11	24	16	20	32	15	15
11	32	18	9	9	11	11	26	14	20	29	15	15
11	32	16	8	10	11	11	25	14	20	31	13	16
11	32	17	8	10	11	11	26	14	21	28	13	16
11	30	16	8	8	11	11	27	13	21	33	13	16
11	30	16	8	8	11	11	28	13	21	33	12	13
11	32	16	8	10	11	11	25	14	21	29	13	16
11	31	17	8	9	10	11	25	14	21	28	14	16
11	31	17	9	9	11	11	26	14	21	28	16	16
11	31	17	8	9	11	11	26	14	21	28	13	13
11	31	16	8	9	11	11	24	14	21	31	16	16
11	31	16	8	10	11	11	24	14	21	32	15	16
11	32	16	8	10	11	11	24	14	21	31	15	16
11	32	16	8	10	11	11	24	14	21	31	16	16
11	32	16	8	10	11	11	24	14	21	31	16	16
11	32	16	8	10	11	11	24	14	21	31	16	16
11	32	16	8	10	11	11	24	14	21	32	16	16
11	32	16	8	10	11	11	25	14	21	31	16	16
11	32	17	8	10	11	11	24	14	21	31	15	16
11	30	16	8	10	11	11	25	14	21	28	13	13
11	31	16	8	10	11	11	25	14	21	28	13	16
11	31	16	8	10	11	11	25	14	21	29	13	13
11	32	16	8	10	11	11	24	14	21	28	13	16
11	31	17	9	9	11	11	25	14	21	36	13	13
11	31	16	8	10	11	11	25	14	21	31	13	14
11	29	16	8	10	11	11	26	14	21	29	13	15
11	29	16	8	10	11	11	26	14	21	29	13	13
11	29	18	8	10	11	11	27	14	21	33	13	16

№	DYS 464c	DYS 464d	DYS 460	GATA H4	YCA IIa	YCA IIb	DYS 456	DYS 607	DYS 576	DYS 570	CDY a
1	16	17	10	11	18	21	17	12	16	18	33
2	17	17	10	11	18	21	17	12	17	19	35
3	17	17	10	11	18	21	17	12	17	19	34
4	17	17	10	10	18	20	15	12	20	19	34
5	15	17	10	10	18	21	15	12	20	19	35
6	15	17	9	10	18	21	15	11	16	19	35
7	16	17	9	9	19	21	15	12	17	20	31
8	16	17	9	9	19	21	16	12	17	20	31
9	16	16	9	9	19	21	16	12	17	20	31
10	16	16	10	8	19	20	14	13	19	20	36
11	16	17	10	11	18	21	16	12	18	19	32
12	17	17	10	11	18	21	16	12	19	18	33
13	17	17	10	11	18	21	16	12	19	19	34
14	15	17	10	10	18	22	15	13	17	19	31
15	16	17	10	10	19	19	14	14	17	16	35
16	16	18	10	10	19	20	15	14	16	21	33
17	16	17	11	10	19	21	16	13	17	16	33
18	16	16	10	10	19	21	16	13	17	18	32
19	16	17	10	10	19	19	15	13	18	19	33
20	16	18	10	11	19	19	15	14	16	18	33
21	19	19	11	11	19	19	15	13	16	19	36
22	16	17	11	11	19	19	15	13	16	19	33
23	16	18	11	11	19	19	15	14	16	19	35
24	16	18	11	11	19	19	15	14	16	19	34
25	16	18	11	11	19	19	15	14	17	19	34
26	16	18	11	11	19	19	15	14	16	19	34
27	16	18	11	11	19	19	15	14	16	19	35
28	16	18	11	11	19	19	15	14	16	19	35
29	16	18	11	11	19	19	15	14	17	19	35
30	16	18	11	12	19	19	15	14	17	19	35
31	16	18	11	11	19	19	15	14	16	19	34
32	16	16	10	11	19	19	15	12	15	18	33
33	18	18	10	11	19	19	15	14	15	20	33
34	16	16	10	10	19	19	15	13	15	21	33
35	16	18	10	11	19	19	15	13	18	18	35
36	15	17	11	10	19	21	14	12	18	15	37
37	16	18	10	10	19	21	15	13	18	19	33
38	15	15	11	10	19	21	18	13	17	17	32
39	15	15	11	10	19	21	18	13	17	17	32
40	16	18	10	10	19	21	15	13	15	18	31

CDY b	DYS 442	DYS 438	DYS 425	DYS 531	DYS 578	DYS 395S1a	DYS 395S1b	DYS 590	DYS 537	DYS 641	DYS 472
34	11	10	12	10	8	15	15	8	10	10	8
35	11	10	12	10	8	15	15	8	9	10	8
36	11	10	12	10	8	15	15	8	9	10	8
35	11	10	12	10	8	15	15	8	9	10	8
35	11	10	12	10	8	15	15	8	9	10	8
39	11	8	12	10	8	15	15	9	10	10	8
35	10	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	10	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	10	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
36	10	11	10	10	8	15	15	8	11	10	8
35	11	10	12	10	8	15	15	8	9	10	8
34	11	10	12	10	8	15	15	8	9	10	8
35	11	10	12	10	8	15	15	8	9	10	8
35	12	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
36	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
38	10	11	12	10	8	16	17	8	10	10	8
33	11	11	12	10	8	16	16	8	11	10	8
33	11	11	12	10	8	16	16	8	11	10	8
36	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
39	11	11	12	10	8	16	17	8	10	10	8
36	11	11	12	11	8	16	16	8	10	10	8
37	11	11	12	11	8	16	16	8	11	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	11	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	12	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
36	12	11	12	11	8	16	16	8	10	10	8
36	12	10	12	11	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	11	8	15	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
37	12	11	12	10	8	16	18	8	10	10	8
35	13	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
34	12	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8

№	DYS 406S1	DYS 511	DYS 413a	DYS 413b	DYS 557	DYS 594	DYS 436	DYS 490	DYS 534	DYS 450	DYS 444
1	11	12	24	24	20	11	14	12	15	8	12
2	11	11	24	24	18	11	12	12	15	8	12
3	10	11	24	24	18	11	12	12	15	8	12
4	11	10	24	24	18	11	12	12	15	8	11
5	11	10	24	24	18	12	12	12	16	8	12
6	11	10	22	22	19	11	12	12	14	8	11
7	12	10	24	24	17	11	12	12	19	7	12
8	12	10	24	24	17	11	12	12	20	7	12
9	12	10	24	24	17	11	12	12	20	7	12
10	10	10	20	21	16	12	12	12	15	7	13
11	11	11	24	24	18	11	12	12	16	8	12
12	11	10	24	26	18	11	12	12	16	8	12
13	11	10	24	24	18	11	12	12	16	8	12
14	10	10	21	23	18	11	12	13	16	7	11
15	11	11	20	22	20	11	12	14	14	7	12
16	9	10	20	24	18	11	12	13	15	7	13
17	9	9	20	21	18	11	12	15	16	7	12
18	10	9	20	22	19	11	12	15	16	7	12
19	9	10	20	22	18	11	12	13	16	7	13
20	11	10	20	20	18	12	12	13	15	7	13
21	10	10	20	22	18	11	12	13	17	7	13
22	10	10	20	22	18	11	12	13	16	7	13
23	10	10	20	22	18	11	12	13	15	7	12
24	10	10	20	22	18	11	12	13	16	7	12
25	10	10	20	22	18	11	12	13	16	7	12
26	10	10	20	22	18	11	12	13	15	7	12
27	10	10	20	22	18	11	12	13	14	7	12
28	10	10	20	22	18	11	12	13	15	7	12
29	10	10	20	22	18	11	12	13	15	7	12
30	10	10	20	22	18	11	12	13	15	7	12
31	10	10	20	22	18	11	12	13	16	7	12
32	9	10	20	22	18	11	12	13	17	7	13
33	9	10	20	22	18	11	12	13	16	7	12
34	9	10	20	22	18	11	12	13	15	7	14
35	10	8	19	22	17	11	12	13	16	7	12
36	10	11	20	20	16	11	12	13	12	7	12
37	10	10	20	21	21	11	10	13	13	7	12
38	10	10	20	22	18	11	12	13	16	7	12
39	10	10	20	22	18	11	12	13	16	7	12
40	10	10	20	22	17	10	12	13	15	7	12

DYS 481	DYS 520	DYS 446	DYS 617	DYS 568	DYS 487	DYS 572	DYS 640	DYS 492	DYS 565
27	22	14	11	11	14	9	12	11	11
26	23	16	11	11	14	9	12	11	11
26	23	15	11	11	14	9	12	11	11
27	23	17	11	11	14	9	12	11	11
27	23	17	11	11	14	9	12	11	11
26	22	14	12	11	14	9	13	11	11
22	18	14	11	12	14	11	11	11	11
22	18	14	11	12	14	11	11	11	11
22	18	14	11	12	14	11	11	11	11
27	20	16	11	11	13	10	11	11	12
27	23	16	11	11	14	9	12	11	11
27	23	17	11	11	14	9	12	11	11
27	23	17	11	11	14	9	12	11	11
26	20	15	13	12	14	10	12	10	11
26	22	11	12	13	13	9	11	11	11
28	22	13	12	13	13	9	11	11	13
24	20	13	12	13	13	9	11	11	12
25	20	13	12	13	13	9	11	11	12
28	22	14	12	12	13	9	11	11	12
27	22	12	12	13	13	9	11	11	12
28	21	13	12	12	13	9	11	11	12
28	21	13	12	13	13	9	11	11	12
28	23	13	13	13	13	9	11	11	12
28	23	13	13	13	13	9	11	11	12
28	23	13	13	12	13	9	11	11	12
28	23	13	13	13	13	9	11	11	12
28	23	13	13	13	13	9	11	11	12
28	23	13	13	13	13	9	11	11	12
28	23	13	13	13	13	9	11	11	12
28	23	13	13	13	13	9	11	11	12
28	23	13	13	13	13	9	11	11	12
26	20	14	12	13	13	9	11	11	12
30	21	14	12	13	13	9	12	11	12
28	21	13	12	13	13	9	11	11	12
27	22	13	12	13	13	9	11	11	12
26	23	17	12	12	12	9	11	11	12
25	22	15	12	13	14	9	11	11	12
26	22	15	12	12	13	9	11	11	12
26	22	14	12	12	13	9	11	11	12
23	23	13	13	12	12	9	9	11	12

