

Ultima ratio

**Вестник Российской
Академии
ДНК-генеалогии**

**Том 1, № 5
2008 ноябрь**

Российская Академия ДНК-генеалогии

ISSN 1942-7484

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

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	811
Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. <i>А. Клёсов</i>	812
Арийский след среди тюркоязычных народов. <i>Ж. Сабитов</i>	836
Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений. <i>Д. Адамов и А. Клесов</i>	855
Древние арии: кто они были, и откуда. <i>А. Клёсов</i>	908
Откуда взялся R1a1 предковый гаплотип с DYS388=10? <i>А. Клёсов</i>	929
Гаплотипы группы R1a1 на постсоветском пространстве. <i>А. Клёсов</i>	947
Обращения читателей и персональные случаи ДНК - генеалогии. <i>А. Клёсов</i>	958

Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций

Анатолий Клёсов

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

Данная работа является развитием исследований (Клёсов, 2008а; Адамов и Клёсов, 2008), в которых обсуждаются причины обратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы, и дается теоретическая и практическая оценка вклада возвратных мутаций в расчеты времен до общих предков выборок гаплотипов.

Практика настоятельно требует создания набора простых приемов, которые позволят максимально упростить расчет времен до общего предка. Эти приемы должны включать пять стадий.

Первое – убедиться, что для рассматриваемой выборки гаплотипов есть всего один предок, или соответствующий ему эквивалент. Эквивалентом могут быть братья или другие близкие родственники (что уже находится вне предела разрешения методами ДНК-генеалогии). Суть в том, что определенное количество поколений или лет назад существовал определенный базовый, или предковый гаплотип, от которого началась разветвленная последовательность мутаций, которая и привела к рассматриваемой выборке гаплотипов потомков предка, общего для данной выборки. Для того, чтобы убедиться, что выборка

«однородная», то есть происходит от одного общего предка, есть несколько приемов.

Один – это построение дерева гаплотипов, которое должно сходиться к одному гаплотипу. Это и есть базовый, или предковый гаплотип. Иначе говоря, при наличии одного предка для всей выборки – в дереве гаплотипов не должно быть выраженных ветвей, идущих от основания дерева. Базовый гаплотип может быть равен предковому, и присутствовать в выборке, причем порой во множественных копиях, а может быть получен минимизацией мутаций в гаплотипах выборки. В таком случае полученный базовый гаплотип не обязательно идентичен предковому, и может быть всего некоторым приближением. Для другого приема необходимо сравнить времена для общего предка, рассчитанные с применением линейной и логарифмической модели. Здесь линейной моделью называется вариант применения формулы $n/N/\mu = t$, где t – время до общего предка в поколениях, n – количество мутаций во всех N гаплотипах выборки, μ – средняя скорость (частота) мутаций, выраженная в числе мутаций на гаплотип на поколение. Логарифмическая модель рассматривает не число мутаций, а число базовых гаплотипов в выборке, то есть основывается на принципиально другом рассмотрении выборки гаплотипов. В этом случае необходимо сосчитать число базовых, идентичных гаплотипов в выборке, оценить число поколений до общего предка по формуле $\ln(N/m)/\mu = t_{ln}$, где m – количество базовых (идентичных) гаплотипов в выборке, t_{ln} – время до общего предка в поколениях, остальные обозначения приведены выше. Если $t = t_{ln}$ (в разумных пределах, например, в пределах 10%), то общий предок один. Если эти две величины значительно различаются

(например, в 1.5-2 раза и более) – выборка определенно гетерогенна в отношении общих предков, и таблица ниже, как и формулы выше, неприменимы для расчетов времен до общего предка. В таких случаях выборки необходимо разделять, используя дерево гаплотипов (Клёсов, 2008).

Другими словами, для однородной выборки, имеющей одного общего предка, число мутаций в гаплотипах должно согласовываться с числом базовых гаплотипов в выборке.

Очень важно, что если критерий наличия одного общего предка для выборки гаплотипов не соблюдается, или просто не рассматривался, то таблицы, данные ниже, применять некорректно. Полученный результат с большой вероятностью будет относиться к некоему фантомному общему предку, который на самом деле может оказаться суперпозицией времен до разных предков, порой разделенных тысячелетиями.

Второе – это сосчитать число мутаций в данной выборке гаплотипов. Число мутаций следует считать по отношению к базовому гаплотипу, выявленному на первой стадии расчетов (см. выше).

Третье – это рассчитать среднее число мутаций на маркер для всех гаплотипов выборки, имеющей общего предка. Например, если на двадцать 7-маркерных гаплотипов приходится 65 мутаций, то среднее число мутаций на маркер равно $65/20/7 = 0.464$.

Четвертое – это пересчитать среднее число мутаций на условную скорость мутаций, равную 0.00200 мутациям на маркер на поколение. Дело в том, что каждый маркер имеет свою скорость мутаций, и в зависимости от набора маркеров в гаплотипе их средняя скорость мутаций разная. Эти скорости мутаций даны в Таблице 1 для наиболее часто рассматриваемых гаплотипов. Например, для 7-маркерных гаплотипов (продолжая пример выше) средняя скорость мутаций равна не 0.00200, а 0.00186 мутаций на гаплотип на поколение. Поэтому в пересчете на такую среднюю скорость 65 мутаций в двадцати 7-маркерных гаплотипах даст не 0.464 мутаций на маркер, а $0.464 \times 2 / 1.86$ (это – упрощенное $0.464 \times 0.002 / 0.00186$) = 0.499. Это – для условного гаплотипа, имеющего скорость мутаций 0.002 на маркер на поколение.

Пятое – применить Таблицу 2 (см. ниже), которая дает поправку на возвратные мутации. Например, среднему числу мутаций 0.499 на маркер (при скорости мутаций 0.002 на маркер на поколение) соответствует 331 поколение в таблице 2 ниже, то есть 8275 лет до общего предка для 20 носителей данных гаплотипов.

Без такого пересчета нам пришлось бы давать 11 таблиц по типу Таблицы 2, приведенной ниже, по одной на каждый гаплотип в Таблице 1.

Если ограничиться только линейной моделью, без учета возвратных мутаций, то 65 мутаций в двадцати 7-маркерных гаплотипах дадут всего $65 / 20 / 0.013 = 250$ поколений до общего предка, вместо 331 поколений (с учетом возвратных мутаций). Вместо 8275 лет до общего предка получится 6250 лет, на две с лишним тысячи лет меньше. Если

применить скорости мутаций не на гаплотип, а на маркер, которые тоже даны в Таблице 1, то получится $65/140/0.00186 = 250$ поколений, то есть то же самое, с той же большой ошибкой (без учета возвратных мутаций) , что и при применении скоростей на маркер.

Таблица 2 позволяет вносить вклад возвратных мутаций и в число поколений до общего предка, рассчитанное с помощью простой линейной модели, или с помощью логарифмической модели, в которой тоже не учтены возвратные мутации. Например, находим 250 поколений до общего предка, рассчитанные выше для 65 мутаций в двадцати 7-маркерных гаплотипов (линейная модель, без учета возвратных мутаций), во второй колонке Таблицы 2, и читаем – 331 поколение, или 8275 лет с учетом возвратных мутаций.

Таблица 1

Средние скорости мутаций на гаплотип и маркер, рассчитанные по данным (Chandler, 2006) с модификациями для 25, 37- и 67-маркерных гаплотипов (Клёсов, 2008)

Гаплотипы в формате FTDNA	Средняя скорость мутаций на поколение (25 лет)		Примечания
	На гаплотип	На маркер	
393-390-19-391-X-X-X-388-X-X-392-X	0.0088	0.00147	6-маркерный гаплотип в «научном» формате: 19-388-390-391-392-393
393-390-19-391-X-X-X-X-X-389 ¹ -392-389 ²	0.013	0.00186	7-маркерный гаплотип, пропущены маркеры 385a, 385b, 426, 388, 439
393-390-19-391-385a-385b-X-Y-Z-389 ¹ -392-389 ²	0.017	0.00189	9-маркерный гаплотип, пропущены маркеры 426, 388, 439
393-390-19-391-X-Y-Z-388-439-389 ¹ -392-389 ²	0.018	0.00200	9-маркерный гаплотип, пропущены маркеры 385a, 385b, 426
393-390-19-391-385a-385b-X-388-Y-389 ¹ -392-389 ²	0.018	0.00180	10-маркерный гаплотип, пропущены маркеры 426, 439
393-390-19-391-385a-385b-X-Y-439-389 ¹ -	0.022	0.00220	10-маркерный гаплотип,

392-389 ²			пропущены маркеры 426, 388
393-390-19-391-X-Y- 426-388-439-389 ¹ -392- 389 ²	0.018	0.00180	10-маркерный гаплотип, пропущены маркеры 385a, 385b
393-390-19-391-385a- 385b-426-388-439- 389 ¹ -392-389 ²	0.022	0.00183	12-маркерный гаплотип
393-390-19-391-385a- 385b-426-388-439- 389 ¹ -392-389 ² -458- 459a-459b-455-454- 447-437-448-449-464a- 464b-464c-464d	0.046	0.00184	25-маркерный гаплотип
Стандартный 37- маркерный гаплотип	0.090	0.00243	37-маркерный гаплотип
Стандартный 67- маркерный гаплотип	0.145	0.00216	67-маркерный гаплотип

Таблица 2.

Число поколений (25 лет на поколение по калиброванным данным) и лет, рассчитанные для средних значений мутаций на маркер для скорости мутаций 0.002 мутаций на маркер на поколение.

Для гаплотипов, для которых средняя скорость мутаций отличается от 0.002 (см. Табл. 1, третья колонка) среднее число мутаций на маркер должно быть соответственно пересчитано.

Если число поколений до общего предка рассчитано по линейной модели, без учета возвратных мутаций, и для приведенного выше примера равно $65/(20 \times 0.013) = 250$ поколений до общего предка, то по таблице ниже находится, что это число, приведенное во второй колонке, соответствует 331 поколению с учетом возвратных мутаций.

За основу данной таблицы взята сокращенная таблица, опубликованная в работе (Адамов и Клёсов, 2008) и составленная Д. Адамовым.

Среднее число мутаций на маркер	Число поколений до общего предка выборки		Число лет до общего предка выборки с учетом возвратных мутаций
	для линейной модели	с учетом возвратных мутаций	
0.002	1	1	25
0.004	2	2	50
0.006	3	3	75
0.008	4	4	100
0.010	5	5	125
0.012	6	6	150
0.014	7	7	175
0.016	8	8	200
0.018	9	9	225
0.020	10	10	250
0.022	11	11	275
0.024	12	12	300
0.026	13	13	325
0.028	14	14	350
0.030	15	15	375
0.032	16	16	400

0.034	17	17	425
0.036	18	18	450
0.038	19	19	475
0.040	20	20	500
0.042	21	21	525
0.044	22	22	550
0.046	23	23	575
0.048	24	25	625
0.050	25	26	650
0.052	26	27	675
0.054	27	28	700
0.056	28	29	725
0.058	29	30	750
0.060	30	31	775
0.062	31	32	800
0.064	32	33	825
0.066	33	34	850
0.068	34	35	875
0.070	35	36	900
0.072	36	37	925
0.074	37	38	950
0.076	38	40	1000
0.078	39	41	1025
0.080	40	42	1050
0.082	41	43	1075
0.084	42	44	1100
0.086	43	45	1125
0.088	44	46	1150
0.090	45	47	1175
0.092	46	48	1200
0.094	47	50	1250
0.096	48	51	1275
0.098	49	52	1300
0.100	50	53	1325
0.102	51	54	1350
0.104	52	55	1375
0.106	53	56	1400
0.108	54	57	1425
0.110	55	58	1450
0.112	56	60	1500
0.114	57	61	1525
0.116	58	62	1550

0.118	59	63	1575
0.120	60	64	1600
0.122	61	65	1625
0.124	62	66	1650
0.126	63	67	1675
0.128	64	68	1700
0.130	65	69	1725
0.132	66	71	1775
0.134	67	72	1800
0.136	68	73	1825
0.138	69	74	1850
0.140	70	75	1875
0.142	71	77	1925
0.144	72	78	1950
0.146	73	79	1975
0.148	74	80	2000
0.150	75	81	2025
0.152	76	83	2075
0.154	77	84	2100
0.156	78	85	2125
0.158	79	86	2150
0.160	80	87	2175
0.162	81	89	2225
0.164	82	90	2250
0.166	83	91	2275
0.168	84	92	2300
0.170	85	93	2325
0.172	86	95	2375
0.174	87	96	2400
0.176	88	97	2425
0.178	89	98	2450
0.180	90	99	2475
0.182	91	100	2500
0.184	92	102	2550
0.186	93	103	2575
0.188	94	104	2600
0.190	95	105	2625
0.192	96	107	2675
0.194	97	108	2700
0.196	98	109	2725
0.198	99	110	2750
0.200	100	111	2775

0.202	101	112	2800
0.204	102	114	2850
0.206	103	115	2875
0.208	104	116	2900
0.210	105	117	2925
0.212	106	118	2950
0.214	107	120	3000
0.216	108	121	3025
0.218	109	122	3050
0.220	110	123	3075
0.222	111	124	3100
0.224	112	126	3150
0.226	113	128	3200
0.228	114	129	3225
0.230	115	130	3250
0.232	116	132	2200
0.234	117	133	3325
0.236	118	134	3350
0.238	119	135	3375
0.240	120	136	3400
0.242	121	138	3450
0.244	122	140	3500
0.246	123	141	3525
0.248	124	142	3550
0.250	125	143	3575
0.252	126	145	3625
0.254	127	146	3650
0.256	128	147	3675
0.258	129	148	3700
0.260	130	149	3725
0.262	131	150	3750
0.264	132	152	3800
0.266	133	154	3850
0.268	134	155	3875
0.270	135	156	3900
0.272	136	158	3950
0.274	137	159	3975
0.276	138	161	4025
0.278	139	162	4050
0.280	140	163	4075
0.282	141	164	4100
0.284	142	166	4150

0.286	143	167	4175
0.288	144	168	4200
0.290	145	169	4225
0.292	146	170	4250
0.294	147	172	4300
0.296	148	174	4350
0.298	149	175	4375
0.300	150	176	4400
0.302	151	178	4450
0.304	152	179	4475
0.306	153	180	4500
0.308	154	182	4550
0.310	155	183	4575
0.312	156	184	4600
0.314	157	186	4650
0.316	158	187	4675
0.318	159	188	4700
0.320	160	190	4750
0.322	161	192	4800
0.324	162	193	4825
0.326	162	195	4875
0.328	164	196	4900
0.330	165	197	4925
0.332	166	198	4950
0.334	167	200	5000
0.336	168	202	5050
0.338	169	203	5075
0.340	170	204	5100
0.342	171	206	5150
0.344	172	208	5200
0.346	173	210	5250
0.348	174	211	5275
0.350	175	212	5300
0.352	176	214	5350
0.354	177	216	5400
0.356	178	217	5425
0.358	179	218	5450
0.360	180	219	5475
0.362	181	220	5500
0.364	182	222	5550
0.366	183	224	5600
0.368	184	225	5625

0.370	185	226	5650
0.372	186	228	5700
0.374	187	229	5725
0.376	188	230	5750
0.378	189	232	5800
0.380	190	234	5850
0.382	191	236	5900
0.384	192	238	5950
0.386	193	239	5975
0.388	194	240	6000
0.390	195	241	6025
0.392	196	242	6050
0.394	197	244	6100
0.396	198	246	6150
0.398	199	248	6200
0.400	200	249	6225
0.402	201	250	6250
0.404	202	252	6300
0.406	203	254	6350
0.408	204	256	6400
0.410	205	257	6425
0.412	206	258	6450
0.414	207	260	6500
0.416	208	262	6550
0.418	209	264	6600
0.420	210	265	6625
0.422	211	266	6650
0.424	212	268	6700
0.426	213	270	6750
0.428	214	272	6800
0.430	215	273	6825
0.432	216	274	6850
0.434	217	276	6900
0.436	218	278	6950
0.438	219	280	7000
0.440	220	281	7025
0.442	221	282	7050
0.444	222	284	7100
0.446	223	286	7150
0.448	224	288	7200
0.450	225	289	7225
0.452	226	290	7250

0.454	227	292	7300
0.456	228	294	7350
0.458	229	296	7400
0.460	230	297	7425
0.462	231	298	7450
0.464	232	300	7500
0.466	233	302	7550
0.468	234	304	7600
0.470	235	306	7650
0.472	236	308	7700
0.474	237	310	7750
0.476	238	311	7775
0.478	239	313	7825
0.480	240	314	7850
0.482	241	316	7900
0.484	242	318	7950
0.486	242	320	8000
0.488	244	322	8050
0.490	245	323	8075
0.492	246	324	8100
0.494	247	326	8150
0.496	248	328	8200
0.498	249	330	8250
0.500	250	331	8275
0.502	251	332	8300
0.504	252	334	8350
0.606	253	336	8400
0.508	254	338	8450
0.510	255	340	8500
0.512	256	342	8550
0.514	257	344	8600
0.516	258	346	8650
0.518	259	348	8700
0.520	260	349	8725
0.522	261	350	8750
0.524	262	352	8800
0.526	263	354	8850
0.528	264	356	8900
0.530	265	358	8950
0.532	266	360	9000
0.534	267	362	9050
0.536	268	364	9100

0.538	269	366	9150
0.540	270	367	9175
0.542	271	368	9200
0.544	272	370	9250
0.546	273	372	9300
0.548	274	374	9350
0.550	275	376	9400
0.552	276	378	9450
0.554	277	380	9500
0.556	278	382	9550
0.558	279	384	9600
0.560	280	385	9625
0.562	281	387	9675
0.564	282	389	9725
0.566	283	391	9775
0.568	284	393	9825
0.570	285	395	9875
0.572	286	396	9900
0.574	287	398	9950
0.576	288	400	10000
0.578	289	402	10050
0.580	290	404	10100
0.582	291	406	10150
0.584	292	408	10200
0.586	293	410	10250
0.588	294	412	10300
0.590	295	414	10350
0.592	296	416	10400
0.594	297	418	10450
0.596	298	420	10500
0.598	299	422	10550
0.600	300	424	10600
0.602	301	426	10650
0.604	302	428	10700
0.606	303	430	10750
0.608	304	432	10800
0.610	305	434	10850
0.612	306	436	10900
0.614	307	438	10950
0.616	308	440	11000
0.618	309	442	11050
0.620	310	444	11100

0.622	311	446	11150
0.624	312	448	11200
0.626	313	450	11250
0.628	314	452	11300
0.630	315	454	11350
0.632	316	456	11400
0.634	317	458	11450
0.636	318	460	11500
0.638	319	462	11550
0.640	320	464	11600
0.642	321	466	11650
0.644	322	468	11700
0.646	323	470	11750
0.648	324	472	11800
0.650	325	474	11850
0.652	326	476	11900
0.654	327	478	11950
0.656	328	480	12000
0.658	329	482	12050
0.660	330	485	12125
0.662	331	487	12175
0.664	332	490	12250
0.666	333	492	12300
0.668	334	494	12350
0.670	335	496	12400
0.672	336	498	12450
0.674	337	500	12500
0.676	338	502	12550
0.678	339	504	12600
0.680	340	506	12650
0.682	341	508	12700
0.684	342	510	12750
0.686	343	512	12800
0.688	344	514	12850
0.690	345	517	12925
0.692	346	519	12975
0.694	347	522	13050
0.696	348	524	13100
0.698	349	526	13150
0.700	350	528	13200
0.702	351	530	13250
0.704	352	533	13325

0.706	353	535	13375
0.708	354	537	13425
0.710	355	539	13475
0.712	356	542	13550
0.714	357	544	13600
0.716	358	546	13650
0.718	359	548	13700
0.720	360	551	13775
0.722	361	553	12825
0.724	362	556	13900
0.726	363	558	13950
0.728	364	560	14000
0.730	365	562	14050
0.732	366	565	14125
0.734	367	568	14200
0.736	368	570	14250
0.738	369	572	14300
0.740	370	574	14350
0.742	371	576	14400
0.744	372	578	14450
0.746	373	580	14500
0.748	374	582	14550
0.750	375	585	14625
0.752	376	588	14700
0.754	377	590	14750
0.756	378	592	14800
0.758	379	594	14850
0.760	380	597	14925
0.762	381	600	15000
0.764	382	602	15050
0.766	383	604	15100
0.768	384	606	15150
0.770	385	609	15225
0.772	386	611	15275
0.774	387	614	15350
0.776	388	616	15400
0.778	389	618	15450
0.780	390	621	15525
0.782	391	624	15600
0.784	392	626	15650
0.786	393	629	15725
0.788	394	632	15800

0.790	395	634	15850
0.792	396	637	15925
0.794	397	640	16000
0.796	398	642	16050
0.798	399	644	16100
0.800	400	646	16150
0.802	401	649	16225
0.804	402	652	16300
0.806	403	654	16350
0.808	404	656	16400
0.810	405	659	16475
0.812	406	662	16550
0.814	407	664	16600
0.816	408	666	16650
0.818	409	669	16725
0.820	410	671	16775
0.822	411	674	16850
0.824	412	676	16900
0.826	413	679	16975
0.828	414	682	17050
0.830	415	684	17100
0.832	416	687	17175
0.834	417	690	17250
0.836	418	692	17300
0.838	419	694	17350
0.840	420	697	17425
0.842	421	700	17500
0.844	422	703	17575
0.846	423	706	17650
0.848	424	708	17700
0.850	425	710	17750
0.852	426	713	17825
0.854	427	716	17900
0.856	428	719	17975
0.858	429	722	18050
0.860	430	724	18100
0.862	431	727	18175
0.864	432	730	18250
0.866	433	733	18325
0.868	434	735	18375
0.870	435	737	18425
0.872	436	740	18500

0.874	437	743	18575
0.876	438	746	18650
0.878	439	748	18700
0.880	440	750	18750
0.882	441	753	18825
0.884	442	756	18900
0.886	443	759	18975
0.888	444	762	19050
0.890	445	764	19100
0.892	446	767	19175
0.894	447	770	19250
0.896	448	773	19325
0.898	449	776	19400
0.900	450	778	19450
0.902	451	780	19500
0.904	452	783	19575
0.906	452	786	19650
0.908	454	789	19725
0.910	455	792	19800
0.912	456	795	19875
0.914	457	797	19925
0.916	458	800	20000
0.918	459	803	20075
0.920	460	806	20150
0.922	461	809	20225
0.924	462	812	20300
0.926	463	815	20375
0.928	464	818	20450
0.930	465	821	20525
0.932	466	824	20600
0.934	467	826	20650
0.936	467	829	20725
0.938	469	832	20800
0.940	470	835	20875
0.942	471	838	20950
0.944	472	841	21025
0.946	473	844	21100
0.948	474	847	21175
0.950	475	850	21250
0.952	476	852	21300
0.954	477	855	21375
0.956	478	858	21450

0.958	479	861	21525
0.960	480	864	21600
0.962	481	867	21675
0.964	482	870	21750
0.966	483	873	21825
0.968	484	876	21900
0.970	485	879	21975
0.972	486	882	22050
0.974	487	885	22125
0.976	488	888	22200
0.978	489	891	22275
0.980	490	894	22350
0.982	491	897	22425
0.984	492	900	22500
0.986	493	903	22575
0.988	494	906	22650
0.990	495	910	22750
0.992	496	913	22825
0.994	497	916	22900
0.996	498	919	22975
0.998	499	922	23050
1.000	500	925	23125
1.002	501	928	23200
1.004	502	931	23275
1.006	503	934	23350
1.008	504	937	23425
1.010	505	940	23500
1.012	506	943	23575
1.014	507	946	23650
1.016	508	949	23725
1.018	509	952	23800
1.020	510	956	23900
1.022	511	959	23975
1.024	512	962	24050
1.026	513	965	24125
1.028	514	968	24200
1.030	515	972	24300
1.032	516	975	24375
1.034	517	978	24450
1.036	518	981	24525
1.038	519	984	24600
1.040	520	988	24700

1.042	521	991	24775
1.044	522	994	24850
1.046	523	997	24925
1.048	524	1000	25000
1.050	525	1004	25100
1.052	526	1007	25175
1.054	527	1010	25250
1.056	528	1013	25325
1.058	529	1016	25400
1.060	530	1020	25500
1.062	531	1023	25575
1.064	532	1027	25675
1.066	533	1031	25775
1.068	534	1034	25850
1.070	535	1037	25925
1.072	536	1040	26000
1.074	537	1043	26075
1.076	538	1047	26175
1.078	539	1050	26250
1.080	540	1054	26350
1.082	541	1057	26425
1.084	542	1060	26500
1.086	543	1063	26575
1.088	544	1066	26650
1.090	545	1070	26750
1.092	546	1073	26825
1.094	547	1076	26900
1.096	548	1080	27000
1.098	549	1083	27075
1.100	550	1087	27175
1.102	551	1090	27250
1.104	552	1093	27325
1.106	553	1097	27425
1.108	554	1100	27500
1.110	555	1104	27600
1.112	556	1107	27675
1.114	557	1110	27750
1.116	558	1114	27850
1.118	559	1118	27950
1.120	560	1122	28050
1.122	561	1124	28100
1.124	562	1128	28200

1.126	563	1132	28300
1.128	564	1135	28375
1.130	565	1139	28475
1.132	566	1142	28550
1.134	567	1146	28650
1.136	568	1149	28725
1.138	569	1153	28825
1.140	570	1157	28925
1.142	571	1160	29000
1.144	572	1163	29075
1.146	572	1167	29175
1.148	574	1170	29250
1.150	575	1174	29350
1.152	576	1177	29425
1.154	577	1180	28500
1.156	578	1184	29600
1.158	579	1188	29700
1.160	580	1192	29800
1.162	581	1195	29875
1.164	582	1198	29950
1.166	583	1202	30050
1.168	584	1206	30150
1.170	585	1210	30250
1.172	586	1213	30325
1.174	587	1217	30425
1.176	588	1221	30525
1.178	589	1225	30625
1.180	590	1229	30725
1.182	591	1232	30800
1.184	592	1235	30875
1.186	593	1239	30975
1.188	594	1243	31075
1.190	595	1247	31175
1.192	596	1250	31250
1.194	597	1254	31350
1.196	598	1258	31450
1.198	599	1262	31550
1.200	600	1266	31650
1.30	650	1460	36500
1.32	660	1500	37500
1.34	670	1540	38500
1.36	680	1580	39500

1.38	690	1624	40600
1.40	700	1672	41800
1.42	710	1720	43000
1.44	720	1770	44250
1.46	730	1808	45200
1.48	740	1850	46250
1.50	750	1900	47500
1.52	760	1944	48600
1.54	770	2000	50000
1.56	780	2048	51200
1.58	790	2092	52300
1.60	800	2140	53500
1.62	810	2190	54750
1.64	820	2240	56000
1.66	830	2294	57350
1.68	840	2346	58650
1.70	850	2400	60000
1.72	860	2456	61400
1.74	870	2508	62700
1.76	880	2560	64000
1.78	890	2618	65450
1.80	900	2674	66850
1.82	910	2730	68250
1.84	920	2792	69800
1.86	930	2840	71000
1.88	940	2900	72500
1.90	950	2960	74000
1.92	960	3000	75000
1.94	970	3060	76500
1.96	980	3120	78000
1.98	990	3200	80000
2.00	1000	3280	82000
2.10	1050	3600	90000
2.20	1100	3920	98000
2.30	1150	4280	107000
2.40	1200	4640	116000
2.50	1250	5040	126000
2.60	1300	5440	136000
2.70	1350	5840	146000
2.80	1400	6280	157000
2.90	1450	6720	168000
3.00	1500	7200	180000

Литература

Клёсов, А.А. (2008) Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 1, вып. 2 (июль), стр. 252-348.

Адамов, Д.С. и Клёсов, А.А. (2008) Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 1, вып. 4 (октябрь), стр. 631-645.

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

Арийский след среди тюркоязычных народов

Жаксылык Сабитов

asan-kaygy@yandex.ru

Основной целью настоящей статьи является ответ на вопрос, откуда у многих тюркоязычных народов наблюдается высокий процент гаплогруппы R1a1. К ним относятся алтайцы, киргизы, хакасы и др. азиатские и среднеазиатские народы.

Чтобы понять, откуда там могли появиться R1a1, сделаем экскурс в историю региона.

Народы скифского мира

Скифо-сакские племена были по всей видимости наследниками Андроновской культуры, и, вполне возможно, были носителями гаплогруппы R1a1.

Впервые скифы начали фигурировать в исторических источниках начиная с конца 8 века до н.э. Около 720 года до н.э. скифы пришли в причерноморские степи с востока, вытеснив киммерийцев с их родины. Киммерийцы («гиммири» в ассирийских источниках), обойдя Черное море, через Босфор вторглись в Малую Азию, а скифы (известные в ассирийских источниках как «ишкузы»), через Кавказ вторглись в Иран и воевали с Ассирией. Их продвижение было остановлено Саргоном II (722-705).

В 676 году новое продвижение скифов было остановлено ассирийским царем Асархаддоном [1]. Но около 657 года скифы взяли Сарды, разграбив Лидийское царство[2].

Согласно Геродоту, скифы господствовали в Азии 28 лет (653-625), держа в своей зависимости Мидию и другие государства [2]. Один из скифов этого периода 2600 лет назад мог стать родоначальником одного из кланов R1a1 в Анатолии. Именно эту дату показывает рассмотрение

набора 36 девятимаркерных гаплотипов R1a1 в Анатолии, с предковым гаплотипом [3]

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

Интересно, что набор из 26 гаплотипов России, Украины и Средней Азии (Казахстан, Таджикистан) сходится к одному и то му же предковому гаплотипу

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

идентичного гаплотипу выше (предполагаемому скифскому), и показывает время жизни общего предка 4500 лет назад [4]. Естественно, 4500 лет назад скифов как таковых не было, но их общий предок просматривается из данного сопоставления гаплотипов.

Позже скифы пошли в поход на Египет, где фараон Псамметих I смог от них откупиться. В 612 году до н.э. скифы в составе антиассирийской коалиции взяли Ниневию, положив тем самым конец государству Ассирия. Часть скифов обосновалась на Ближнем Востоке в Беф-Сане, который называли Скифополем и жители которого еще в начале первого века н.э. знали свое скифское происхождение [1].

Зависимости Мидии от скифов смог положить конец царь Мидии Киаксар. Он пригласил в гости множество скифов, напоил их допьяна и перебил [5]. После этого скифы вынуждены были уйти из Азии и вернуться в Причерноморье [6].

Сведения о скифах содержатся в двух группах источников: античных и персидских. Геродот, говоря о скифах, употребляет этот термин в применении к причерноморским скифам. При этом он приводит такие слова: «Это племя называлось амюргийскими саками, персы ведь всех скифов зовут саками». Отсюда следует, что этноним сак был синонимом термина скиф.

Согласно персидским источникам было три группы саков:

1. Сака тийа-парадарайа (саки, живущие за морем) – причерноморские скифы, в греческих источниках. Как известно, они пришли с Востока,

вытеснив киммерийцев на юг. Именно эта группа вторглась в Малую Азию и на Ближний Восток.

2. Сака-тиграхауда (саки, носящие остроконечные шапки). Они были известны среди греков как Саки-ортокарибантии. Ученные до сих пор спорят о локализации данного племени, но, скорее всего, районом их расселения был юг Казахстана, Киргизия и район Ташкента.

3. Сака-хаомаварга (саки, варящие напиток хаому). Хаома (сома в индийской мифологии) – ритуальный напиток в честь одноименного бога, обладающий наркотическими, галлюциногенными свойствами¹. Хаомаварга проживали в основном на территории современного Таджикистана, и были известны в греческих источниках как амюргийские саки.

В источниках упоминалась еще группа саков, Сака тийа пара Сугдам (Саки, живущие за Согдом), но о ней было очень мало известий [7]. Позже, через несколько веков, было зафиксировано племя сакарауки (блестящие Саки).

Надо думать, что связи саков с Индией были очень сильны: во времена Селевкидов многие сакские племена вторгались на юг, основывая на территории Индии и Пакистана мелкие царства. Можно отметить тот факт, что Будда (Гаутама Шакьямуни) происходил из племени шакьев, которое, возможно, являлось одним из сакских кланов, оказавшихся в Индии. Факт тождества сакского бога Хаомы и индийского бога Сомы подтверждает культурную близость саков и индусов. Саки были тем народом, против которого были направлены антидэвовские надписи персидских правителей. Надо думать, что они, как и индусы сохранили веру в дэвов, в отличие от персов, которые были приверженцами Ахура-Мазды (ахуров, асуров).

Геродот говорит о возрасте скифов следующее: «По рассказам скифов, народ их моложе всех...». Поскольку со времен первого царя Таргитая до вторжения в их землю Дария прошло 1000 лет [8], то можно считать, что скифы как этнос возникли около 3500 лет назад.

¹ Относительно отождествления хаомы с реальным растением выдвигалось множество гипотез: *Salvia Persepolitana* (растение, встречающееся только в Персии), вереск, белена, конопля, мухомор, ревень, молочай, эфедра и др.

Геродот также упоминает о самоназвании скифов следующими словами: «Все вместе они называются сколотами, т.е. царскими. Эллины же зовут их скифами» [8].

Савроматы

Приведем данные Геродота о племени савроматов. Они проживали на восток от причерноморских скифов, в районе Западного Казахстана, и были племенем, вклинившимся между среднеазиатскими саками и причерноморскими скифами. Согласно Геродоту, савроматы были потомками женщин-амазонок, переселившихся из Малой Азии, и молодых скифов, которые стали отцами савроматов [9]. Савроматы являлись предками сарматов и аланов, а также других более мелких племен. Культура савроматов отличалась от скифской, но по гаплогруппе она скорее всего будет идентичной скифам.

Судьба скифов была печальна. В Причерноморье они стали терпеть поражения от сарматов, и, в конце концов, утратили свою независимость. Известно, что в Средней Азии саки были покорены и вошли в состав народа усунь [10]. Что касается сарматских племен, то очень многие из них участвовали в великом переселении народов. Сарматские племена аланы (ясы), роксаланы, языги, аорсы расселились по всей Европе от Кавказа и Венгрии до Северной Африки. В эпоху Великого переселения аланы были единственным негерманским народом, создавшим в Западной Европе большое число поселений и несколько государственных образований. Только во Франции и Северной Италии сегодня известно около 300 городов и селений с аланскими названиями.

Аланы жили также на территории нынешних Испании, Португалии, Швейцарии, Румынии и других стран. Позже Аланы еще раз мигрировали, и в Венгрии есть историческая область Ясшаг, где проживали этнические аланы.

Говоря о скифских племенах, нужно упомянуть также о массагетах, даях и парнах. Согласно Кляшторному С.Г. [11], даи и массагеты были одним племенем. Позже парны, одно из племен даев, во главе с родом Аршакидов, смогло основать на территории Ирана государство Парфию.