№	Гаплогр.	DYS 393	DYS 390	DYS 19/394	DYS 391	DYS 385a	DYS 385b	DYS 426	DYS 388	DYS 439	DYS 389-1
41	E1b1a	13	21	17	10	17	18	11	12	12	12
42	E1b1a	13	22	15	11	15	18	11	12	12	13
43	E1b1a	13	22	17	10	15	16	11	13	13	14
44	E1b1a	13	23	15	10	14	17	11	13	12	13
45	E1b1a	14	20	15	10	15	19	11	12	15	13
46	E1b1a	14	21	15	10	14	16	11	12	11	12
47	E1b1a	14	21	15	10	14	19	11	12	13	13
48	E1b1a	14	21	15	10	15	16	11	12	11	13
49	E1b1a	14	21	15	10	15	18	11	12	14	13
50	E1b1a	14	21	15	10	16	16	11	12	12	14
51	E1b1a	14	21	15	10	16	16	11	12	12	14
52	E1b1a	14	21	15	10	17	19	11	12	11	14
53	E1b1a	14	21	15	10	17	19	11	12	12	13
54	E1b1a	14	21	15	10	18	18	11	12	13	13
55	E1b1a	14	21	15	11	18	18	11	12	12	12
56	E1b1a	14	21	16	10	15	18	11	12	12	13
57	E1b1a	14	21	16	11	15	16	11	12	12	13
58	E1b1a	14	21	17	10	17	18	11	12	12	13
59	E1b1a	14	22	16	10	16	19	11	12	11	14
60	E1b1a	15	20	17	10	17	19	11	12	13	13
61	E1b1a	15	21	16	10	17	18	11	12	12	13
62	E1b1a	15	21	17	10	16	17	11	12	12	13
63	E1b1a	15	21	17	10	18	19	11	13	12	14
64	E1b1a7	14	21	15	10	16	16	11	12	12	13
65	E1b1a7	15	21	16	10	16	17	11	12	12	13
66	E1b1b	13	23	13	11	16	16	11	12	12	13
67	E1b1b	13	23	14	10	18	20	11	12	12	13
68	E1b1b	13	24	13	10	16	17	11	12	12	13
69	E1b1b	13	24	13	10	16	18	11	12	12	13
70	E1b1b	13	24	13	10	16	19	11	12	12	11
71	E1b1b	13	25	13	10	15	18	11	12	12	13
72	E1b1b	13	25	13	10	16	18	11	12	12	14
73	E1b1b	14	23	12	10	16	16	11	12	12	13
74	E1b1b	14	23	13	9	15	16	11	12	13	13
75	E1b1b	14	23	13	9	15	16	11	12	13	13
76	E1b1b	14	25	13	9	17	18	11	12	12	13
77	E1b1b	14	25	13	9	17	18	11	12	12	13
78	E1b1b1	12	23	14	10	17	19	11	12	12	12
79	E1b1b1	12	24	13	10	17	18	11	12	11	14
80	E1b1b1	12	24	13	11	15	19	11	12	12	14
81	E1b1b1	13	23	13	10	15	19	11	12	13	13

DYS 392	DYS 389-2	DYS 458	DYS 459a	DYS 459b	DYS 455	DYS 454	DYS 447	DYS 437	DYS 448	DYS 449	DYS 464a	DYS 464b
11	28	14	8	10	11	11	27	13	21	31	13	13
11	30	18	8	10	11	11	26	14	21	28	13	16
11	31	16	9	10	11	11	26	15	21	34	12	15
11	30	15	9	9	11	11	26	14	21	33	13	15
11	30	16	8	10	11	11	24	14	21	32	13	15
11	29	17	8	9	11	11	27	15	20	32	12	15
11	30	17	8	10	11	11	24	14	21	27	13	16
11	30	17	8	9	11	11	26	14	21	29	12	13
11	30	16	8	10	11	11	25	14	22	27	13	16
11	33	17	8	9	11	11	25	14	19	29	12	15
11	33	17	8	9	11	11	26	14	19	29	12	15
11	31	16	8	10	11	11	27	14	21	34	13	16
12	30	17	8	9	11	11	27	14	21	30	13	16
11	30	16	9	9	11	11	27	14	20	31	15	15
11	30	17	8	10	11	11	26	14	21	32	13	15
11	30	16	8	10	11	11	25	14	20	27	13	16
11	30	18	8	10	11	12	26	14	20	33	13	16
11	30	16	8	9	11	11	27	14	20	32	13	15
11	31	16	8	10	11	11	26	14	21	31	13	15
11	31	17	8	10	11	11	27	14	21	33	13	16
11	30	16	8	11	11	11	27	14	21	31	13	13
11	31	16	8	10	11	11	26	14	21	31	13	16
11	31	16	8	10	11	12	27	14	21	31	13	16
11	30	17	8	10	11	12	27	14	20	29	12	15
11	29	16	8	8	11	11	27	13	21	34	12	16
11	31	17	9	9	11	11	25	14	20	33	13	15
11	30	16	9	10	11	11	24	14	20	34	14	14
11	30	15	9	9	11	11	27	14	20	33	14	16
11	31	15	9	9	11	11	25	14	21	32	14	16
11	29	15	9	9	11	11	26	14	20	33	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	30	14	16
11	31	16	9	9	11	11	26	14	19	31	14	16
11	30	17	9	9	11	11	26	14	20	37	14	15
11	30	17	8	9	11	11	19	14	20	29	14	15
11	30	17	8	9	11	11	20	14	20	29	14	15
11	30	16	9	9	11	11	20	14	20	28	14	14
11	31	17	9	9	11	11	22	14	20	28	14	14
11	29	16	9	10	11	11	25	14	20	34	15	16
11	31	15	9	9	11	11	26	14	20	32	14	16
11	31	15	9	9	11	11	26	14	20	32	13	16
11	32	17	9	9	11	11	26	14	20	31	15	15

№	DYS 464c	DYS 464d	DYS 460	GATA H4	YCA IIa	YCA IIb	DYS 456	DYS 607	DYS 576	DYS 570	CDY a
41	16	16	11	10	21	21	16	13	17	17	35
42	17	17	10	11	19	19	15	14	14	19	35
43	17	17	11	9	19	21	15	12	15	14	33
44	16	17	11	9	19	21	14	12	16	14	35
45	16	18	10	12	19	19	14	14	16	17	32
46	16	18	9	10	19	23	15	12	16	18	33
47	17	17	10	11	19	19	15	14	15	18	33
48	14	18	10	10	18	22	15	13	16	17	30
49	17	19	10	11	19	19	15	13	14	15	32
50	17	17	11	9	19	21	15	13	18	19	34
51	17	17	11	9	19	21	15	13	18	19	34
52	16	17	11	10	19	21	15	13	17	17	33
53	16	18	12	10	19	21	15	13	18	16	33
54	16	16	10	10	22	22	15	13	18	17	34
55	16	18	11	10	19	21	16	13	16	18	33
56	17	18	10	11	19	19	15	14	14	18	34
57	16	17	10	10	19	21	15	12	15	19	30
58	16	17	11	10	19	21	15	13	17	18	33
59	16	17	11	10	19	21	16	13	18	13	32
60	17	17	11	10	19	21	15	13	17	17	33
61	15	16	11	10	19	21	15	13	16	16	33
62	16	19	11	10	19	21	15	14	16	18	33
63	16	16	11	9	19	21	15	13	18	16	33
64	16	17	11	9	19	21	15	13	16	18	34
65	16	19	11	10	19	21	16	13	15	17	33
66	15	17	10	11	19	22	15	12	16	19	34
67	16	16	11	12	22	22	15	12	18	18	32
68	17	17	9	11	19	21	16	12	18	21	32
69	17	17	9	12	19	21	16	12	18	19	31
70	17	17	9	11	19	21	18	12	16	19	33
71	16	16	9	11	19	21	16	12	17	21	37
72	17	18	9	11	19	21	18	13	16	18	30
73	16	16	10	10	19	22	15	12	17	18	31
74	16	17	10	11	20	22	15	13	16	15	32
75	16	17	10	11	20	22	15	13	16	15	32
76	15	17	10	10	19	19	15	13	12	16	33
77	15	17	10	10	19	19	15	13	12	16	34
78	16	16	10	12	19	22	15	12	19	18	34
79	16	16	9	11	19	21	17	11	17	19	29
80	16	16	9	11	19	21	17	13	16	19	31
81	16	17	11	10	18	22	15	13	18	20	30