Канглы (Кангюй, Кангха)

Хотя в различных источниках страна Кангха фигурирует начиная с 14 века до н.э., возвышение «дома Кан» начинается со 3-2 веков до н.э. Этой стране численностью 600 тысяч человек [12] были подчинены владения Янь (сарматы) и Яньцай (аланы) в конце 2 века до н.э. Государство Кангюя со столицей Битянь было расположено в присырдарьинской области. В 6 веке н.э. кангюйцы были включены в состав Тюркского каганата, где были известны под названием баджанак и кангар². В середине 8 века баджанак (канглы) были вытеснены с родины огузскими племенами. Часть канглы вынуждены были эмигрировать на запад, часть покорила огузам, остальная часть ушла к кипчакам. Уходя на запад от напирających с востока врагов баджанак подошли вплотную к границам Византии и Киевской Руси. В летописях они стали известны под именем печенегов (измененная форма от баджанак). Потомки тех печенегов были позже вытеснены в Восточную Европу, после разгрома, который был учинен половцами (кипчаками). Потомки же племени канглы, оставшиеся среди огузов и кипчаков, остались и поныне среди казахов, киргизов, башкир и др.

Динлинская проблема (R1a и R1b)

В 1909 году Грум-Гржимайло выпустил статью «Белокурая раса в Средней Азии», в которой на основе китайских источников пришел к мнению, что на заре китайской истории представители белой расы имели широкое распространение в Азии.

В 1959 году в Известиях Всесоюзного Географического общества СССР (№ 1) Гумилев Л.Н. выпустил статью, в которой на основе данных палеоантропологии и истории провел ревизию гипотезы Грум-Гржимайло. Прочитируем отрывок из нее:

«Дебец считает долихоцефальный южносибирский тип, т.е. динлинов, протоевропеоидным, "близким к кроманьонскому", а сходство его с "северным" объясняет конвергенцией. Действительно, тип этот уходит в глубокую древность, предшествуя по времени формированию арийского языкового единства (середина III тысячелетия). Вместе с этим он отмечает

² Как соотносились два этнонима не понятно, существует мнение, что Канг было название владетельного дома, а баджанак названием народа.

европеоидный брахикранный тип, смешанный с монголоидным узколицым типом, причем эта смесь попадает в Сибирь из Китая примерно в XVII в. до н.э. ("карасукцы"). В это время китайская история констатирует выселение из Китая на север сторонников низвергнутой династии Ся. В 1764 г. до н.э. царевич Шун Вэй и его спутники поселились с кочевниками и приняли их образ жизни. Легенда подтверждается археологией, но они обе подтверждают гипотезу Грумм-Гржимайло. Очевидно, брахикранный европеоидный тип принесли из Китая ди. Другая разновидность ди - усунь - также короткоголова» [13].

Основными же выводами Л.Н. Гумилева были:

1. Древняя белая раса в Центральной Азии действительно существовала. Южносибирская долихоцефальная (динлины) и северокитайская брахицефальная (ди) относились друг к другу как расы второго порядка европейского расового ствола.
2. Прямой связи с европейцами динлины не имели, являясь ветвью, отклонившейся еще в палеолите.
3. Степные динлины вошли в состав хуннов, сообщив им некоторые европеоидные черты (высокие носы, пышные бороды), а степными потомками ди были усунь и теле. [13]

Мы же на основе новых данных ДНК-генеалогии хотели предложить свою трактовку событий.

Полагаем, что антропологическое сходство европейцев и азиатских динлинов было результатом не конвергенции, а того, что европейские носители гаплогруппы R1b являлись родственным по отношению к динлинам. Напомним, что одной из основных гаплогрупп западноевропейских (и ряда азиатских) популяций является R1b. Согласно данным Клесова А.А., предок европейских R1b пришел в Европу 4000-4500 лет назад, а сама гаплогруппа появилась в Азии 16000 лет назад [14].

В качестве рабочей гипотезы можно предположить, что динлины были носителями R1b гаплогруппы, в то время как северокитайские ди были обладателями гаплогруппы R1a.

Как известно, народы ди и жуны соседствовали с китайцами. Существует весьма обоснованное мнение, что китайские колесницы, вместе со звериным стилем в искусстве и некоторыми бронзовыми орудиями, были заимствованы китайцами у северо-западных «варваров» [15]. Гумилев Л.Н. характеризуя древнее население Сибири и Монголии писал:

«Динлины же населяли Саяно-Алтайское нагорье, Минусинскую котловину и Туву. Тип их "характеризуется следующими признаками: рост средний, часто высокий, плотное и крепкое телосложение, продолговатое лицо, цвет кожи белый с румянцем на щеках, белокурые волосы, нос, выдающийся вперед, прямой, часто орлиный, светлые глаза". Эти выводы, построенные на основании письменных источников, нашли себе подтверждение и в археологии. Саяно-Алтай был родиной афанасьевской культуры³, датирующейся приблизительно с 2000 г. до н.э. Антропологически афанасьевцы составляли особую расу. Они имели "резко выступающий нос, сравнительно низкое лицо, низкие глазницы, широкий лоб - все эти признаки говорят о принадлежности их к европейскому стволу. От современных европейцев афанасьевцы отличаются, однако, значительно более широким лицом⁴. В этом отношении они сходны с верхне-палеолитическими черепами Западной Европы, т.е. с кроманьонским типом в широком смысле этого термина".

Наследниками афанасьевцев были племена тагарской культуры, дожившей до III в. до н.э. Это заставляет думать, что афанасьевцы-динлины пронесли свою культуру через века, несмотря на нашествия иноплеменников.

Около 1200 г. в Минусинских степях андроновскую культуру вытеснила новая, карасукская, принесенная переселенцами с юга, из Северного Китая, с берегов Желтой реки. Впервые в Западную Сибирь проникает китайский стиль. Это не просто заимствование. Вместе с новой культурой в могильниках появляется новый расовый тип - смесь монголоидов с европеоидами, причем европеоиды брахикранны, а монголоиды узколицы и принадлежат к "дальневосточной расе азиатского ствола". Такая раса сложилась в Северном Китае в эпоху Яншао. Внешне

³ Афанасьевцы покойников хоронили в курганах. Афанасьевские памятники представлены могильниками и поселениями Балыктуоль, Ело, Кара-Тенеш, Теньга, Большой Толгоек, Арагол, Курота и др.

⁴ Кельтско-нордическому западно-европейскому типу характерны долихоцефалия и тонкий лепторинный нос, который бывает часто (но не обязательно) орлиным.

представители ее напоминают современных узбеков, которые тоже являются продуктом смешения европеоидного и монголоидного компонентов. На месте они перемешались в свою очередь, но для нас особенно важно отметить, что "в Южную Сибирь переселился уже смешанный народ. К узколицым южным монголоидам примешан европеоидный брахикранный тип, происхождение коего неясно, так же как и место его в систематике" Динлины исчезли с исторической арены в середине II в. н.э.... Итак, динлины были тем народом, с которым смешались пришедшие с юга предки хуннов» [16].

Полагаю, что через посредство гуннов гаплогруппа R1b смогла оказаться в различных азиатских популяциях. Как известно, среди гуннов орлиный нос был широко распространен.

Благодаря новым данным ДНК-генеалогии мы можем внести поправку в динлинскую проблему: **Антропологическое сходство европейцев R1b и азиатских динлинов (афанасьевская культура) было результатом не конвергенции, а того, что европейские R1b являлись родственными по отношению к динлинам.**

Народы Ди и Теле (гаогюй, огузы)

Народ ди соседствовал с китайцами на протяжении многих веков, он делился на множество различных племен.

Как предполагал Гумилев Л.Н., ди в греческих источниках назывался Серы:

«Птолемей на территории современного Китая помещает два разных народа: *сины* и *серы*. Сины помещены южнее серов и названа столица их - Тина, лежащая в глубине от порта Каттигары.

Карта Птолемея столь приблизительна, если не сказать фантастична, что идентификация названий крайне затруднительна, но это для нашей темы не важно. Существенно другое: сины, несомненно, подлинны китайцы империи Цинь, и они не отождествляются с серами, поставлявшими шелк-серикум в Парфию и Римскую империю. Серы упоминаются раньше, чем сины, и в другой связи: греко-бактрийский царь Эвтидем около 200 г. до н.э. расширил свои владения на востоке "до владений фаунов (цянов) и серов". Впоследствии, когда установилась

торговля шелком по Великому караванному пути, название "серы" применялось к поставщикам шелка в бассейне Тарима, а не к самим китайцам.

Следующее, еще более важное сообщение о серах, которое Томсон расценивает как "нелепое", основано на рассказе цейлонских послов. Согласно их словам, серы - рослые, рыжеволосые и голубоглазые люди, живущие за Эмодом (Гималаями)». [17]

Нам в данном контексте очень интересны два племени из народа ди: байди (белые ди) и чиди (красные ди). До 636 г. до н.э. байди жили в Хэси вместе с красными ди, но в указанный год были изгнаны китайским князем Вын Гуном. О чи-ди (красных ди) мы впоследствии много слышим, но куда пропали белые ди?

Согласно устной информации, полученной от Алифбека Хийшалова, Гумилев Л.Н. писал, что бади - местное название горных племен Ишкашима. Бади ныне этимологизируется от слова "бад" - ветер, но это явное осмысление непонятого чужого слова [18]. Таким образом, Гумилев Л.Н. фактически выводил происхождение ишкашимцев от белых ди, племени, обитавшего до 7 века до н.э. в Китае.

Второе племя чи-ди.

О чи-ди, или красных ди, Гумилев Л.Н., ссылаясь на Бичурина, писал: «Дили были, по-видимому, родственны ди, так как второе их название - чи-ди, т.е. красные ди.... В чистом виде нам этот народ неизвестен, но мы его встречаем как доминирующий компонент, прежде всего, в теле (возможно, вариация этнонима дили), т.е. племенной группе, в которую входили уйгуры... Переселение их на север - явление сравнительно позднее: в III в. до н.э. они были разлучены со своими единоплеменниками в Сычуани и вытеснены в степь, а в IV в. н.э. перешли на север в Джунгарию... [17]

Китайцы называли эти племена гаогюй (высокие теле) или просто теле, сами же они себя называли огузами [19].

Согласно легенде, приведенной китайскими летописцами, «Родоначальником гаогюйцев был сын по дочери хуннского правителя». Непосредственно с принцем-родоначальником связывались 6 родов (племен), но отмечено, что «в это время среди гаогюйцев было еще 12 фамилий» [20].

Еще известно, что сеяньто (кипчаки, одно из крупнейших телеских племен) были по происхождению союзом двух племен: хуннского племени Яньто и правящего рода Се, который истребил верхушку племени Яньто и захватил власть в племени. [21]. Возможно Се – это Серы греческих источников, или те же чиди китайских источников.

Таким образом, можем подвести итог, что основой племен Теле были чиди (красные ди) и отдельные хуннские рода. Телеские племена начали переселяться на запад еще в 5-м веке [20].

Родоплеменной состав теле, проживавших в Монголии в 7 веке, выглядел следующим образом [19]:

- Сеяньто (кипчаки)
- Уйгуры
- Туба
- Курыканы
- Теленгуты
- Бугу
- Байырку
- Тонгра
- Хун

Судьба этих племен сложилась по-разному:

1. Сеяньто вместе с тюркютами⁵ создали Второй Тюркский каганат, где играли ведущую роль после тюркютов. В 740-745 годах их родственники уйгуры сокрушили Тюркский каганат, и сеяньто бежали на запад к кимакам, где стали известны под новым именем кипчаки [21]. Они широко распространились от востока Казахстана до Восточной Европы. Племя кипчак вошло в состав таких народов, как башкиры, узбеки, каракалпаки, казахи, ногаи, киргизы, крымские татары и т.д.
2. Уйгуры в 745-840 году владели Монголией, но, потерпев поражение от енисейских киргизов, бежали в Восточный Туркестан, где, перемешавшись с автохтонным населением, дали имя новому народу.
3. Племя Туба под именем Тубалары (лар в тюркских языках – окончание множественного числа), проживает на левобережье реки Бия и северо-

⁵ Так принято называть древних тюрков, создателей Тюркского каганата, чтобы не путать лингвистические и этнические названия

западном побережье Телецкого озера. Оно входит в состав северных алтайцев. Возможно, это племя дало начало тувинцам.

Теперь мы попытаемся реконструировать события, повлекшие за собой возникновение второй группы R1b1b1, возраст которой в Азии оценивается в 750-1225 лет [23]. В состав этой группы входят тувинцы, уйгуры и казахи рода кипчак.

До 740 года представители этих трех народов жили вместе на территории Монголии, но в 740-745 годах уйгуры разбили тюркутов и сеяньто. Сеяньто бежали на запад, где сменили название на самоуничижительное название кипчак, что переводится как пустой, никчемный.

Возможно, именно к этому временному периоду относится жизнь предка для этой группы. Не исключено, что часть сеяньто бежало к племени туба, проживавшему около озера Хубсугул, а часть осталась среди уйгур, и потом уже в 840 году вместе с ними откочевала в район Восточного Туркестана.

Другим событием, перетасовавшим этническую карту Евразии и кипчаков, могло быть монгольское нашествие.

Оба события подходят по времени, но первая версия предпочтительней, так как она встречает меньше противоречий, чем вторая версия.

Продолжим перечень насчет других племен, приведенных выше:

4. Курыканы, согласно одной из распространенной версий, дали начало якутскому этносу.
5. Теленгуты, под именем теленгитов, вошли в состав южных алтайцев.
6. Бугу - возможно, имеет отношение к киргизскому племени Бугу.
7. Судьба племен Тонгра и Байырку неизвестна. Вероятно, были ассимилированы монгольскими племенами, так как проживали в непосредственном соседстве с ними.
8. Племя кун в середине 11 века переселилось на запад к кипчакам.

Кроме этих телеских племен можно отметить такие западные племена, как хазары, барсилы, болгары⁶ [24], кимаки [25], огузы.

Около 463 года на запад из Азии вторглись племена огуры, сарагуры (белые огуры), оногуры – всего насчитывают десять племен огуров, в 466 году эти племена разбили гуннов-акациров, положив конец гуннам. Позже на базе этих огурских племен возник новый этноним болгар. В 480 году болгары фактически спасли Византию от нашествия остготов, хотя в 6-м веке болгары были в зависимости от вторгшихся с Азии авар. В 635 году вождь болгар Кубрат смог сокрушить аварское господство в Причерноморье. Основанное им Болгарское государство просуществовало недолго. Пять его сыновей разделили болгарские земли и племена, что привело к тому, что хазары смогли поодиночке разбить всех болгар.

Часть болгар во главе с Аспарухом ушла на запад, где в 679 году основали Болгарское царство на Дунае. В итоге тюркоязычные болгары довольно быстро растворились в массе славянского населения, оставив им свое имя. Другая группа болгар ушла на север, где основало Волжскую Булгарию. В состав волжских булгар входили также два племени сувар (сабиры греческих источников) и эскель (огузское племя)[24]. Волжские булгары позже приняли ислам, но сувары не захотели принимать ислам и отделились от волжских булгар. В итоге сувары стали предками современных чувашей.

Болгары, оставшиеся на Кавказе, по мнению многих исследователей, положили начало народу балкар (Кабардино-Балкария).

Кимаки, после разгрома уйгур в 840 году, приняли в свой состав такие племена, как эймуры, баяндуры, татары. Еще раньше, в 745 году, они приняли в свой состав кипчаков, после распада Второго Тюркского каганата. Их государство существовало с 840 года до середины 11 века. Кимакское государство перестало существовать в силу того, что кипчаки, набрав сил, смогли перехватить лидерство у кимаков в середине 11 века [25].

⁶ Существуют две версии происхождения болгар. Согласно первой болгары представляли собой тюркизированных угров, Согласно второй версии болгары принадлежали к западным огурским (огузским) племенам.

Огузы проживали в Семиречье до середины 8 века. В 746 году туда вторглось алтайское тюркоязычное племя карлуков. В результате 10-летней борьбы часть огузских племен были вынуждены переселиться на запад, в приаральский регион, вытеснив оттуда баджанаков (канглы), которые откочевали в южнорусские степи и стали известными там под именем печенеги.

В 965 году между киевским князем Святославом и огузским джабгу (правителем) был заключен антихазарский союз, закончившийся разгромом Хазарского каганата. В 985 году князь Владимир в союзе с торками (огузы) совершили поход на волжских булгар [26].

В середине 11 века под давлением кипчаков Огузы вынуждены были разделиться на две части: одна часть ушла на юг и помогла сельджукидам (огузский клан) захватить власть на Ближнем Востоке. Другая часть ушла на запад, где она, по мнению некоторых исследователей, положила начало народу гагауз.

В 1054 году кипчаки впервые появились в русских летописях, где фигурируют под названием половцы. Еще в 19 веке была выдвинута идея о том, что слово половец происходит от старославянского слова плава (солома), отсюда половый (бледный, бледновато-соломенный цвет)[27]. Как с иронией писал один из известных историков – «Русские летописцы называли кипчаков бледнолицыми».

Другие названия кипчаков – армянский хардиаш, тюркские куман и сары, венгерский палоч, польский плавцы – имеют сходные этимологии и означают светлый, белый и т.д. [27].

После нашествия монголов кипчаки оказались разбросанными по всему миру: 40000 кипчаков во главе с ханом Котяном бежали в Венгрию, где расселились в исторических областях Надькуншаг (Большая Кумания, венг. Nagyikunság;), расположенной к востоку от города Сольнок вдоль течения Тисы, и Кишкуншаг (Малая Кумания, венг. Kiskunság), лежащий между Дунаем и Тисой. Потомками кипчаков-половцев в Венгрии считается этнографическая группа плавцы. Среди тюркоязычных народов кипчаки сохранились у башкир, казахов, узбеков, киргизов, татар и др.

Таким образом, ознакомив читателей с кратким историческим обзором, мы подошли к главному вопросу статьи: откуда у некоторых тюркоязычных народов столь большой процент гаплогруппы R1a1. Рассмотрим некоторые из этих народностей.

Алтайцы

Алтайцы не представляют из себя единого этноса. Они делятся на две группы – южные и северные алтайцы. Южные алтайцы (алтай-кижи), говорящие на южноалтайском языке, включают телеутов, теленгитов и телесов, которые по переписи 2002 года учитывались как отдельные народы. Северные алтайцы, говорящие на северноалтайском языке, включают кумандинцев, челканцев и тубаларов.

В отношении субэтнического подразделения алтайцев можно предположить, что теленгиты и тубалары входили в состав телеских племен, а название телеут (ут – окончание множественного числа в монгольском языке) и телес являются всего лишь вариантами этнонима теле.

Таким образом можно резюмировать, что высокое содержание R1a1 среди алтайцев вызвано происхождением от телеских (гаогюйских) племен времен Тюркского каганата.

Киргизы

Около трети киргизских родов имеет аналоги среди других тюркоязычных народов (рода кипчак, канглы, кунграт, аргун и т.д.). Две трети родов уникальны в том отношении, что встречаются только у киргизов. Возможно, эти рода связаны с автохтонным населением. Как известно, на территории Киргизии проживали сакские племена, позже сюда с востока пришло племя усунь, которое по антропологическим признакам было схоже с племенами ди. Позже, в 436 году, усунь под давлением врагов переселилось в Луковые горы (западные отроги Тянь-шаня) [28] Также многие огузские (телеские) племена обитали на территории Киргизии. Надо думать, что здесь высокий процент R1a1 появился тремя путями –

от сакских племен, от усунь, и от телеских племен. Среди историков также бытует версия о переселении в Киргизию части енисейских киргизов.

Таджики и узбеки

Высокий процент R1a у этих двух этносов связан с сакскими племенами, проживавшими здесь в древности, а именно с саками-хаомаварга и частично с саками-тиграхауда. Если с этногенезом таджиков более или менее ясно, то этногенез узбеков очень сложен. Как нация, узбеки образовались в 30-ые годы прошлого века. До этого на территории страны жили кочевые узбеки, сарты (городские тюркоязычные жители), таджики, уйгуры, казахи, и различные племена, не идентифицирующие себя с каким-либо этносом. До этого среди населения Узбекистана преобладала религиозная идентификация (мусульмане), хотя среди разных групп были другие способы идентификации. Например, кочевой узбек на вопрос «кто ты?» обычно называл свою родовую принадлежность (барлас, мангыт, кунград), а сарты называли региональную принадлежность (кокандец, бухарец, ташкентец).

Среди узбеков гаплогруппа R1a1 могла остаться от сакских племен и огузских (телеских) племен.

Хакасы

Хакасы являются потомками енисейских киргизов. Гумилев Л.Н. считал киргизов потомками динлин и народа гяньгунь неизвестного происхождения [29]. Надо думать, что народ гяньгунь принадлежал к потомкам Андроновской культуры, которая занимала с 1700 по 1200 гг до н.э. западную половину Южной Сибири и Казахстан до Урала. Носители ее в XVIII в. до н.э. овладели Минусинской котловиной [16].

Ишкашимцы

Согласно гипотезе Гумилев Л.Н. ишкашимцы происходят от племени байди, хотя возможен вариант, что они происходят от саков. Возможен и смешанный вариант.

Послесловие

Отвечая на поставленный в начале этой работы вопрос, мы хотим сказать, что высокое содержание гаплогруппы R1a1 в вышеперечисленных народах объясняется несколькими путями, в особенности через скифосакские племена, и через народ ди, проживавший возле Китая(байди, усунь), и их потомков - огузские (телеские) племена.

Попытаемся, исходя из этого, описать историю восточной R1a1.

Во времена андроновской культуры, ее носители заняли Минусинскую котловину, оставив там генетический след, который позже был обнаружен у хакасов. Помимо того, миграции ариев шли и по юго-восточному направлению. Таким путем народ ди пришел с запада в Китай, где китайцы заимствовали от них колесницы, вместе со звериным стилем в искусстве и некоторыми бронзовыми орудиями [15]. Расселившись рядом с китайцами, ди жили раздробленными племенами. В 7 веке до н.э. байди были изгнаны китайцами на юго-запад.

Племя усунь по антропологическим признакам было близко ди, поэтому мы предполагаем, что они тоже были обладателями гаплогруппы R1a1. Они пришли с востока на территорию Киргизии, поглотив остатки саков и юечжи (кушан). В 5-м веке усунь, спасаясь от жужаней, отступили в горы Тянь-Шаня [28].

В 3-м веке до нашей эры чиди (красные ди) вышли в степь, и, скорее всего, были подчинены хуннам. Потомки красных ди стали называться теле. К 5-му веку нашей эры теле были уже тюркоязычны. В 5-6 веках происходила первая миграция огузских племен (булгары), вызванная борьбой с восточными соседями жужанями. К моменту образования Тюркского каганата телеские племена широко распространились по степной части Евразии, начиная от восточной Монголии до Причерноморья (булгары, хазары).

В 745, 840, 1040-х годах многие телеские племена покинули Монголию, переселяясь на Запад (кипчаки, уйгуры, куны и т.д.) Оставшиеся были ассимилированы монгольскими племенами. Телеские племена стали основой многих тюркоязычных народов.

Профессия историка сродни профессии следователя. Как и следователь, историк на основе различных данных должен строить свои версии и гипотезы. Как дактилоскопия помогла произвести переворот в криминалистике, так и ДНК-генеалогия сможет произвести крупные перемены в нашем понимании истории. ДНК-генеалогия стала новым инструментом исторической науки, который поможет значительно повысить раскрываемость исторических загадок. Мы в этой статье осветили лишь общие черты распространения R1a1 среди некоторых этносов. Думаю, при накоплении новых данных мы сможем ответить на многие вопросы этногенеза различных популяций.

Литература

1. История Казахстана в произведениях античных авторов т.1. Астана (2005), стр. 252.
2. История Казахстана в произведениях античных авторов т.1. Астана (2005), стр. 91-93
3. Клёсов А.А. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 2, стр. 319-320 (2008).
4. Клёсов А.А. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 3, стр. 419 (2008).
5. История Казахстана в произведениях античных авторов т.1. Астана (2005), стр. 28.
6. История Казахстана в произведениях античных авторов т.1. Астана (2005), стр. 40
7. История Казахстана (с древнейших времен до наших дней) том 1. Алматы (1996), стр. 158-161.
8. История Казахстана в произведениях античных авторов т.1. Астана (2005), стр. 41
9. История Казахстана в произведениях античных авторов т.1. Астана (2005), стр. 72-75

10. История Казахстана (с древнейших времен до наших дней) том 1. Алматы (1996), стр. 249.
11. Кляшторный С.Г. Султанов Т.И. «Казахстан: Летопись трех тысячелетий». Алма-Ата (1992), стр. 39-42
12. История Казахстана (с древнейших времен до наших дней) том 1. Алматы (1996), стр. 273-274.
13. Гумилев Л.Н. «История народа хунну» т.1. Москва (1997), стр. 333-334.
14. Клёсов А.А. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 4, стр. 624 (2008).
15. Кляшторный С.Г. Савинов Д.Г. «Степные империи древней Евразии». Санкт-Петербург (2005), стр.17. Васильев Л. Древний Китай. Том 1. Москва (1995), стр. 147-155.
16. Гумилев Л.Н. «История народа хунну» т.1. Москва (1997), стр. 38-39.
17. Гумилев Л.Н. «История народа хунну» т.1. Москва (1997), стр. 321, 328-329.
18. Гумилев Л.Н. «История народа хунну» т.1. Москва (1997), стр. 327
19. Кляшторный С.Г. Савинов Д.Г. «Степные империи древней Евразии». Санкт-Петербург (2005), стр.60.
20. Кляшторный С.Г. Савинов Д.Г. «Степные империи древней Евразии». Санкт-Петербург (2005), стр.52-54.
21. Ахинжанов С.М. «Кипчаки в истории средневекового Казахстана». Алматы (1995), стр.50.
22. Ахинжанов С.М. «Кипчаки в истории средневекового Казахстана». Алматы (1995), стр.59. Кляшторный С.Г. Савинов Д.Г. «Степные империи древней Евразии». Санкт-Петербург (2005), стр.132-133.

23. Клёсов А.А. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 4, стр. 620-627 (2008).
24. Кляшторный С.Г. Савинов Д.Г. «Степные империи древней Евразии». Санкт-Петербург. 2005. стр.60-68.
25. История Казахстана (с древнейших времен до наших дней) том 1. Алматы. 1996. стр. 322-333.
26. История Казахстана (с древнейших времен до наших дней) том 1. Алматы. 1996. стр. 314-322.
27. Ахинжанов С.М. «Кипчаки в истории средневекового Казахстана». Алматы. 1995. стр.84.
28. Гумилев Л.Н. «История народа хунну» т.1. Москва. 1997. стр. 190.
29. Гумилев Л.Н. «История народа хунну» т.1. Москва. 1997. стр. 50.

Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений

Дмитрий С. Адамов и Анатолий А. Клёсов

nimissin@mail.ru

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

Проведено рассмотрение нового метода расчета времен жизни общих предков выборок гаплотипов, которое мы для простоты назвали «квадратичным» методом, в отличие от разработанных ранее (Клёсов, 2008a; Клёсов, 2008b) «линейного» и «логарифмического» методов. В рамках пуассоновского подхода выведены формулы зависимости наблюдаемых величин средних квадратичных отклонений числа tandemных повторов Y-хромосомы от возраста популяции и проведена демонстрация подходов на выборках гаплотипов якутов (гаплогруппа N1c1), восточных славян (R1a1), западноевропейцев (R1b1b2a1, R1b1b2a2g, R1b1b2a2), англичан (I1), басков (R1b1b2), жителей Буковины (R1a1), древней балканской ветви (R1a1). Показано, что все три метода – линейный (с поправкой на возвратные мутации), логарифмический (с той же поправкой) и квадратичный приводят принципиально к одним и тем же результатам.

Введение

Количество гаплотипов Y-хромосомы в коммерческих базах данных стремительно возрастает. Для широкого круга профессионалов и

любителей ДНК-генеалогии необходимо разработать и предложить простые, надежные методы, позволяющие проводить анализ возраста рода и его субпопуляций при постоянно нарастающем объеме данных. Одним из таких методов является логарифмический метод, предложенный А.А.Клёсовым в работе (Клёсов, 2008а) и основанный на кинетике скоростей первого порядка. Метод не требует углубленного знания теории вероятностей, и наряду с обычным «линейным» методом может применяться для определения возраста популяций. Принципиальная разница между ними в том, что в логарифмическом методе для расчетов используется доля базовых (предковых) гаплотипов во всей выборке гаплотипов, а в линейном – число одношаговых мутаций-отклонений от базового гаплотипа, имеющегося в выборке или вычисленного. Далее, в работах (Адамов и Клёсов, 2008; Адамов, 2008) было показано, что предположение о пуассоновском характере распределения мутаций в числе tandemных повторов удовлетворяет критериям отбора гаплотипов, восходящих к единому предку, методом Клёсова.

Еще один подход в определении возраста популяций использует различные варианты расчета средних квадратичных отклонений (расстояний) ASD (average squared difference, другой вариант - average squared distance), для ранних работ см. (Goldstein et al, 1995a,b; Zhivotovsky & Feldman, 1995; Takezaki & Nei, 1996). Этот метод сейчас снова начался активно обсуждаться среди специалистов, в связи с появлением массивов данных по гаплотипам и поисками оптимальных путей расчета «времени жизни общего предка» популяций. Мы назовем его для простоты «квадратичным» методом, в отличие от упоминаемых выше «логарифмического» и «линейного» методом [см. также (Клёсов, 2008b)] В настоящей работе мы проведем исследование взаимосвязи различных вариантов квадратичного метода с возрастом популяции в пуассоновском приближении, а также применение квадратичного метода для некоторых усложненных случаев выборок гаплотипов.

Теоретическая часть. Отдельный локус (сайт, маркер)

Начнем с отдельного локуса в гаплотипах, который также называют маркером, или сайтом, или используют сокращение STR (single tandem repeat). Для анализа будем использовать три наиболее распространенных варианта среднеквадратичных отклонений. Обозначим их ASD0, ASDM и

ASDN. Фактически это анализ выборок с известным предковым гаплотипом (ASD0), с усредненным по выборке базовым гаплотипом (ASDM), и с неизвестным базовым гаплотипом (ASDN). Для выборки из N образцов будут действительны следующие уравнения:

$$ASD0 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - x_0)^2, \quad (1)$$

$$ASDM = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2, \quad (2)$$

$$ASDN = \frac{1}{N^2} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N (x_i - x_j)^2 \quad (3)$$

где x_i – число tandemных повторов в образце i , $i = 1, 2, \dots, N$,

x_0 – предковая аллель, $\bar{x}$ – среднее по выборке:

$$\bar{x} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i.$$

Отметим, что x_i и x_0 – положительные целые числа, $\bar{x}$ – любое положительное число.

Говоря простым языком, это мутационные одношаговые отклонения от аллелей предкового гаплотипа, который порой присутствует в выборке в виде множественных копий (1), отклонения от вычисленного предкового гаплотипа, который часто называют базовым гаплотипом (2), и множество отклонений аллелей друг от друга во всей выборке гаплотипов (3). В данном случае, как отмечалось, речь идет об упрощенном случае всего одной аллели.

Иначе говоря, разность между x_i и x_0 есть наблюдаемое число мутаций m_i в образце i по отношению к предковой (или базовой) аллели:

$$m_i = x_i - x_0. \quad (4)$$

В работе (Адамов и Клёсов, 2008) в пуассоновском приближении были получены формулы для вероятности $P_{набл}(m)$ наблюдаемых

распределений по числу мутаций m для отдельного локуса. В предположении симметричного дерева мутаций (то есть при наличии только одного предка для выборки гаплотипов) эти вероятности можно записать в следующем виде:

$$P_{набл}(1) = e^{-\lambda} \left(\lambda + \frac{1}{8} \lambda^3 + \frac{1}{192} \lambda^5 + \dots \right), \quad (5)$$

$$P_{набл}(2) = e^{-\lambda} \left(\frac{1}{4} \lambda^2 + \frac{1}{48} \lambda^4 + \frac{1}{1536} \lambda^6 + \dots \right), \quad (6)$$

$$P_{набл}(3) = e^{-\lambda} \left(\frac{1}{24} \lambda^3 + \frac{1}{384} \lambda^5 + \dots \right), \quad (7)$$

$$P_{набл}(4) = e^{-\lambda} \left(\frac{1}{192} \lambda^4 + \frac{1}{3840} \lambda^6 + \dots \right), \quad (8)$$

$$P_{набл}(5) = e^{-\lambda} \left(\frac{1}{1920} \lambda^5 + \dots \right), \quad (9)$$

$$P_{набл}(6) = e^{-\lambda} \left(\frac{1}{23040} \lambda^6 + \dots \right), \quad (10)$$

где λ - среднее число мутаций на маркер по всей выборке, то есть произведение скорости мутаций (μ) на число поколений (T), отделяющих аллель от предкового, $\lambda = \mu T$.

Важное замечание: значение λ отличается от наблюдаемого значения $\lambda_{набл}$ из-за влияния возвратных мутаций (Клёсов, 2008а; Адамов и Клёсов, 2008). Например, из приведенных выше формул следует, что при «истинном» (не «наблюдаемом») среднем числе мутаций 0.5 на маркер по всей выборке (что соответствует 6250 лет до общего предка при средней скорости мутаций 0.002 на маркер на поколение) вероятность одной наблюдаемой одношаговой мутации на маркер равна примерно 0.31, двух мутаций – 0.04, трех мутаций – в сто раз меньше вероятности одношаговой мутации. При «истинном» среднем числе мутаций на маркер по всей выборке 1.0 (что соответствует 12500 лет до общего предка при скорости мутаций, приведенной выше) вероятность одной наблюдаемой одношаговой мутации на маркер равна примерно 0.42, двух мутаций – 0.10, трех мутаций – 0.016. То есть чем дальше во времени

находится общий предок, тем более выражена разница между числом фактических «истинных») и наблюдаемых мутаций.

Перейдем теперь к квадратичному методу. С целью упрощения и наглядности дальнейших выкладок ограничимся приближением, учитывающим до 6 мутаций относительно предковой аллели, т.е. членами до λ^6 включительно. В работе (Адамов и Клёсов, 2008) было получено и точное решение для отдельного локуса, что позволило заключить, что точность формул (5)-(10) для определения среднего числа мутаций не хуже 0.5% для $\lambda \leq 2$ ($T \leq 25000$ лет).

ASD0

Симметричные мутации

Формулу (1) для ASD0 с учетом выражения (4) можно записать в следующем виде:

$$ASD0 = \sum_{m=1}^6 m^2 P_{набл}(m) \quad (11)$$

Подставляя в уравнение (11) значения наблюдаемых вероятностей [формулы (5)-(10)], получаем, что величина ASD0, то есть среднеквадратичное число одношаговых мутаций от предкового гаплотипа, равна среднему числу мутаций на маркер!

$$ASD0 = \lambda . \quad (12)$$

Это замечательное соотношение. Рассчитывая ASD0 по формуле (1), можно получить оценку среднего числа мутаций, не искаженную влиянием возвратных мутаций! Понятно, что знание истинного значения λ (а также скорости мутаций) позволяет определить возраст популяции. Соотношение (12) справедливо и для $m \rightarrow \infty$.

Это соотношение довольно логично. Действительно, если маркер, уже однажды мутировав на шаг в одну сторону, мутирует еще раз, подчиняясь законам статистики, то он равновероятно может мутировать как в одну, так и в другую сторону, вернувшись на исходную позицию. Это и есть возвратная мутация. Квадрат одношаговой мутации есть то же

самое число. А вот квадрат двухшаговой (и больше) мутаций уже учитывает и компенсирует возвратные мутации.