CDY b	DYS 442	DYS 438	DYS 425	DYS 531	DYS 578	DYS 395S1a	DYS 395S1b	DYS 590	DYS 537	DYS 641	DYS 472
36	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
37	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	12	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
36	13	11	12	10	8	15	16	8	10	10	8
33	10	11	12	10	8	16	16	9	10	10	8
33	11	11	12	10	8	16	16	8	10	11	8
33	11	11	12	10	8	16	16	9	10	10	8
34	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
34	11	11	12	10	8	16	16	9	10	10	8
34	11	11	12	10	8	16	16	8	10	11	8
34	11	11	12	10	8	16	16	8	10	11	8
33	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	10	12	10	8	16	16	8	10	10	8
34	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
33	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
38	11	11	12	10	8	16	16	9	10	10	8
34	13	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
34	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
34	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
33	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
34	11	11	0	10	8	15	16	8	10	10	8
33	12	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	11	11	12	10	8	16	16	8	10	11	8
34	11	11	12	10	8	16	16	8	10	10	8
35	13	10	12	10	8	15	17	8	11	10	8
35	10	10	0	10	9	15	15	8	11	10	8
33	11	10	12	10	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	16	8	11	10	8
36	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
37	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
37	12	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	15	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
37	12	10	0	10	8	15	15	7	11	10	8
37	12	10	0	10	8	15	15	7	11	10	8
34	13	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
35	13	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
36	11	10	0	10	9	15	15	8	12	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	12	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	12	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8

№	DYS 406S1	DYS 511	DYS 413a	DYS 413b	DYS 557	DYS 594	DYS 436	DYS 490	DYS 534	DYS 450	DYS 444
41	10	11	23	23	18	10	12	12	15	8	12
42	9	9	22	22	18	11	12	13	15	8	13
43	10	11	20	20	17	11	12	13	12	7	12
44	10	10	20	20	17	11	12	13	10	7	12
45	9	10	21	22	18	11	12	13	15	7	12
46	10	10	20	21	17	11	12	13	16	7	13
47	10	10	20	22	19	11	12	13	15	8	12
48	10	9	20	22	19	11	12	13	15	7	12
49	10	10	20	22	18	11	12	13	15	7	12
50	10	9	20	21	17	11	12	13	16	7	12
51	10	9	20	21	17	11	12	13	16	7	12
52	11	10	20	22	17	11	12	13	16	7	12
53	10	10	20	22	19	11	12	13	14	7	12
54	11	10	20	22	19	11	12	13	16	7	12
55	10	9	20	22	18	11	12	13	16	7	12
56	10	10	20	22	18	11	12	13	15	7	12
57	10	10	20	23	18	11	12	13	16	7	12
58	10	10	20	22	17	11	12	13	15	7	13
59	10	10	20	22	18	11	12	13	15	7	12
60	10	9	20	22	17	11	12	13	16	7	12
61	11	10	20	22	19	11	12	13	16	7	12
62	9	10	19	23	16	11	12	13	16	7	11
63	10	10	20	22	18	11	12	13	16	7	12
64	12	10	20	21	18	11	12	13	16	7	12
65	10	9	20	22	16	11	12	13	17	7	11
66	12	10	22	22	18	11	12	12	16	7	12
67	11	11	23	23	18	11	12	12	16	7	13
68	11	10	22	23	18	11	11	12	16	7	12
69	12	11	23	24	17	11	12	12	19	7	12
70	12	10	23	24	19	11	12	12	18	7	12
71	11	10	22	24	17	11	12	12	17	7	13
72	11	11	23	24	18	11	12	12	17	7	12
73	10	10	21	24	19	11	12	13	16	7	11
74	10	10	22	22	19	11	12	12	16	7	12
75	10	10	22	22	19	11	12	12	16	7	12
76	10	10	20	22	19	11	12	12	15	7	11
77	10	10	20	22	19	10	12	12	14	7	11
78	12	10	22	23	17	11	12	12	17	7	11
79	12	10	23	24	17	11	12	12	17	7	12
80	12	10	23	24	17	11	12	12	17	7	13
81	11	10	22	24	18	11	12	13	16	7	11

DYS 481	DYS 520	DYS 446	DYS 617	DYS 568	DYS 487	DYS 572	DYS 640	DYS 492	DYS 565
22	20	13	12	12	13	9	11	11	13
26	21	12	12	12	14	9	11	11	12
28	21	16	12	12	12	9	11	11	12
26	20	16	12	12	14	9	11	11	12
29	22	13	12	12	13	9	11	11	12
24	22	12	12	11	13	9	11	11	12
29	22	13	12	13	13	9	11	11	12
24	23	13	12	13	13	9	12	11	12
28	22	13	12	12	13	9	11	11	12
25	23	12	13	12	13	9	11	11	11
25	23	12	13	12	13	9	11	11	11
25	22	13	12	12	13	9	10	11	12
25	22	13	12	12	13	9	11	11	12
25	23	14	12	11	13	9	13	11	12
27	22	14	12	12	13	9	11	11	12
28	22	14	12	12	13	9	11	11	12
24	22	13	12	13	13	9	11	11	13
25	22	19	12	12	13	9	11	11	12
24	22	14	12	12	13	9	11	11	12
25	23	14	12	12	13	9	11	11	12
25	22	15	12	12	13	9	11	11	12
24	23	13	12	12	13	9	11	11	12
27	22	14	12	12	14	9	11	11	12
26	22	12	12	11	13	9	11	11	12
25	21	13	12	12	12	9	11	11	12
22	18	13	13	11	14	11	11	11	11
24	19	14	12	13	15	11	11	11	12
22	18	12	14	12	14	11	11	11	11
23	18	12	13	11	14	11	11	11	11
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
22	18	13	13	12	14	11	11	11	11
22	19	13	13	12	14	11	11	11	11
24	20	13	13	12	14	10	12	10	11
27	18	12	13	12	15	11	12	10	11
27	18	12	13	12	15	11	12	10	11
25	18	13	13	12	14	11	12	10	11
25	18	13	13	12	14	11	12	10	11
22	19	12	15	13	15	10	13	11	12
22	17	12	13	12	14	11	11	11	11
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
25	20	17	14	12	14	10	12	10	11

№	Гаплогр.	DYS 393	DYS 390	DYS 19/394	DYS 391	DYS 385a	DYS 385b	DYS 426	DYS 388	DYS 439	DYS 389-1
82	E1b1b1	13	23	13	10	16	18	11	12	12	13
83	E1b1b1	13	23	13	10	17	18	11	12	12	13
84	E1b1b1	13	24	13	9	13	14	11	12	10	14
85	E1b1b1	13	24	13	10	14	18	11	12	12	13
86	E1b1b1	13	24	13	10	14	18	11	12	12	13
87	E1b1b1	13	24	13	10	16	16	11	12	12	13
88	E1b1b1	13	24	13	10	16	17	11	12	12	12
89	E1b1b1	13	24	13	10	16	18	11	12	12	13
90	E1b1b1	13	24	13	10	16	19	11	12	11	12
91	E1b1b1	13	24	13	10	17	18	11	12	12	13
92	E1b1b1	13	24	13	10	17	18	11	12	12	13
93	E1b1b1	13	24	13	10	17	18	11	12	12	13
94	E1b1b1	13	24	13	10	18	18	11	12	12	13
95	E1b1b1	13	24	13	11	16	18	11	12	11	14
96	E1b1b1	13	24	14	10	15	17	11	12	11	13
97	E1b1b1	13	24	14	10	16	17	11	12	12	14
98	E1b1b1	13	24	14	10	16	18	11	13	15	12
99	E1b1b1	13	25	13	10	15	18	11	12	12	13
100	E1b1b1	13	25	14	10	16	17	11	12	13	13
101	E1b1b1	13	25	14	10	16	19	11	12	12	13
102	E1b1b1	14	24	13	9	16	16	11	12	12	15
103	E1b1b1	14	24	13	10	15	18	11	12	11	12
104	E1b1b1	14	25	13	9	17	18	11	12	12	13
105	E1b1b1a	13	23	13	10	14	18	11	11	12	14
106	E1b1b1a	13	23	13	10	15	16	11	12	13	14
107	E1b1b1a	13	23	13	10	16	16	11	12	12	13
108	E1b1b1a	13	23	13	10	16	16	11	12	12	13
109	E1b1b1a	13	23	13	10	17	18	11	12	12	14
110	E1b1b1a	13	23	14	11	17	19	11	12	13	13
111	E1b1b1a	13	24	12	10	15	18	11	12	12	13
112	E1b1b1a	13	24	12	10	16	18	11	12	12	13
113	E1b1b1a	13	24	13	10	14	18	11	12	12	13
114	E1b1b1a	13	24	13	10	15	18	11	12	12	13
115	E1b1b1a	13	24	13	10	16	17	11	12	14	14
116	E1b1b1a	13	24	13	10	16	18	11	12	11	13
117	E1b1b1a	13	24	13	10	16	18	11	12	12	13
118	E1b1b1a	13	24	13	10	16	18	11	12	12	13
119	E1b1b1a	13	24	13	10	16	18	11	12	13	13
120	E1b1b1a	13	24	13	10	16	19	11	12	12	13
121	E1b1b1a	13	24	13	10	16	19	11	12	12	13
122	E1b1b1a	13	24	13	10	16	19	11	12	12	13