Асимметричные мутации

В случае резко выраженной асимметрии мутаций, т.е. кажущегося (порой именно так) преимущественного изменения числа повторов в одну и ту же сторону, наблюдаемое распределение числа мутаций будет совпадать с истинным ("теоретическим"). В пуассоновском приближении это – распределение Пуассона:

$$P(m) = \frac{\lambda^m}{m!} e^{-\lambda}. \quad (13)$$

Подстановка распределения (13) в формулу (11) дает следующее выражение:

$$ASD0 = \lambda(\lambda + 1). \quad (14)$$

Значения λ , определенные по формулам (12) и (14), будут совпадать только при малых λ , много меньших 1. Для $\lambda = 1$ значения $ASD0$ из выражений (12) и (14) будут отличаться друг от друга в два раза. Кстати, число поколений (или лет) до общего предка для среднего числа мутаций на маркер, равного 1.0, будет 500 для «истинного» числа мутаций, 337 в случае линейной модели (искаженной возвратными мутациями), и опять 500 при линейной модели с учетом возвратных мутаций. Иначе говоря, возвратные мутации снижают «истинное» число мутаций через 500 поколений, или 12500 лет, в 1.48 раз.

На деле это означает, что при несимметричных (по мутациям) выборкам, то есть при мутациях, происходящих преимущественно (или в экстремальном случае исключительно) в одну сторону, какая бы причина этой несимметричности ни была, квадратичный метод будет работать только приблизительно, в зависимости от степени асимметричности мутаций, или работать вообще не будет, во всяком случае при удаленных во времени общих предках. А наиболее частая причина подобной асимметричности – неоднородные выборки, то есть смесь выборок, происходящих от разных общих предков, или, как частный случай – смесь выраженно различных субкладов одной гаплогруппы.

Именно поэтому так важно предварительно убедиться, что выборка происходит от одного общего предка, как описано выше, прежде чем приступать к расчетам времен до общего предка.

ASDM

Здесь считаются одношаговые мутации от вычисленного базового гаплотипа, в котором в качестве предкового условно принимается среднее значение по выборке $\bar{x}$. При этом $\bar{x}$ - не обязательно целое число. Как правило, это древние гаплотипы, для которых все предковые гаплотипы заметно мутированы.

В наших обозначениях

$$x_i = x_0 + m_i,$$

$$\bar{x} = x_0 + \lambda_{набл}.$$

Тогда

$$x_i - \bar{x} = m_i - \lambda_{набл} \quad (15)$$

Симметричные мутации

Формулу (2) для *ASDM* с учетом формул (5)-(10) для вероятностей наблюдаемого числа симметричных мутаций и выражения (15) можно записать в следующем виде:

$$ASDM = \sum_m (m - \lambda_{набл})^2 P_{набл}(m) = \sum_m m^2 P_{набл}(m) - 2\lambda_{набл} \sum_m m P_{набл}(m) + \quad (16)$$

$$\lambda_{набл}^2 \sum_m P_{набл}(m) = \lambda - 2\lambda_{набл} \lambda_{набл} + \lambda_{набл}^2 = \lambda - \lambda_{набл}^2$$

В работе (Адамов и Клёсов, 2008) была получена аппроксимационная формула для $\lambda_{набл}$, имеющая точность 1 % для $\lambda \leq 0.8$:

$$\lambda_{набл} = \frac{\lambda}{2}(1 + e^{-\lambda}) \quad (17)$$

С учетом формулы (17) получаем:

$$ASDM = \lambda - \frac{\lambda^2}{4}(1 + e^{-\lambda})^2. \quad (18)$$

Например, для «истинного» среднего числа мутаций на маркер, равного 1.0 для всей выборки (12500 лет до общего предка при скорости мутаций 0.002 на маркер на поколение), наблюдаемое среднее число мутаций равно примерно 0.67, что формально соответствует 8425 лет до общего предка, а величина ASDM равна примерно 0.55, что формально соответствует 6900 лет до общего предка.

Как и следовало ожидать, формулы для $ASD0$ (12) и $ASDM$ (16) не совпадают. Это разнотчение показывает, насколько велика может быть ошибка определения временного расстояния до общего древнего предка при использовании усредненных значений аллелей вместо фактического предкового гаплотипа.

Точные значения функции $\lambda - \lambda_{набл}^2$ (то есть $ASDM$) в зависимости от λ приведены в Приложении.

Асимметричные мутации при $\lambda_{набл} = \lambda$

Это – крайний случай асимметричности, при котором все мутации – «односторонние». В этом случае в качестве наблюдаемых вероятностей числа мутаций используем само распределение Пуассона (13):

$$ASDM = \sum_m (m - \lambda)^2 \frac{\lambda^m}{m!} e^{-\lambda} = \lambda(\lambda + 1) - 2\lambda^2 + \lambda^2 = \lambda \quad (19)$$

Этот результат был ожидаем по определению, задаваемыми величинами.

ASDN

Формула (3) для варианта ASDN в пуассоновском приближении и симметричном дереве мутаций выглядит следующим образом:

$$ASDN = \sum_l \sum_m (l - m)^2 P_{набл}(l) P_{набл}(m) \quad (20)$$

Используя выкладки, сделанные выше, легко убедиться, что для симметричного дерева мутаций

$$ASDN = 2(\lambda - \lambda_{набл}^2). \quad (21)$$

Аналогично, для несимметричных мутаций, в случае, когда влиянием возвратных мутаций можно пренебречь,

$$ASDN = 2\lambda. \quad (22)$$

Иначе говоря, ASDN приводит к удвоенному среднему числу фактических мутаций во всей выборке гаплотипов.

Но поскольку при варианте ASDN предковый (базовый) гаплотип не определяется, то о степени асимметрии судить вообще нельзя. Поэтому в качестве оценки времени до общего предка можно принять среднее между крайними значениями, рассчитанными по формулам (21) и (22).

Продолжение теоретической части. Гаплотип из нескольких маркеров

Известно, что использование одного маркера для определения возраста популяции не обеспечивает приемлемой точности из-за статистических флуктуаций, неопределенностей в скоростях мутаций, популяционных эффектов и т.д. В соответствии с законом больших чисел более точную оценку можно получить, используя гаплотипы из нескольких маркеров. В этом случае для каждого маркера k вычисляются средние квадратичные отклонения (расстояния) ASD_k .

Для определения возраста популяции часто используются следующие формулы:

$$T0 = \frac{\sum_{k=1}^n ASD0_k}{M}, \quad (23)$$

$$TM = \frac{\sum_{k=1}^n ASDM_k}{M}, \quad (24)$$

$$TN = \frac{\sum_{k=1}^n ASDN_k}{2M}, \quad (25)$$

$$TN1 = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^n \frac{ASDN_k^2}{\mu_k}}{4M}} \quad (26)$$

где $M = \sum_{k=1}^n \mu_k$ - суммарная скорость мутаций в целом по гаплотипу, состоящему из n маркеров. (Как будет показано ниже, формула 26 неприменима для расчетов общего предка по мутациям в гаплотипах).

В рамках пуассоновского приближения формулы (23)-(25) применимы для оценки возраста молодых популяций со средним числом мутаций на маркер $\lambda_k \ll 1$. При более высоких значениях λ_k полученные значения искажаются вкладом возвратных мутаций.

Для более точного определения возраста общего предка можно предложить следующий подход, основанный на вычислении среднего числа мутаций на маркер по всему гаплотипу, состоящему из n маркеров.

ASD0

Если известен предковый гаплотип, вычисляем значения $ASD0_k$ для каждого локуса k , определяем среднее значение на маркер $\langle ASD0 \rangle$ по гаплотипу:

$$\langle ASD0 \rangle = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n ASD0_k$$

Далее вычисления проводятся в зависимости от симметричности дерева мутаций.

Для симметричного дерева мутаций

$$\langle ASD0 \rangle = \langle \lambda \rangle$$

Оценка возраста

$$T = \frac{\langle \lambda \rangle}{\langle \mu \rangle} \quad (27)$$

где $\langle \mu \rangle = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \mu_k$ - средняя скорость мутаций на маркер по гаплотипу.

Для асимметричного дерева мутаций

$$\langle ASD0 \rangle = \langle \lambda \rangle + \langle \lambda^2 \rangle,$$

$$\text{где } \langle \lambda \rangle = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \lambda_k,$$

$$\text{а } \langle \lambda^2 \rangle = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \lambda_k^2.$$

Для совокупности n маркеров можно предположить, что

$$\langle \lambda^2 \rangle = \langle \lambda \rangle^2. \quad (28)$$

Тогда искомое значение $\langle \lambda \rangle$ можно вычислить из квадратного уравнения

$$\langle \lambda \rangle^2 + \langle \lambda \rangle - \langle ASD0 \rangle = 0.$$

На практике нет четкой границы между симметричным и асимметричным характером мутаций, эти картины плавно перетекают одна в другую. Поэтому формулы

$$\langle ASD0 \rangle = \langle \lambda \rangle$$

и

$$\langle ASD0 \rangle = \langle \lambda \rangle + \langle \lambda^2 \rangle$$

представляют крайние случаи, первая – когда асимметричность незначительна, вторая – когда она ярко выражена, или абсолютна. Примеры будут даны ниже, в разделе «Практическая часть». Обычно для случаев несимметричных мутаций временное расстояние до общего предка выборки находится между этими случаями, и имеет смысл либо указывать данный диапазон, либо просто брать среднюю величину с указанием погрешности в пределах этого диапазона, либо, наконец, проводить точные расчеты с количественным определением степени асимметричности мутаций, и на их основании определять время до общего предка. Этот подход будет описан в деталях в нашей последующей публикации; в настоящей же работе мы будем просто давать результаты соответствующих расчетов степени асимметричности мутаций. В частности, нами показано, что двойные и множественные мутации (более высокой степени кратности, чем два) нельзя использовать для определения степени асимметричности мутаций в выборке гаплотипов.

ASDM

Для этого метода знания предкового гаплотипа не требуется. По формуле (2) вычисляем значения $ASDM_k$ для каждого локуса k . Определяем среднее значение на маркер $\langle ASDM \rangle$ по гаплотипу:

$$\langle ASDM \rangle = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n ASDM_k.$$

Для симметричного дерева мутаций

$$\langle ASDM \rangle = \langle \lambda \rangle - \langle \lambda_{набл}^2 \rangle.$$

Аналогично формуле (28) полагаем:

$$\langle \lambda_{набл}^2 \rangle = \langle \lambda_{набл} \rangle^2.$$

Тогда

$$\langle ASDM \rangle = \langle \lambda \rangle - \langle \lambda_{набл} \rangle^2.$$

Искомое значение $\langle \lambda \rangle$ можно найти по таблице из Приложения.

Для асимметричных мутаций соотношение проще:

$$\langle ASDM \rangle = \langle \lambda \rangle.$$

Возраст популяции оцениваем по формуле (27).

ASDN

Соотношения для этого метода выводятся аналогично методу ASDM.

Для симметричного дерева мутаций

$$\langle ASDN \rangle = 2(\langle \lambda \rangle - \langle \lambda_{набл} \rangle^2).$$

Для асимметричного дерева мутаций

$$\langle ASDN \rangle = 2 \langle \lambda \rangle.$$

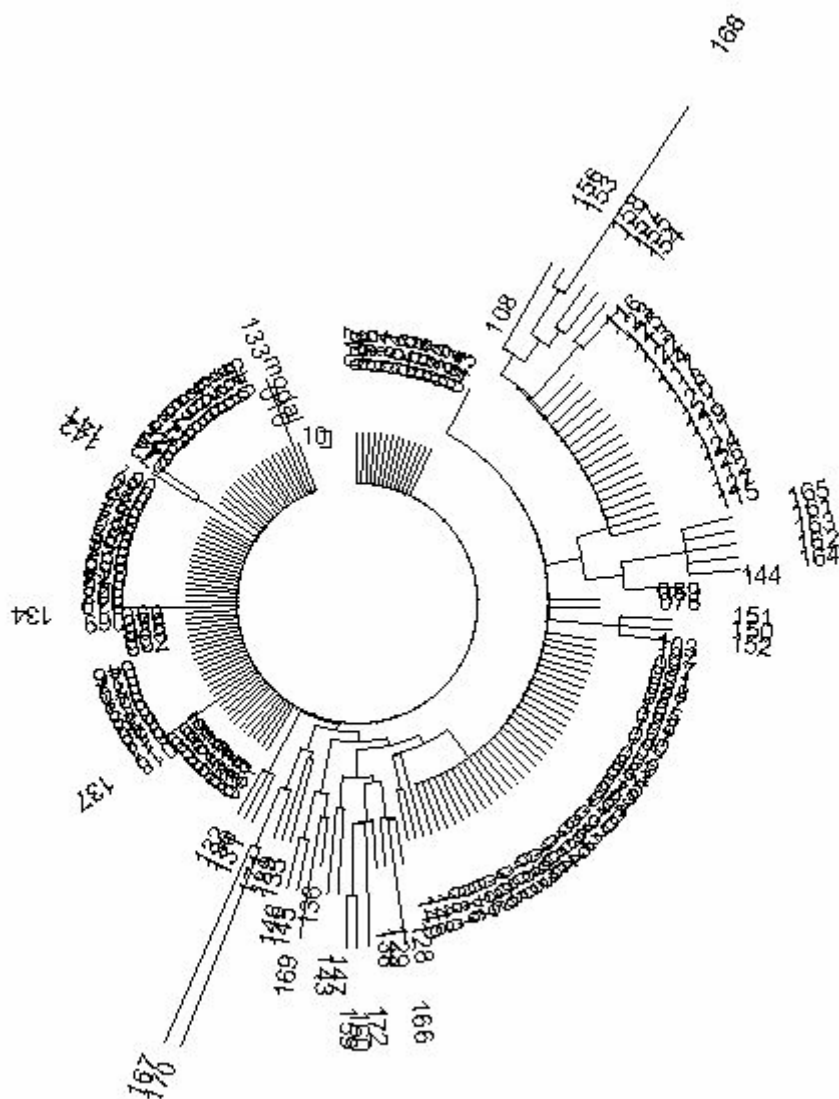
Практическая часть. Иллюстрация «квадратичного» метода на выборках гаплотипов.

1. Выборка 172 гаплотипов якутов, гаплогруппа N1c1

В работе (Адамов, 2008) был рассчитан возраст популяции якутов с гаплогруппой N1c1 методом А.А.Клессова (Клёсов, 2008а). Попробуем рассчитать этот же возраст с использованием квадратичных методов.

Дерево гаплотипов этой выборки приведено на рис. 1. Оно не противоречит наличию одного общего предка для всех 172 человек в выборке, так как на дереве нет выраженных отдельных ветвей, которые

бы шли из основания. Все гаплотипы – либо базовые (их 74 из 172), которые имеют вид гребенки, отходящей от ствола, либо расположены на одной широкой ветви справа.



Это означает, что практически все ветвления мутаций начались с одной мутации, общей для всех гаплотипов. На дереве есть несколько минорных независимых ветвлений, но они могут идти из того же базового гаплотипа, или практически не влияют на расчеты

Тем не менее, как показывает Таблица 1, выборка явно несимметричная по направлениям мутаций. Всего 13% мутаций прошли «вверх», на повышение аллелей, остальные 87% - «вниз». В отношении одношаговых мутаций это соотношение равно 15% и 85%. Более того, все 100% множественных (выше, чем одношаговые) мутаций, из них все двойные в данном случае, прошли также «вниз» (Таблица 2).

Таблица 1.

Распределение мутаций в локусах 172 гаплотипов якутов с гаплогруппой N1c1 (гаплотипы взяты из работы Pakendorf B. et al., 2006). Обозначения: в строке "+" число мутаций с увеличением числа tandemных повторов на 1, в строке "-" число мутаций с уменьшением числа tandemных повторов на 1. Мутации определялись по отношению к базовому гаплотипу 14-23-14-11-11-13-X-Y-Z-14-16-32 в нотации FTDNA. Мутации в локусе 389-2 определялись с вычетом мутаций в локусе 389-1.

Однократные мутации	Маркеры									Итого	%
	393	390	19	391	385a	385b	389I	392	389II		
+	1	3	2	1	5	5	3	1	1	22	15
-	7	2	0	10	0	4	4	31	71	129	85
Всего	8	5	2	11	5	9	7	32	72	151	100

Таблица 2.

Распределение мутаций для двойных и выше мутаций (в данном случае мутаций выше двухшаговых не наблюдалось)

Мутации	Маркеры									%
	393	390	19	391	385a	385b	389I	392	389II	
+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0
-	-	-	-	-	-	-	-	3x2	6x2	100
Всего	-	-	-	-	-	-	-	6	12	100

Как видно из Таблиц, мутаций с уменьшением числа tandemных повторов в несколько раз больше, чем мутаций с увеличением числа

повторов. Следовательно, для исследуемой выборки надо применять формулы, полученные для несимметричного распределения мутаций, и сопоставлять их с симметричным распределением, как описано выше.

Для симметричного распределения мутаций (что на самом деле неверно, как видно из таблиц выше) применяем формулы (1) или (11) в виде

$$(151 \times 1^2 + 9 \times 2^2) / (172 \times 9) = 187 / 1548 = 0.121 \text{ мутаций на маркер}$$

где числитель показывает ожидаемое («истинное», или «фактическое») число мутаций в 172 гаплотипах, знаменатель – число маркеров во всех 172 гаплотипах, а отношение – ожидаемое среднее число мутаций на маркер с учетом возвратных мутаций. Как видно, при ожидаемом числе мутаций 187 наблюдаемых было 169, 90% от ожидаемых. 10% мутаций было потеряно за счет возвратных мутаций.

0.121 мутация на маркер при средней скорости мутаций для данного 9-маркерного гаплотипа, равной 0.00189 мутаций на поколение (Клёсов, 2008b), дает 64 поколения, или 1600 лет до общего предка. Но это – завышенная величина, точнее, ее верхний предел, поскольку распределение мутаций было несимметричным.

Для несимметричного распределения мутаций в его выраженном варианте имеем квадратное уравнение

$$< \lambda >^2 + < \lambda > - 0.121 = 0$$

Решение этого уравнения дает корень 0.109. Тем, для кого решения квадратных уравнений представляют трудности, можно воспользоваться простой утилитой, например, <http://karataev.nm.ru/solvers/equ2.html>

Для среднего числа мутаций на маркер 0.109 находим, что общий предок выборки якутов жил $0.109 / 0.00189 = 58$ поколений назад. Видно, что симметричная картина мутаций завышает время до общего предка. В данном случае ненамного, всего на 6 поколений, или около 10%. Если мы не хотим или не можем рассчитать количественную степень асимметричности мутаций, то мы не можем знать, к чему должен быть больше сдвиг – к 58 или 64 поколениям до общего предка, и тогда целесообразно просто использовать среднюю величину, 61 ± 4 поколения, или 1525 ± 100 лет.

Сопоставим эту величину с расчетом по линейной формуле с поправкой на возвратные мутации. 169 мутаций в 172 гаплотипах дают среднюю величину $169/172/9 = 0.109$ мутаций на маркер, или с поправкой на возвратные мутации 62 поколения, то есть 1550 лет до общего предка. Имеем практически полное совпадение с «квадратичным» методом при асимметричности мутаций.

Логарифмический метод основан на соотношении количества базовых гаплотипов и всех гаплотипов в выборке. Поскольку в данном случае выборка содержит 74 базовых гаплотипа, число поколений до общего предка (без поправки на возвратные мутации) равно $\ln(172/74)/0.017 = 50$. С поправкой на возвратные мутации число поколений равно 53.

Можно пойти дальше, и предположить, что гаплотипы 167 и 170 на рис. 1, которые имеют по две однократные и по две двойные мутации, являются либо ошибочными, либо посторонними в данной выборке (не относятся к общему предку выборки). Вопрос – насколько подобные «примеси» исказят конечный результат? Так ли это важно?

Проверим. Исключим эти два гаплотипа из рассмотрения, и получим 170 гаплотипов, в которых 157 мутаций (было 172 гаплотипа и 169 мутаций). Линейный метод дает $157/170/9 = 0.103$ мутации на маркер, или с поправкой на возвратные мутации (метод Клёсова) 58 поколений, то есть 1450 лет. Видно, что ошибка, если внесена двумя отклоняющимися гаплотипами, невелика и составляет примерно 6%.

Логарифмический метод - $\ln(170/74)/0.17 = 49$ поколений, с поправкой на возвратные мутации – 52 поколения, или 1300 лет до общего предка. Отклонение всего на одно поколение.

$ASD0 = 0.109 = \lambda$. Это соответствует возрасту 58 поколений, то есть опять 1450 лет. Полное совпадение с методом Клёсова (см. выше).

$ASDM = 0.087 = \lambda - \lambda_{набл}^2$. Из таблицы в Приложении получаем $\lambda = 0.095$, с учетом возвратных мутаций – 50 поколений, 1250 лет до общего предка.

$ASDN = 0.163$, половина этого числа составляет 0.0815, что соответствует 47 поколений до общего предка.

Подобным образом, используя приведенные выше формулы и показатель асимметричности выборки 0.85 (поскольку, как видно из Табл. 1, из 151 однократных мутаций 129, то есть 85%, направлены «вниз»), рассчитаем времена до общего предка для асимметричного варианты. Результаты расчетов приведены в таблице 3.

Таблица 3.

Расчет возраста популяции якутов (170 гаплотипов, 157 мутаций) с гаплогруппой N1c1 методом средних квадратичных отклонений по 9 маркерным гаплотипам из работы (Pakendorf B. et al., 2006). Метод Клёсова – линейный, с поправкой на возвратные мутации (Клёсов, 2008a,b)

Метод	$\langle ASD \rangle,$ $\lambda_{набл}$	$\langle \lambda \rangle$	$T,$ поколений	$T,$ лет
Принимая выборку симметричной				
$ASD0$	0.109	0.109	58	1450
Метод Клёсова	0.103	0.109	58	1450
Логарифмический	-	-	52	1300
$ASDM$	0.087	0.095	50	1250
$ASDN$	0.163	0.0815	47	1175
$ASDN$, формула (26)			89	2225
Принимая выборку асимметричной				
$ASD0$	0.109	0.104	55	1375
Метод Клёсова	0.103	0.106	56	1400
Логарифмический			50	1250
$ASDM$	0.087	0.091	48	1200
$ASDN$	0.163	0.084	44	1100

Из таблицы 3 видно, что предположение об асимметричном характере мутаций в исследуемой выборке позволило получить удовлетворительно согласующиеся между собой оценки возраста разными вариантами ASD. Возраст 1100-1450 лет, получаемый по методам $ASD0$, $ASDM$ и $ASDN$, согласуется с результатом работы (Адамов, 2008): 1300 ± 200 лет. Выпадает из общего ряда оценка возраста 2225 лет, полученная по формуле (26). По-видимому, формула (26) не годится для применения в расчетах возраста.

2. Выборка 65 12-маркерных гаплотипов R1a1 постсоветского региона: Украина - Россия (включая Татарстан, Сибирь и Дальний Восток) - Средняя Азия

Таблица 4.

Распределение мутаций в локусах 65 гаплотипов русских, украинцев, татар, таджиков с гаплогруппой R1a1 (гаплотипы из базы данных YSearch и представлены самими тестируемыми). Обозначения – как в Таблице 1. Мутации определялись по отношению к базовому гаплотипу 13-25-16-11-11-14-12-12-10-13-11-30 в нотации FTDNA. Мутации в локусе 389-2 определялись с вычетом мутаций в локусе 389-1.

Мутации	Маркеры												Итого	%
	393	390	19	391	385a	385b	426	388	439	389I	392	389II		
+	3	13	9	1	11	17	-	-	31	6	1	14	106	51
-	1	11	20	28	5	13	1	-	-	3	1	18	101	49
Всего	4	24	29	29	16	30	1	-	31	9	2	32	207	100
Разовых	3	10	9	1	4	15	-	-	31	6	1	10	90	51
+	1	9	18	28	5	3	1	-	-	3	1	18	87	49
-														
Двойных		-	-			1						2	3	
+		1	1			-						-	2	
-														
Тройных		1			1	-							2	
+		-			-	2							2	
-														
Четверных					1	-							1	
+					-	1							1	
-														

Из таблицы 4 видно, что мутации в данной выборке распределяются практически идеально симметрично. Дерево гаплотипов, приведенное на рис. 2, тоже указывает на одного общего предка в популяции R1a1 от Украины до Дальнего Востока.

207 мутаций в 65 12-маркерных гаплотипах соответствуют 145 поколениям без поправок на возвратные мутации, или 169 поколениям, то есть 4225 лет до общего предка, если применить линейную модель с поправкой на возвратные мутации.

указывает на наличие одного общего предка для всех 65 человек в выборке.

Рассмотрим квадратичную модель. По данным Таблицы 4, «истинное» число мутаций в 65 гаплотипах должно быть равно

$$177 + 5 \times 2^2 + 4 \times 3^2 + 2 \times 4^2 = 265 \text{ мутаций}$$

Наблюдаемых мутаций 207, то есть только 78% от ожидаемых фактических. Число поколений до общего предка равно $265 / (65 \times 12 \times 0.00183) = 186$, то есть 4650 лет. Выше мы рассчитали с использованием поправок на возвратные мутации 169 поколений, то есть 4225 лет до общего предка. Это – довольно близкое число, разница 9%.

В статье (Клёсов, 2008с) было показано, что с использованием 26 25-маркерных гаплотипов из той же выборки рассчитанное время до общего предка составляет 4475 лет, а по 12-маркерным гаплотипам для тех же 26 человек – 4225 лет до общего предка. Если по поколениям, то эти числа равны соответственно 169, 186, 179 и 169 поколений, то есть практически одно и то же время в пределах погрешности измерений.

Таким образом, как для асимметричных (по направлению мутаций), так и для симметричных выборок получаем довольно близкие величины для квадратичного метода и для линейного с поправкой на возвратные мутации. В общем, так и должно быть при соблюдении двух условий: (а) мутации происходят неупорядоченно, статистически, и (б) математические модели правильные.

* * *

Перейдем к рассмотрению нескольких субкладов гаплогруппы R1b1b2, так называемого европейского субклада гаплогруппы R1b. Выбор отдельных субкладов этой гаплогруппы здесь не случаен. Во-первых, это представляет примеры «чистых случаев» выборок, во-вторых, эти субклады сейчас привлекают повышенный интерес у наших западноевропейских коллег, и времена до общих предков этих субкладов активно обсуждаются специалистами.

3. Выборка 284 12-маркерных гаплотипов западноевропейцев, гаплогруппа R1b1b2a1 (сним S21/U106/M405), бывшая R1b1c9

В сети есть собрание этих гаплотипов (<http://www.familytreedna.com/public/U106>), с подтвержденной мутацией U106+ и негативной U198-. Их называют «субклад U106», или «субклад R1b1b2a1». Дерево их 67-маркерных гаплотипов указывает на одного общего предка, как и ожидается при рассмотрении изолированного субклада (рис. 3).

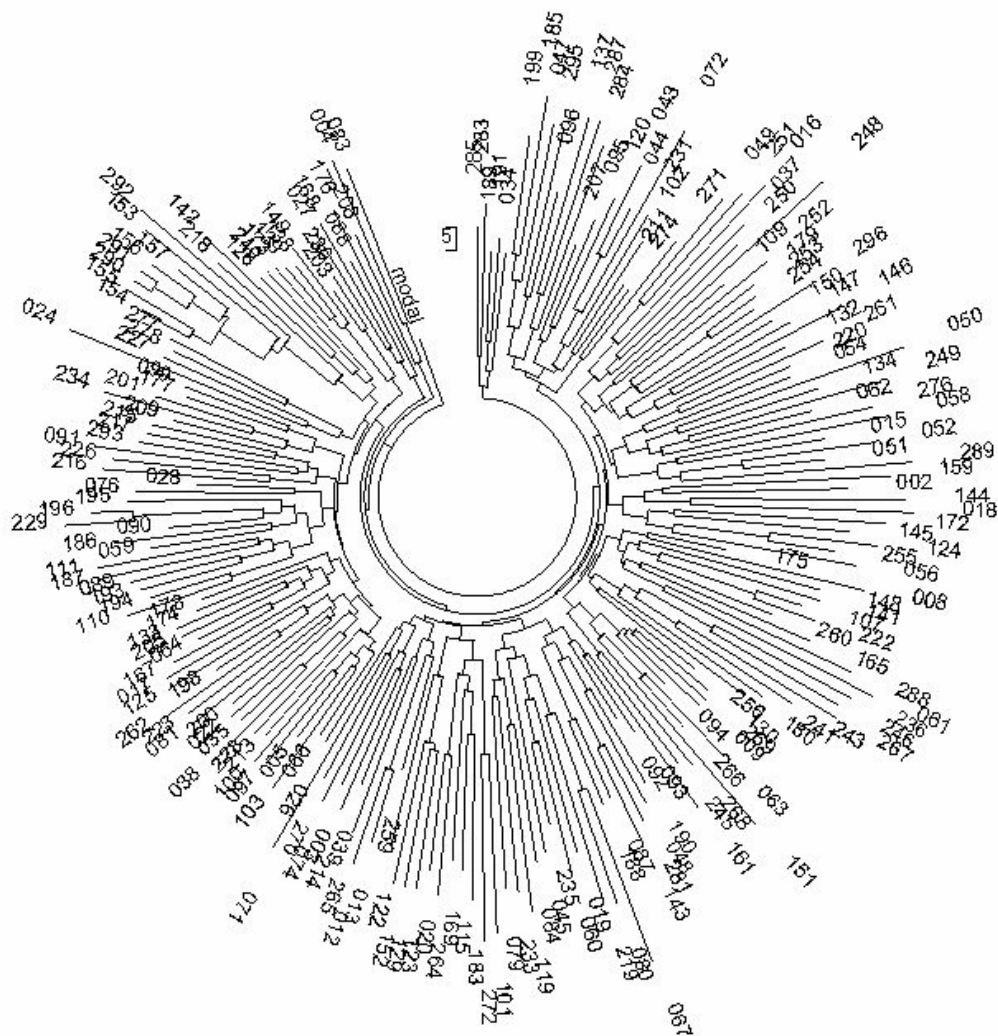


Рис. 3. Дерево 67-маркерных европейских гаплотипов R1b-U106/S21 (R1b1b2a1, ранее R1b1c9), построенное по данным проекта (<http://www.familytreedna.com/public/U106> (2008). В выборке – 207 гаплотипов.

Естественно, 37-, 25- и 12-маркерные деревья, как менее точные, имеющие более низкое разрешение, тоже однородны и симметричны. Покажем дерево 25-маркерных гаплотипов (рис. 4), так как оно содержит те 284 гаплотипа, которые мы будем рассматривать в данном разделе.

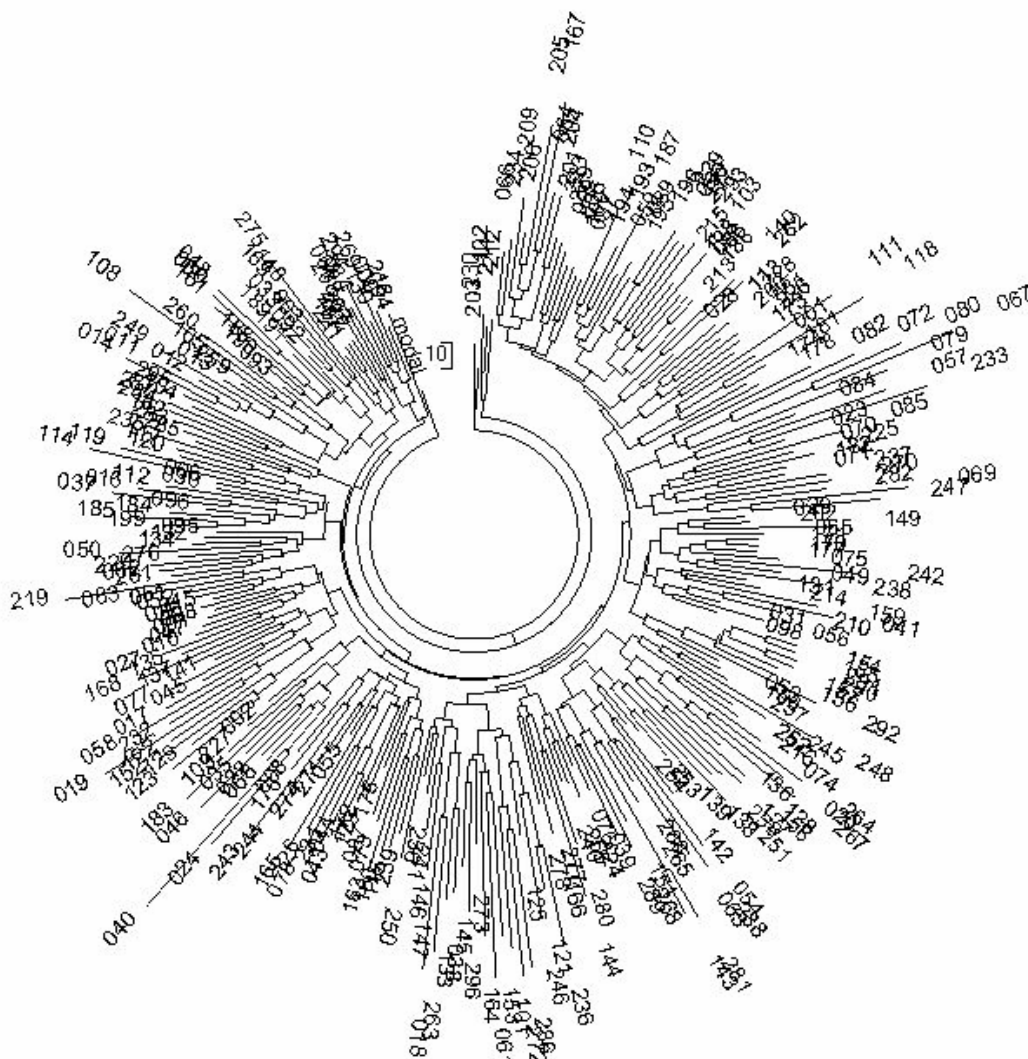


Рис. 4. Дерево 25-маркерных европейских гаплотипов R1b-U106/S21 (R1b1b2a1, ранее R1b1c9), построенное по данным проекта (<http://www.familytreedna.com/public/U106> (2008). В выборке - 284 гаплотипа.

Все 284 12-маркерных гаплотипа содержат 729 мутаций от базового гаплотипа

13-23-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29

что соответствует 117 поколениям до общего предка (без поправки на возвратные мутации), или 133 поколениям, то есть 3325 годам до общего предка (с поправкой).

Поскольку те же 284 гаплотипа содержат 21 идентичных, базовых гаплотипов, то $\ln(284/21)/0.022 = 118$ (без поправки на возвратные мутации), или 134 поколения до общего предка (с поправкой). Как видно, число поколений практически то же самое, что подтверждает положение о наличии только одного общего предка во всей выборке.

Рассмотрим в данном приложении квадратичный метод (Таблица 5).

Таблица 5.

Распределение мутаций в локусах 284 гаплотипов западноевропейцев с гаплогруппой R1b1b2a1 (гаплотипы из базы данных, см. подписи к рис. 3 и 4). Обозначения – как в Таблицах выше. Мутации определялись по отношению к базовому гаплотипу 13-23-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29 в нотации FTDNA. Мутации в локусе 389-2 определялись с вычетом мутаций в локусе 389-1.