DYS 392	DYS 389-2	DYS 458	DYS 459a	DYS 459b	DYS 455	DYS 454	DYS 447	DYS 437	DYS 448	DYS 449	DYS 464a	DYS 464b
11	30	16	9	9	11	11	25	14	20	31	14	16
11	30	17	9	9	11	11	26	14	20	33	15	16
11	30	19	9	9	11	12	23	14	20	32	14	16
11	29	15	9	9	11	11	26	14	20	34	15	15
11	29	15	9	9	11	11	26	14	20	34	15	15
11	31	15	9	9	11	11	26	14	20	33	16	16
11	29	15	9	9	11	11	27	14	20	33	15	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	33	16	16
12	29	16	9	9	11	11	25	14	20	31	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	19	33	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	31	15	16
11	30	19	9	9	11	11	27	14	20	32	15	16
11	30	18	9	9	11	11	27	14	20	32	15	16
11	31	15	9	9	11	11	26	14	20	33	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	34	14	16
11	32	16	9	9	11	11	26	14	20	33	16	17
11	29	15	9	9	11	11	25	14	20	31	16	17
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	31	14	16
11	31	17	9	9	11	11	26	14	19	35	14	15
11	30	17	9	9	11	11	25	14	20	28	15	16
11	32	16	9	9	11	11	20	14	20	30	15	15
11	29	16	9	9	12	11	26	15	20	34	16	16
11	31	16	9	9	11	11	22	14	20	28	14	14
12	31	15	9	9	11	11	27	14	21	33	13	14
11	32	15	9	9	11	11	24	14	20	33	14	16
11	30	17	9	9	11	11	25	14	20	34	13	15
11	31	15	9	9	11	11	25	14	21	31	13	14
11	31	17	9	9	11	11	26	14	20	33	15	16
11	30	16	9	9	11	11	24	14	20	34	16	16
11	30	16	9	10	11	11	26	14	20	33	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	32	14	16
11	29	15	9	9	11	11	26	14	20	34	15	15
11	30	16	9	9	11	11	25	14	20	34	14	16
11	31	16	9	9	11	11	26	14	20	31	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	31	16	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	32	14	16
11	30	17	9	9	11	11	25	14	20	32	14	16
11	30	14	9	9	11	11	26	14	21	33	16	16
11	29	15	9	9	11	11	26	14	20	32	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	33	14	16
11	31	15	9	9	11	11	26	14	20	34	15	16

№	DYS 464c	DYS 464d	DYS 460	GATA H4	YCA IIa	YCA IIb	DYS 456	DYS 607	DYS 576	DYS 570	CDY a
82	17	17	9	11	19	21	17	12	16	19	32
83	17	17	9	11	19	21	16	13	17	20	31
84	16	17	11	11	19	22	16	13	19	22	38
85	16	17	9	9	19	21	15	12	17	20	31
86	16	17	9	9	19	21	16	12	17	20	32
87	16	16	9	11	19	21	16	13	18	20	30
88	16	17	11	10	19	21	15	12	17	19	34
89	17	17	9	10	19	21	17	12	18	19	35
90	17	17	9	11	19	21	17	12	18	20	30
91	17	17	9	11	19	21	16	12	17	21	32
92	16	18	9	11	19	21	17	12	17	20	30
93	16	17	10	10	19	22	17	13	17	18	31
94	16	17	10	10	19	22	16	13	17	17	31
95	16	17	9	10	19	21	17	12	17	19	32
96	17	17	9	11	19	21	15	12	19	18	32
97	17	17	11	11	21	22	16	12	18	18	33
98	17	17	11	11	19	22	15	12	18	19	33
99	17	17	9	11	19	21	16	12	17	21	31
100	16	17	10	9	19	22	15	13	17	20	30
101	16	17	11	11	19	22	15	12	19	20	34
102	15	16	10	11	19	22	15	13	19	18	33
103	16	17	11	11	21	22	14	13	17	17	35
104	15	17	10	10	19	19	15	13	12	16	33
105	15	15	11	11	19	22	15	12	20	19	33
106	17	18	10	10	19	21	16	12	17	21	30
107	15	17	10	11	19	22	16	12	16	18	33
108	15	17	10	9	19	22	16	12	17	17	32
109	17	17	9	11	19	21	16	13	17	20	31
110	16	16	11	11	19	22	15	12	17	19	34
111	16	16	11	11	19	22	14	12	20	19	34
112	17	18	9	10	19	21	17	11	16	19	30
113	16	17	9	9	19	21	16	12	17	20	31
114	17	17	9	11	19	21	17	12	17	19	33
115	17	18	9	10	19	21	15	12	17	19	28
116	17	17	9	11	18	19	16	12	18	21	31
117	17	17	9	11	19	21	17	12	17	20	30
118	16	17	9	11	19	21	16	12	18	18	31
119	17	17	9	11	19	21	15	12	17	22	30
120	16	17	9	11	19	21	17	12	16	19	30
121	17	17	9	10	19	21	15	12	18	19	33
122	16	17	9	11	19	21	16	12	18	20	32

CDYb	DYS442	DYS438	DYS425	DYS531	DYS578	DYS395S1a	DYS395S1b	DYS590	DYS537	DYS641	DYS472
37	11	11	0	10	8	15	15	8	11	10	8
33	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
38	12	10	0	10	8	15	15	8	10	10	8
35	10	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	10	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
33	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	12	10	0	10	8	14	15	8	11	10	8
34	11	10	0	11	8	15	15	8	11	10	8
35	12	10	0	10	8	15	15	8	10	10	8
34	12	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
33	13	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
32	13	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
33	12	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
38	12	10	0	11	8	15	15	8	10	9	9
35	11	10	0	10	9	15	15	8	11	10	8
38	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	14	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
34	11	10	0	10	9	15	15	8	10	10	8
34	12	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
36	10	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	12	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
39	12	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
37	13	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
37	13	10	0	10	8	15	17	8	11	10	8
35	13	10	0	10	8	15	17	8	11	10	8
33	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	12	10	0	10	9	15	15	8	11	10	8
35	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	10	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
33	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
30	12	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
35	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8

№	DYS 406S1	DYS 511	DYS 413a	DYS 413b	DYS 557	DYS 594	DYS 436	DYS 490	DYS 534	DYS 450	DYS 444
82	12	10	23	24	16	11	12	12	16	7	12
83	12	10	23	24	18	11	12	12	18	7	12
84	10	11	21	22	17	11	12	12	17	7	12
85	12	10	24	24	17	11	12	12	18	7	12
86	12	10	23	24	17	11	12	12	20	7	12
87	12	10	24	24	18	11	12	12	15	7	12
88	12	10	21	24	17	11	12	12	16	7	11
89	12	10	23	24	19	11	12	12	20	7	12
90	12	10	24	25	17	11	12	12	16	7	12
91	12	10	23	24	18	10	12	12	16	7	12
92	12	10	23	24	18	11	12	12	16	7	12
93	10	10	21	23	18	11	12	13	17	7	11
94	10	10	21	23	18	11	12	13	17	7	11
95	12	10	23	23	18	11	12	12	18	7	12
96	12	10	23	23	18	11	12	12	17	7	12
97	11	9	22	23	20	11	12	12	14	7	11
98	12	11	22	24	19	12	12	12	17	7	12
99	11	10	22	24	17	11	12	12	15	7	12
100	10	10	21	23	19	11	12	13	17	7	11
101	11	10	22	23	14	11	12	12	16	7	12
102	10	10	22	22	20	11	12	12	15	7	12
103	10	10	21	23	19	11	12	12	14	7	12
104	10	10	20	22	20	11	12	12	14	7	11
105	12	10	22	23	18	11	12	12	15	7	12
106	12	10	23	24	18	11	12	12	15	7	12
107	12	10	22	23	18	11	12	12	16	7	12
108	12	10	22	23	19	11	12	13	16	7	13
109	12	10	23	24	17	11	12	12	18	7	12
110	12	10	22	23	15	11	13	12	16	7	12
111	11	10	21	22	18	11	12	12	16	7	12
112	12	10	22	23	17	11	12	12	17	7	12
113	12	10	23	24	17	11	12	12	19	7	12
114	12	10	23	25	18	11	12	12	16	7	12
115	12	10	22	23	18	11	12	12	18	7	12
116	12	10	23	24	18	11	12	12	18	7	12
117	12	10	23	24	18	11	12	12	17	7	12
118	12	10	23	25	18	11	12	12	19	7	12
119	12	10	24	24	18	11	12	12	14	7	12
120	12	10	23	24	17	11	12	12	16	7	12
121	12	10	22	24	17	11	12	12	16	7	12
122	12	10	24	24	17	11	12	12	17	7	12