Мутации	Маркеры												Итого	%
	393	390	19	391	385a	385b	426	388	439	389I	392	389II		
Одиночных	576 мутаций во всех маркерах												576	-
Двойных	4	30	2			9		1	1	-	1	3	51	81
+	-	1	-			4		1	1	4	-	1	12	19
-														
Тройных		3				-		1	1				5	56
+		-				4		-	-				4	44
-														

Из таблицы 4 видно, что множественные (двойные и тройные) мутации в данной выборке распределяются весьма асимметрично – 117 «вверх» и 36 «вниз». Поскольку именно они в первую очередь приводят к асимметричности, данную выборку придется рассматривать как асимметричную по мутациям.

«Истинное» («фактическое») число мутаций в данной выборке равно

$$576 + 63 \times 2^2 + 9 \times 3^2 = 909 \text{ мутаций}$$

Наблюдаемых мутаций 729, то есть только 80% от ожидаемых фактических. Среднее число «истинных» мутаций на маркер равно $909/284/12 = 0.267$. Число поколений до общего предка равно $0.267/0.00183 = 146$. Но поскольку выборка асимметричная по мутациям, это – верхний предел расстояния до общего предка (для случая полной симметричности мутаций). Для нижнего предела находим корень соответствующего квадратного уравнения

$$<\lambda>^2 + <\lambda> - 0.267 = 0$$

Решение этого уравнения дает корень 0.219. Таким образом, нижняя граница временного интервала до общего предка равна $0.219/0.00183 = 120$ поколений. Усредняя, получаем, что общий предок данной выборки субклада R1b1b2a1 (U106) жил 133 ± 18 поколений назад, то есть 3325 ± 450 лет назад. Выше мы рассчитали с использованием поправок на возвратные мутации, что общий предок жил 133 поколений назад. Как видно, совпадение абсолютное в пределах погрешности метода.

4. Выборка 184 12-маркерных гаплотипов западноевропейцев, гаплогруппа R1b1b2a2g (сний S28/U152), бывшая R1b1c10

Субклад U152 - параллельный тому, что представлен на рис. 3 и 4. Они исходят из одного «материнского» субклада R1b1b2 (старое название R1b1c), сний M269, но на рис. 3 и 4 представлен вариант с9, а на рис. 5 – вариант с10. Гаплотипы были взяты из базы данных (http://www.davidkfaux.org/R1b1c10_Data.htm). Соответствующее дерево гаплотипов представлено на рис. 5.

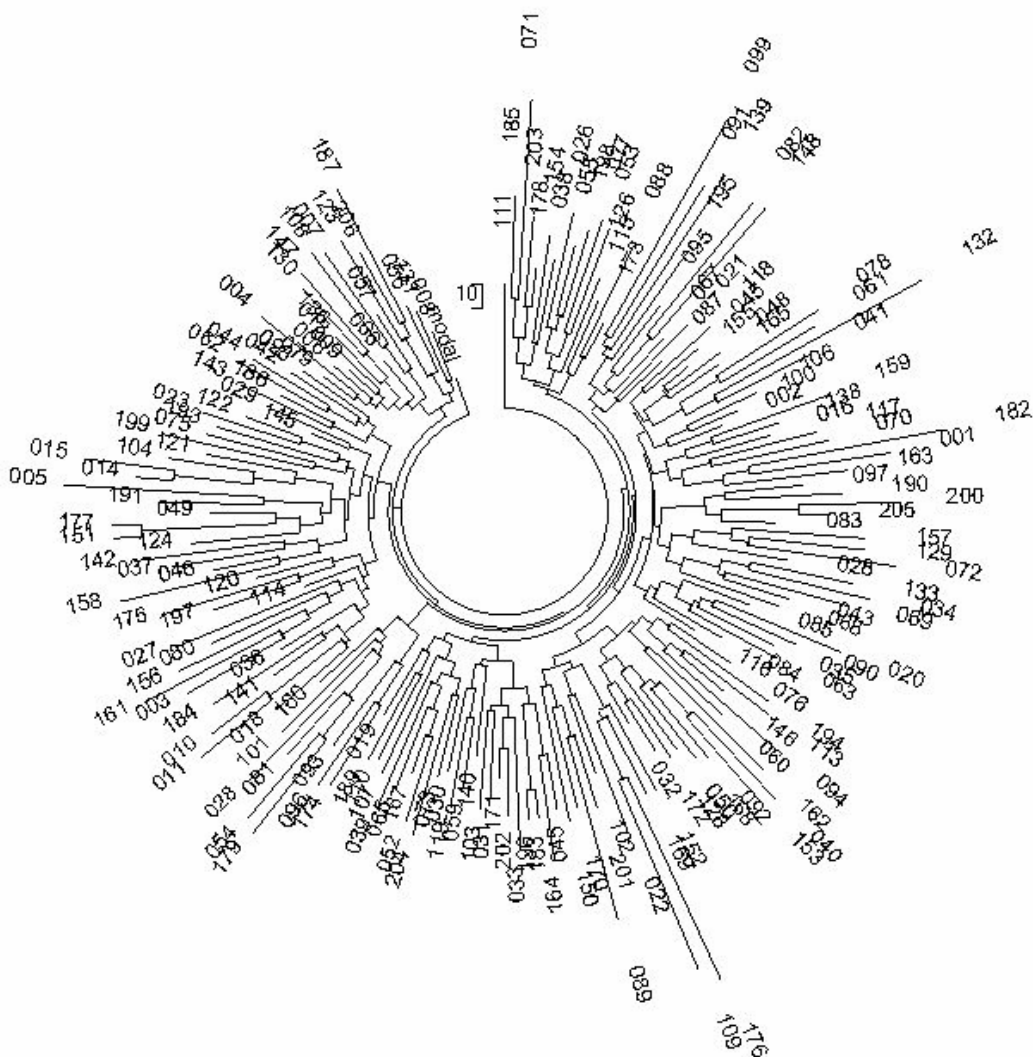


Рис. 5. Дерево 25-маркерных европейских гаплотипов R1b1b2a2g/S28/U152 (ранее R1b1c10), построенное по данным проекта (http://www.davidkfaux.org/R1b1c10_Data.htm) (2008). В выборке - 184 гаплотипа

Все 184 12-маркерных гаплотипа содержат 568 мутаций от базового гаплотипа

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

что соответствует 141 поколению до общего предка (без поправки на возвратные мутации), или 164 поколениям, то есть 4100 лет до общего предка (с поправкой).

Среди этих 184 гаплотипов субклада, представленных на рис. 5, есть восемь идентичных, то есть базовых, или предковых. Используя логарифмический метод, получаем $\ln(184/8)/0.022 = 143$ поколения (без поправки на возвратные мутации), или 167 поколений (с поправкой). То, что число поколений практически одинаково по двум совершенно разным способам расчета показывает, что данный субклад действительно имеет одного общего предка. Об этом же свидетельствует и вид дерева гаплотипов на рис. 5, которое не содержит выраженных ветвей.

Рассмотрим в данном приложении квадратичный метод (Таблица 6).

Таблица 6.

Распределение мутаций в локусах 184 гаплотипов западноевропейцев с гаплогруппой R1b1b2a2g (гаплотипы из базы данных, см. подписи к рис. 5). Обозначения – как в Таблицах выше. Мутации определялись по отношению к базовому гаплотипу 13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29 в нотации FTDNA. Мутации в локусе 389-2 определялись с вычетом мутаций в локусе 389-1.

Мутации	Маркеры												Итого
	393	390	19	391	385a	385b	426	388	439	389I	392	389II	
Одиночных	462 мутаций во всех маркерах												462
Двойных													
+	1	1	4		1	7			1	1	2	5	23
-	-	4	-		2	6			1	-	1	-	14
Тройных					1	3							4
+					-	1							1
-													
Четверные					1	-							1
+					-	2							2
-													
5-кратные						1							1
+						-							-
-													

Из таблицы 6 видно, что множественные (от двойных до пятикратных) мутации в данной выборке распределяются заметно асимметрично – 67 «вверх» и 39 «вниз». Поскольку именно они в первую очередь приводят к асимметричности, данную выборку придется рассматривать как асимметричную по мутациям.

«Истинное» («фактическое») число мутаций в данной выборке равно

$$462 + 37 \times 2^2 + 5 \times 3^2 + 3 \times 4^2 + 1 \times 5^2 = 728 \text{ мутаций}$$

Наблюдаемых мутаций 568, то есть 78% от ожидаемых фактических. Среднее число «истинных» мутаций на маркер равно $728/184/12 = 0.330$. Число поколений до общего предка равно $0.330/0.00183 = 180$. Но поскольку выборка асимметричная по мутациям, это – верхний предел расстояния до общего предка (для случая полной симметричности мутаций). Для нижнего предела находим корень соответствующего квадратного уравнения

$$<\lambda>^2 + <\lambda> - 0.330 = 0$$

Решение этого уравнения дает корень 0.262. Таким образом, нижняя граница временного интервала до общего предка равна $0.262/0.00183 = 143$ поколения. Усредняя, получаем, что общий предок данной выборки субклада R1b1b2a2g (U152) жил 162 ± 26 поколений назад, то есть 4050 ± 650 лет назад. Выше мы рассчитали с использованием поправок на возвратные мутации, что общий предок жил 164 поколений назад, или 4100 лет назад. Как видно, совпадение практически абсолютное в пределах погрешности метода.

5. Выборка 197 12-маркерных гаплотипов западноевропейцев, гаплогруппа R1b1b2a2 (снип S116), новый субклад

Субклад S116 – параллельный другим субкладам гаплогруппы R1b1b2, а именно подгруппам a1 и a2a, представленным выше (рис. 3-5). Они исходят из одного «материнского» субклада R1b1b2 (старое название R1b1c), снип M269, но на рис. 3 и 4 представлен вариант c9, а на рис. 5 – вариант c10. Субклад со снипом S116 – новый, старого названия у него нет.

Дерево гаплотипов на рис. 6 показывает, что у гаплотипов данной выборки – один общий предок. На это указывает отсутствие расщепления дерева на отдельные выраженные ветви, идущие непосредственно из основания дерева.

Все 197 12-маркерных гаплотипов содержат 545 мутаций от базового гаплотипа

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

что соответствует 126 поколениям до общего предка (без поправки на возвратные мутации), или 145 поколениям, то есть 3625 лет до общего предка (с поправкой).

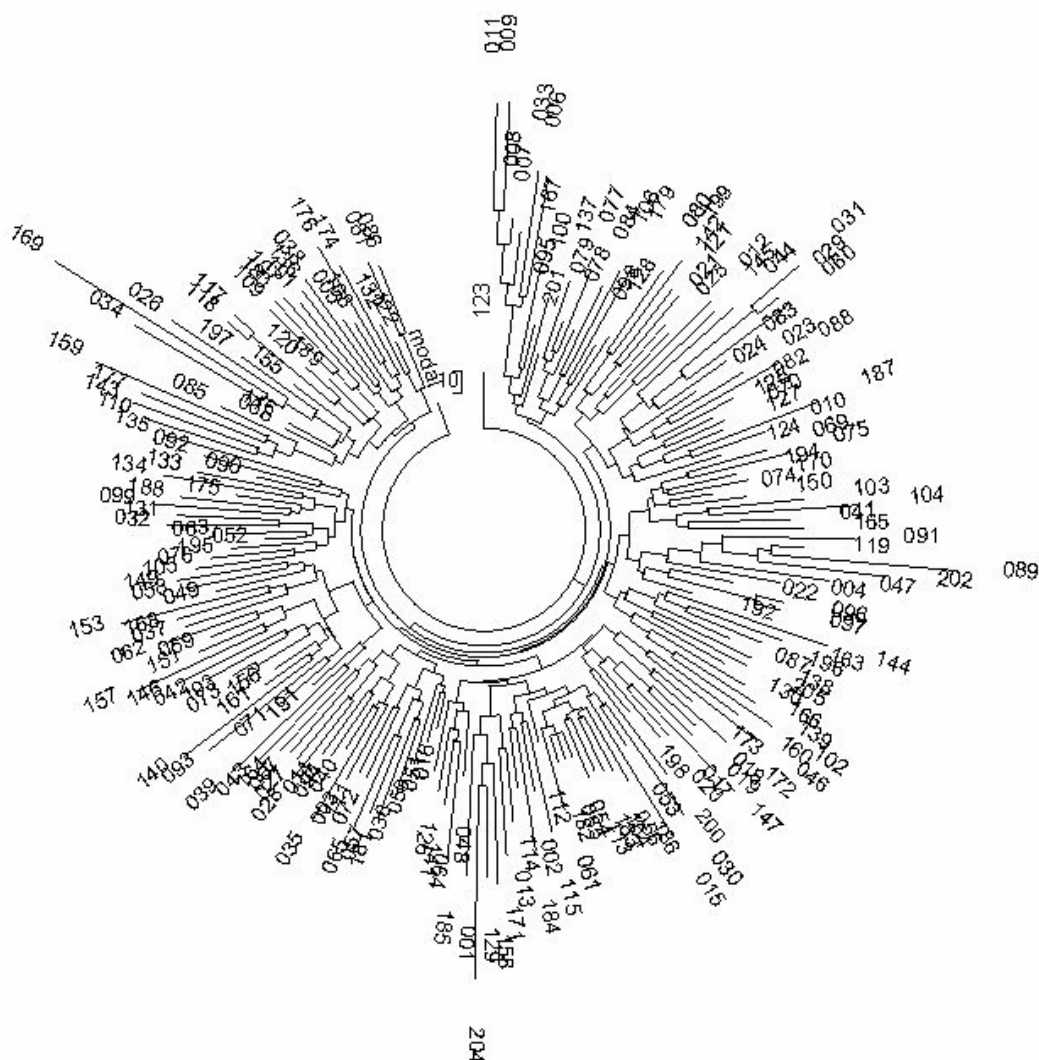


Рис. 6. Дерево 25-маркерных европейских гаплотипов R1b1b2a2 (сним S116), построенное по данным проекта (http://www.familytreedna.com/public/atlantic-r1b1c&fixed_columns=on) (2008). В выборке – 197 гаплотипов

Среди этих 197 гаплотипов субклада, представленных на рис. 6, есть 11 идентичных, то есть базовых, или предковых. Используя логарифмический метод, получаем $\ln(197/11)/0.022 = 131$ поколение (без поправки на возвратные мутации), или 150 поколений (с поправкой). То, что число поколений очень близко (145 и 150) по двум совершенно разным способам расчета показывает, что данный субклад действительно имеет одного общего предка.

Рассмотрим в данном приложении квадратичный метод (Таблица 7).

Таблица 7.

Распределение мутаций в локусах 197 гаплотипов западноевропейцев с гаплогруппой R1b1b2a2 (гаплотипы из базы данных, см. подписи к рис. 6). Обозначения – как в Таблицах выше. Мутации определялись по отношению к базовому гаплотипу 13-24-14-11-11-14-12-12-13-13-29 в нотации FTDNA. Мутации в локусе 389-2 определялись с вычетом мутаций в локусе 389-1.

Мутации	Маркеры												Итого	%
	393	390	19	391	385a	385b	426	388	439	389I	392	389II		
Одиночных	449 мутаций во всех маркерах												449	
Двойных		1	1	-	1	3		1	7	2	3	4	23	72
+		2	1	1	-	4		-	-	-	1	-	9	28
-														
Тройных		-			-	2				1			3	
+		1				5				-			6	
-														
Четверные													-	
+													-	
-														
5-кратные						1							1	
+						-							-	
-														

Из таблицы 7 видно, что множественные (от двойных до пятикратных) мутации в данной выборке распределяются заметно асимметрично – 60 «вверх» и 36 «вниз». Поскольку именно они в первую очередь приводят к асимметричности, данную выборку придется рассматривать как асимметричную по мутациям.

«Истинное» («фактическое») число мутаций в данной выборке равно

$$449 + 32 \times 2^2 + 9 \times 3^2 + 1 \times 5^2 = 683 \text{ мутаций}$$

Наблюдаемых мутаций 545, то есть 80% от ожидаемых фактических. Среднее число «истинных» мутаций на маркер равно $683/197/12 = 0.289$. Число поколений до общего предка равно $0.289/0.00183 = 158$. Но поскольку выборка асимметричная по мутациям, это – верхний предел расстояния до общего предка (для случая полной симметричности мутаций). Для нижнего предела находим корень соответствующего квадратного уравнения

$$<\lambda>^2 + <\lambda> - 0.289 = 0$$

Решение этого уравнения дает корень 0.234. Таким образом, нижняя граница временного интервала до общего предка равна $0.234/0.00183 = 128$ поколений. Усредняя, получаем, что общий предок данной выборки субклада R1b1b2a2 (S116) жил 143 ± 21 поколений назад, то есть 3575 ± 525 лет назад. Выше мы рассчитали с использованием поправок на возвратные мутации, что общий предок жил 145 поколений назад, или 3625 лет назад. Как видно, совпадение практически абсолютное в пределах погрешности метода.

6. Выборка 174 12-маркерных гаплотипов англичан, гаплогруппа I1

Данная выборка была собрана в базе данных YSearch. Все 174 гаплотипа содержат 398 мутаций от базового гаплотипа

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

Это – совершенно типичный базовый гаплотип для гаплогруппы I1 в Европе и идентичен такому же базовому гаплотипу для центральной Европы, Восточной Европы, и отдельно Германии.

Дерево гаплотипов показано на рис. 7

398 мутаций в 174 12-маркерных гаплотипах соответствуют 104 поколениям до общего предка (без поправки на возвратные мутации), или 116 поколениям, то есть 2900 лет до общего предка (с поправкой).

Среди этих 174 гаплотипов субклада есть 21 идентичных, то есть базовых, или предковых. Они видны в верхней части дерева, отходя от ствола в

виде гребенки. Используя логарифмический метод, получаем $\ln(174/21)/0.022 = 96$ поколений (без поправки на возвратные мутации), или 107 поколений (с поправкой).

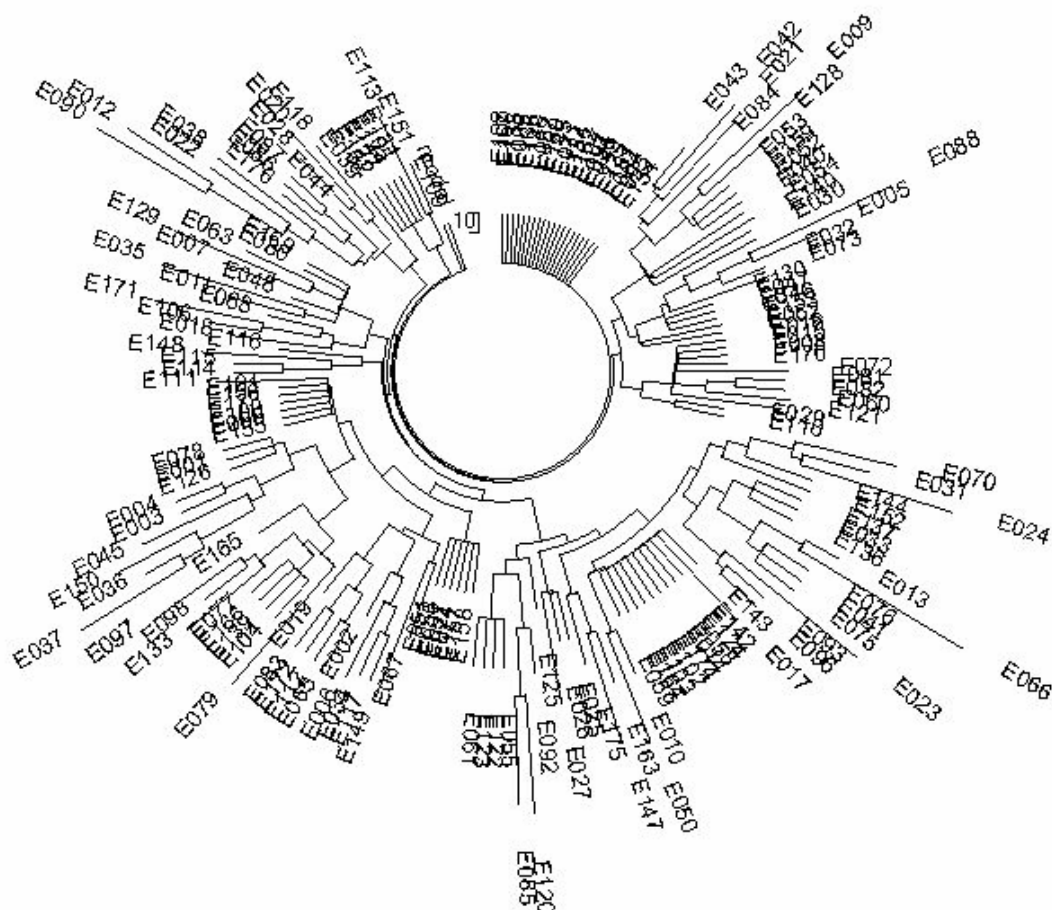


Рис. 7. Дерево 12-маркерных английских гаплотипов гаплогруппы I1, построенное по данным базы YSearch. В выборке - 174 гаплотипа

То, что число поколений довольно близко (107 и 116) по двум совершенно разным способам расчета показывает, что данный субклад действительно имеет одного общего предка. Это же видно и из самого дерева, которое не имеет резко выраженных отдельных ветвей.

Рассмотрим в данном приложении квадратичный метод. Из таблицы 8 видно, что множественные (от двойных до четверных) мутации в данной выборке распределяются выражено асимметрично – 52 «вверх» и 10 «вниз». Поскольку именно они в первую очередь приводят к

асимметричности, данную выборку придется рассматривать как асимметричную по мутациям.

«Истинное» («фактическое») число мутаций в данной выборке равно

$$336 + 24 \times 2^2 + 2 \times 3^2 + 2 \times 4^2 = 482 \text{ мутации}$$

Наблюдаемых мутаций 398, то есть 83% от ожидаемых фактических.

Таблица 8.

Распределение мутаций в локусах 174 английских гаплотипов гаплогруппы I1 (гаплотипы из базы данных YSearch). Обозначения – как в Таблицах выше. Мутации определялись по отношению к базовому гаплотипу 13-22-14-10-13-14-11-14-11-12-11-28 в нотации FTDNA. Мутации в локусе 389-2 определялись с вычетом мутаций в локусе 389-1.

Мутации	Маркеры												Итого	%
	393	390	19	391	385a	385b	426	388	439	389I	392	389II		
Одиночных	336 мутаций во всех маркерах												336	
Двойных + -		1 -	4 -		4 -	3 -		7 1	2 -			2 -	23 1	96 4
Тройных + -		1 -	1 -										2 -	100
Четверные + -	- 1							- 1					- 2	100

Среднее число «истинных» мутаций на маркер равно $482/174/12 = 0.231$. Число поколений до общего предка равно $0.231/0.00183 = 126$. Но поскольку выборка асимметричная по мутациям, это – верхний предел расстояния до общего предка (для случая полной симметричности мутаций). Для нижнего предела находим корень соответствующего квадратного уравнения

$$<\lambda>^2 + <\lambda> - 0.231 = 0$$

Решение этого уравнения дает корень 0.194. Таким образом, нижняя граница временного интервала до общего предка равна $0.194/0.00183 = 106$ поколений. Усредняя, получаем, что общий предок данной выборки гаплогруппы I1 жил 116 ± 14 поколений назад, то есть 2900 ± 350 лет назад.

Выше мы рассчитали с использованием поправок на возвратные мутации, что общий предок жил 116 поколений назад, или 2900 лет назад. Как видно, совпадение абсолютное в пределах погрешности метода.

7. Выборка 44 12-маркерных гаплотипов басков, гаплогруппа R1b1b2

25-маркерное дерево гаплотипов басков имеет на первый взгляд три ветви (рис. 8),

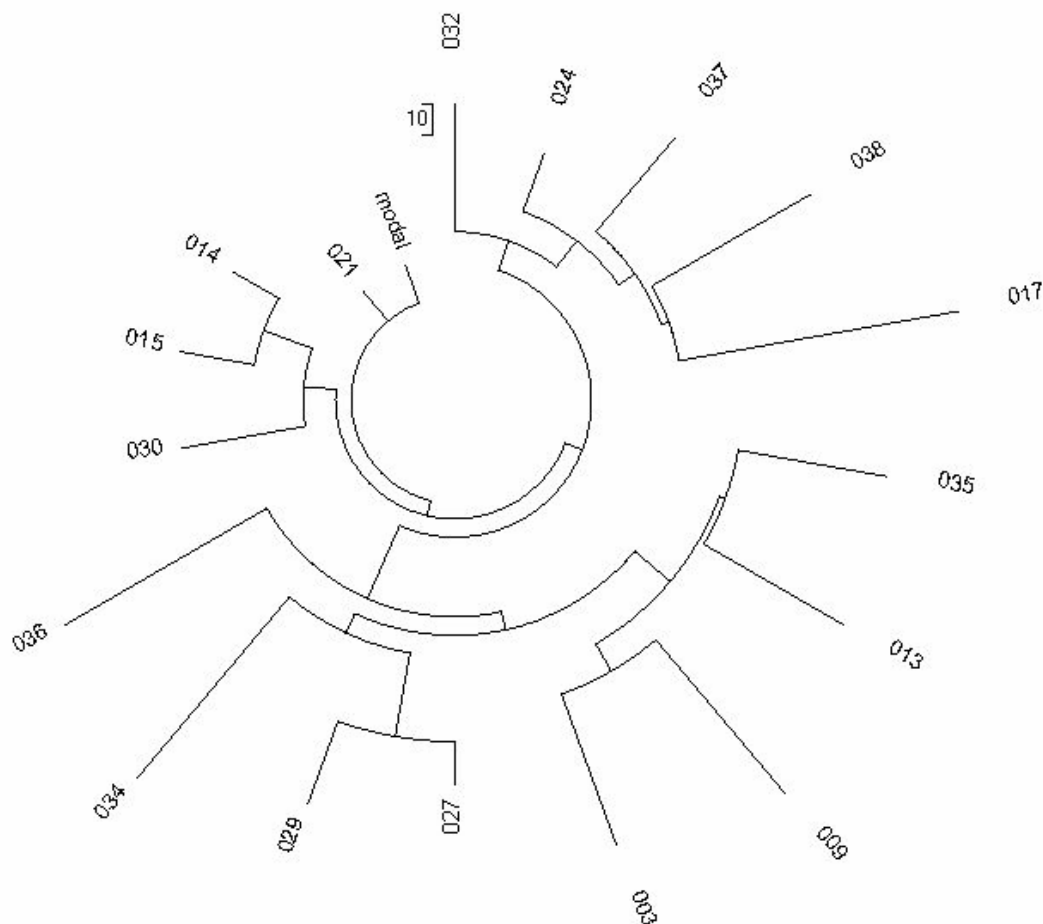


Рис. 8. Дерево 25-маркерных гаплотипов R1b1b2 басков, по данным «баскского проекта» (Basque DNA Project – <http://www.familytreedna.com/public/BasqueDNA> В выборке – 17 гаплотипов.

которые на самом деле отходят от одного базового гаплотипа

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

Возможно, причина такой структуры дерева в том, что 44 гаплотипов в списке принадлежат трем субкладам, один – идентифицирован как R1b1, 3 идентифицированы как R1b1b2a, остальные 40 принадлежат к R1b1b2, но только 4 из них идентифицированы, остальные 36 предсказаны. Поэтому с хорошим приближением можно отнести почти все эти гаплотипы к группе R1b1b2, европейскому варианту общей гаплогруппы R1b.

Более того, 25-маркерные базовые гаплотипы двух субкладов данной гаплогруппы, U152 (R1b1b2a2g) и S116 (R1b1b2a2), с возрастом общего предка 164 и 145 поколений, то есть 4100 и 3625 лет (см. выше) полностью совпадают с предковым гаплотипом басков, а 25-маркерный базовый гаплотип субклада U106 (R1b1b2a1), с возрастом предка 133 поколения (3325 лет) отличается только на одну аллель (23 вместо 24 во втором маркере слева, DYS390). 25-маркерные гаплотипы данных субкладов приведены в работе (Клёсов, 2008d).

Мы будем далее работать с 12-маркерными гаплотипами данной выборке, и соответствующее дерево гаплотипов приведено на рис. 9.

Все 44 12-маркерных гаплотипов басков содержат 122 мутаций от базового гаплотипа

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

что соответствует 127 поколениям до общего предка (без поправки на возвратные мутации), или 146 поколениям, то есть 3650 лет до общего предка (с поправкой).

Среди 44 12-маркерных гаплотипов после 127 поколений (без поправки на возвратные мутации) должно остаться x предковых гаплотипов, где x , рассчитанный по формуле $\ln(44/x)/0.022 = 127$, равен 2.7. На самом деле их два, как показано на рис. 9 как два идентичных базовых гаплотипа (номера 20 и 21). Это практическое совпадение показывает, что все 44 человека в выборке басков происходят от одного общего предка. Об этом же говорит и отсутствие выраженных ветвей на дереве гаплотипов басков.

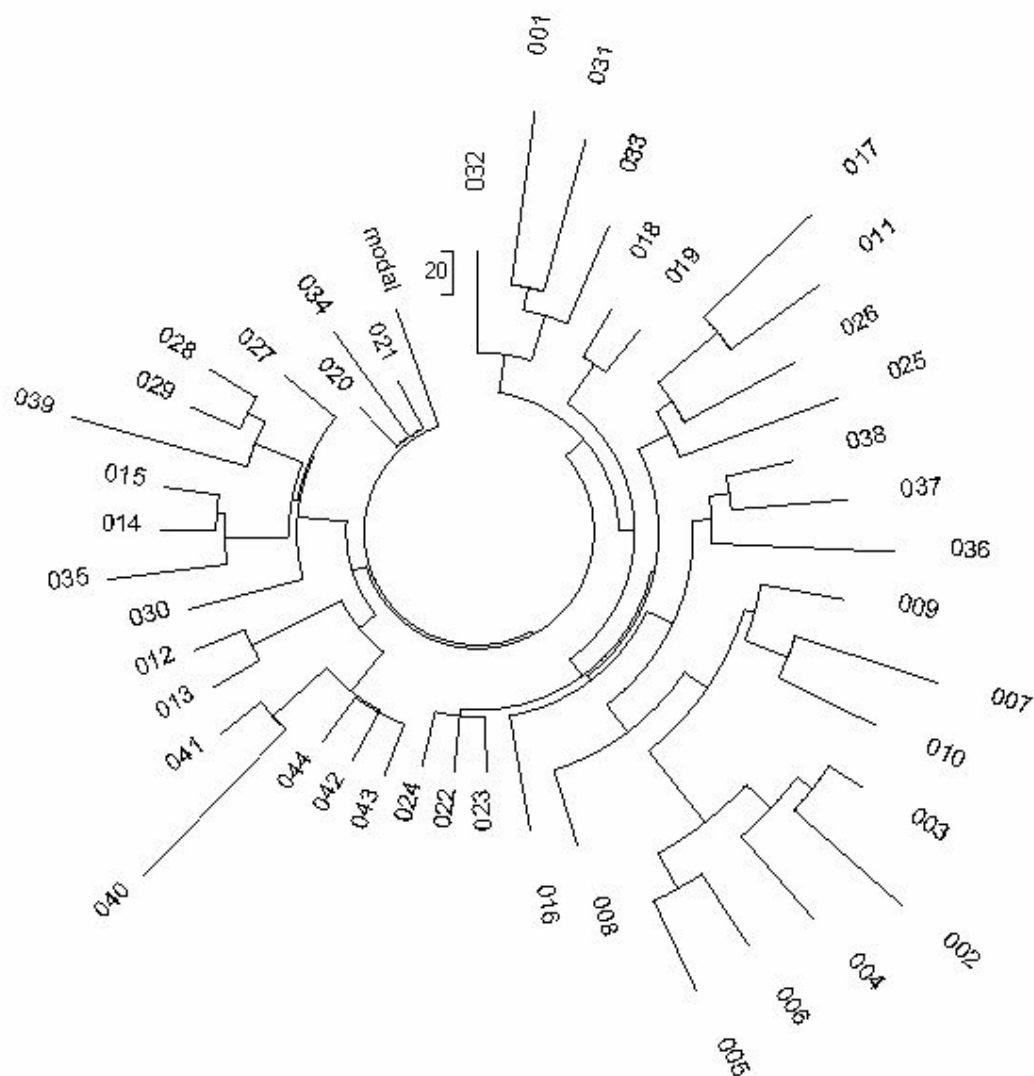


Рис. 9. Дерево 12-маркерных гаплотипов R1b1 басков, по данным «баскского проекта» (Basque DNA Project – <http://www.familytreedna.com/public/BasqueDNA> В выборке – 44 гаплотипа.

Рассмотрим в данном приложении квадратичный метод (Таблица 9).

Таблица 9.

Распределение мутаций в локусах 44 гаплотипов басков с гаплогруппой R1b1b2 (гаплотипы из базы данных «баскского проекта», см. подписи к рис. 8). Обозначения – как в Таблицах выше. Мутации определялись по отношению к базовому гаплотипу 13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29 в нотации FTDNA. Мутации в локусе 389-2 определялись с вычетом мутаций в локусе 389-1.

Мутации	Маркеры												Итого
	393	390	19	391	385 a	385 b	426	388	439	389I	392	389II	
Одиночных	5	5	2	-	4	10	-	-	9	19	1	10	65
+	1	10	-	13	-	2	-	1	6	3	-	-	36
-													
Двойных									1		1	1	3
+									-		-	-	-
-													
Тройных						-							-
+						5							5
-													

Из таблицы видно, что одношаговые мутации в данной выборке распределяются довольно асимметрично – 65 «вверх» и 36 «вниз». Применим оба варианта расчета – «симметричный» и «асимметричный».

«Истинное» («фактическое») число мутаций в данной выборке равно

$$101 + 3 \times 2^2 + 5 \times 3^2 = 158 \text{ мутаций}$$

Наблюдаемых мутаций 122, то есть 77% от ожидаемых фактических. Среднее число «истинных» мутаций на маркер равно $158/44/12 = 0.299$. Число поколений до общего предка равно $0.299/0.00183 = 163$. Но это верхний предел расстояния до общего предка (для случая полной симметричности мутаций). Для нижнего предела находим корень соответствующего квадратного уравнения

$$< \lambda >^2 + < \lambda > - 0.299 = 0$$

Решение этого уравнения дает корень 0.241. Таким образом, нижняя граница временного интервала до общего предка равна $0.241/0.00183 = 132$ поколения. Усредняя, получаем, что общий предок данной выборки басков жил 148 ± 22 поколений назад, то есть 3700 ± 550 лет назад. Выше мы рассчитали с использованием поправок на возвратные мутации, что

общий предок жил 146 поколений назад, или 3650 лет назад. Как видно, совпадение практически абсолютное в пределах погрешности метода.

8. Выборка 24 12-маркерных гаплотипов Буковины, гаплогруппа R1a1

Перейдем к сравнительной демонстрации методов на более древних гаплотипах.

Буковина – старое название местности на северо-востоке Карпат, на стыке Украины и Румынии, со стороны Украины – Черновицкая область. Город Черновцы – исторический центр Буковины. В рамках археологии – это часть территории трипольской культуры, энеолит.

Выборка из 24 12-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 была представлена менеджером базы данных Буковины, <http://www.familytreedna.com/public/HungarianBukovinaSurnames>

Соответствующее дерево гаплотипов представлено на рис. 10.