DYS 481	DYS 520	DYS 446	DYS 617	DYS 568	DYS 487	DYS 572	DYS 640	DYS 492	DYS 565
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
21	18	12	13	12	14	11	11	11	11
28	18	12	13	12	14	11	11	11	11
22	18	14	11	12	14	11	11	11	11
22	18	14	11	12	14	11	11	11	11
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
23	18	12	13	11	12	10	11	11	11
22	18	12	11	12	14	11	11	11	11
23	18	12	13	11	14	11	11	11	11
23	18	12	13	12	14	11	11	11	11
22	18	13	13	11	14	11	11	11	11
25	21	15	13	12	14	10	12	10	11
25	21	15	13	12	14	10	12	10	11
22	18	12	11	12	15	11	11	11	11
22	18	14	13	12	14	11	11	11	11
25	18	13	13	12	14	10	11	11	11
25	18	13	12	13	14	10	11	11	12
22	18	13	13	12	14	11	11	11	11
26	20	12	12	12	14	10	12	10	11
22	19	13	13	12	15	11	11	11	12
27	19	15	12	11	14	11	12	10	11
22	17	13	13	12	14	11	13	11	11
25	18	13	13	12	14	11	12	10	11
23	19	12	13	12	14	11	11	11	11
20	18	12	13	12	14	11	11	11	11
24	18	12	13	11	14	11	11	11	11
25	18	12	12	11	14	11	11	11	11
23	18	12	13	12	14	11	11	11	11
22	19	12	13	13	14	10	11	11	12
22	19	13	13	12	15	11	11	11	12
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
22	18	14	11	12	14	11	11	11	11
22	18	12	13	12	12	11	11	11	11
22	18	12	13	11	14	10	11	11	11
23	18	13	13	12	13	11	11	11	11
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
23	18	12	14	11	14	11	11	11	11
22	18	13	13	12	14	11	11	11	11
23	18	13	13	11	15	11	11	11	11
22	18	12	11	12	14	11	11	11	11

№	Гаплогр.	DYS 393	DYS 390	DYS 19/394	DYS 391	DYS 385a	DYS 385b	DYS 426	DYS 388	DYS 439	DYS 389-1
123	E1b1b1a	13	24	13	10	16	19	11	12	13	14
124	E1b1b1a	13	24	13	10	17	17	11	12	13	13
125	E1b1b1a	13	24	14	10	16	18	11	12	12	13
126	E1b1b1a	13	24	14	10	16	18	11	12	13	13
127	E1b1b1a	13	24	14	10	17	19	11	12	12	13
128	E1b1b1a	13	25	13	10	16	17	11	12	11	13
129	E1b1b1a	13	25	13	10	16	18	11	12	12	14
130	E1b1b1a	13	25	13	10	19	19	11	12	11	13
131	E1b1b1a	13	25	14	10	16	18	11	12	12	14
132	E1b1b1a	13	25	14	10	18	20	11	12	12	14
133	E1b1b1a	13	26	14	10	15	18	11	12	12	13
134	E1b1b1a	14	24	13	10	16	18	11	12	11	13
135	E1b1b1a	14	24	14	10	17	18	11	12	12	12
136	E1b1b1a	14	24	14	10	17	19	11	12	12	13
137	E1b1b1b2	13	23	13	9	13	14	11	12	10	14
138	E1b1b1b2	13	24	13	9	13	14	11	12	10	14
139	E1b1b1b2	14	24	13	10	16	18	11	12	12	13
140	E1b1b1c1	13	23	13	11	16	17	11	12	11	14
141	E1b1b1c1	13	24	13	10	17	18	11	12	12	13
142	E1b1b1c1	13	24	13	10	17	18	11	12	12	13
143	E1b1b1c1	13	24	13	10	17	18	11	12	12	13
144	E1b1b1c1	13	24	13	11	16	17	11	12	13	13
145	E1b1b1c1	14	24	13	9	16	16	11	12	12	13
146	E1b1b1c1	14	24	13	9	16	17	11	12	12	14
147	E1b1b1c1	14	24	13	9	16	17	11	12	12	14
148	E1b1b1c1	14	24	13	9	16	17	11	12	12	14
149	E1b1b1c1	14	24	13	9	16	17	11	12	12	14
150	E1b1b1c1	14	25	13	9	17	18	11	12	12	13
151	E1b1b1c1	14	25	13	9	17	18	11	12	12	13
152	E1b1b1c1	15	23	15	10	15	17	11	12	12	13

DYS 392	DYS 389-2	DYS 458	DYS 459a	DYS 459b	DYS 455	DYS 454	DYS 447	DYS 437	DYS 448	DYS 449	DYS 464a	DYS 464b
11	31	15	9	9	11	11	25	14	20	32	15	16
11	30	16	9	9	10	11	26	14	20	32	14	16
11	30	16	9	9	11	11	25	14	20	31	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	21	33	15	15
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	31	15	16
11	30	15	9	9	11	12	26	14	20	28	14	16
11	31	16	9	9	11	11	26	14	19	31	14	14
11	30	16	9	9	11	11	25	14	20	32	15	16
11	31	16	9	9	11	11	25	14	21	31	14	16
11	31	15	9	9	11	11	25	14	20	32	14	16
11	30	16	9	9	11	11	27	14	20	33	14	16
11	30	15	9	9	11	11	26	14	20	32	15	16
11	29	17	9	9	11	11	25	14	20	33	14	15
11	30	16	9	9	11	11	25	14	20	32	14	15
11	30	18	9	9	11	12	23	14	20	31	14	16
11	32	19	9	9	11	12	23	14	20	33	14	14
11	30	17	9	9	11	11	25	14	20	31	14	16
12	31	19	9	9	11	11	27	14	20	33	13	13
11	30	17	9	9	11	11	27	14	20	32	15	16
11	30	19	9	9	11	11	27	14	20	32	15	16
11	31	18	9	9	11	11	27	14	19	33	15	16
11	31	17	9	10	11	11	27	14	19	31	13	15
11	30	16	9	9	11	11	20	14	20	30	15	15
11	31	16	9	9	11	11	22	14	20	29	14	15
11	31	16	9	9	11	11	22	14	20	29	14	15
11	31	16	9	9	11	11	23	14	20	29	14	15
11	31	16	9	9	11	11	23	14	20	29	14	15
11	30	16	9	9	11	11	20	14	20	29	14	14
11	31	16	9	9	11	11	23	14	20	29	14	15
11	31	16	8	9	11	11	26	14	20	32	14	14

№	DYS 464c	DYS 464d	DYS 460	GATA H4	YCA IIa	YCA IIb	DYS 456	DYS 607	DYS 576	DYS 570	CDY a
123	16	17	9	11	19	21	17	12	18	19	30
124	16	17	10	11	19	21	16	12	17	19	32
125	17	17	9	11	19	21	17	12	19	21	30
126	16	17	9	11	19	21	15	12	16	19	31
127	16	18	9	11	19	21	18	12	17	20	30
128	16	17	9	11	19	22	17	12	16	19	31
129	16	16	9	11	19	21	18	13	16	18	37
130	17	17	9	9	18	21	15	12	17	20	30
131	16	17	9	10	19	21	16	13	16	20	30
132	16	18	11	12	19	22	14	12	17	17	32
133	16	17	9	11	19	21	17	12	17	19	32
134	17	18	9	11	19	21	17	12	18	23	31
135	16	18	12	11	19	23	15	12	18	19	34
136	16	18	11	11	19	23	15	12	20	20	34
137	16	17	11	11	19	22	16	13	17	23	37
138	16	16	11	11	19	22	16	13	18	22	38
139	17	17	10	11	19	21	18	12	17	21	31
140	13	14	11	9	22	22	15	13	18	19	33
141	16	17	10	10	19	22	17	13	17	18	31
142	16	17	10	10	19	22	18	13	17	18	30
143	16	17	10	10	19	22	16	13	17	17	31
144	17	17	11	10	19	22	15	13	18	21	31
145	16	16	10	11	19	22	15	13	19	18	34
146	16	17	9	11	19	22	15	12	15	18	33
147	16	17	9	11	19	22	15	12	15	18	34
148	16	17	9	10	19	22	15	12	15	18	34
149	16	17	9	11	19	22	15	12	15	18	34
150	15	17	10	10	19	19	15	13	12	15	33
151	15	17	10	10	19	19	15	13	12	16	33
152	14	17	11	10	19	21	15	12	15	19	34

CDY b	DYS 442	DYS 438	DYS 425	DYS 531	DYS 578	DYS 395S1a	DYS 395S1b	DYS 590	DYS 537	DYS 641	DYS 472
36	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
32	11	11	0	10	8	15	15	8	11	11	8
34	12	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
33	10	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
33	12	10	0	10	8	15	15	8	10	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
37	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
36	11	10	0	11	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
37	11	10	0	10	9	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
34	11	10	0	10	8	15	15	8	11	10	8
36	11	10	0	10	9	15	15	9	11	10	8
37	11	10	0	10	9	15	15	9	12	10	8
39	12	10	0	10	8	15	15	8	9	10	8
38	13	10	0	10	8	15	15	8	10	10	8
34	11	10	12	10	8	15	15	8	11	10	8
34	13	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
33	13	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
33	13	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
32	13	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
33	12	10	0	10	8	15	15	7	10	10	8
34	12	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
34	12	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
36	12	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
36	12	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
36	12	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
35	13	10	12	10	8	15	15	7	11	11	8
34	12	10	0	10	8	15	15	7	11	11	8
34	11	11	0	10	8	15	15	7	11	10	8