На первый взгляд может показаться, что дерево разделяется на две отдельные ветви, в которых 11 и 12 гаплотипов. Еще один гаплотип – базовый (см. рис. 10), он не относится к ветвям. Однако на самом деле это одна широкая ветвь с одним ответвлением от ствола. Уже потом это первое ответвление стало ветвиться далее.

Анализ этого дерева был дан в работе (Клёсов, 2008с), где показано, что предковый гаплотип жителей Буковины в 25-маркерном варианте имеет вид

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

и он точно такой же, как у восточных славян. Расчет по 25-маркерным гаплотипам показал, что общий предок выборки жил 6 тысяч лет назад.

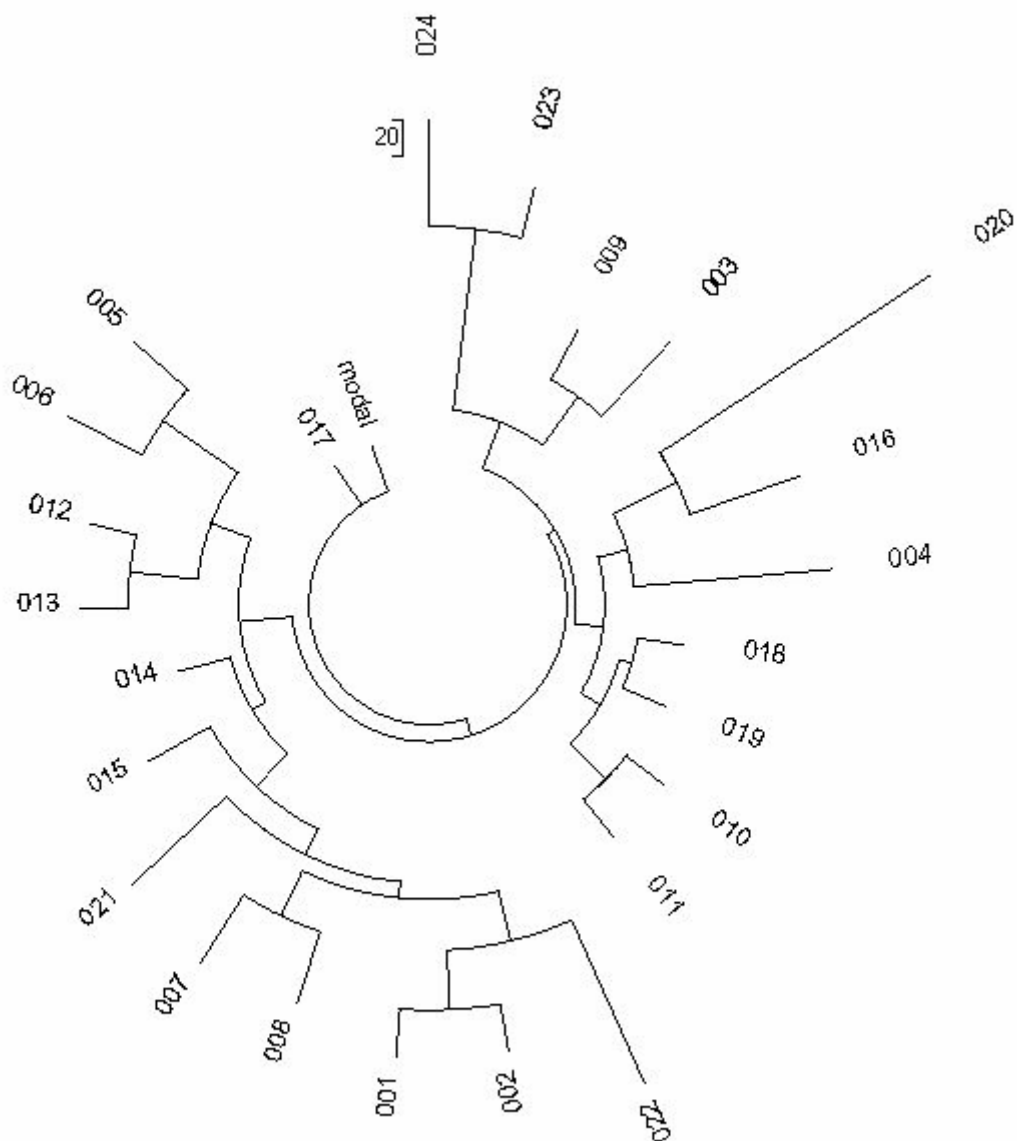


Рис. 10. Дерево 12-маркерных гаплотипов R1a1 с территории Буковины, по данным «проекта Буковины»
<http://www.familytreedna.com/public/HungarianBukovinaSurnames>
В выборке - 24 гаплотипа.

Проведем теперь расчеты по 12-маркерным гаплотипам, и сверим данные. Все 24 гаплотипа имеют 87 мутаций от базового гаплотипа

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

что соответствует 165 поколениям до общего предка (без поправки на возвратные мутации), или 197 поколений, то есть 4925 лет (с поправкой).

Среди 24 12-маркерных гаплотипов после 165 поколений (без поправки на возвратные мутации) должно остаться x предковых гаплотипов, где x , рассчитанный по формуле $\ln(24/x)/0.022 = 165$, равен 0.6. На самом там один базовый гаплотип, как показано на рис. 9 (номер 17). 0.6 гаплотипа быть, естественно, не может, поэтому должен был наблюдаться или один, или ни одного. Один и есть. Это практическое совпадение показывает, что все 24 человека в выборке Буковины происходят от одного общего предка. Об этом же говорит и наличие только одной ветви на дереве гаплотипов Буковины.

Рассмотрим в данном приложении квадратичный метод (Таблица 10).

Таблица 10.

Распределение мутаций в локусах 24 гаплотипов Буковины с гаплогруппой R1a1 (гаплотипы из базы данных «проекта Буковины», см. подписи к рис. 10). Обозначения – как в Таблицах выше. Мутации определялись по отношению к базовому гаплотипу 13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 в нотации FTDNA. Мутации в локусе 389-2 определялись с вычетом мутаций в локусе 389-1.

Мутации	Маркеры												Итого
	393	390	19	391	385 a	385 b	426	388	439	389I	392	389II	
Одиночных	2	2	4	12	1	5	-	-	5	6	-	5	42
+	-	4	7	-	4	2	-	-	-	1	1	3	22
-													
Двойных		-	1		-				4				5
+		4	-		1				-				5
-													
Тройных										-			-
+										1			1
-													

Из таблицы 10 видно, что однократные мутации в данной выборке распределяются умеренно асимметрично – 42 «вверх» и 22 «вниз». Применим оба варианта расчета – «симметричный» и «асимметричный».

«Истинное» («фактическое») число мутаций в данной выборке равно

$$64 + 10 \times 2^2 + 1 \times 3^2 = 113 \text{ мутаций}$$

Наблюдаемых мутаций 87, то есть 77% от ожидаемых фактических. Среднее число «истинных» мутаций на маркер равно $113/24/12 = 0.392$. Число поколений до общего предка равно $0.392/0.00183 = 214$, или 5350 лет. Но это верхний предел расстояния до общего предка (для случая полной симметричности мутаций). Для нижнего предела находим корень соответствующего квадратного уравнения

$$\langle \lambda \rangle^2 + \langle \lambda \rangle - 0.392 = 0$$

Решение этого уравнения дает корень 0.301. Таким образом, нижняя граница временного интервала до общего предка равна $0.301/0.00183 = 164$ поколения. Усредняя, получаем, что общий предок данной выборки Буковины жил 189 ± 35 поколений назад, то есть 4725 ± 875 лет назад. Выше мы рассчитали с использованием поправок на возвратные мутации, что общий предок жил 197 поколений назад, или 4925 лет назад. Как видно, совпадение весьма неплохое, в пределах погрешности метода.

9. Выборка 13 9-маркерных гаплотипов Балкан, гаплогруппа R1a1 (древняя ветвь)

Серия из 67 9-маркерных гаплотипов была опубликована в работе (Pericic et al, 2005). 13 из них образуют древнюю, самую раскидистую ветвь на дереве балканских R1a1 гаплотипов (Клёсов, 2008с), в записи маркеров DYS 393-390-19-391-385a-385b-389I-392-389II:

13 24 16 12 14 15 13 11 31
 12 24 16 10 12 15 13 13 29
 12 24 15 11 12 15 13 13 29
 14 24 16 11 11 15 15 11 32
 13 23 14 10 13 17 13 11 31
 13 24 14 11 11 11 13 13 29
 13 25 15 9 11 14 13 11 31
 13 25 15 11 11 15 12 11 29
 12 22 15 10 15 17 14 11 30
 14 25 15 10 11 15 13 11 29
 13 25 15 10 12 14 13 11 29
 13 26 15 10 11 15 13 11 29
 13 23 15 10 13 14 12 11 28

Предкового гаплотипа в данном списке из-за древности общего предка нет. Поэтому мы применим три метода – один линейный с поправкой на возвратные мутации, другой – квадратичный с расчетом средних величин аллелей (базового гаплотипа), и третий – квадратичный пермутационный, без рассмотрения базового гаплотипа.

Линейный метод с поправкой на возвратные мутации

Находим базовый гаплотип, который в каждой аллели имеет минимальное количество мутаций, то есть проведем «минимизацию базового гаплотипа». Получаем следующий базовый гаплотип:

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

Здесь буквами алфавита обозначены пропущенные аллели по сравнению с нотацией FTDNA.

Все 13 гаплотипов в сумме содержат 74 мутации от базового гаплотипа, что соответствует 335 поколениям (без поправки на возвратные мутации), или 496 поколений, то есть 12400 лет до общего предка (с поправкой). Если вычитать аллели 389I из 389II, то вся выборка содержит 70 мутаций от базового гаплотипа, что соответствует 457 поколений, или 11425 лет до общего предка.

Квадратичный метод с усреднением аллелей

При усреднении аллелей для каждого маркера получаем (последний маркер дан с вычетом аллелей DYS 389I из 389II):

12.92 – 24.15 – 15.08 – 10.38 – 12.08 – 14.77 – 13.08 – 11.46 – 16.62

Далее суммируем число отклонений от средних величин аллелей, умноженное на квадрат отклонения. Это даст количество «истинных» мутаций во всей выборке. Для нашего случая получаем

$28 \times 0.08^2 + 12 \times 1.08^2 + 9 \times 0.92^2 + 2 \times 1.92^2 + 2.92^2 + 5 \times 0.15^2 + 2 \times 1.15^2 + 4 \times 0.85^2 + 2.15^2 + 1.85^2 + 1.62^2 + 9 \times 0.38^2 + 12 \times 0.62^2 + 4 \times 1.38^2 + 7 \times 0.23^2 + 2 \times 2.23^2 + 3.77^2 + 3 \times 0.77^2 + 10 \times 0.46^2 + 3 \times 1.54^2 = 102.988$ мутаций, округленно 103 мутации.

Таким образом, наблюдаемых мутаций (70) было только 68% от фактических.

Поскольку во всех 13 гаплотипах 117 маркеров, то среднее число мутаций на маркер равно 0.880, и число поколений до общего предка равно $0.880/0.00189 = 466$, или 11650 лет.

При этих расчетах мы принимали несимметричное распределение мутаций, поскольку предковый гаплотип нам неизвестен, мы его задавали средней величиной по аллелям, и степень асимметрии неизвестна. Если все-таки мутации шли симметрично, то предок был значительно более древний. Используя таблицу «Зависимость функции $\lambda - \lambda_{набл}^2$ от λ » в Приложении, находим, что для $\lambda - \lambda_{набл}^2$, равному 0.834, среднее число мутаций на маркер λ равно 1.805, и предок жил $1.805/0.00189 = 955$ поколений назад, то есть около 24 тысяч лет назад. Это – крайне маловероятно для гаплогруппы R1a1.

Полученная величина в 11650 лет до общего предка балканских гаплотипов R1a1 лучше согласуется с 11425 годами (метод Клёсова), видимо, поскольку в обоих случаях последний маркер (DYS389II) использовался в «чистом виде», путем вычитания аллели маркера DYS389I. Величина 12400 лет до общего предка (без вычитая аллелей), очевидно, является завышенной, хотя разница составляет примерно 8%, и при столь отдаленных временах определенно укладывается в ошибки измерений.

Пермутационный квадратичный метод

В данном методе берем попарно все имеющиеся варианты аллелей в каждом маркере, и считаем сумму квадратов их разностей. Например, для первого слева маркера (DYS393) в списке из 13 гаплотипов, приведенном выше, имеем 169 пермутаций, включая нулевые разности аллелей с самими же. Сумма квадратов разностей аллели 13 со всеми другими аллелями в первом слева маркере равна 5, сумма квадратов разностей аллели 12 со всеми другими аллелями в том же маркере равна 16, и так далее. Эти квадраты суммы разностей далее опять суммируются по всем маркерам, и для первого маркера получаем 128. В итоге получаем таблицу

Мутации	Маркеры									Сумма
	393	390	19	391	385a	385b	389I	392	389II	
Сумма квадратов разностей	128	356	128	184	544	684	180	240	236	2680

Полученную величину 2680 делим на квадрат числа гаплотипов (N), в соответствии с формулой

$$ASDN = \frac{1}{N^2} \sum_i \sum_j (i - j)^2 n(i)n(j)$$

далее на число маркеров в списке гаплотипов, равное 9, и на 2, поскольку в расчет попадают как $(i - j)^2$, так и $(j - i)^2$. В итоге для рассматриваемого случая получаем $2680/169/9/2 = 0.881$. Это и есть «истинное», фактическое среднее число мутаций на маркер во всей выборке, на все 117 маркеров. Иначе говоря, «истинное» число мутаций во всей выборке равно $0.881 \times 117 = 103$. Поскольку наблюдаемое число мутаций равно 70 (см. выше), то это составляет всего 68% от фактического числа мутаций.

Для нахождения числа поколений до общего предка выборки делим 0.881 на среднюю скорость мутаций для данных 9-маркерных гаплотипов, равную 0.00189 (Клёсов, 2008b), и получаем 466 поколений, или 11650 лет.

Эта величина идентична величине, полученной выше при усреднении аллелей, и отличается всего на несколько поколений от 11425 лет до общего предка, полученной из линейной модели с поправкой на возвратные мутации (метод Клёсова). Различие составляет менее 2%.

Обсуждение

Помимо немалого объема конкретной информации, представленного в этой работе по описанию ряда популяций – якутов (гаплогруппа N1c1), восточноевропейцев (гаплогруппа R1a1), англичан (гаплогруппа I1), басков (гаплогруппа R1b1b2), балканцев (гаплогруппа R1a1), жителей Буковины (гаплогруппа R1a1), носителей ряда субкладов гаплогруппы R1b (U106, U152, S116) – нашей основной задачей было понять и описать, в какой степени квадратичный метод определения временного расстояния до общего предка выборок гаплотипов предоставляет информацию, которую не дают другие методы – метод Клёсова

(линейная модель с поправкой на возвратные мутации) и логарифмический метод. Далее, представить, как часть этого анализа – в какой степени асимметричность мутаций в выборке скажется на расчете времен до общего предка, на сколько отличается наблюдаемое число мутаций от фактического, «истинного», и подобные вопросы.

Главный вывод статьи состоит в том, что введение табличных поправок на возвратные мутации приводит к тем же результатам, что и квадратичный метод. Степень асимметричности мутаций еще не проработана в литературе (и в настоящей работе) в отношении ее количественных оценок, так что введение этого показателя было сделано пока в полуколичественном варианте, хотя тоже привело к согласованию с известными методами расчетов. Более детально вопрос о количественно оценке степени асимметричности мутаций в выборках гаплотипов будет дан в последующих публикациях.

Перейдем к иллюстрации этих положений.

В Таблице 11 приведены времена до общих предков выборок, рассмотренных в качестве примеров в настоящем исследовании и рассчитанных разными способами, здесь обсуждаемыми.

Таблица 11

Примечания: Метод Клёсова – линейный, с табличной поправкой на возвратные мутации (Адамов и Клёсов, 2008; Клёсов, 2008b); логарифмический метод описан в работах (Клёсов, 2008a; Клёсов, 2008b). Остальные методы описаны в настоящей статье. Логарифмический метод основан на количестве базовых гаплотипах в выборке, и при малом их количестве (например, 1 или 2 у древних популяций) ошибка определения прогрессивно возрастает. Поколение – 25 лет (это здесь операционная величина, не имеющая отношения к «поколениям» в житейском смысле).

Гаплогруппа, выборка, кол-во гаплотипов	Метод расчета, расстояние до общего предка выборки в поколениях и (годах)						
	Линейный (заниженные данные)	Клэсов	Логарифм.	Квадратичный			
				ASD0		ASDM	ASDN
				Симм	Асимм		
N1c1, якуты, 172 гаплотипа (9-маркерные) 74 базовых	58 (1450 лет)	62 (1550)	53 (1325)	64 (верхний предел)	58 (нижний предел)	53	48
				61±4 (1525±100)			
R1a1, русскоязычные (Россия, Украина, Средняя Азия), 65 гаплотипов (12-маркерные) 2 базовых	145	169 (4225)	187 (4675)	186 (4650)	(выборка симметрична)		
R1b1b2a1 (U106) 284 гаплотипа (12-маркерные) 21 базовых	117	133 (3325)	134	146 (верхний предел)	120 (нижний предел)		
				133±18 (3325±450)			
R1b1b2a2g (U152) 184 гаплотипа (12-маркерные) 8 базовых	141	164 (4100)	167	180 (верхний предел)	143 (нижний предел)		
				162±26 (4050±650)			
R1b1b2a2 (S116) 197 гаплотипов (12-маркерные) 11 базовых	126	145 (3625)	150	158 (верхний предел)	128 (нижний предел)		
				143±21 (3575±525)			
II Англичане 174 гаплотипа (12-маркерные) 21 базовых	104	116 (2900)	107	126 (верхний предел)	106 (нижний предел)		
				116±14 (2900±350)			
R1b1b2 Баски 44 гаплотипа (12-маркерные) 2 базовых	127	146 (3650)	163 (4075)	163 (верхний предел)	132 (нижний предел)		
				148±22 (3700±550)			
R1a1 Буковина 24 гаплотипа (12-маркерные) 1 базовый	165	197 (4925)	-	214 (верхний предел)	164 (нижний предел)		
				189±35 (4725±875)			
R1a1 Балканы 13 гаплотипов (9-маркерные) Базовых нет	335	457 (11425), вариант 496 (12400)	-	-	-	466 (11650)	466 (11650)

Видно, что метод Клэсова дает практически те же результаты, но он намного менее трудоемкий. Хотя авторы не исключают, что при дополнительной проработке вопроса о симметрии мутаций

квадратичный метод окажется более точным и/или информативным. Пока этого нет.

Говоря о симметрии мутаций, целесообразно взглянуть на обобщенные данные по исследованным в этой работе выборкам гаплотипов (Таблица 12).

Таблица 12

Примечания: Метод Клёсова – линейный, с табличной поправкой на возвратные мутации (Адамов и Клёсов, 2008; Клёсов, 2008b); логарифмический метод описан в работах (Клёсов, 2008a; Клёсов, 2008b). Остальные методы описаны в настоящей статье. Логарифмический метод основан на количестве базовых гаплотипах в выборке, и при малом их количестве (например, 1 или 2 у древних популяций) ошибка определения прогрессивно возрастает. Поколение – 25 лет (это здесь операционная величина, не имеющая отношения к «поколениям» в житейском смысле).

Гаплогруппа, выборка, кол-во гаплотипов	Расстояние до общего предка		Степень (а)симметрии выборки		Число наблюдаемых и фактических мутаций (% наблюдаемых)
	Метод Клёсова	Квадратичный Метод	Все мутации	Множест- венные мутации	
N1c1, якуты, 172 гаплотипа	62 (1550)	61±4 (1525±100)	+ 13% - 87%	+ 0% - 100%	169 vs. 187 (90%)
R1a1, русскоязычные (Россия, Украина, Средняя Азия), 65 гаплотипов	169 (4225)	186 (4650)	+ 51% - 49%	+ 53% - 47%	207 vs. 265 (78%)
R1b1b2a1 (U106) 284 гаплотипа	133 (3325)	133±18 (3325±450)		+ 76% - 24%	729 vs. 909 (80%)
R1b1b2a2g (U152) 184 гаплотипа	164 (4100)	162±26 (4050±650)		+ 63% - 37%	568 vs. 728 (78%)
R1b1b2a2 (S116) 197 гаплотипов	145 (3625)	143±21 (3575±525)		+ 63% - 37%	545 vs. 683 (80%)

I1 Англичане 174 гаплотипа	116 (2900)	116±14 (2900±350)		+ 84% - 16%	398 vs. 482 (83%)
R1b1b2 Баски 44 гаплотипа	146 (3650)	148±22 (3700±550)	+ 58% - 42%	+ 29% - 71%	122 vs. 158 (77%)
R1a1 Буковина 24 гаплотипа	197 (4925)	189±35 (4725±875)	+ 60% - 40%	+ 43% - 57%	87 vs. 113 (77%)
R1a1 Балканы 13 гаплотипов	457 (11425), вариант 496 (12400)	11650; 11650			70 vs. 103 (68%) вариант 70 vs. 103 (68%)

Обращает на себя внимание, что асимметричность направления мутаций – более частое явление, чем симметричность. Симметричные мутации наблюдались только в сериях гаплотипов гаплогруппы R1a1 – Россия, Украина, Средняя Азия, Буковина. Гаплогруппа N1c1, на примере якутов, дала сильно асимметричные мутации (85% и 100% в одну сторону при одношаговых и двойных мутациях, соответственно), хотя и при одном общем предке выборки. В четырех случаях мутации преимущественно проходили в одну сторону, «вверх», вплоть до +76% (R1b1b2 субклад U106) и +84% (I1, англичане), причем субклады R1b1b2a2 (U152 и S116) дали совершенно одинаковую степень асимметричности (+67%). Только у басков (R1b1b2) асимметрия мутаций была направлена «вниз», причем значительно (-71%).

По-видимому, направления мутаций отражают присутствие в данной выборке субкладов. Например, если в выборке смешаны два субклада, один с аллелью DYS388 12, другой – с аллелью 10 (см. Клёсов, 2008е), то асимметрия данного маркера будет на 100% направлена в сторону преобладающего субклада. Этот феномен еще подлежит изучению.

Для «чистого» случая полной симметрии или полной (односторонней) асимметрии вклад асимметрии зависит от расстояния до общего предка (см. Таблицу 13 на примере одного локуса).

Таблица 13.

Разница в показателях оценки возраста популяции между симметричным и асимметричным деревьями мутаций в отдельном микросателлитном локусе.

λ (возраст)	Метод	Симметричное дерево мутаций	Асимметричное дерево мутаций	Разница (симм./асимм.)
0.1 (1250 лет)	Линейный	0.094	0.100	1.06
	ASD0	0.100	0.110	1.10
	ASDM	0.091	0.100	1.10
	ASDN	0.182	0.200	1.10
0.2 (2500 лет)	Линейный	0.182	0.200	1.10
	ASD0	0.200	0.240	1.20
	ASDM	0.167	0.200	1.20
	ASDN	0.334	0.400	1.20
0.5 (6250 лет)	Линейный	0.401	0.500	1.25
	ASD0	0.500	0.750	1.50
	ASDM	0.339	0.500	1.47
	ASDN	0.678	1.000	1.47
1.0 (12500 лет)	Линейный	0.674	1.000	1.48
	ASD0	1.000	2.000	2.00
	ASDM	0.546	0.500	1.83
	ASDN	1.092	2.000	1.83
2.0 (25000 лет)	Линейный	1.047	2.000	1.91
	ASD0	2.000	6.000	3.00
	ASDM	0.903	2.000	2.21
	ASDN	1.806	4.000	2.21

Показателем в линейном методе (Клёсов, 2008a) является наблюдаемое среднее число мутаций на маркер $\lambda_{набл.}$. Показателем в модифицированном методе Клёсова (Клёсов, 2008a; Адамов и Клёсов, 2008; Клёсов, 2008b) является введение возвратных мутаций. Из таблицы видно, что чувствительность методов ASD к степени симметричности мутаций выше, чем в линейном методе. Это неудивительно, учитывая возведение в квадрат разниц в числе тандемных повторов в методах ASD, и подобную по сути компенсацию при введении поправки на возвратные мутации.

К сожалению, в настоящее время в литературе почти нет данных по анализу степени симметричности мутаций, ее причинах и последствиях. Данные по мутациям в аутосомных динуклеотидных STR локусах указывают на то, что по мере удаления числа tandemных повторов от некоторого оптимального значения мутации происходят преимущественно в сторону возвращения к оптимальному значению (Huang et al, 2002).

Резюмируя, в настоящей работе показано, что квадратичный метод и линейный метод с учетом возвратных мутаций дают примерно одинаковые результаты. Если в первом следует учитывать отдельно одношаговые, двухшаговые и многошаговые мутации, и возводить число их в квадрат, то есть возрастает объем расчетной работы, то во втором подходе считаются подряд все мутации как единичные, но затем вводится табличная поправка на возвратные мутации. Видимо, оба метода найдут своих последователей. Результат в виде временного расстояния до общего предка выборки будет практически одинаковым.

Литература

Адамов, Д.С. (2008) Расчет возраста популяции якутов, принадлежащих к гаплогруппе N1c1. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 4: 648-657.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008) Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 4: 632-647.

Клёсов, А.А. (2008a) Основные положения ДНК-генеалогии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 2: 252-348.

Клёсов, А.А. (2008b) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, №5: 812-835.

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

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

Goldstein, D.B., Linares, A.R., Cavalli-Sforza, L.L. and Feldman, M.W. (1995a) Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 92, 6723-6727.

Goldstein, D.B., Linares, A.R., Cavalli-Sforza, L.L. and Feldman, M.W. (1995b) An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci. Genetics 139, 463-471.

Huang, Qing-Yang, et al. (2002) Mutation Patterns at Dinucleotide Microsatellite Loci in Humans. Am J Hum Genet. 70(3): 625-634.

Pakendorf B., Novgorodov, I.N., Osakovskij, V.L., Danilova, A.P., Protod'jakonov, A.P. and Stoneking, M. (2006) Investigating the effects of prehistoric migrations in Siberia: genetic variation and the origins of Yakuts. Hum.Genet. 120, 334-353.

Pericic, M., Lauc, L.B., Klaric, A.M. et al. (2005) High-resolution phylogenetic analysis of southeastern Europe traces major episodes of paternal gene flow among Slavic populations. Mol. Biol. Evol. 22, 1964-1975

Takezaki, N. and Nei, M. (1996) Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. Genetics 144, 389-399.

Zhivotovsky, L.A. and Feldman, M.W. (1995) Microsatellite variability and genetic distances. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 92, 11549-11552.

<http://dienekes.blogspot.com/2008/10/on-use-of-average-squared-distance-asd.html>

<http://dienekes.blogspot.com/2008/10/estimating-tmrca-for-pair-of-y-str.html>

<http://www.familytreedna.com/public/U106>

ПРИЛОЖЕНИЕ

Таблица. Зависимость функции $\lambda - \lambda_{набл}^2$ от λ .

λ	$\lambda - \lambda_{набл}^2$	λ	$\lambda - \lambda_{набл}^2$	λ	$\lambda - \lambda_{набл}^2$	λ	$\lambda - \lambda_{набл}^2$	λ	$\lambda - \lambda_{набл}^2$
0.01	0.010	0.41	0.294	0.81	0.473	1.21	0.623	1.61	0.765
0.02	0.020	0.42	0.299	0.82	0.477	1.22	0.627	1.62	0.769
0.03	0.029	0.43	0.304	0.83	0.481	1.23	0.630	1.63	0.772
0.04	0.038	0.44	0.310	0.84	0.485	1.24	0.634	1.64	0.776
0.05	0.048	0.45	0.315	0.85	0.489	1.25	0.637	1.65	0.779
0.06	0.057	0.46	0.320	0.86	0.493	1.26	0.641	1.66	0.783
0.07	0.065	0.47	0.325	0.87	0.497	1.27	0.644	1.67	0.786
0.08	0.074	0.48	0.330	0.88	0.501	1.28	0.648	1.68	0.790
0.09	0.083	0.49	0.335	0.89	0.505	1.29	0.652	1.69	0.793
0.10	0.091	0.50	0.339	0.90	0.508	1.30	0.655	1.70	0.797
0.11	0.099	0.51	0.344	0.91	0.512	1.31	0.659	1.71	0.801
0.12	0.107	0.52	0.349	0.92	0.516	1.32	0.662	1.72	0.804
0.13	0.115	0.53	0.354	0.93	0.520	1.33	0.666	1.73	0.808
0.14	0.123	0.54	0.358	0.94	0.524	1.34	0.669	1.74	0.811
0.15	0.131	0.55	0.363	0.95	0.527	1.35	0.673	1.75	0.815
0.16	0.138	0.56	0.368	0.96	0.531	1.36	0.677	1.76	0.818
0.17	0.145	0.57	0.372	0.97	0.535	1.37	0.680	1.77	0.822
0.18	0.153	0.58	0.377	0.98	0.539	1.38	0.684	1.78	0.825
0.19	0.160	0.59	0.381	0.99	0.542	1.39	0.687	1.79	0.829
0.20	0.167	0.60	0.386	1.00	0.546	1.40	0.691	1.80	0.832
0.21	0.174	0.61	0.390	1.01	0.550	1.41	0.694	1.81	0.836
0.22	0.181	0.62	0.395	1.02	0.554	1.42	0.698	1.82	0.839
0.23	0.187	0.63	0.399	1.03	0.557	1.43	0.701	1.83	0.843
0.24	0.194	0.64	0.403	1.04	0.561	1.44	0.705	1.84	0.847
0.25	0.201	0.65	0.408	1.05	0.565	1.45	0.709	1.85	0.850
0.26	0.207	0.66	0.412	1.06	0.568	1.46	0.712	1.86	0.854
0.27	0.213	0.67	0.416	1.07	0.572	1.47	0.716	1.87	0.857
0.28	0.220	0.68	0.420	1.08	0.576	1.48	0.719	1.88	0.861
0.29	0.226	0.69	0.425	1.09	0.579	1.49	0.723	1.89	0.864
0.30	0.232	0.70	0.429	1.10	0.583	1.50	0.726	1.90	0.868
0.31	0.238	0.71	0.433	1.11	0.587	1.51	0.730	1.91	0.871
0.32	0.244	0.72	0.437	1.12	0.590	1.52	0.733	1.92	0.875
0.33	0.250	0.73	0.441	1.13	0.594	1.53	0.737	1.93	0.878

0.34	0.255	0.74	0.445	1.14	0.598	1.54	0.740	1.94	0.882
0.35	0.261	0.75	0.449	1.15	0.601	1.55	0.744	1.95	0.886
0.36	0.267	0.76	0.453	1.16	0.605	1.56	0.747	1.96	0.889
0.37	0.272	0.77	0.457	1.17	0.608	1.57	0.751	1.97	0.893
0.38	0.278	0.78	0.461	1.18	0.612	1.58	0.755	1.98	0.896
0.39	0.283	0.79	0.465	1.19	0.616	1.59	0.758	1.99	0.900
0.40	0.289	0.80	0.469	1.20	0.619	1.60	0.762	2.00	0.903

Древние арии: кто они были, и откуда?

Анатолий Клёсов

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

ВВЕДЕНИЕ

Эта статья была вызвана к жизни докладом президента Таджикистана Эмомали Рахмонова «Арийские ценности в мировой цивилизации», прочитанным в августе 2006 года, и его же статьей «Арии и познание арийской цивилизации (размышления накануне празднования Года арийской цивилизации)» (ссылки в конце статьи).

Его материалы содержат хороший исторический экскурс в историю Средней Азии и древнеиранских государств первого тысячелетия до н.э. и первого тысячелетия н.э. Государств, которые вошли в историю как арийские – и по языку, и по этносу, и по государственному образованию. Характерно, что Дарий 1-й, ахеменидский царь, написал на барельефе в Накш-и-Рустаме «Я, Дарий, великий царь, царь царей... ахеменид, перс, сын перса, арий, сын ария».

А поскольку над экскурсом президента, естественно, немало поработали лучшие научные силы Таджикистана, то этот текст отражает современное состояние науки об ариях. По крайней мере, научный взгляд с востока, из Средней Азии.

Но из статьи президента, как и из других материалов исторической науки вытекает, что история ариев становится более-менее ясной ТОЛЬКО после переселения их в Индию и Иран. Конечно, там тоже многое неясно, но никакого сравнения с тем, насколько неясно, что было ДО ТОГО. Поскольку президент (точнее, историки, готовившие материал) это не знает, то даже упоминания предыдущей истории ариев всячески избегает.

У меня нет никаких оснований обвинить президента или его помощников в утаивании, в умышленном перекосе в сторону Индии-Ирана. Думаю, это - объективное отражение полного незнания этого вопроса. Да и откуда историкам-лингвистам знать? Они не нашли ответов.

Что современная историческая наука говорит об ариях 2-го тысячелетия до н.э. и ранее (более 3000 лет назад)

Справедливости ради следует указать, что некоторые упоминания о предыдущем бытии ариев, или их предшественников, в статье президента есть. Но эти упоминания либо весьма глухие, или ошибочные, как мы убедимся ниже. Что же он упоминает?

Он упоминает, что до разделения «*племен иранских и индийских ариев*» был «*период их длительного проживания на одной территории вплоть до времени переселения на территории их нынешнего проживания*». Какие территории «длительного проживания» – непонятно. Он говорит, что «*языковая, культурная и религиозно-традиционная общность иранских и индийских ариев сама по себе является доказательством длительного совместного проживания этих народов на одной единой территории*». Какая территория – сведений опять нет.

Цитирую Президента: "*После переселения ариоиндийских народов в Индию, примерно в начале второго тысячелетия до нашей эры, началось время разделения племен иранских и индийских ариев*".

Здесь сразу несколько вопросов, если не сказать несуразиц. Во-первых, переселения ОТКУДА? Переселение ВСЕГДА откуда-то. Президент не знает, поэтому и не упоминает. Даже не предполагает, хотя последующая история ариев исключительно детальная. А перед этим - обрыв. Стена. Пропать.

Далее, заметили? "*Переселение ариоиндийских народов в Индию*". То есть они уже БЫЛИ индийцами ДО переселения. Интересно, да?

Со сроками переселения в Индию Президент особенно не ошибся, сказав, что это было "*примерно в начале второго тысячелетия до нашей эры*". На самом деле это было не в начале, а скорее в середине второго

тысячелетия, 3500 лет назад. Арии ушли с южного Урала в Индию примерно 3600 лет назад, какое-то время заняло передвижение. Это древние иранские языки появились в начале второго тысячелетия до нашей эры, по данным лингвистов. Значит, 3900-3800 лет назад. Это и были арийские языки, это и было время переселения ариев в Иран. Но если лингвисты со сроками правы, то арии в Иран ушли, минуя Индию, напрямую, и на 200-300 лет раньше, чем другие арии перешли в Индию. Первые ушли в Иран из Средней Азии, вторые в Индию – с Южного Урала. Это были, видимо, два разных потока миграции ариев, с разницей в несколько сотен лет.

Президент меняет эти потоки местами и временами, отмечая, что *«примерно через тысячу лет после переселения индоариев происходит переселение группы ариоиранских племен, населявших Среднюю Азию, на территорию современного Ирана. Эти арийские народы были предками мидийцев, персов, и других западноарийских (иранских) племен»*. Здесь сразу несколько нестыковок. Во-первых, нестыковка с временем перехода ариев в Индию, которая произошла с Южного Урала (Аркаим, Синташта, «страна городов») 3600-3500 лет назад. Через тысячу лет после этого, то есть всего 500-600 лет до н.э. арии не могли перейти в Иран, поскольку там арии к этому времени давно были, и было Мидийское царство, было государство Ахеменидов, была Бактрия, несколько севернее. Да и Авеста уже была в целом создана, в которой говорится про прежнюю жизнь ариев.

Далее, серьезная нестыковка с данными лингвистов, по которым иранские/индоевропейские языки стали появляться только в начале 3-го тысячелетия до н.э., то есть ДО перехода ариев в Индию, а не после. Это все говорит о том, что арии передвинулись в Иран раньше, чем в Индию, на несколько сот лет раньше, а не на тысячу лет позже.

Я это все пишу вовсе не в пику уважаемому президенту, а только чтобы показать, что знания современных историков по истории ариев фрагментарны и часто неверны, или по меньшей мере конфликтуют с другими данными (или предположениями) науки.

Написав о *«группе ариоиранских племен, населявших Среднюю Азию»*, президент опять поворачивает историю вспять, поскольку те племена иранскими до переселения в Иран никак не могли быть. Но здесь речь уже идет о Средней Азии, как месте жительства ариев ДО перехода их в

Иран. Далее, президент пишет: *«На основании историко-археологических, языковых и географических фактов исследователи установили основные территории распространения ариоиранских народов и языков в очень обширных границах – от юго-востока Европы до восточного Туркестана и от Приуралья и юга Сибири до юга Ирана»*. Здесь совершенно непонятно, кто куда распространялся – то ли это «ариоиранские народы» распространились по столь большим территориям, то ли, наоборот, это был ареал распространения предков «ариоиранских народов», которые и положили начало как «ираноариям», так и «индоариям».

Но поскольку далее президент пишет о том, что *«другие восточноарийские народы – бактрийцы, согдийцы, хорезмийцы и некоторые сакские племена (то есть по некоторым прочтениям скифы – А.К.) – избрали местом постоянного проживания свою историческую территорию – Среднюю Азию»*, то отсюда следует, что именно Средняя Азия была «историческим местом» ариев, их колыбелью.

И действительно, цитируя академика В.В. Бартольда, президент пишет: *«Насколько мы можем судить об истории Средней Азии, ее коренное население всегда принадлежало к арийским племенам, в частности, к иранской группе арийских народов»*. То есть, оказывается, не только арии всегда жили в Средней Азии, но там всегда жили и «ираноарии». А как же переселение ариев в Иран? Откуда тогда они переселились, если они там всегда жили? И тут же президент пишет, что слово Ариана *«происходит от названия арийских племен или народов и является названием той земли, на которой первоначально проживали арии. Вокруг этого названия ведутся продолжительные споры...»* Значит, земля первоначального проживания ариев для тех, кто готовил Президенту материал, неизвестна? И тут же дальше – *«За время миграции и длительного проживания в Средней Азии – на своей извечной родине – арийские народы...»*

И тут же – о *«древнейшей территории проживания ариев в южных районах России»*. И опять – *«территории проживания ариев были гораздо более обширными»*. И здесь же – *«Одним из реальных доказательств относительно первоначальной территории проживания союза ариев, за тысячелетия до нашей эры, в пределах от южных степей России до Средней Азии...»* Так как же с «извечной родиной» ариев в Средней Азии?

Вопрос этот у современных историков запутался донельзя.

Далее, просто занятная, но характерная неточность. «После переселения ариоиндийских народов в Индию... началось время деления племен иранских и индийских ариев» Так для такого деления им надо сначала в Иран переселиться, хотя бы для части ариев. Об этом в тексте упоминания нет. И понятно, почему нет. У историков и президентов таких оговорок не бывает. Они просто не знают, как и когда произошло это переселение из Индии в Иран, и вообще переселялись ли. Возможно, часть ариев переселились прямо в Иран, без промежуточной Индии.

А ДНК-генеалогия показывает, что по меньшей мере часть ариев переселились из Индии в восточную часть Ирана, потому что гаплогруппы R1a1 находятся в максимальном количестве именно на востоке Ирана, в его части, прилегающей к тогдашней Индии. Сейчас это отделено от Индии Пакистаном и Афганистаном, тоже богатых R1a1.

Раз мы заговорили про гаплогруппы, пора завершить вступление и перейти к тому, что показала ДНК-генеалогия. А вступление было дано только потому, чтобы показать, насколько далека современная историческая наука от понимания истории ариев. В терминах ДНК-генеалогии – рода R1a1, или гаплогруппы R1a1.

ДНК-генеалогия об ариях, род гаплогруппы R1a1

Маршрут продвижения человечества из Африки до Балкан (и далее), который занял примерно 50 тысяч лет, довольно подробно описан в недавней статье (Клёсов, 2008а). Если коротко, то это путь пролегал с восточного побережья Африки через Красное море (примерно 60 тысяч лет назад), далее на север, в Месопотамию и до южного Прикаспия (западный Иран), далее, 40 тысяч лет назад, на восток, через Иран и Афганистан до гор Памира – Тянь-Шаня – Гиндукуша, далее, 35 тысяч лет назад, на север, через Среднюю Азию и южную Сибирь – на восток, это уже 25 тысяч лет назад, и, наконец, до Балкан и Динарских Альп, Адриатического побережья примерно 12 тысяч лет назад.

Происходило это в следующем порядке, и сопровождалось следующими мутациями в Y-хромосомах переселенцев. В Африке остались носители гаплогрупп А и В. После выхода из Африки мутация цитозина в тимин (С→Т) в определенном месте ДНК, так называемый снип (M168), привел к образованию древней сводной гаплогруппы С-Р, примерно 60 тысяч лет

назад. Через 10 тысяч лет, пока мигранты все еще в основном обитали на Аравийском полуострове, снип M89 привел к образованию более «зауженной» гаплогруппы F-R. Этот снип имеется ныне примерно у 90% всех неафриканцев. У остальных - гаплогруппы C (монголоидная), D (восточно-азиатская) и E (североафриканская).

Многие мужчины с этим снипом, или маркером M89 осели на юге Аравийского полуострова, но предок, который через 40 тысяч лет положит начало гаплогруппе R1a1, арийской гаплогруппе, пошел дальше на северо-восток, и на время задержался на территории современного Ирака, в Месопотамии, и несколько выше, вплоть до Каспия и южно-кавказских границ с будущим Советским Союзом.

Из Месопотамии и Южного Прикаспия поток разделился, и было это 40 тысяч лет назад. Будущие евреи и арабы надолго задержались на Ближнем Востоке, а многие там осели и навсегда (гаплогруппа J, южная часть Месопотамии), часть продолжила идти на север, на Кавказ (гаплогруппа G), а часть (гаплогруппы I и J2), пройдя Малую Азию, через Босфор и Дарданеллы ушли на Балканы, в Грецию, в Европу. Среди тех, кто ушли на Балканы – много будущих балканских славян гаплогруппы I2 – ее имеют от 30% до 40% болгар, боснийцев, словенцев, сербов. Они по происхождению, по гаплогруппе – не арии, но будущие славяне.

Будущий же прямой предок ариев повернул направо, на восток, пересек Иранское нагорье и Афганистан, оставляя севернее пустыню Каракум и затем южнее Гиндукушский хребет, и от Памирского узла повернул на север. К этому времени ДНК прямого предка ариев мутировала еще раз, и он стал носителем маркера M9, маркера так называемого евразийского клана, сводной гаплогруппы K-R. Это произошло 35 тысяч лет назад. На Земле в то время было, вероятно, не более ста тысяч человек.

По пути на север, занявшем несколько тысячелетий, у евразийского предка случилась очередная мутация, M45, превращение гуанина в аденин (G→A). Это произошло в Средней Азии, 30 тысяч лет назад. Сводная гаплогруппа сократилась до P-R. За ней - следующая мутация, M207, уже на юге Сибири, 25 тысяч лет тому. Это определило предка ариев в гаплогруппу R.

Далее, еще в Азии, по пути на запад, 18 тысяч лет назад произошла мутация M173, что дало гаплогруппу R1, и вслед за ней мутация P25, что

дало будущий западноевропейский вариант R1b. Это произошло 16 тысяч лет назад. Часть носителей R1b остались в Азии, и продолжают нести эту гаплогруппу и сейчас. Остальные ушли на Кавказ и в Восточную Европу, и намного позже в Западную Европу. А будущий предок ариев отделился от них раньше, пронес гаплогруппу R1 в Восточную Европу и, заработав последнюю (до настоящего времени) мутацию M17/M198, поселился 12 тысяч лет назад на Балканах, в Динарских Альпах и вплоть до Адриатического побережья. Эти две мутации осталась у всех, кто образует род ариев. Иначе говоря, гаплогруппа R1a1. Арии - прямые потомки тех, кто пришли на Балканы в те времена.

Арии говорили на языке, который следует назвать арийским, просто по определению. Его можно назвать «протоиндоевропейским», принимая, что через семь тысяч лет потомки этих ариев, которые тогда будут действительно называть себя ариями, придут в Индию и Иран, принесут свой арийский язык, на нем заговорят Северная Индия и Восточный Иран. А поскольку к тому времени арии уже тысячу - полторы тысячи лет, между 6000 и 4500 лет назад, как распространились по всей Европе, как Западной, так и Восточной, то неудивительно, что от Индии до Атлантики три - три с половиной тысячи лет назад стали говорить на сходных наречиях. Арийских. И британские лингвисты, прибыв в Индию через три тысячи лет после описанных событий, обнаружили этот факт. И назвали эту группу языков индоевропейской. Могли бы назвать арийской, но у них тогда не было для этого данных. Не было и соответствующих знаний.

Итак, ДНК наших современников показывают, что самые древние корни ариев, рода R1a1, давностью 12 тысяч лет, находятся на Балканах - в Сербии, Косово, Боснии, Македонии. Через 6 тысяч лет этот род расширится на северо-восток, на Северные Карпаты, образовав праславянскую, трипольскую культуру и положив начало великому переселению народов в четвертом-третьем тысячелетии до нашей эры. В те же времена род R1a1 продвинулся и по южной дуге, и 5300 лет назад - по записям в наших ДНК - появился в Ливане. Прямые потомки тех первых переселенцев живут в Ливане и в наши дни.

Как часть этого переселения, вызванного, видимо, развитием сельского хозяйства и переходом к его экстенсивным формам, этот же род R1a1 продвинулся 5200-4500 лет назад на запад, до Атлантики и Британских

островов, и 4300 лет назад на север, в Скандинавию. Этот же род пришел на ближний север и восток – на земли современных Польши, Чехии, Словакии, Украины, Литвы, Белоруссии, России, с общим праславянским предком, жившим 4500 лет назад. Этот же предок дал выжившее потомство, живущее в настоящее время по всей Европе, от Исландии до Греции и Кипра, и распространившееся до юга Аравийского полуострова и Оманского залива.

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

С Балкан поток рода гаплогруппы R1a1, ариев, активно продвинулся в южные степи Украины и России, основав по ходу движения, между Днепром и Урал-рекой и далее на восток, много археологических культур, Это произошло между 4500 и 3500 лет назад. Продвигаясь от Причерноморья к Прикаспию, арии основали курганную культуру (возможно, хотя нельзя исключать, что это – культура рода R1b, которые двигались в обратном направлении, с востока на запад) , и затем адроновскую, выйдя в северный Казахстан и южный Урал, и далее в азиатские просторы. В результате, целый ряд среднеазиатских народов в значительной степени относятся к роду R1a1, арийскому роду.

Значительная доля таджиков (64%), киргизов (63%), узбеков (32%), уйгуров (22%), хакасов (енисейских киргизов, они же по некоторым данным усуни, гэгун и динлины), алтайских народов (50%), и далее ряда народов с переходом в Китай – рода R1a1. Небольшая народность ишпкашим в памирских горах – на две трети R1a1. Из этого ясны причины, почему казалось бы столь разные народы, как таджики, киргизы, русские имеют – по Y-хромосоме – одно и то же происхождение. Все они, те, кто несет гаплогруппу R1a1 – рода ариев.

В Средней Азии арии, продвигающиеся по южной части маршрута, задержались на 500-800 лет. Эти места были затем описаны в деталях в Зенд-Авесте, древней книге ариев, написанной уже в Иране, куда арии переместились во 2-м тысячелетии до нашей эры. Возможно, это переселение было более ранним, чем ариев с южного Урала, из Аркаима и «страны городов», и произошло в начале 2-го тысячелетия до н.э., примерно 3900-3800 лет назад. Возможно, и в то же время, как и южноуральские арии, 3600-3500 лет назад. Пока гаплотипы иранских R1a1 малодоступны, но в ближайшем будущем этот вопрос будет решен.

В те времена, между 6 и 3 тысяч лет назад, было великое переселение народов. Это было не то известное Великое Переселение IV-VII веков нашей эры, при котором происходили крупные этнические перемещения в Европе, и которые привели к распаду Римской империи или стали его результатом. Это было значительно более глобальное Великое Переселение, связанное с распространением новых технологий, сельского хозяйства, конного транспорта, и в итоге привело к созданию семьи индоевропейских языков. Род R1a1, арии, играли в этом переселении и в его результатах решающую роль.

Что о времени и месте проживания ариев говорит Зенд-Авеста?

Основные сведения о жизни ариев были получены еще в 19-м веке, как результат детального изучения древних источников. Читая материалы 19-го века, у меня сложилось впечатление, что все последующие обсуждения жизни ариев, в том числе и обсуждения конца 20-го века –

начала 21-го, фактически являются пересказами того, что было известно уже в 19-м веке. 20-й век добавил немного, если не считать сильного искажения вопроса германскими учеными (с их «индогерманскими ариями» и «индогерманской» группой языков). Да еще в принципе неверная «арктическая теория» ариев и всего человечества, предложенная индийским ученым Тилаком, и которая была некритически подхвачена научной богемой. В остальном продолжают пересказы старого, которые часто не выдерживают проверки ДНК-генеалогией, а в ряде случаев и генетикой. Об этом речь пойдет ниже.

Естественно, я не буду опять пересказывать Зенд-Авесту и Веды. Остановлюсь только на тех положениях, которые проверяемы ДНК-генеалогией, и буду рассматривать историю ариев только до их переселения в Иран и Индию. То есть те времена, которые практически не раскрываются исторической наукой. Далее, индоариями и ираноариями я буду называть ариев, переселившихся в Индию и Иран. Никакого лингвистического компонента в этих названиях у меня нет. Типа «афроамериканцы» в современных США.

В качестве первого фундаментального источника остановлюсь на труде генерала британской армии Алберта Пайка под названием «Лекции об ариях», которые полковник читал в 1870-1880-х годах. Они были опубликованы только через полвека, в 1930-м году его близким другом полковником Вудом.

Должен пояснить, что означает «не выдерживает проверки ДНК-генеалогией»? Естественно, речь не идет о переводах древних гимнов и эпосов, в особенности Ригведы и Зенд-Авесты, и изложений, почерпнутых оттуда, их жизни, законов, правил и привычек. Речь идет об историческом контексте, временных эпохах. Когда я читаю в лекциях генерала Пайка, что арии жили 10-12 тысяч лет назад в Средней Азии, и жили там всегда (?), это уже не стыкуется с ДНК-генеалогией. В наших ДНК записано другое, и даются значительно более близкие сроки жизни ариев в Восточной Европе и в Азии, а именно 4500-3500 лет назад, после чего они в значительной части передвигаются из Азии в Иран и Индию и становятся ираноариями и индоариями.

Более того, когда я читаю, что жизнь ариев вращалась вокруг коней и молочного животноводства, что они пили молоко, то для меня это уже говорит о тех же более близких сроках. Ген T-13910, ген лактозной

толерантности, появился примерно 6600-4800 лет назад, и появился он либо в Средней Азии, либо в Предуралье, либо в Южных степях на территории современной России (см. Клёсов, 2008b). Лошадь была приручена примерно 6 тысяч лет назад. Поэтому ясно, что интерпретация текстов Авесты в отношении временных сроков жизни ариев была проведена неверно. И когда я читаю в Зенд-Авесте о колесницах, ясно, что речь идет об относительно недавнем периоде времени, примерно 4-5 тысяч лет назад. Наконец, мы уже знаем, что арии (R1a1) мигрировали на восток с Балкан, и достигли на своем пути Средней Азии примерно 4500-4000 лет назад. Это и было начало жизни там древних ариев, и продолжалось в своем древнейшем периоде до примерно 3500 лет назад, то есть продолжалась примерно 500-1000 лет. Тоже немало. Вот те времена и описываются в эпосах и гимнах ариев, в том числе и в первую очередь в Авесте и Ригведе.

Надо понимать, что Авеста – собрание литературных, философских текстов и легенд об арийских народах и их верованиях – создавалась в устном виде в различные периоды времени, видимо, с начала первого тысячелетия до нашей эры, продолжилось в ходе того тысячелетия, отдельные части стали записываться примерно с середины тысячелетия, а собрание и систематизация Авесты завершились только к середине первого тысячелетия нашей эры. При этом сохранились только пять книг из 21. Иначе говоря, это трудно назвать документальным первоисточником, в котором бы четко были зафиксированы времена и места жизни ариев. «Творческая переработка» материала шла и при его устной передаче, и при записи, и при интерпретации уже в более недавние времена. Поэтому приходится прибегать к расшифровке тестов, и эта расшифровка каждый раз ведется исходя из соответствующего уровня представлений. Попробуем расшифровать и мы, опираясь на новые данные ДНК-генеалогии.

Поскольку заметную часть Авесты составил Заратустра (примерно 630 - 553 лет до н.э.), пророк и реформатор иранской религии того времени, то мы не можем рассчитывать на нейтральность текстов. Известно, с какой страстью Заратустра боролся за реформы древнеарийских верований, и в итоге добился того, что ряд положительных богов у ариев стали отрицательными, демонами, представителями мира мрака и зла. Благодаря, видимо, Заратустре, ираноарийская Авеста описывает в основном других богов, нежели индоарийская Ригведа. Похоже, что арии

до своего расхождения на иранскую и индийскую ветви имело значительно более общие верования.

В Авесте есть перечень стран, в которых предположительно обитали арии до своего передвижения в Иран. Таких стран пятнадцать, и за исключением первой, Ария Ваэджа, то есть «арийский простор», остальные 14 либо относятся к Средней Азии, либо представляются мифическими. ДНК-генеалогия показывает, что в Среднюю Азию арии (R1a1) пришли по южным степям нынешних России и Казахстана. Возможно, это и есть «арийский простор». Интересно, что в тексте Авесты описания стран, даваемые в первом Фаргарде, или главе, книги Вендидад, даются в форме обращения к Заратустре. Так что пророк явно прошелся по описанию стран и вполне мог внести коррективы. Интересно, как Заратустра оформил в Авесте обращение бога Ахура Мазда к самому себе, к Заратустре: «Ахура Мазда сказал благороднейшему Заратустре – я создал, благороднейший Заратустра...». В общем, Заратустра умер явно не от скромности.

Именно при описании Ария Ваэджа сообщается, в аллегорической форме, о резком похолодании в прекрасных до этого краях, что сократило лето до двух месяцев, а зима стала 10-месячной. Земля промерзла «до середины, потом до сердца. Пришла зима. А потом настало самое ужасное». Что самое ужасное – неясно. Враги нагрянули? В любом случае, это «ужасное» заставило ариев покинуть «арийский простор».

Второй страной названа уже Согдиана, это – Средняя Азия, Туркестан. Никаких регионов до «арийского простора» не перечислено. Последующие 12 стран в списке находятся к юго-западу и юго-востоку от Согдианы, и пятнадцатая – Пенджаб. Согласно классическим интерпретациям Авесты, одним из первых мест прибытия ариев в Среднюю Азию был будущий Самарканд. Пайк полагает, что 10-месячная зима вообще относится к высокогорным районам Средней Азии, куда арии, вероятно, поначалу зашли.

Опять приходится повторить, что страны пребывания ариев были записаны в Авесте Заратустрой в 6-5 веках до нашей эры, через тысячу лет, а то и больше, после перехода ариев в Иран и Индию. Поэтому им перечислены страны, которые уже были освоены ариями после перехода, и существовавшие при Заратустре. «Ария Ваэджа» к тому времени была,

видимо, забыта за давностью лет, кроме общих очертаний, и так осталась нераскрытой. Но уже мы знаем, что это были южнорусские и казахские степи. Миграция ариев проходила именно через них. Это - андроновская археологическая культура.

В Авесте нет сведений, сколько времени прошло между перемещением двух ветвей ариев в Иран и Индию. Но если правы лингвисты, что древнеиранские языки появились в начале 2-го тысячелетия до н.э., то есть примерно 3900-3800 лет назад, и если арии ушли в Индию с Южного Урала 3600 лет назад и пришли в Индию примерно 3500 лет назад, то это интервал перед появлениям ираноариев и индоариев на своих новых территориях составляет 300-400 лет. Естественно, ко времени написания Заратустрой Гат в Авесте прошло уже более тысячи лет после переселения ариев в Иран, так что к тому времени индийский санскрит и иранский зенд разошлись уже совсем значительно. Впрочем, это тема лингвистов, не моя.

Моя тема – о том, что вопреки уже более поздним толкователям Авесты, кельты не могли произойти от ариев, и арии не могли жить в Средней Азии более 10-12 тысяч лет назад. Первое – потому что кельты относятся к роду R1b, а арии – к роду R1a1. Это – две параллельные ДНК-генеалогические линии, произошедшие от одного общего предка, который жил в Азии примерно 22 тысячи лет назад. Линия R1b образовалась там же в Азии 16 тысяч лет назад, линия R1a1, будущих ариев, образовалась на Балканах 12 тысяч лет назад. Как описано выше, арии переселились в Среднюю Азию не ранее 4500 лет назад, и жили там не более 600-800 лет.

Когда создавались древние гимны арийских Вед?

Взглянем с позиции нашего нового знания о жизни ариев на исследование генерала Пайка о том, когда были написаны древнейшие Ведаы, и где они могли быть написаны. На второй вопрос Пайк ответ не нашел; попытаемся это сделать мы.

Древнейшие ведические гимны повествуют о двух всадниках-близнецах, оповещающих о наступлении зари. Один из них восходил раньше солнца, другой – после, до этого оставаясь «под землей». Эти всадники были столь значимы в древней мифологии, что в Ригведе им посвящено

57 гимнов. В современной астрономии эти звезды называют Кастор и Поллукс. Но сейчас они восходят - в период весеннего равноденствия - на пять часов после восхода солнца, точнее, Кастор на четыре с половиной часа позже, а Поллукс - позже еще на сорок минут, причем Солнце восходит в созвездии Рыб. Вопрос - в какие времена Кастор и Поллукс восходили так, как описывается в Ведах? Причем, согласно Ведам, солнце должно быть, ясно, в созвездии Близнецов.

Итак, имеем конкретную задачу для астрономов, с пятью достаточно четкими параметрами: (а) солнце в созвездии Близнецов, (б) Кастор и Поллукс, само собой, в созвездии Близнецов, (в) одна звезда из них восходит до солнца, вторая - после, (г) время - день весеннего равноденствия, (д) широта - Балкан, примерно 40 градусов.

Сейчас мы знаем, что Поллукс находится на Земли на расстоянии 31 светового года, Кастор - на расстоянии 44 световых лет, причем Кастор - это три двойных звезды, чей комбинированный свет и называется Кастором. Арии этого, конечно, не знали, иначе всадников-близнецов у них был бы целый эскадрон. Оказалось, что даже 4500 лет назад на широте Балкан, да и вообще во всей северной гемисфере обе звезды восходили в указанные дни на полтора-два часа позже солнца, сначала Кастор, затем Поллукс.

Условие Вед выполняется только при уходе на 7000 лет назад. Тогда при восходе солнца в 6 часов утра на широте Балкан Кастор появлялся на небосводе в 5:44 утра, а Поллукс - в 6:11 утра. В принципе, заданное условие выполнялось в интервале 8400-6300 лет назад, но это уже не имеет большого значения. Суть ясна.

Естественно, генерал Пайк и не упоминал Балканы, он полагал, что арии тогда жили в Средней Азии. Но в целом он задачу перед астрономами поставил верно, в итоге придя к выводу, что возраст древних гимнов - примерно 7000 лет. Но мы теперь, зная, что в то время арии жили на Балканах, можем заключить, что древние Веда - балканского происхождения. Значит, ко времени выдвижения ариев на среднерусскую возвышенность они уже более двух тысяч лет передавали из поколения в поколения ведические гимны, принесли их на Южный Урал, и только затем - в Индию.

Интересно, что в древнеславянских сказаниях с созвездием близнецов

ассоциируется Велес, хотя не напрямую. При этом энциклопедии, во всяком случае западные, утверждают, что древнеславянская мифология происходит от «прото-индоевропейских религий», с которыми имеет немало общего, и создавалась не менее трех тысяч лет, если не с позднего каменного века. Похоже, что на самом деле древнеславянские сказания и были «прото-индоевропейскими».

И еще небольшая деталь. 7000 лет назад лошади еще не были одомашнены. Поэтому "всадников" как таковых тогда быть не могло. Геральды либо выезжали в небо на козлах (как в древних германских сказаниях), либо выбегали на своих двоих. Но за тысячелетия устных пересказов из поколения в поколения превратились во всадников, в таком виде и вошли в Веды.

Санскрит и арийские языки

Интересно, что пишет Президент о санскрите, и это есть отражение того, что на самом деле думают историки и лингвисты: *"Предложив гипотезу древности санскрита и происхождения от него других индоевропейских языков, Ф. Шлегель привлек внимание к историческому месту санскрита..."*. Это было предложено давно, но это продолжает быть современной концепцией лингвистов. А именно, что индоевропейские языки произошли от санскрита! На самом же деле - все наоборот. Более того, здесь у Президента ошибка. Ф. Шлегель полагал, что и санскрит, и ряд других языков (см. ниже) произошли от древнего языка, предшественника санскрита и других «индоевропейских» языков.

В основе санскрита и был арийский язык, или языки. Санскрит - это фактически и есть вариант арийских языков, принесенных в Индию. Конечно, можно сделать кульбит и сказать - вот видите, индоевропейские языки действительно произошли от арийских языков, а они, арийские языки, и есть санскрит. Но тогда надо так и сказать. На самом деле, санскрит ближе всех индоевропейских языков именно к русскому и литовскому, по причине того, что арии, перейдя в Индию, продолжали говорить на "русском" варианте арийского языка, поскольку уже пятьсот-тысячу лет (!) обживали среднерусскую территорию, а язык дело довольно консервативное.

Кстати, литовский язык, как более консервативный, еще ближе к

санскриту. Он меньше изменился за три с лишним тысячи лет. Русский, как более мобильный, стоит от санскрита дальше, чем литовский, но значительно ближе, чем западноевропейские языки.

Все это укладывается в нашу концепцию, что род гаплогруппы R1a1 вышел с Балкан, 4500 лет назад продвинулся на средне-русскую равнину (если рассматривать только движение на восток, раз мы говорим о Таджикистане, Средней Азии, Индии и Иране), 4500-4000 лет назад прошел по южной части Украины, России, через южные степи, оставив по дороге курганскую культуру, и затем андроновскую и родственные, 4000-3800 лет назад прибыл на южный Урал, и затем, 3600 лет назад отправился в Индию и затем, оттуда, 3100-3200 лет назад, в Иран.

Для меня пока неясно, арии (R1a1) появились в Средней Азии на этом пути, в развитие андроновской культуры, в ходе движения на восток 4500-4000 лет назад, или заселили Среднюю Азию на пути в Индию, 3600-3500 лет назад. Поток ведь этот и проходил через Таджикистан. Я склоняюсь к этой версии, она совершенно естественна, и имеет четкие временные и географические рамки.

Итак, арии покинули Урал 3600 лет назад, 3500 лет назад достигли Индии, расселились в ее северной части, на территории нынешнего Кашмира, а наиболее мобильные продолжали движение на юг и запад, вошли в Иран 3300-3100 лет назад, со своим, арийским языком., в дополнение к тем ариям, кто передвинулись в Иран за несколько сот лет до того, из Средней Азии. Вот его-то, арийский язык, и называли "древне-иранским" современные лингвисты, не имея понятия об истории его там появления. Потом стали застенчиво называть этот "древне-иранский язык" индоевропейским, опять без пояснения, как это он вдруг "европейским"-то стал? А потому, что арии изначально и были европейцами, язык хоть и меняется, но не так быстро. На вариантах ТОГО-ЖЕ языка говорили и те арии, кто остались в Европе, кто расселились до Атлантики и до Скандинавии, до Греции и Италии, до Прибалтики и Армении, и до Урала и восточнее. Таким образом, оказалось, что "индоевропейские" языки как бы «автоматически» покрыли столь огромную территорию. Последними к этой территории присоединились Индия и Иран. Стали последними реципиентами арийского, европейского языка.

Вот это и есть механизм образования группы индоевропейских языков.

Как я понимаю, лингвисты этого пока не знают. Возможно, некоторые догадываются, частями, но данных у них нет. У нас теперь есть.

Арии Мидийского царства и Ассирии

Выше уже упоминалось, что через тысячу лет после перехода ариев с Южного Урала в Индию и через полторы тысячи лет после перехода из Среднее Азии в Иран (хотя последние даты гипотетические, и основываются на данных лингвистов во времени образования древнеиранских, арийских языков), то есть 500-600 лет до н.э., на территории современного Ирана уже были и Мидийское царство, и государство Ахеменидов, была и Бактрия, несколько севернее. Да и Авеста уже была в целом создана, в которой говорится про прежнюю жизнь ариев. Об этом довольно подробно изложено в докладе Президента Таджикистана Э. Рахмонова. Действительно, Мидийское царство существовало на западе Ирана в 670-550 годах до н.э., и есть представления, что соответствующие арийские племена, ставшие мидийцами, переселились туда из Средней Азии, и ассимилировали местные племена касситов, лулубеев, кутиев и другие. У мидийцев были сложные взаимоотношения с соседней Ассирией, которая занимала весьма малую территорию во времена переселения ариев в Индию и Иран, и граничила на севере с Урарту, на западе с Митанни, и на юге с Вавилонией. К периоду 800-700 лет до н.э. Ассирия стала огромной империей, и завоевала Мидию, но мидийские арии вскоре восстали и обрели независимость. К 6-му веку до н.э. Мидия завоевала Ассирийскую державу и сама стала огромной империей, владея всей территорией нынешнего Ирана, от Армянского нагорья до Индии, Северной Месопотамией до Каспийского моря, и востоком Малой Азии, включая почти половину южного побережья Черного моря, и до Персидского залива на юге.

Не исключено, что именно тогда к Персидскому заливу попали гаплотипы гаплогруппы R1a1. Вообще история Ассирии в тот период очень загадочна, и незаслуженно выпадает из истории ариев вообще, и праславян в частности. Мне попала в руки очень любопытная книга, изданная в 1868 году в Киеве, под названием «Объяснение ассирийских именъ», автор – Платон Лукашевич. Автор на массе примеров доказывает, что собственные имена древних ассирийцев имели славянское происхождение. Это – не моя территория научных

исследований, и я просто хочу привлечь внимание специалистов к этому вопросу, который представляется крайне интересным.

К сожалению, гаплотипы гаплогруппы R1a1 Ирана пока малодоступны, но они определенно смогут рассказать многое о иранских ариях, потомках праславян. В относительно недавней работе (Regueiro, M., Cadenas, A.M., Gayden, T, Underhill, P., and Herrera, R.J., Iran: tricontinental nexus for Y-chromosome driven migration, Human Heredity, 61, 132-143, 2006) было показано, что из 33 гаплотипов севера Ирана и 117 гаплотипов юга, лишь один и 18 гаплотипов, соответственно (3% и 15%) принадлежат гаплогруппе R1a1. Среди наиболее популярных гаплотипов группы R1a1 в базе данных YHRD для Исфахана числится

13-25-15-10-11-14-X-Y-Z-14-11-17

что весьма близко к предковому гаплотипу восточных славян

13-25-**16-11**-11-14-12-12-10-**13**-11-17

учитывая, что третий слева маркер на самом деле имеет аллель 15.83, а четвертый – 10.58.

Расчеты, основанные на иранских гаплотипах гаплогруппы R1a1 определенно покажут, когда арии там появились (по крайней мере, те арии, которые выжили и оставили потомков, доживших до нашего времени), откуда, и кто были их современниками, представители каких гаплогрупп и из каких краев.

Представления об ариях в середине и конце 19-го века нашей эры. «Арийские языки» и «индоевропейские»

Выше я упоминал «Лекции об ариях» Алберта Пайка, которые автор читал в 1870-1880-х годах. К тому же времени относится книга Чарльза Морриса «Арийская раса: происхождение и ее достижения» (Charles Morris, The Aryan Race: Its Origin and Its Achievements”, опубликованная в

США в 1888 году. В ней Моррис пишет, что еще совсем недавно никто и не подозревал, что почти все европейские нации, и ряд азиатских, берут свое начало от ариев, а сейчас писать историю ариев – это фактически писать историю цивилизации. И вместе с тем, по словам Морриса, не найдено ни одной могилы ариев, мы не знаем численности народа ариев, территории, на которой они жили в ранний период их истории, и когда они там жили. Но уже тогда Моррис называл таджиков Персии «истинными ариями». Действительно, гаплогруппа R1a1 составляет высокий процент – около двух третей – среди современных таджиков. Не случайно именно президент Таджикистана выступил с докладом об ариях в год празднования ариев, с чего и начался этот рассказ.

Моррис упоминает, что концепция индоевропейских языков впервые была сформулирована сэром Вильямом Джонсом в 1790-м году, когда он подчеркнул, что три языка – латынь, греческий и санскрит – образовались из единого языка, ныне уже не существующего. Джонс не исключал, что и персидский язык образовался от того же древнего языка. Двадцать лет спустя, в 1808-м году, Фредерик Шлегель предложил назвать эту группу «индо-германскими языками», включив туда языки Индии, Персии, Греции, Италии и Германии, как образованные от одного древнего предкового языка. Бопп, в своей книге «Компаративная грамматика», опубликованной между 1833 и 1852 годами, добавил к этим языкам Зенд, армянский, литовский и славянские языки. Туда же добавили кельтские языки, и так появилась семья языков под названием «индоевропейские языки». Макс Миллер предложил назвать их «арийскими языками». Как пишет Моррис, на этот счет разгорелась дискуссия, в которой ряд лингвистов указывали, что там можно называть только хинди и персидские языки, поскольку до разделения они и были арийскими. Однако, как продолжает Моррис, краткость, емкость и удобство термина «арийские языки» играет в его пользу. При этом между филологами было достигнуто согласие, что «арийскими» нельзя называть всех людей, говорящих на индоевропейских языках. В то же время термин «арийские языки», как отмечает Моррис, настолько прост и удобен, что это «в десять раз более важно для людей, чем этимология этого выражения».