№	DYS 406S1	DYS 511	DYS 413a	DYS 413b	DYS 557	DYS 594	DYS 436	DYS 490	DYS 534	DYS 450	DYS 444
123	12	10	23	23	17	11	12	12	17	7	12
124	12	10	23	24	17	11	12	12	18	7	12
125	12	10	23	24	17	11	12	12	17	7	12
126	12	10	23	24	18	11	12	12	16	7	12
127	12	10	23	24	18	11	12	12	17	7	12
128	12	11	23	24	18	12	12	11	18	7	12
129	11	10	23	24	18	11	12	12	17	7	12
130	12	10	23	24	18	11	12	12	19	7	12
131	11	10	24	24	18	11	12	12	16	7	13
132	12	11	22	22	16	11	12	12	17	7	12
133	12	10	23	24	18	11	12	12	17	7	12
134	12	10	23	24	17	11	12	12	19	7	12
135	12	12	21	22	17	11	12	12	16	7	12
136	12	11	21	22	17	11	12	12	16	7	12
137	10	11	21	22	19	11	12	12	16	7	12
138	10	11	21	22	18	11	12	12	17	7	12
139	12	10	23	23	17	10	12	12	15	8	12
140	10	10	21	24	18	11	12	13	17	7	11
141	10	10	21	24	18	11	12	13	16	7	11
142	10	10	21	24	18	11	12	13	17	7	11
143	10	10	21	24	18	11	12	13	17	7	11
144	10	10	23	24	18	12	12	13	15	7	12
145	10	10	22	22	20	11	12	12	15	7	12
146	9	10	22	22	20	11	12	12	16	7	12
147	9	10	22	22	20	11	12	12	16	7	12
148	9	10	22	22	20	11	12	12	16	7	12
149	9	10	22	22	18	11	12	12	16	7	12
150	10	10	20	22	19	11	12	12	15	7	11
151	10	10	20	22	19	11	12	12	14	7	11
152	9	10	22	22	18	11	12	12	15	7	10

DYS 481	DYS 520	DYS 446	DYS 617	DYS 568	DYS 487	DYS 572	DYS 640	DYS 492	DYS 565
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
22	18	12	11	11	14	11	11	13	11
22	19	14	13	11	14	11	11	11	11
22	18	12	13	11	14	11	11	11	11
22	18	12	13	11	14	11	11	11	11
21	18	12	11	12	14	11	11	11	11
23	19	13	13	12	14	11	11	11	11
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
23	18	12	13	12	14	11	11	11	11
22	18	14	13	11	14	10	11	11	12
22	18	12	13	12	14	11	11	11	11
23	18	12	13	11	14	11	11	11	11
22	18	13	13	13	14	12	11	12	12
22	18	13	13	13	14	11	11	12	12
27	18	12	13	12	14	11	11	11	11
27	18	12	13	12	14	11	11	11	11
21	20	13	13	12	14	11	11	11	11
20	22	14	13	12	14	10	12	10	11
25	21	15	13	12	14	10	12	10	11
25	21	15	13	12	14	10	12	10	11
25	20	15	13	12	14	10	12	10	11
25	19	14	13	11	14	10	12	10	11
27	19	15	12	11	14	11	12	10	11
25	18	15	14	12	15	11	12	10	11
25	18	15	14	12	15	11	12	10	11
25	18	15	14	12	15	11	12	10	11
25	18	15	14	12	15	11	12	10	11
24	18	13	13	12	14	11	12	10	11
25	18	13	13	12	14	11	12	10	11
23	19	13	12	11	14	11	12	10	11

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 1

Анатолий Клёсов

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

После выхода первого номера Вестника (на английском языке) я получил несколько писем от зарубежных читателей, которые просили разобраться с их гаплотипами и гаплогруппами. Я выбрал некоторые интересные случаи, и представляю их здесь. Ясно, что эта рубрика будет продолжена, поэтому данная – часть 1. Хотя должен сказать, что это не может быть «сервисом» для каждого желающего, иначе нас скоро захлестнет волна обращений. Возможно, при Академии со временем может быть организована соответствующая консультационная группа.

Все письма и ответы даются в сокращенном переводе с английского языка.

ПИСЬМО ПЕРВОЕ.

У меня гаплогруппа J1. До тестирования я был уверен, что я ирландец, с предками также среди шотландцев, англичан и немцев. Я и не думал, что у меня корни на Ближнем Востоке. Не представляю, кто из нашей семьи мог бы быть арабом или евреем. Моя генеалогия известна до 1759 года, и обрывается в штате Теннесси, Америка. Теперь у меня появилась веская причина заинтересоваться ближневосточными народами. Так кто я – араб или еврей? Теперь я вынужден изучать обе народности. Я читал, что если в семье нет еврейских традиций, то, значит, еврейских корней нет. Но здравый смысл мне подсказывает, что если я чего-то не знаю, это не значит, что этого не может быть. На самом деле очень просто для араба

или еврея потерять связь с предками и оказаться на восточном побережье США, или на британских островах, или Бог знает где, не имея понятия, где его корни. Например, мой внук живет в Микронезии на острове Палау, где он оказался с матерью после развода с моим сыном, у меня нет с ним контактов, и он, ясное дело, тоже не имеет понятия, что у него арабские или еврейские корни. Вот так легко можно потерять связь с предками. Да, говоря о евреях – я не религиозен, и поэтому не владею истиной.

Я наверняка не пойму многого, чем вы занимаетесь в науке, но похоже, что у вас есть желание найти ответы на многие вопросы. Может, и на мой тоже. 67-маркерный гаплотип прилагаю (привожу первые 25 аллелей – АК).

12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 31 18 8 9 11 11 25 14 20 26 12 14 15 16

Искренне, Билл.

МОЙ ОТВЕТ:

Уважаемый Билл,

У вас не просто еврейский гаплотип, но вы еще и коэн, то есть потомок коэнов, высшего сословия еврейских священнослужителей. Статус коэнов передается по наследству по отцовской линии, согласно Библии – от Аарона, брата Моисея, выведшего евреев из Египта. Сейчас основная функция коэнов в Израиле и в Диаспоре – благословление народа в ежедневной молитве, и совершении некоторых религиозных обрядов.

Сравните сами. Вот ваш 25-маркерный гаплотип (верхняя строка):

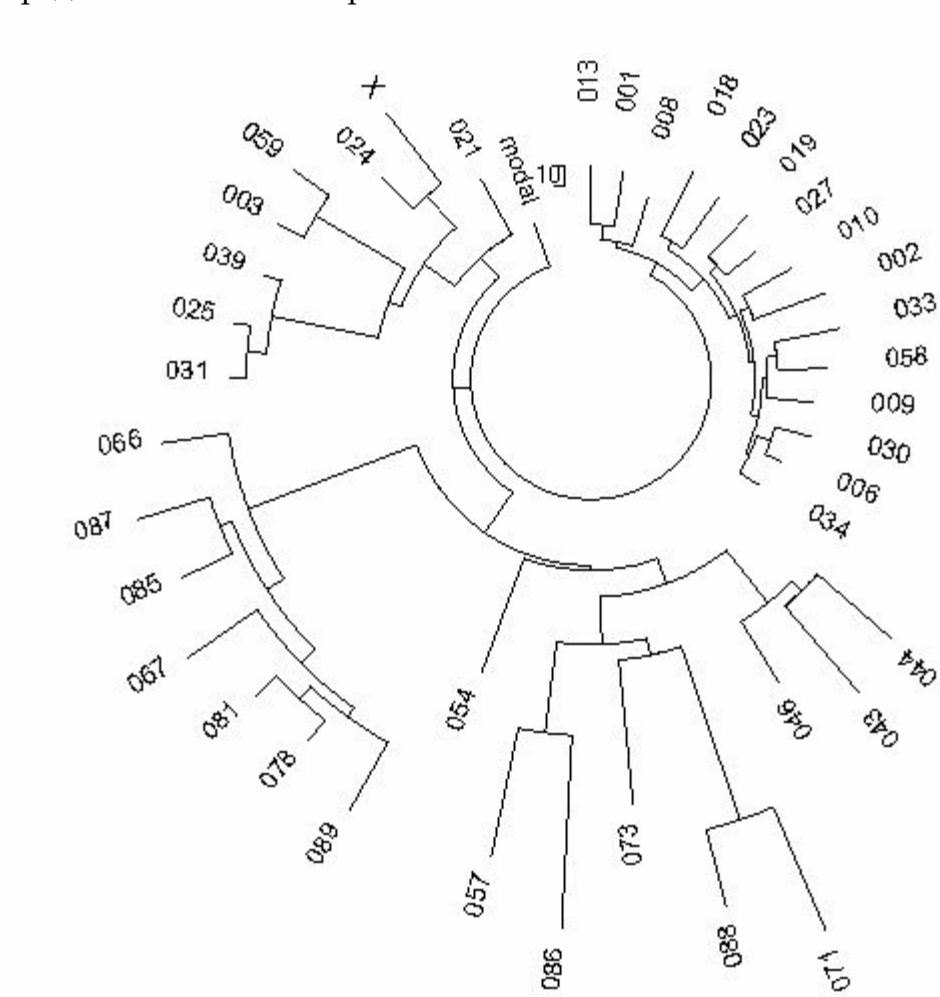
12 23 14 10 13 **18** 11 **17** 11 13 11 31 18 8 9 11 11 25 14 20 26 12 14 15 **16**

12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 31 18 8 9 11 11 25 14 20 26 12 14 15 17

Под ним – базовый гаплотип коэнов, причем первый, более старый гаплотип коэнов, который начал свою линию в самом начале нашей эры, возможно, после разрушения римлянами иерусалимского храма в 70-м году. Много коэнов тогда погибло при защите храма, а всего во время

Иудейской войны 66-71 гг, по свидетельству Иосифа Флавия, погибло от 600 тысяч до миллиона евреев.

Ваш гаплотип отличается от «старого» гаплотипа коэнов всего на три мутации на 25 маркерах, что примерно соответствует 1700±300 лет дистанции между вами. Как видите, и расстояние примерно сходится, в пределах ошибки измерения.