Заметим, что это ясно и сейчас, в 21-м веке. Арии, строго говоря, были люди, пришедшие с севера в Индию и Иран, и принесшие, как мы сейчас знаем, с собой гаплогруппу R1a1. Ясно, что это не может относиться ко всем людям, говорящим на индоевропейских языках.

Этот вопрос обсуждался и в русскоязычной литературе. А.Н. Афанасьев в своем классическом трехтомнике «Поэтические воззрения славян на природу» (1865 – 1869 гг) отмечал: «Так называемые индоевропейские языки, к отделу которых принадлежат и наречия славянские, суть только разнообразные видоизменения одного древнейшего языка... Племя, которое говорило на этом древнейшем языке, называло себя ариями». И далее – «Большая часть мифических представлений индоевропейских народов восходит к отдаленному племени ариев». Как видно, в то время понятие об ариях было значительно более широким – и верным, следует отметить, свободным от политических предпочтений – и не было зажато только в рамки Индии и Ирана.

В заключение стоит отметить, что ДНК-генеалогия принесла принципиально новый подход к вопросу о перемещениях родов в прошлом, и рода ариев в частности. Последующие находки будут связаны с изучением гаплотипов группы R1a1 в первую очередь в Иране, Малой Азии, на Кавказе.

Литература

[<http://www.president.tj/rus/vistupleniy280606.htm>]

[<http://www.president.tj/rus/vistupleniy240806.htm>]

Афанасьев, А.Н. Поэтические воззрения славян на природу. «Современный писатель», Москва, 1995, т. 1, с. 10-11 (оригинальное издание – 1865-1869 гг).

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

Клёсов, А.А. (2008b) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 2008, № 4, 568-629

Лукашевич, П. Объяснение ассирийскихъ именъ. Университетская типография, Киев, 1868.

Charles Morris, *The Aryan Race: Its Origin and Its Achievements*. The Renaissance Publishing House, 1888.

Pike, A. *Lectures of the Arya*. ISBN 1-56459-182-4

Откуда взялся R1a1 предковый гаплотип с DYS388=10?

Анатолий Клёсов

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

Любой исследователь, работающий с гаплотипами гаплогруппы R1a1, к которой относятся, в частности, восточные славяне, знает, что у подавляющего большинства их маркер DYS388 равен 12. Этот маркер - один из самых медленных, скорость его мутации в 10 раз медленнее средней скорости мутации в 12-маркерных гаплотипах, и его мутация происходит в среднем один раз в 5 тысяч поколений, то есть раз в 125 тысяч лет. Если взять любого мужчину, то в его прямой генеалогической линии 388-й маркер мутировал в среднем только один раз (или меньше) со времени выхода человечества из Африки.

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

Эволюция родов привела к тому, что в гаплогруппе J1 для 388-го маркера характерной является аллель 16, для гаплогруппы J2 - 15, для I1 - 14, для I2 - 13, и для гаплогрупп E, G, K, N, Q, R1a1, R1b и R2 - аллель 12. В более старых и/или более многочисленных гаплогруппах мутаций 388-го маркера больше (как в группах J1 и J2), в R1a1 мутаций этого маркера мало. Например, во всех известных на сегодняшний день 68 гаплотипах русскоязычных жителей от Украины до Дальнего Востока нет ни одной мутации этого маркера.

Исходя из тезиса о статистическом характере и равновероятности мутаций, который пока никто не опроверг, можно полагать, что равновероятны мутации 388-го маркера от аллели 12 либо в 11 либо 13. Однако при изучении этого вопроса оказалось, что в выборках эти мутации редки, но относительно часто встречается аллель 10. Напрашивается вывод, что это не только асимметрическая, но и двойная мутация, что ломает тезис, приведенный выше.

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

Таблица 1

Аллели гаплотипов гаплогруппы R1a1 в случайных выборках 25маркерных гаплотипов по ряду регионов и генеалогических «кланов»

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

*10-маркерные гаплотипы

Ясно, что дело не в случайных мутациях. Из Табл. 1 видно, что аллель 10 характерна для северо-западной Европы, и при продвижении на восток быстро сходит на нет. В Норвегии аллель 10 составляет 24% от всех в маркере 388, в Ирландии – 23%, в Англии – 18%, в Шотландии и Швеции – между 3.5% и 7%, в Германии – 3%, и на этом распространение аллели 10 практически заканчивается. Аллель 14 на северо-западе Европы тоже показывает некоторую асимметричность, но слабо выраженную, у Польши и Индии – в целом нормальное распределение, у других таких мутаций вообще нет, несмотря на бОльшие по размерам выборки.

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

Представляются по меньшей мере три варианта.

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

-- Второе – мутация в аллель 10 произошла в древние времена, например, на Балканах, где предположительно возникла гаплогруппа R1a1 12 тысяч лет назад (Клёсов, 2008a), и носители аллелей 12 и 10 прибыли через тысячелетия в северо-западную Европу, либо в одно время, с группой мигрантов, или в разные времена, и их потомки продолжали нести эту мутацию в своих гаплотипах.

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

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

Рассмотрим эти варианты.

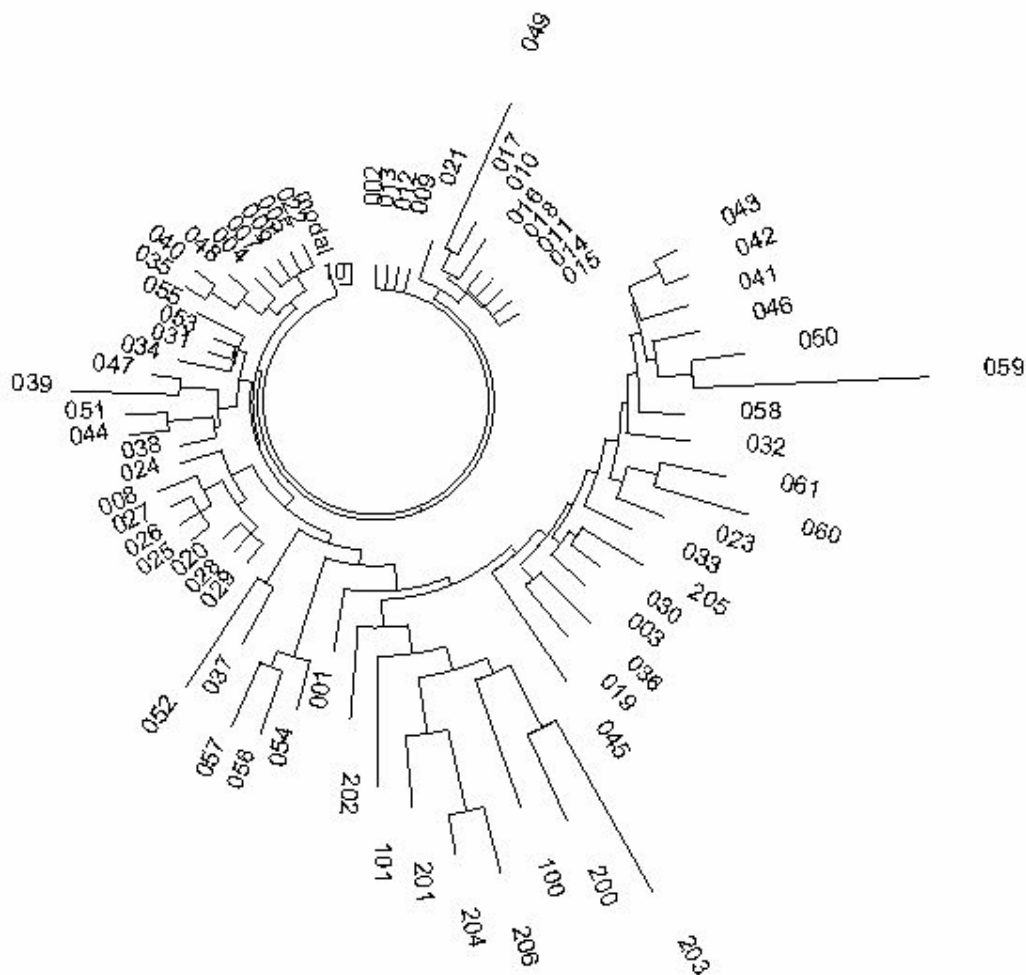


Рис. 1. Дерево 25-маркерных гаплотипов с аллелью DYS388, равной 10, 13 (номера 100 и 101) и 14 (номера 201-206). Гаплотипы – из базы данных YSearch. В выборке – 70 гаплотипов.

Видно, что у дерева – один общий предок, но оно разбивается на три четкие ветви, отходящие от общего предка. Одна, более молодая ветвь (гаплотипы «прижаты» к стволу) – в левой верхней части. Вторая – тоже молодая, небольшая ветвь в правой верхней части. Третья – старая, широкая ветвь, в которой выделяется древняя (на взгляд) ветвь с номерами гаплотипов 100, 101, 201-204, 206. Все эти номера принадлежат аллелям 13 и 14 (см. подпись к рис. 1), из чего с неизбежностью следует, что аллели 13 и 14 образовались друг из друга; они напрямую взаимосвязаны. Всего один гаплотип, номер 205, находится в стороне, и,

скорее всего, образовался случайной мутацией из аллели 12, напрямую, или через потерянную (на данном дереве гаплотипов) аллель 13.

Рассмотрим эти ветви отдельно, но прежде проведем анализ ветви с аллелями 13 и 14. Там – всего 8 гаплотипов.

(100) 13 25 16 10 11 14 12 13 11 13 11 30 17 9 10 11 11 23 14 20 33 12 15 15 15
(101) 13 25 16 11 11 15 12 13 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 20 33 12 14 14 16
(200) 13 25 17 11 11 14 12 14 11 13 11 30 15 9 9 11 11 24 14 20 33 12 15 15 16
(201) 13 25 15 10 11 14 12 14 10 14 11 31 15 9 10 11 11 23 15 21 33 12 15 15 16
(202) 13 25 15 10 11 14 12 14 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 20 32 14 15 15 15
(203) 14 24 15 11 11 11 12 14 11 13 11 29 15 9 10 11 11 24 14 20 31 13 15 15 16
(204) 13 25 15 11 11 15 12 14 10 14 11 31 16 9 10 11 11 23 14 21 31 12 15 15 16
(206) 13 25 15 11 10 15 12 14 10 14 11 31 16 9 10 11 11 23 14 21 32 12 15 15 16

Базовый гаплотип, полученный минимизацией мутаций, следующий:

13 25 15 11 11 14 12 14 10 13 11 17(30) 15 9 10 11 11 23(24) 14 20 32(33) 12 15 15 16

Здесь первая скобка (30) дает запись в альтернативной нотации, вторая и третья – где обе аллели равновероятны при столь небольшом числе гаплотипов. Число мутаций они не меняют.

В первых 12 маркерах имеется 22 (25) мутаций, и число поколений до общего предка выборки равно 143 (166), или 3575 (4150) лет до общего предка.

Во всех 25 маркерах выборки имеется 48 (51) мутаций, и число поколений до общего предка выборки равно 150 (162), или 3750 (4050) лет до общего предка.

Как видно, эти цифры практически пересекаются в пределах погрешности измерений и допущений, и в среднем дают 155 ± 11 поколений, то есть 3875 ± 275 лет до общего предка. Заметим, что в странах северо-западной Европы общий предок гаплотипов группы R1a1 жил – по данным 12-маркерных гаплотипов 4800, 4550, 4325, 4225 и 4200 лет назад (Англия, Ирландия, Норвегия, Шотландия и Германия, соответственно). По методологии расчетов это соответствует 4050 годам до общего предка, рассчитанным из $DYS388=13,14$ гаплотипов. Для 25-маркерных

гаплотипов соответствующие времена жизни по указанным странам 4775, 5000, 4300, 4300 и 4825 лет назад, в сравнении с 4050 лет назад для гаплотипов с DYS388=13, 14. Иначе говоря, последний более молодой, и, по-видимому или образовался как мутант на 300-1000 лет больше (как по 12-маркерным, так и 25-маркерным гаплотипам), или пришел на столько же лет позже на данные территории. Решим эту дилемму.

Базовые гаплотипы DYS388=12 практически идентичны приведенному выше (DYS=13, 14).

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

Здесь верхний гаплотип – Англии и Ирландии, следующий – Норвегии, далее – Шотландии и Германии. Как видно они различаются от показанного выше гаплотипа с DYS388=13, 14 только в третьем и четвертом слева маркерах (не считая самой основной мутации), что на самом деле на доли аллели, выше они округлены до ближайшей целой величины. Например, в Англии третья аллель (DYS19) равна в среднем 15.42, в Ирландии 15.31, Шотландии 15.26, Германии 15.84, у славян – 15.77, в Швеции – 15.70. То же и четвертом маркере (DYS391) – в Англии 10.42, в Норвегии 10.76, в Швеции 10.65, в Германии 10.37.

Отсюда с неизбежностью следует, что и предковые гаплотипы на указанных территориях одни и те же для гаплотипов с аллелью 12, 13 и 14, и время жизни предков ближе к нам. Значит, DYS388=13, 14 не может играть роль идентификатора «субклада», он – простой статистический мутант.

Чтобы быть уверенным в таком выводе, проведем еще одну проверку. Дело в том, что в восьми гаплотипах, приведенных выше, отсутствует предковый гаплотип, мы его находили путем минимизации по мутациям, и он совпал с исходными (DYS388=12) гаплотипами на тех же территориях. Что, если допущение о минимизации неверно, и гаплотип вычислен неверно, и, следовательно, время до общего предка DYS388=12 тоже неверное? Тогда вся схема ненадежна, или даже ломается. Применим квадратичный пермутационный способ расчета времени

жизни общего предка, для которого предковый гаплотип вовсе не требуется (Адамов и Клёсов, 2008).

В данном методе берем попарно все имеющиеся варианты аллелей в каждом маркере, и считаем сумму квадратов их разностей. Например, для первого слева маркера (DYS393) в списке из 8 гаплотипов, приведенном выше, имеем 64 пермутации, включая нулевые разности аллелей с самими же. Сумма квадратов разностей аллели 13 со всеми другими аллелями в первом слева маркере равна 1, сумма квадратов разностей аллели 14 со всеми другими аллелями в том же маркере равна 7, и так далее. Эти квадраты суммы разностей далее опять суммируются по всем маркерам, и для первого маркера получаем 14. Эти величины суммируются для всех маркеров. В итоге для первых 12 маркеров получаем $14+14+64+30+14+192+0+24+30+30+0+14 = 426$.

Полученную величину делим на квадрат числа гаплотипов (N), равный 64, в соответствии с формулой, данной в (Адамов и Клёсов, 2008)

$$ASDN = \frac{1}{N^2} \sum_i \sum_j (i - j)^2 n(i)n(j)$$

далее на число маркеров в списке гаплотипов, равное 12, и на 2, поскольку в расчет попадают как $(i - j)^2$, так и $(j - i)^2$. В итоге для рассматриваемого случая получаем $426/64/12/2 = 0.277$. Это - «истинное», фактическое среднее число мутаций на маркер во всей выборке, на все 96 маркеров.

Для нахождения числа поколений до общего предка выборки делим 0.277 на среднюю скорость мутаций для данных 12-маркерных гаплотипов, равную 0.00183 (Клёсов, 2008b), и получаем 152 поколения, или 3800 лет.

Для всех 25 маркеров получаем сумму квадратов попарных мутационных различий, равную 782, и далее $782/64/25/2/0.00183 = 134$ поколения, или 3350 лет до общего предка. Эта величина должна быть соотнесена с 150 поколениями, или 3730 лет до общего предка, рассчитанными по линейной модели с учетом возвратных мутаций, и в любом случае меньше, чем 4300-5000 лет назад, рассчитанными для гаплотипов с $DYS388=12$. Так что вывод о том, что гаплотипы с $DYS388 = 13, 14$ моложе, чем их европейский вариант с $DYS388=12$, и являются его потомками, подтвердился.

На дереве сохраняются те же три ветви, что и на рис. 1. На самом деле там даже четыре ветви – три малых и одна большая. Поскольку в основе трех молодых ветвей находится один общий предок, на что указывает структура дерева, найдем его базовый гаплотип и посчитаем время его жизни. Сами малые ветви здесь интересны только для «фамильных» исследований, что не входит в задачи настоящей работы. Предковый гаплотип всех трех малых ветвей, в сумме имеющих 31 гаплотип, следующий:

936

Он отличается от приведенных выше западноевропейских гаплотипов по пяти аллелям, отмеченным жирным шрифтом (у северозападных R1a1 гаплотипов там обычно 24, 20, 15, 15 и 17). На самом деле разница опять неполная, так как вместо 25 здесь 24.60, вместо 17 – 16.77, но предпоследние два маркера – практически гомогенные 14. Это тоже указывает на относительно недавнего предка.

Все 31 гаплотип содержат 86 мутаций от указанного предкового, что соответствует 66 поколениям, то есть 1650 лет до общего предка трех малых ветвей на рис. 2. Это – 4-й век нашей эры. Тогда и разошлись по мутациям комбинированная верхняя (слева) и нижняя (справа) ветви на рис. 2. По первым 12 маркерам все 31 гаплотип почти идентичны, что тоже указывает на недавнего общего предка.

Нижняя, более старая ветвь из 30 гаплотипов имеет базовый гаплотип

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

У него – всего два мутационных различия с обычными северо-западными европейскими гаплотипами. Третий маркер здесь дает аллель 15.6, то есть практически между 15 и 16, 12-й маркер (DYS389II) равен 30.5, то есть тоже между 30 и 31, но 19 практически гомогенна, и три последние аллели равны 14.20, 14.73 и 16.30.

По 12-маркерным гаплотипам вся серия из 30 гаплотипов имеет 69 мутаций, что дает 117 поколений, то есть 2925 лет до общего предка. По 25-маркерным – 172 мутации, что дает 144 поколения, то есть 3600 лет до общего предка.

Мутации DYS388 = 13, 14 старше, их общий предок жил – по той же методике расчетов – 4100 ± 50 лет назад (по 12-маркерным и 25-маркерным гаплотипам). Значит, эти мутации пошли от предка, общего для молодых и старой ветвей, то есть общего для ВСЕГО дерева гаплотипов на рис. 2, и даже общего на рис. 1. Рассчитаем, когда они жили.

Все 61 гаплотипов на рис. 2 имеют следующий базовый гаплотип:

13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 **19** 32 12 **14** **14** **17**

Он на 4 мутации отличается от типичного северо-западного предкового европейского гаплотипа, причем отличия больше дробные – 19.15, 14.11, 14.38 и 16.54, соответственно.

Считать суммарно все гаплотипы на дереве рис. 2 нельзя, так как при этом произойдет усреднение старого и молодого предка. Действительно, поскольку все 61 гаплотипов содержат 281 мутацию, то это якобы соответствует 112 поколениям, то есть 2800 лет до общего предка. Но мы только что посчитали, что предок одной старой ветви жил 3600 лет назад. Причина этой типичной ошибки в счете состоит в следующем. Как мы видели выше, 31 гаплотип молодой ветви содержит 86 мутаций, то есть $86/31/25 = 0.111$ мутаций на маркер. 30 гаплотипов старой ветви содержат 172 мутации, то есть $172/30/25 = 0.229$ мутаций на маркер. Видно, что старая ветвь вдвое старше, плюс поправки на возвратные мутации. А когда все сложили, то усреднили, то получилось $281/61/25 = 0.184$ мутации на маркер. То есть пришли к некому фантомному предку, который якобы жил по времени между молодым и старым.

На самом деле следует считать по другому. Имеем два базовых гаплотипа, молодого и старого предка:

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

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

Между ними – четыре мутации. Точнее – 3.2 мутации, если считать с учетом дробей. Это соответствует 75 поколениям временной разницы между старым и молодым предками, оба из которых имели мутацию $DYS388 = 10$. Поскольку молодой предок жил 66 поколений назад, а старый – 144 поколения (см. выше), то эта разница в 78 поколений между ними и есть найденная независимым путем разница во времени между предками.

Это можно проверить и с помощью следующей формулы, которая может быть не столь очевидна в других ситуациях. Общий предок, с $DYS388 = 10$, жил $(66+144+75)/2 = 143$ поколение назад. Это и есть возраст более древнего предка.

Но между «основным» предком рассмотренных выше выборок (с $DYS388 = 12$) и предком с $DYS388 = 10$ была разница в две мутации, которые мы в

данных расчетах не учитывали. Мутация DYS388=10 пошла от старого предка 144 поколения, или 3600 лет назад. Вот с того времени данная мутация может рассматриваться как «тандемный снип».

Но когда в таком случае жил ИХ общий предок, DYS388 = 12 и 10? На расхождение предков по двум мутациям тоже понадобилось немалое время.

Сравним базовый гаплотип старого предка с DYS388 = 10

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

и базовые гаплотипы северо-западных европейских гаплотипов (см. выше)

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

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

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

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

Между ними как минимум четыре мутации (отмечено жирным шрифтом), а в целом 5.5 мутаций. Это соответствует разнице между этими базовыми гаплотипами в 136 поколений. Предок DYS388 = 10 жил 144 поколения назад, предок северозападно-европейских DYS388 = 12 – между 172 и 200 поколениями назад, а именно 191, 200, 172, 172, 193 поколений, в среднем 186 ± 13 поколений, то есть 4650 лет назад.. В итоге получаем, что ИХ общий предок жил $[144 + (172-200) + 136]/2 = 226 - 240$ поколений, или 5650 – 6000 лет назад.

Итак, вырисовывается следующая схема. 5600-6000 лет назад, предположительно на Балканах, у общего предка современных R1a1 появилась мутация DYS388 = 10. Примерно через 1000-1500 лет группа (или группы) носителей R1a1, как DYS388 = 12, так и DYS388 = 10 начали продвигаться на территории северо-западной Европы, нынешних Англии, Ирландии, Германии, затем Скандинавии и Шотландии. Носитель DYS388 = 10 попал на Британские острова 144 поколения назад, то есть 3600 лет назад. Это могли быть и близкие родственники, но количество их было сильно ограничено. Выжила только одна генеалогическая линия DYS388 = 10, и возможно, она и была одна с самого начала прибытия на острова. В любом случае, начало отсчета этой

линии от выживших ее носителей – 3600 лет назад. В итоге ареал этой линии – северо-западная Европа. На территории Германии количество носителей этой линии заметно снижается, к востоку от Германии ее практически нет. В то же времена, 5000-4500 лет назад носители R1a1 продвинулись и на территории современных Украины-России, но носителей DYS388 = 10 среди них не было. Или они не выжили.

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

Дополнительные рассмотрения

Гаплотипы выше были извлечены из базы данных YSearch. Строго говоря, это не «научные» выборки, к которым предъявляются определенные критерии, например, отсутствие родственников до третьего-четвертого колена и проживание предков на данной территории в течение трех-четырех поколений. Поэтому рассмотрим некоторые «научные» выборки.

Норвегия

Я получил от норвежских коллег выборку из 464 норвежских 10-маркерных гаплотипов, включающих 40 гаплотипов с DYS388 = 10. За вычетом последних, 424 гаплотипа имели базовый гаплотип

13 25 15 11 11 14 X 12 Y 13 11 30

Он по показанным маркерам идентичен приведенному выше 25-маркерному норвежскому R1a1 гаплотипу

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

для которого время жизни общего предка было определено как 172 и 173 поколений, то есть 4300 и 4325 лет назад (25-маркерные и 12-маркерные гаплотипы) (Клёсов, 2008a).

Во всех 424 9-маркерных гаплотипах встретилось 1117 мутаций, что дало 168 поколений, или 4200 лет до общего предка. Как видно, данные практически совпали.

Для 40 гаплотипов с $DYS388 = 10$, базовый гаплотип был следующим:

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

По доступным маркерам, он идентичен гаплотипу старого предка, приведенному выше:

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

На все 40 гаплотипов с $DYS388 = 10$ приходится 100 мутаций, что соответствует 162 поколениям, или 4050 годам до общего предка.

Германия

Выше упоминалось о двух гаплотипах из базы данных YSearch с аллелью $DYS388 = 10$. Я получил от зарубежных коллег (Dr. Lennart Svensson) выборку из 16 гаплотипов Германии с той же аллелью. Они имели следующий базовый гаплотип

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

Он по показанным маркерам идентичен приведенному выше 25-маркерному германскому R1a1 гаплотипу

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

для которого время жизни общего предка было определено как 193 и 168 поколений, то есть 4825 и 4200 лет назад (25-маркерные и 12-маркерные гаплотипы) (Клёсов, 2008а).

Все эти 16 германских гаплотипов содержат 39 мутаций, что соответствует 124 поколениям, или 3100 лет до общего предка данной выборки. Две мутации разницы между 12-маркерными гаплотипами с $DYS388 = 12$ и $DYS388 = 10$ соответствуют 100 поколениям разницы между их общими предками. Опять получается, что ИХ общий предок жил где-то вне

Германии примерно за 700-1000 лет до появления DYS388 = 12 в Прибалтике, и за две тысячи лет до появления там DYS388 = 10.

Дания

Десять 12-маркерных датских гаплотипов с аллелью DYS388 = 10, полученных от коллеги Lennart Svensson, имели следующий базовый гаплотип

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

На вид он отличается от приведенного выше германского базового гаплотипа на две мутации (выделены жирным шрифтом), но на самом деле эти аллели равны 15.81 и 15.50, и 30.6 и 30.9 для германского и датского, соответственно, то есть на 0.61 мутации. В целом различие между ними составляет 0.975 мутаций, то есть разница между общими предками германских и датских DYS388 = 10 гаплотипов составляет 47 поколений, или 1175 лет.

10 датских гаплотипов имеют 30 мутаций, что соответствует 159 поколений, или 3975 лет до общего предка DYS388 = 10 датской выборки. Датский общий предок старше германского на 875 лет, что показывает, что миграция DYS388 = 10 происходила с запада на восток.

Таким образом, общий предок германского и датского DYS388 = 10 жили $(124+159+47)/2 = 165$ поколений назад, то есть 4125 лет назад. Это – время заселения Германии и Дании носителями R1a1 [4200 и 4075 лет, соответственно (Клёсов, 2008a)]. Норвежский общий предок с DYS388 = 10, как показано выше, жил 4050 лет назад. Это всё – одни и те же сроки.

Нидерланды

Восемь 12-маркерных голландских гаплотипов с аллелью DYS388 = 10, полученных от д-ра Lennart Svensson, имели следующий базовый гаплотип

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

Это – копия германского гаплотипа (см. выше), и по дробным величинам аллелей он ближе к германскому, чем к датскому. Например, для второго, третьего и последнего маркера эти величины для германских и голландских аллелей равны 24.75 и 25.0; 15.81 и 16.125; и 30.60 и 30.25, то есть суммарно различаются только на 0.915. Это соответствует разнице между их общими $DYS388 = 10$ общими предками 44 поколения, или 1100 лет.

8 голландских гаплотипов имеют 21 мутацию, что соответствует 136 поколений, или 3400 лет до общего предка $DYS388 = 10$ голландской выборки. Голландский общий предок старше германского на 300 лет, но моложе датского почти на 600 лет. Таким образом, общий предок голландского и германского $DYS388 = 10$ жили $(124+136+44)/2 = 152$ поколений, то есть 3800 лет назад. Те же времена заселения Прибалтики, как определено выше.

Швеция

В Швеции доля гаплотипов R1a1 с $DYS388 = 10$ мала, как видно из Таблицы 1. Пять 10-маркерных шведских гаплотипов показывают базовый гаплотип

13 25 15 10 11 14 X 10 Y 13 11 31

идентичный с датским, только в шведской серии значительно меньше мутаций – всего 11 на пять гаплотипов. Это дает 140 поколений, или 3500 лет до общего предка шведских гаплотипов с $DYS388 = 10$. Это на почти 500 лет позже, чем в Дании, и на 400 лет раньше, чем в Германии.

Эстония

В Эстонии обнаружены только два идентичных гаплотипа с $DYS388 = 10$, и они отличаются на одну мутацию от любого из приведенных выше базовых гаплотипов

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

Это означает, что они относительно недавние, и происходят от мутированного гаплотипа с соседних территорий.

Северо-западная Европа

Наконец, Dr. Lennart Svernnson прислал мне серию из 125 двенадцатимаркерных гаплотипов, полученных из стран северо-западной Европы, преимущественно из Швеции. Дерево гаплотипов приведено на рис. 3.

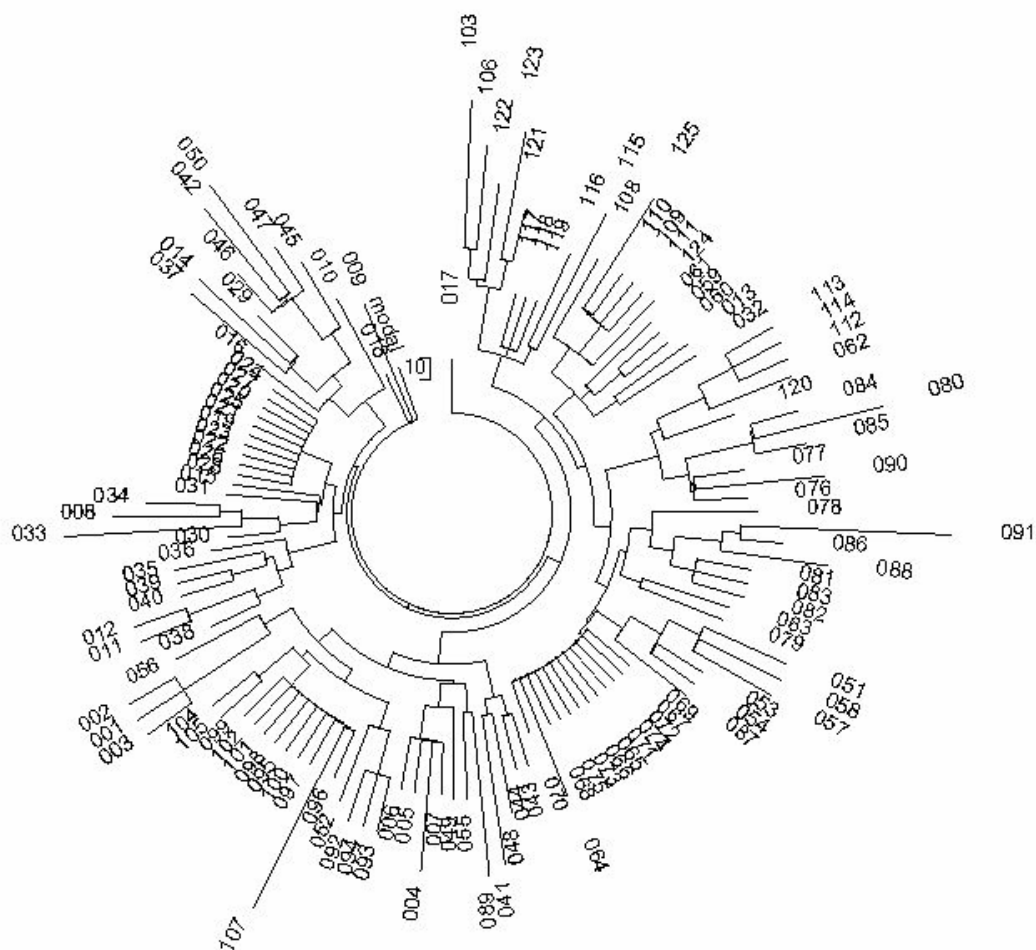


Рис. 3. Дерево 12-маркерных гаплотипов с северо-западной Европы (в основном Швеция) с аллелью *DYS388*, равной 10. Гаплотипы предоставлены Dr. Lennart Svensson. В выборке – 61 гаплотип.

Видно, что оно соответствует одному общему предку, поскольку не содержит выраженных ветвей. Базовый гаплотип – идентичен германскому и голландскому базовым гаплотипам.

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

Все 125 гаплотипов имеют 316 мутаций, что соответствует 130 поколениям, или 3250 лет до общего предка. Для голландского и германского общих предков (12-маркерные гаплотипы) это было 124 и 136 поколений, соответственно. Таким образом, у них идентичны не только базовые гаплотипы, но и сам общий предок.

То, что общий предок один, помимо структуры дерева и совпадения общих предков с соседями, показывает и приложение логарифмического подхода к расчетам (Клёсов, 2008b; 2008с). Среди данных 125 гаплотипов – 11 идентичных, базовых, что дает число поколений до общего предка, равное $\ln(125/11)/0.022 = 110$ (без поправки на возвратные мутации) или 123 поколения (с поправкой). Эта величина отличается от полученной по мутациям всего на 5%, что указывает на однородность выборки и на наличие для не одного общего предка.

ВЫВОДЫ

Полученные результаты можно обобщить следующим образом. Как было показано ранее (Клёсов, 2008а), самые ранние следы гаплогруппы R1a1, предков половины и более нынешнего населения России и Украины, а именно предков восточных славян, обнаружены на Балканах, где они жили 12 тысяч лет назад. Примерно 6 тысяч лет назад они начали заселять территории западной и восточной Европы, и примерно в то же время их предковый гаплотип мутировал от аллели DYS388 = 12 в аллель 10. Среди мигрантов с преимущественной аллелью 12 в этом маркере находилось немного носителей аллели 10, все прямые потомки одного предка. Представители этой линии, наряду с носителями аллели 12, прибыли в северо-западную Европу, предположительно на Британские острова, или на территории современной Дании, примерно 4000 лет назад, на 500-1000 лет позже носителей аллели 12. С тех пор эти две аллели, 10 и 12, сопровождают две параллельные генеалогические линии потомков.

Ареал этой генеалогической линии – северо-западная Европа. На территории Германии количество носителей этой линии заметно снижается, к востоку от Германии ее практически нет. В то же времена, 5000-4500 лет назад носители R1a1 продвинулись и на территории современных Украины-России, но носителей DYS388 = 10 среди них не было. Или они не выжили.

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

ЛИТЕРАТУРА

Адамов, Д.С. и Клёсов, А.А. (2008) Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 1, № 5, 855-906

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

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

Клёсов, А.А. (2008c) Основные положения ДНК-генеалогии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, № 2: 252-348.

Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве

Анатолий А. Клёсов

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

Довольно стандартным заблуждением тех, кто впервые встречается с ДНК-генеалогией, является их ожидание, что нужны выборки в тысячи, десятки тысяч, а то и миллионы гаплотипов, чтобы делать какие-то выводы об общем предке популяции, скажем, восточных славян, которые составляют от 50% до 80% жителей русских, украинских и белорусских городов и селений.

Это, конечно, заблуждение. Новички не знают, что величины аллелей в гаплотипах вовсе не распределены неупорядоченно. Они зажаты, как правило, в довольно узкие рамки. Далее, за четыре с лишним тысячи лет пребывания потомков первых носителей гаплогруппы R1a1 на одной шестой части суши они настолько перемешались, что если где и есть анклав, в которых люди жили 4 - 5 тысяч лет, никуда не перемещаясь – что КРАЙНЕ маловероятно, то таких анклавов на страну будет, мягко говоря, немного. Наконец, где бы ни прятались носители R1a1, мутации в их гаплотипах «тикают» с той же скоростью, что и у других, и в итоге окажутся примерно теми же, что и у основной популяции.