Дерево 37-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J1. Гаплотипы извлечены из базы данных YSearch. Крестиком, в левом верхнем углу, помечен гаплотип Билла. Справа вверху – 15 гаплотипов «нового Модального гаплотипа коэнов» (7-й век нашей эры). Слева вверху – 8 гаплотипов «старого Модального гаплотипа коэнов» (начало нашей эры).

Но давайте посмотрим еще более тщательно. Выше – дерево 37-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J1. Это – все, что мне удалось найти в базе данных YSearch. Ваш гаплотип помечен крестиком, слева вверху. Он – в группе «старого Модального гаплотипа коэнов» из 8 гаплотипов. Видно, что ваша группа действительно заметно старше той, что справа («молодой Модальный гаплотип коэнов» из 15 гаплотипов), она более «разлохмачена» и дальше отстоит от «ствола» дерева. Из-за того, что выборка небольшая, точно возраст предка посчитать не удается, но кое-что сделать можно. Все восемь гаплотипов содержат 11 мутаций среди 12-маркерной панели маркеров, 34 мутации в 25-маркерных гаплотипах, и 61 мутацию среди всех 37-маркерных гаплотипов. Это дает в среднем 85±21 поколений, или 2,125±525 до общего предка. Я бы предпочел округлить до 2,100±500 лет до общего предка, то есть 100±500 лет до нашей эры.

Естественно, я тоже не претендую на истину, что вы непременно произошли от коэна, который выжил при штурме Иерусалимского храма, но вряд ли кто в мире предложит вам более детальную картину вашего происхождения. Думаю, и такую никто в мире не сможет предложить. Будем считать это максимально возможным приближением к тайне вашего происхождения.

ОТВЕТНОЕ ПИСЬМО (опускаю части с благодарностями)

Я раскопал часть нашей еще более глубокой семейной истории. Оказывается, Джеймс, мой предок 1759 года рождения, был сыном Аарона, который был на три четверти индеец племени Чероки, и звали его Вождь Красная Птица. Тогда не исключено, что четверть его крови прибыла с матросами-евреями из Испании или Португалии.

ПИСЬМО ВТОРОЕ

Мои предки прибыли в Америку в довольно давние времена, что вряд ли поможет делу, потому что предшествующая история их неизвестна. Но дело в том, что у меня необычный гаплотип гаплогруппы R1a1. Он имеет DYS449 = 35. Я не знаю таких ни у кого, кроме нашей семьи. Вот наши гаплотипы:

(привожу в 25-маркерном варианте - AK)

13 25 14 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 23 14 20 **35** 15 15 15 16

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 29 15 9 10 11 11 23 14 20 **35** 15 15 15 16

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 9 11 11 23 14 20 **35** 15 15 15 15

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 23 14 20 **35** 15 15 15 16

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 23 14 20 **35** 15 15 15 16

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 23 14 20 **35** 15 15 15 16

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 23 14 20 **35** 15 15 15 16

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 23 14 20 **35** 15 15 15 16

Ваши комментарии?

Спасибо

Роберт

МОЙ ОТВЕТ

Базовый гаплотип вашей семьи такой:

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 23 14 20 35 15 15 15 16

Этот гаплотип имел общий предок, от которого произошли все восемь ныне живущих ваших родственников с приведенными выше гаплотипами. Предок этот жил в 1780-х годах.

Нашел я это так. В приведенных 8 гаплотипах есть всего три мутации от базового, предкового гаплотипа. Это дает 3/8/0.046 = 8 поколений от общего предка. Среди этих восьми 5 гаплотипов идентичны друг другу. Это и есть базовые. Получаем ln(8/5)/0.046 = 10 поколений. Значит, обший предок жил 225±25 лет назад, или в интервале 1783±25 годов, конец 18-го века. Если я и промахнулся, то вряд ли значительно, и то только потому, что малая статистика.

А теперь переходим к главному вопросу – почему такой «странный» гаплотип, точнее, мутация в DYS449. Гаплотип не странный, он просто происходит от древнего общего предка многих современных носителей гаплогруппы R1a1, потому и мутировал. И я могу рассчитать, когда этот предок жил.

Давайте сравним с двумя другими базовыми гаплотипами, для которых время до общего предка известно. Один из них русский, восточно-славянский базовый гаплотип:

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

Он отстоит от вашего базового гаплотипа на 9 мутаций, что соответствует примерно 243 поколениям, или 6,075 лет. Поскольку общий предок славянского гаплотипа жил 3700 лет назад, то наш с вами общий предок жил 5,000 лет назад.

Иначе говоря, ваш ирландский гаплотип не происходит от славянского. Между нами – более древний предок. А вот кто он – пока загадка. Причем жил предок, видимо, к западу от наших славян, поскольку к востоку от нас таких старых общих предков и их гаплотипов пока не обнаружено.

А вот к западу – есть. Вот базовый балканский гаплотип, которому 8,300 лет:

13-24-15-10-12-15-X-Y-Z-13-11-29

От славянского его отделяет 6 мутаций на 9 маркерах, что соответствует 9,100 лет. Иначе говоря, наш с балканцами общий предок жил 10,600 лет назад. По возрасту он ближе к балканскому, чем к нашему.

А ваш, ирландский, различается с балканским только на 4 мутации на 9 маркерах, что соответствует 5,400 лет разницы между общими предками. Это означает, что ваш с балканским общий предок жил 7,000 лет назад. Иначе говоря, вы вполне могли происходить напрямую от балканского предка. Или от нашего общего с балканским.

В любом случае получается, что наш общий предок, точнее, предок всех R1a1 – на примере восточных славян, балканских славян, и ирландцев (пока на примере вашей семьи) жил 10,600 лет назад, где-то в треугольнике между нами тремя географическими позициями.

Вот и весь секрет необычных мутаций в ваших гаплотипах.

ОТВЕТНОЕ ПИСЬМО

Вы действительно правильно рассчитали время общего предка нашей семьи. По вашим данным, это 1783±25 лет. На самом деле Роберт, наш общий предок, родился в 1767 году. Его сын, тоже Роберт – в 1797 году.

Я впечатлен вашим анализом. Пожалуйста, продолжайте хорошую и нужную работу.

ПИСЬМО ТРЕТЬЕ

Я прочитал ваши статьи в Вестнике Российской Академии ДНК-генеалогии, особенно раздел про гаплогруппу R1a1 у евреев. Дело в том, что я еврей-ашкенази, и у меня та же гаплогруппа. Могли бы вы сообщить мне более детально о моей семейной истории, на основании 67-маркерного гаплотипа, который прилагаю (привожу только первые 25 аллелей - АК)?

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

Спасибо,

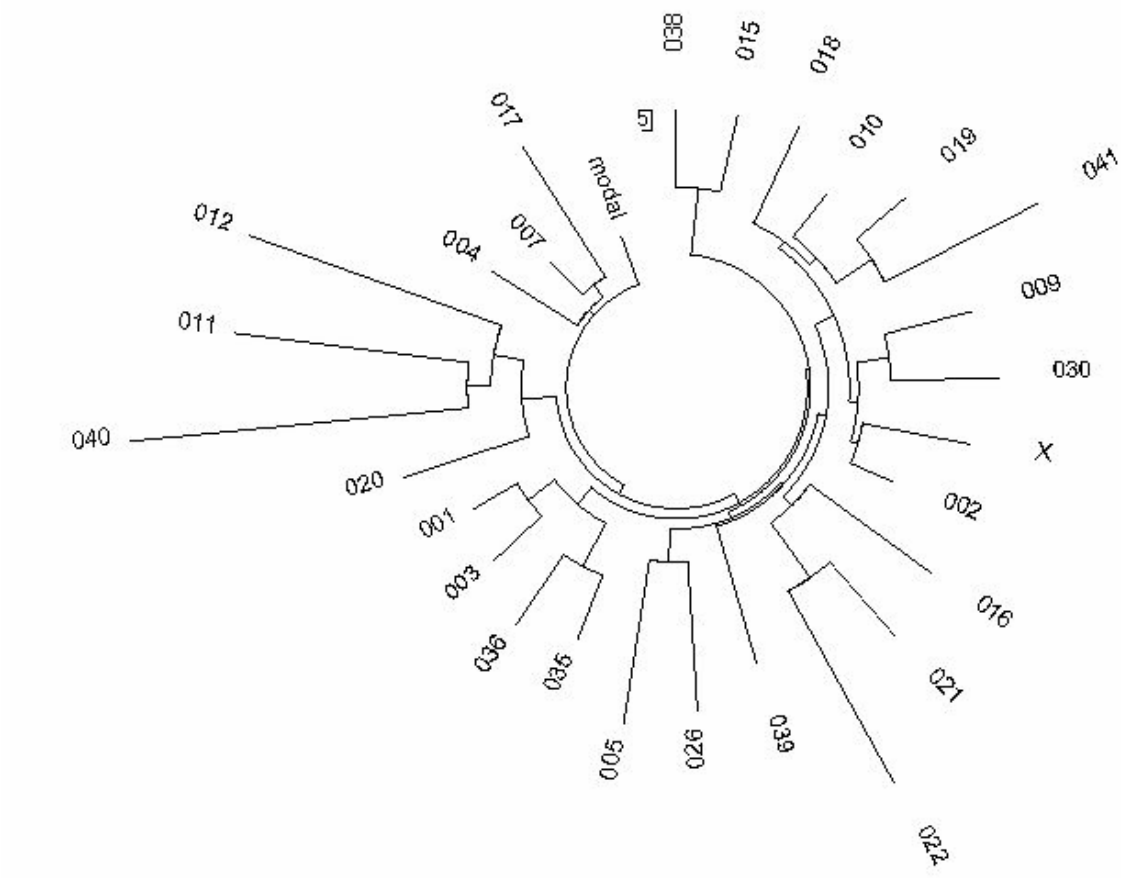
Макс

МОЙ ОТВЕТ

Вы относитесь к относительно небольшой группе людей, которые составляют менее четверти всех евреев гаплогруппы R1a1, которые в свою очередь составляют около 10% всех евреев-мужчин. Гаплогруппа R1a1 появилась среди евреев 1350 лет назад, в 7-м веке нашей эры, видимо, в хазарские времена. Этот базовый, или предковый гаплотип всего на одну мутацию отличается от славянского гаплотипа в 12-маркерном варианте, но на 4 мутации – от западноевропейского базового варианта гаплотипа той же гаплогруппы. Так что евреи R1a1 ближе к славянам, чем к западноевропейцам.

Но вы относитесь к той четверти гаплотипов евреев группы R1a1, общий предок которых повел новую генеалогическую линию 650 лет назад, то есть в середине 14-го века. Обычно новая линия получается при прохождении «бутылочного горлышка» популяции, когда из популяции выживает минимальное количество людей, и, бывает, потомство только одного проходит это «бутылочное горлышко». Так получается новая генеалогическая линия, в качество исходной которой часто бывает мутированный гаплотип основателя новой линии. Именно к этому мутированному гаплотипу сходятся ДНК-генеалогические нити потомков. Потому он и называется «общим предком» новой популяции.

Рассмотрим сначала дерево 37-маркерных гаплотипов. Ваш гаплотип помечен крестиком справа.

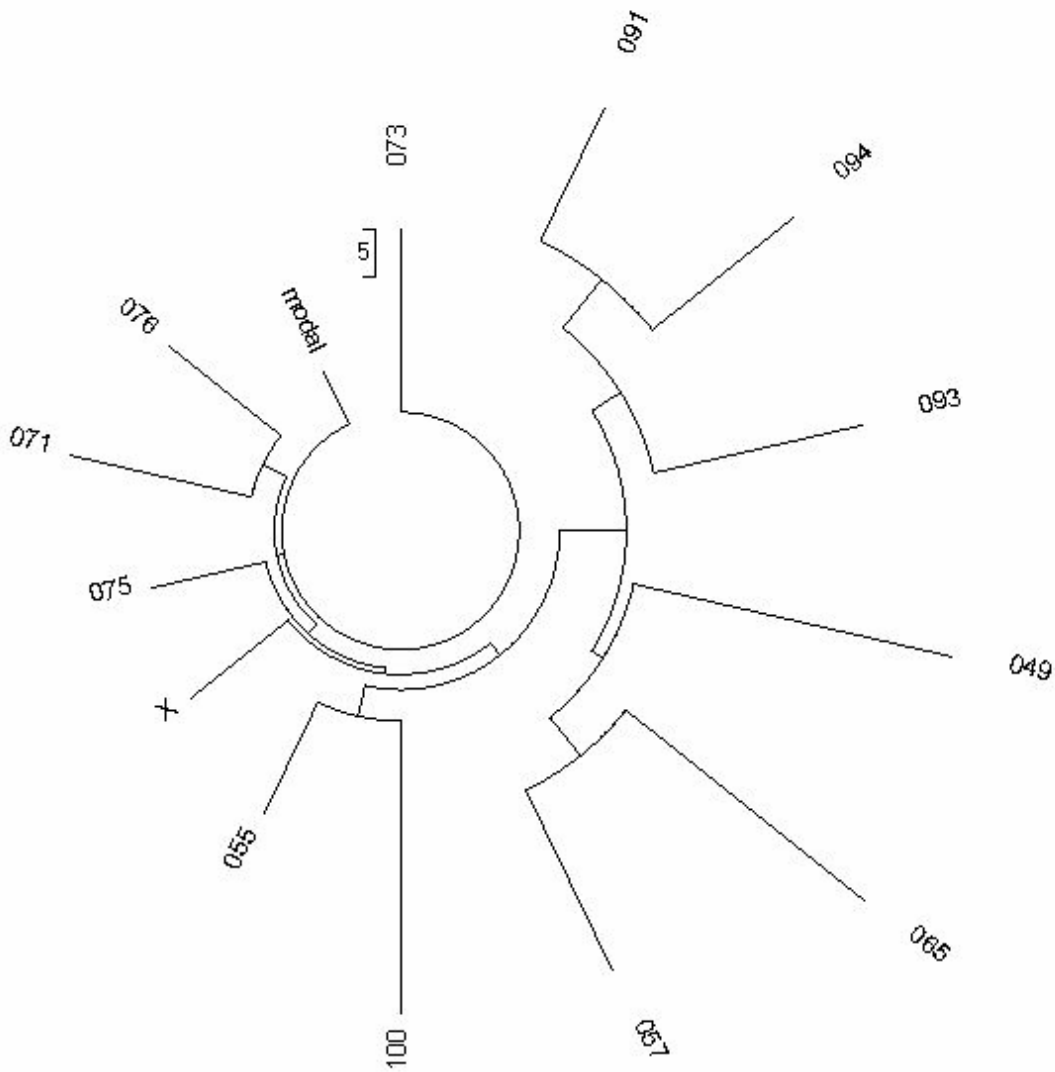


Дерево 37-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы R1a1. Гаплотипы извлечены из базы данных YSearch. Крестиком справа помечен гаплотип Макса. Справа вверху – 8 гаплотипов родственников Макса, берущих свое начало от общего для всех предка в середине 14-го века.

Как видите, ваша группа из восьми человек (ветвь справа вверху) заметно выделяется среди остальных. А выделяется она потому, что все восемь человек имеют одно и то же значение маркера DYS459b = 11 (у остальных 19 человек там 10 или 9), а также маркеров DYS570 = 20 и DYSCDYb = 38 (у остальных там самые разные комбинации от 17 до 22 и от 34 до 41, соответственно). Ваша группа – самая молодая по сравнению с другими,

потому и аллели наиболее стабильные. В самом деле, для мутаций в протяженных гаплотипах 650 лет по сравнению с 1350 – большая разница. Поэтому в вашей группе они еще не успели мутировать, в отличие от остальных.

Ваша группа еще более заметна на дереве 67-маркерных гаплотипов.



Дерево 67-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы R1a1. Гаплотипы извлечены из базы данных «Проекта Ашкенази-Левитов». Крестиком слева помечен гаплотип Макса. Вся левая половина – родственники Макса, чья ДНК-генеалогическая линия берет начало в середине 14-го века.

Поскольку 67-маркерные гаплотипы дают самое большое разрешение из гаплотипов, имеющихся в наличии – это разрешение и проявилось. Видно, что ваша группа намного ближе к «стволу» дерева, чем все остальные. Это и есть отражение того, что гаплотипы вашей группы значительно «моложе» (в отношении общего предка), чем другие. Разница – 700 лет.

А вот теперь – почему именно 650 лет назад ваш предок прошел бутылочное горлышко популяции? Что случилось 650 лет назад? А случилось то, что именно в те времена в Европе бушевала эпидемия черной, или бубонной оспы, которая унесла жизни трети европейского населения. Среди них было много евреев. Но не только это опустошило еврейскую популяцию в те времена. События стали разворачиваться задолго до чумы, и они, собственно, продолжали цепь событий по физическому истреблению евреев в Европе и в те времена, и до них, и после. В 1320 году 120 еврейских местечек были снесены с лица земли в южной Франции и северной Испании. 500 евреев было убито в том году в Вердене при штурме городской башни, где они держали оборону. В следующем году во Франции разнеслась весть, что евреи отравляют колодцы христиан. Пять тысяч евреев было убито. В Шиноне 160 евреев было сожжено. В 1322 году все евреи были изгнаны из Франции по указу Шарля IV. В 1328 году в Наварре из 6 тысяч евреев выжили двадцать человек. Евреи стали бежать в Литву и Польшу, где литовский принц Гедимин и польский король Казимир III взяли их под опеку. В 1336 году 1500 евреев были убиты бунтующими крестьянами в Германии (Богемия, Моравия, Эльзас, Франкония). В последующие два года евреи в Германии были обвинены в кощунстве по отношению к христианским святыням, многие были убиты и сожжены заживо.

В 1340-х годах по всей Европе началась эпидемия чумы, вину которой многие возложили на евреев, которые якобы отравляли колодцы, чтобы заразить чумой христиан. Сотни еврейских поселений были разрушены, особенно много в Базеле, Кельне, Страсбурге, Ворме, Цюрихе. В целом в Европе за несколько лет от чумы погибли 25 миллионов человек. В 1348 году истребление евреев перекинулось в Швейцарию и северную Испанию, в особенности в Барселону. Это продолжалось и в последующие годы. В 1355 году в Толедо, в Испании, более тысячи евреев были убиты только в один день, 7 мая. Многие бежали в Восточную Европу, где Казимир III продолжал предоставлять им опеку.

Так что неудивительно, что целый ряд гаплогрупп показывают прохождение евреями «бутылочного горлышка» популяции 650 лет назад.