Это можно проиллюстрировать таким примером. За 4500 лет в 12-маркерном гаплотипе в среднем произойдет 0.28 мутаций на маркер, то есть в среднем всего 3.4 мутации на гаплотип. Мутирует всего каждый четвертый маркер. И так у всех, от западной Украины до Камчатки и Курил. Для того, чтобы это выявить, совсем не нужна большая статистика. Для новичка может показаться невероятным, но всего десяти человек – из десятков миллионов – вполне достаточно, чтобы прийти к выводу, что у них имеет место в среднем 0.28 мутации на маркер. Ну, возможно, окажется 0.25-0.30 мутаций на маркер, что картину принципиально не изменит.

Когда я начал готовить эту статью пару месяцев назад, у меня в руках было шестнадцать 25-маркерных гаплотипов от Украины до Дальнего

Востока. Несколько позже гаплотипов стало 25, но расчеты практически не изменились. Теперь известных 25-маркерных гаплотипов с этой территории стало 44, а результат остался принципиально тем же. Различия во времени жизни общего для всех предка меняются в пределах всего нескольких поколений, и это для давности более 4 тысяч лет назад, ранний бронзовый век.

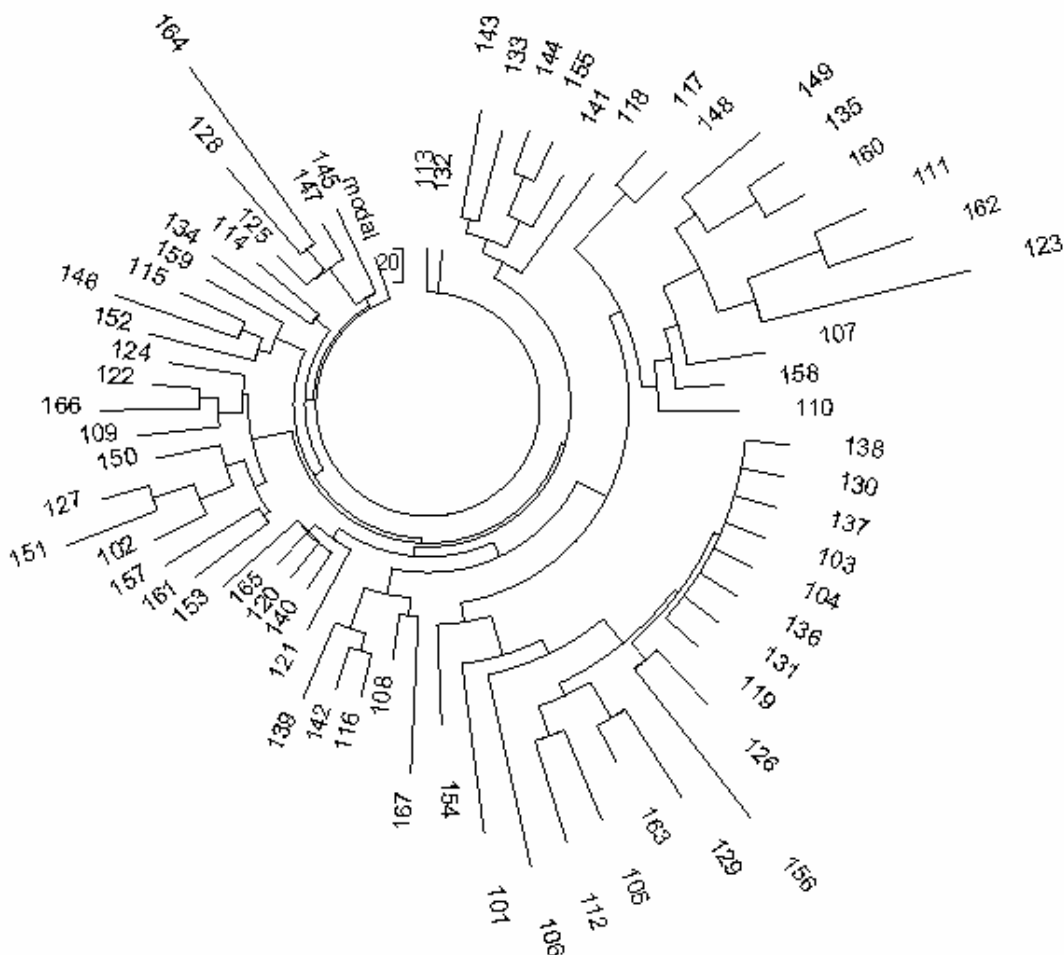


Рис. 1. Дерево 12-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 на территории от Западной Украины до Дальнего Востока, включая Среднюю Азию. По данным YSearch и гаплотипам, представленным самими носителями. В выборке – 67 гаплотипов.

В этом и есть замечательное свойство ДНК-генеалогии – ее данные довольно инертны, если собраны правильно, неупорядоченно, не из одной семьи или близких родственников.

После этого введения перейдем к делу.

На рис. 1 представлено дерево для 67 12-маркерных гаплотипов наших русскоязычных коллег. Это – Россия, Украина, Татарстан, Казахстан, Таджикистан. Древние арийские территории. У всех их – гаплогруппа R1a1.

Это дерево имеет следующий базовый, или предковый гаплотип (в нотации FTDNA)

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

Все эти 67 гаплотипов включают 214 мутаций в сторону от базового, что дает $214/67/12 = 0.266$ мутаций на маркер, и с поправкой на возвратные мутации дает 170 поколений, то есть 4250 лет до общего предка для всех 67 человек.

Действительно, дерево на рис. 1 не расщепляется на отдельные ветви, которые отходили бы от одного ствола, как наблюдается для нескольких общих предков для смешанной популяции. Популяция здесь вполне однородна.

Видно, что на дереве, то есть в выборке, есть два базовых гаплотипа, номера 113 и 132. У этих двух человек сохранился тот самый предковый гаплотип, приведенный выше. Иначе говоря, у их предшественников не произошло ни одной мутации в 12-маркерном гаплотипе. А у некоторых произошли 4, 5, 7, или даже 8 мутаций. Для них характерно удаление гаплотипа от ствола дерева. Например, номера 123, 129, 156, 164, 167 имеют соответственно 7, 5, 8, 5 и 4 мутации. Это на самом деле лично для них ничего не означает, просто попали под статистику. А предок у всех один.

Из этого уже следует абсурд вычисления времени жизни общего предка по двум гаплотипам, во всяком случае по 12-маркерным гаплотипам. Например, номера 113 и 132 имеют идентичные гаплотипы, как и попарно номера 135 и 160, как и 117 и 148, 144 и 155, и ряд других. Как я

покажу дальше, эти сходства тоже условные, так как относятся к 12-маркерным гаплотипам. На 25-маркерных гаплотипах они могут отойти весьма далеко от друга, не говоря о 67-маркерных гаплотипах. Вывод – 12-маркерные гаплотипы могут быть неплохи для общей статистики, но не годятся для «фамильных» исследований, для поиска предков. Их сходства почти ничего не означают.

Поскольку многие обладатели этих гаплотипов просили меня рассказать о них более подробно, я перейду в некотором роде к персоналиям. При этом фамилии буду приводить только для тех, кто дал мне персональное на это разрешение, или сам попросил. Другие просили меня ограничиться их условными именами, которые они сами дешифруют.

Итак, в 12-маркерной серии предковые гаплотипы сохранились у двух человек – у Скрипки (номер 113), наиболее отдаленные и известные ему предки с Украины, и у потомка сибирских казаков (номер 132).

Среди тех, у кого больше мутаций, или мутации необычные, в «медленных» маркерах, что и удалило их от ствола, есть номер 167 – это представитель армейской разведки. У него мутация произошла в одном из самых медленных маркеров – DYS393. Таких всего пять человек из всех 68 – номера 123, 149, 164 и 167 (мутация из 13 в 14), и номер 156 (мутация из 13 в 12). Им будет легче искать своих родственников, поскольку такая мутация происходит в среднем один раз в 1300 поколений, или в 33 тысячу лет. Гаплогруппы R1a1 тогда не существовало, была предшествующая ей сводная гаплогруппа R-R.

Интересна серия из 8 идентичных гаплотипов в правой нижней части дерева. Не все из них имеют 25-маркерные (и выше) гаплотипы, так что их потенциальные близкородственные отношения останутся пока невыясненными. Это номера 103 (родственник Татьяны), 104, 119, 130 (историк Егорьевского района), 131, 136 (Headache), 137 и 138.

Перечислю некоторых других обладателей номерных гаплотипов:

108 – мой гаплотип. Ничего примечательного. Примечательное будет на 25-маркерном гаплотипе.

112 – гаплотип претендента на прямое потомство от Рюрика, а также от князей Волконских. В принципе, на той же ветви сидят упомянутые выше 103, 130 и 136. Чем черт не шутит.

117 – Павел-Читуай

128 – Кубан (Киргизия). Его гаплотип ничем не выделяется из серии славянских гаплотипов, что не противоречит представлениям о продвижении ариев на восток со стороны Украины-России. Но у него есть характерная мутация – вместо типичной пары аллелей 11-14 или 11-15 (DYS385a,b), у него там 11-11. Удачный вариант для поиска родственников.

133 – (Таджикистан).

134 – Славера. У Славера – совершенно необычная мутация, как бы противоположность киргизской (128) – вместо типичной пары аллелей 11-14 или 11-15 (DYS385a,b), у него там 14-14. Близкая мутация есть только у номера 153, 15-15.

135 – приятель Славера.

165 - Guest

166 – «Познающий»

Переходим к 25-маркерным гаплотипам (рис. 2). Базовый гаплотип для всей серии из 44 гаплотипов – следующий:

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

Здесь жирным шрифтом отмечена единственная мутация по сравнению с 12-маркерным гаплотипом, приведенным выше. Причина – 12-маркерных гаплотипов было 67, а 25-маркерные – 44. Большинство аллелей на самом деле имеют дробные величины, и в базовом гаплотипе просто округляются. В 12-маркерных гаплотипах было 37 аллелей «11», 30 аллелей «10» и одна аллель «12», то есть от базовой величины 11 была 31 мутация, средняя величина аллели 10.57. В 25-маркерных гаплотипах аллелей «11» 21, и аллелей «10» – 23, средняя величина аллели 10.48. Соответственно, округление получилось в разные стороны, а по сути величина одна и та же.

Все 44 гаплотипа имеют 326 мутаций, что дает в среднем 0.296 мутаций на маркер, и после поправки на возвратные мутации дает 193 поколения, то есть 4825 лет до общего предка.

На первый взгляд кажется, что в 25-маркерном варианте дерево расходится на две довольно выраженные ветви, слева 24 гаплотипа, справа 20 гаплотипов. Ветви в самом деле есть, но видно, что они расходятся от одного общего предка, который обозначен короткой

связкой всей широкой ветви и ствола. То есть расхождение по ветвям могло быть уже после общепредка для данной группы гаплотипов.

Когда гаплотипов на дереве было 36, то есть несколько меньше, то разделение было более выражено, и расходилось на 14 и 22 гаплотипа для данных ветвей. Это показывает что наличие или отсутствие ветвей может проявляться при изменении числа гаплотипов в выборке. Обычно это не дает большой разницы в расчетах. Для иллюстрации покажем, что наблюдалось для дерева с 36 гаплотипами, как пример счета.

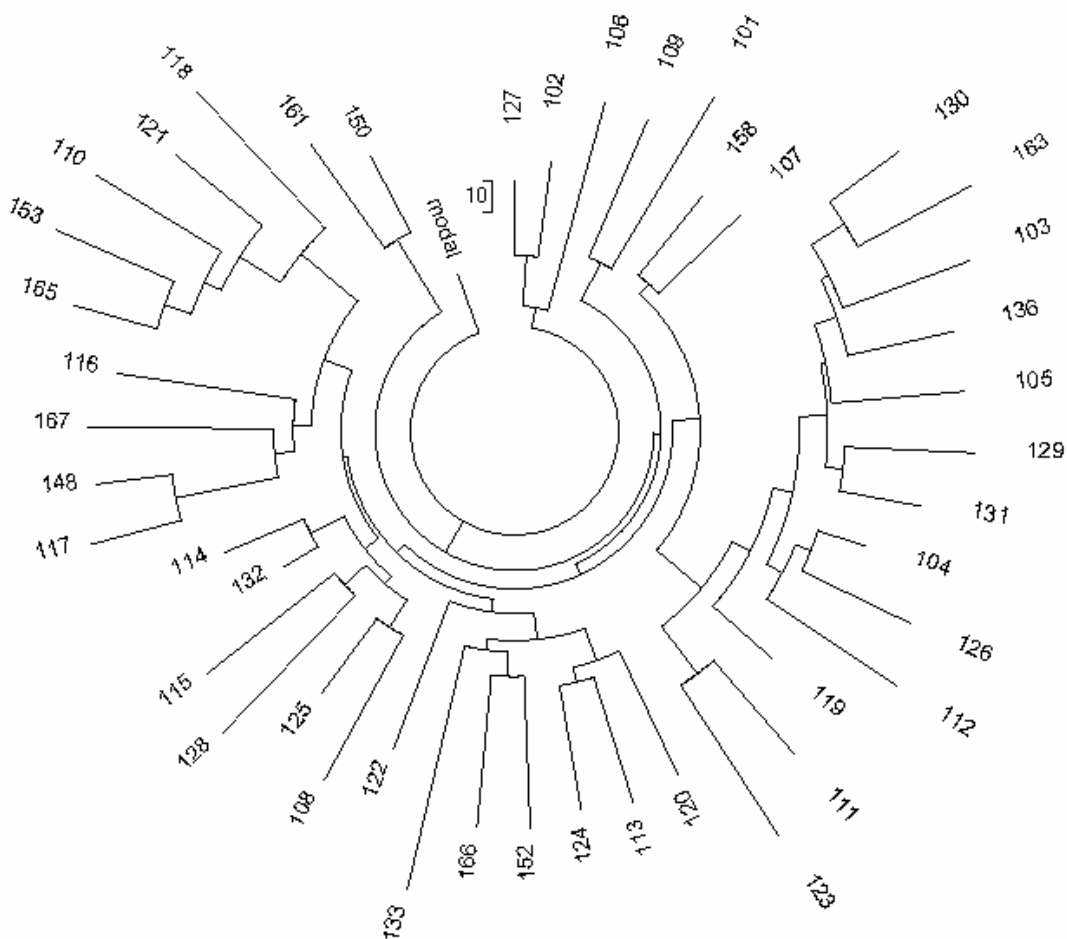


Рис. 2. Дерево 25-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 на территории от Западной Украины до Дальнего Востока, включая Среднюю Азию. По данным YSearch и гаплотипам, представленным самими носителями. В выборке – 44 гаплотипа.

В этом случае более молодая ветвь имела 75 мутации на 14 25-маркерных гаплотипов, что давало 133 поколения, или 3325 лет до общего предка. Базовый гаплотип у этой ветви был следующий:

13 25 16 **10** 11 14 12 12 **11** 13 11 **29** 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

Видно, что по сравнению с 12-маркерными гаплотипами (см. выше) молодая ветвь вела свое начало от общего предка, гаплотип которого получил три мутации по сравнению с предковым. Это и есть результат «дрейфа». Это обычно происходит или в результате прохождения популяцией «бутылочного горлышка», или при переходе на новые территории.

Более старая и более многочисленная ветвь (22 гаплотипа) показывала следующий 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 отличается от базового гаплотипа на пять мутаций. На самом деле эти аллели у молодого и старого гаплотипа равны 10.00 и 10.77; 10.86 и 10.23; 29.43 и 30.09; 15.79 и 15.18; 23.07 и 24.00, то есть в сумме 3.60 мутации. Уже эта разница разводит времена жизни общих предков этих двух ветвей на 86 поколений, то есть на 2150 лет.

Все 22 гаплотипа старой ветви содержали 130 мутаций во всех 25-маркерных гаплотипах. Это дает 148 поколений и 3700 лет для 25-маркерных гаплотипов. Как видно, «молодая» и «старая» ветвь здесь понятия условные, поскольку возраст ветвей различается всего на 14 поколений (350 лет). Ясно, что 86 поколений разницы между ними напрямую быть не может. Обе ветви отошли от древнего предка, возраст которого 4500 лет, как показывал совместный счет обеих ветвей с 36 гаплотипами. Как видно, этот возраст сдвинулся к 4700 годам для дерева с 43 гаплотипами. Впрочем, эта разница составляет всего 4%, и укладывается в ошибку измерений, расчетов и приближений.

Действительно, применяя формулу, уже использованную ранее, для более точных данных для 25-маркерных гаплотипов, получаем, что общий предок жил $(133+148+86)/2 = 184$ поколения, или 4600 лет назад. Это практически та же самая цифра, и укладывается между полученными для двух деревьев 25-маркерных гаплотипов.

Как видно, мутационная разница между базовыми гаплотипами является весьма информативной.

Сравним деревья 12- и 25-маркерных гаплотипов, в количестве соответственно 67 и 44 гаплотипа. К сожалению, треть гаплотипов отпала. Остальные заметно переместились. Например, серия из 8 идентичных 12-маркерных гаплотипов, из которой остались шесть в новом формате, несколько разошлись, хотя и остались на малой ветви справа на рис. 2. Это – номера 103, 104, 119, 130, 131 и 136. Из них – трое с украинскими корнями, трое – с русскими. На той же малой ветви сидит и предполагаемый (им самим) прямой потомок Рюрика (номер 112). Вот что он сообщил в подтверждение того на открытом сайте YSearch (в сокращении):

«Наиболее удаленный предок по мужской линии – Рюрик, годы жизни – примерно 800-879. (Мой прямой предок) – генетический сын князя Бориса Дмитриевича Волконского, родившегося в России в 1896 году. Исследования показали, что князья Волконские и Оболенские, потомки Рюрика по линии Олега Святославича (ум. 1115) – генетические славяне, то есть имеют гаплогруппу R1a1. Однако князья, потомки Владимира Мономаха, имеют гаплогруппу N3a1».

Напомним, что эта малая ветвь отошла от общего предка примерно 3300 лет назад, то есть в 14-м веке до нашей эры, в середине 2-го тысячелетия. Примерно когда арии ушли в Индию и Иран.

На столь малом числе гаплотипов оказывается, что в малой ветви справа (условных) украинцев и русских – почти пополам, пять и семь, плюс один предполагаемый (им самим) татарин. На большой ветви украинцев явно недобор, пятеро из 24 человек. Но там же и киргиз (номер 128), и таджик (номер 133), и карачаевец (номер 166). Там же и потомок сибирских казаков (номер 132). Возможно, это просто абберрация на малой статистике.

Это только показывает, что гаплотипы – древнеарийские, когда этих подразделений не было, уже потом появились и перемешались. На ветви слева находятся наши коллеги Павел (номер 117), рядом с ним «спецназовец» (номер 167), недалеко Guest (номер 165). Те двое, у которых был базовый гаплотип в 12-маркерном варианте, получили свои

мутации в 25-маркерном, и несколько разошлись (номера 113 и 132). Там же недалеко друг от друга – потомок касимовского воеводы 17-го века (номер 106) и потомок жителя енисейской губернии начала 19-го века (номер 109).

Перейдем к 37-маркерным гаплотипам. Дерево гаплотипов приведено на рис. 3.

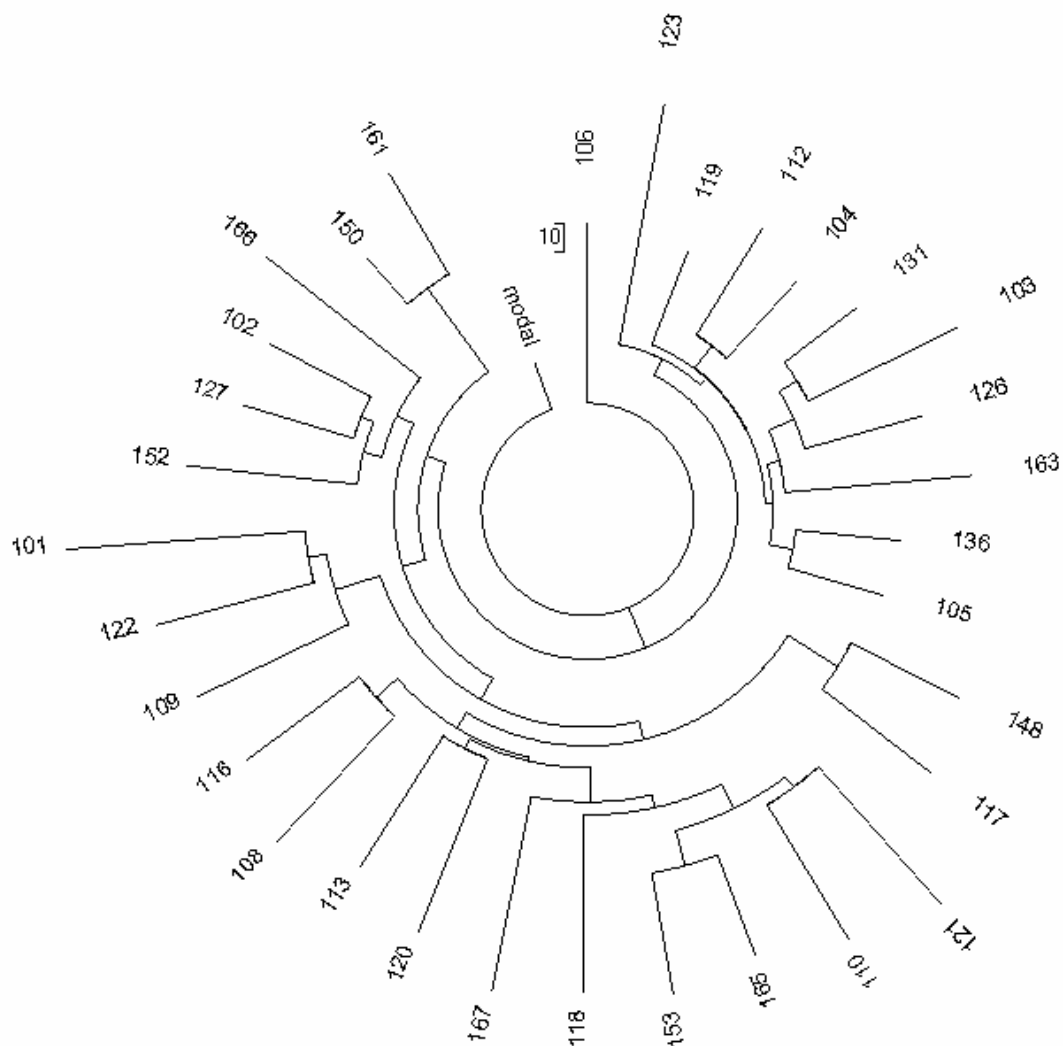


Рис. 3. Дерево 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 на территории от Западной Украины до Дальнего Востока, включая Среднюю Азию. По данным YSearch и гаплотипам, представленным самими носителями. В выборке – 32 гаплотипа.

Их базовый гаплотип

13 25 16 10 11 14 12 12 11(10) 13 11 30 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 11 11
19 23 17 16 18 20 35 38 14 11

Опять никаких сюрпризов, которые, впрочем, и не ожидалось. Украинцы перемешаны с русскими, между ними карачаевец; предполагаемый потомок князей сидит на подветви с потомками русского и западного украинца. Поскольку номера гаплотипов даны выше, каждый может посмотреть на свое окружение, пусть в минимальном варианте.

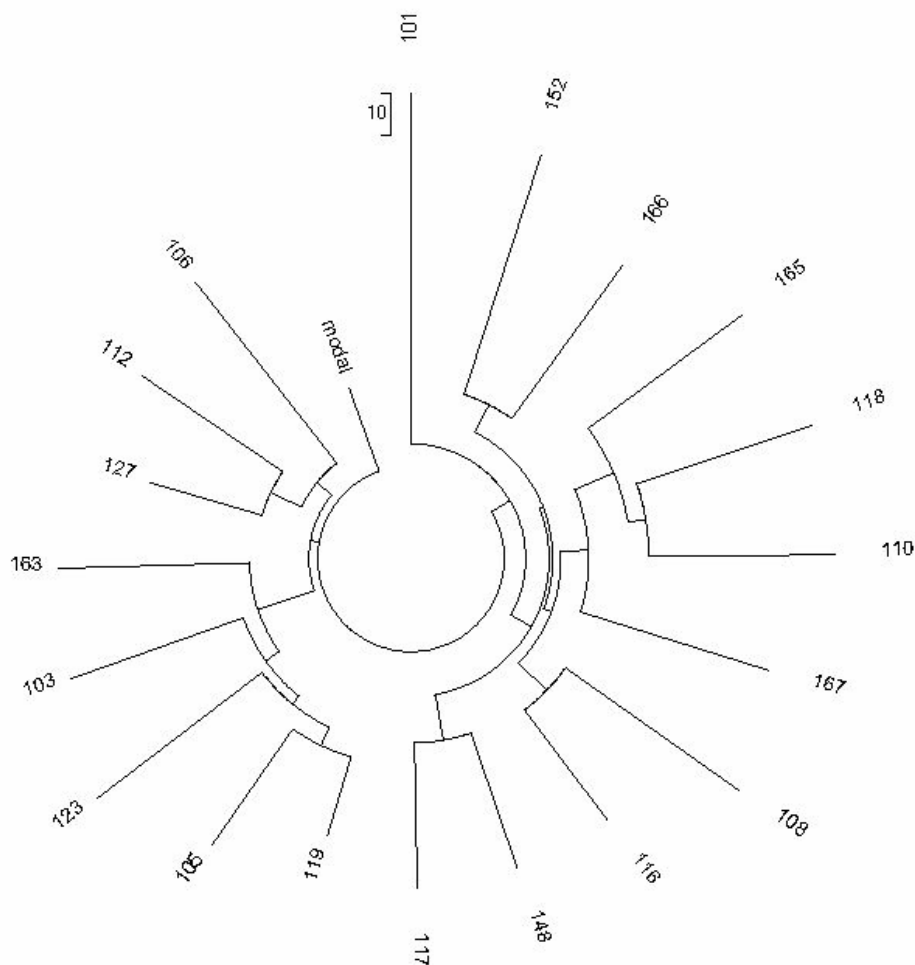


Рис. 4.

Дерево 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 на территории от Западной Украины до Дальнего Востока, включая Среднюю Азию. По данным YSearch и гаплотипам, представленным самими носителями. В выборке - 19 гаплотипов.

Перейдем к 67-маркерным гаплотипам. Дерево показано на рис. 4.

Для данных 19 гаплотипов базовый гаплотип следующий:

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

Поскольку гаплотипов мало, они опять распались на две ветви, не связанные между собой. Видно, что опять левая ветвь несколько моложе правой, как было посчитано выше. Из восьми гаплотипов малой ветви пять – с украинскими корнями. Здесь же – потомок касимовского воеводы (106) и предполагаемый потомок князей (112). На правой ветви из 11 гаплотипов – «спецназ» (167), карачаевец (166), Guest (165), Павел (117) и автор данных строк (108). Гаплогруппы разбились на пары-тройки, которые пока не поддаются какой-либо определенной интерпретации. Что и хорошо, это означает, что выборка действительно неупорядоченная.

Естественно, смысл начнет появляться при значительном увеличении количества 67-маркерных (в первую очередь) гаплотипов. Но разбор, в какой степени переход от 12-маркерных гаплотипов через 25- и 37-маркерные к 67-маркерным меняет разрешение дерева гаплотипов представляет определенный интерес.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 4

(начало и продолжения – в Вестнике, том 1, № 2, 3, 4)

Анатолий Клёсов

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

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

ПИСЬМО ДЕВЯТОЕ

Прочитала Вашу статью "СЕ - ЧЕЛОВЕК" от 04 июня 2006 г. и была очень удивлена. Дело в том, что я делала тест на митДНК в сентябре-октябре этого года, и неделю назад мне выдали следующий результат:

Гаплогруппа Н

16519С

195С, 263G, 309.1С, 315.1С,

Прочитав Вашу мит ДНК, я увидела, что у меня с Вами отличается только одна мутация:

Гаплогруппа Н

16519С,

477С, 263G, 309.1С, 315. 1С

Я была очень удивлена, что по поисковой системе нашлось пять человек, с которыми у меня полное (100%) совпадение. Но, как ни странно, все эти люди родом из Англии и Ирландии, и их предки тоже. Я родилась в Беларуси, моя мама и бабушка тоже родом из Беларуси. Но дальнейших своих предков я не знаю, хотя всегда думала, что это либо белорусы, либо поляки, либо русские.

Что это может означать?

МОЙ ОТВЕТ:

Одна мутация (различие) в мтДНК может означать тысячелетия. Отсюда и сходство Вашей мтДНК, и западноевропейских женщин. За тысячелетия многое перемешалось. И Ирландия, и Белоруссия, и многое другое. Было много миграционных волн во всех направлениях, да и женщины часто перемещались с территории на территорию намного систематически, чем мужчины.

Есть еще один фактор, видимо, еще более существенный. Российские мтДНК в базе данных КРАЙНЕ малочисленны. Поэтому и перекос в западноевропейские. Не придавайте этому значения.

ПИСЬМО ДЕСЯТОЕ

У меня был очень серьёзный повод делать тест на мтДНК, хотя это для нас достаточно дорогое удовольствие. Дело в том, что несколько лет назад один человек открыл нам тайну нашего происхождения по отцу. Мы никогда не общались с родственниками отца и ничего о них не знали. Но рассказ этого человека нас просто шокировал. Он сказал, что матерью нашего отца была Анастасия Романова, младшая дочь Императора Российской Империи Николая Второго. Также мы узнали, что старший брат нашего отца умер от гемофилии, а его сестра от эпидемии дифтерии после войны, в 1946 году. Сама бабушка Анастасия прожила до 1956 года, и в конце жизни была полностью слепой. Она жила отдельно от своих детей и скрывалась в лесу с неким священником - старовером.

Мы мало, что знаем о её жизни. Знаем только то, что до 1935 года она жила недалеко от г. Ветка Гомельской области. Сейчас эта местность попала в зону радиационного отчуждения после аварии на Чернобыльской АЭС. Деревни снесены, люди все выселены и рассеяны по всей территории Беларуси. Поэтому узнать у старожилов хоть какую-то ещё информацию практически невозможно.

Получив такую информацию, мы (я и моя сестра) решили её проверить, так как поверить в это было крайне тяжело. Мы мало интересовались историей России, почти ничего не знали о нахождении останков в 1991 году под Екатеринбургом, перезахоронении их в 1998 году (что-то

слышали урывками, но в подробности не вникали) - были тяжёлые времена после распада СССР, и приходилось как-то выживать в тех условиях. Поэтому было не до политики и не до истории. К тому же у нас в Беларуси больше интересовались историей Великого Княжества Литовского и в ВУЗе изучали тоже только историю Беларуси.

Я и мои родные никогда не были в Санкт-Петербурге и не видели портретов дочерей Императора. В 2005 году, благодаря Интернету, мы увидели фотографии и портреты дочерей Императора Николая Второго, Александра Третьего, и других представителей рода Романовых. Мы были просто потрясены - внешняя схожесть у нас с ними просто невероятная. Я и моя сестра - близнецы, но если поставить фотографию дочери Императора Николая Второго и наши фотографии, то близнецами можно назвать не меня и мою сестру, а Ольгу и мою сестру.

Кроме того, изучая материалы по идентификации лже-Анастасий Анны Андерсон и Натальи Билиходзе, я нашла ещё и некоторые генетически передаваемые признаки: полные стопы (у моей сестры), некоторые аномалии развития позвоночного спинно-мозгового канала (у сестры - его сужение), практически на 100 % схожесть моего почерка с почерком Анастасии Романовой (на фотографиях, которые были напечатаны при выдвижении выше упомянутых мной лже-Анастасий). Мой отец практически копия Императора Александра Третьего и первого из Романовых - Михаила Романова. Ему сейчас уже 69 лет. После этой информации и такой схожести мы решили сделать тест на мтДНК отцу в США.

В связи с последними событиями о нахождении новых останков под Екатеринбургом, якобы детей Императора Николая 2 Алексея и Марии, тест мтДНК отца - это единственный и последний шанс нам проверить и доказать своё происхождение. Хотя время выдачи результатов тестирования несколько раз переносили (что для нас тоже удивительно, поскольку мы направили материалы для тестирования еще в мае), к 7 ноября обещали выдать результаты теста по мит ДНК отца, которые должны либо подтвердить, либо опровергнуть наше родство с родом Романовых. Для большей уверенности мы ещё в одну лабораторию отправили материал на полный анализ по ДНК отцу (по митохондрии и по Y-хромосоме) в независимую лабораторию. Результат тоже должен быть готов через месяц. Также делаются тесты митДНК маме и моей сестре.

Вот такая история. Я решила Вам написать её, так как думаю, что Вам как учёному важно это знать.

МОЙ ОТВЕТ:

Спасибо за описание Вашего расследования. Это действительно очень интересно. Поскольку Ваш отец родился 69 лет назад, то есть в 1939 году, то понятно, что речь может идти только о чудесным образом спасшейся Анастасии. Осложняет дело то, что такими себя уже объявляли около 30 женщин, и это только случаи, получившие значительную огласку. Поэтому подождем результатов тестов. Известно, что императрица, жена Николая Второго, Алиса Гессен-Дармштадская, внучка английской королевы Виктории и мать Анастасии, имела следующий гаплотип:

16111T, 16357C
263G, 315.1C

Это – гаплогруппа Н. Кстати, те же мутации в зоне высокого разрешения (вторая строка), как и у моей мамы и бабушек по ее линии. Так что европейская общая бабушка с королевой Викторией и с Анастасией у них была одна. Но это так, к слову.

Что касается задержек с тестами - ничего странного в этом нет. На юге США, где находится лаборатория, прошел сильный ураган, всех эвакуировали, и это вызвало большую задержку с анализами ДНК. Специалистам это известно. Очень многие ждут своих результатов.

Подождем и мы с Вами. Хотя, конечно, могу представить, каково Вам ждать.

ПИСЬМО ОДИННАДЦАТОЕ

В статье Lan Hai в китайском журнале, название которого не могу воспроизвести (<http://comonca.org.cn/PDF/2007/COMonCA01-016.pdf>),

название статьи – «Y chromosome clues in the East Asian origins of Turks and Uralic populations», в таблице 5 имеется список гаплотипов гаплогруппы R1b1b-M73. Могли бы вы определить время появления этих гаплотипов? Время их общего предка?

МОЙ ОТВЕТ:

Да, там интересная подборка из восемнадцати 9-маркерных гаплотипов (не считая один относительно нестандартный маркер) – три пакистанских (Хазара), восемь китайских (Хан, Ту, монгол, двое Накси и трое уйгур), один японский, четыре турецких, и два итальянских.

То есть покрыто полмира, большая часть региона гаплогруппы R1b1b. Но надо отметить, что гаплогруппа R1b1b – сводная, она состоит из азиатской R1b1b1 и европейской R1b1b2. Так что получится время жизни не совсем общего предка этих двух гаплогрупп, а некоего фантомного предка, перекошенного в азиатскую сторону. Поскольку их – большинство в списке. Поскольку общий предок R1b (и, возможно, R1b1b) появился примерно 16 тысяч лет назад, а европейский R1b1b2 ведет свое начало примерно на 4600 лет назад, то из предоставленного списка ожидаемо «появится» фантомный «предок», якобы живший между этими временными сроками. Проверим.

Базовый гаплотип этого фантомного предка следующий:

13-24-14-11(10)-X-Y-Z-12-12-13-13-17

где X-Y-Z – это пропущенные в работе маркеры 385a, 385b, и 426.

Все 18 гаплотипов содержат 115 мутаций от данного базового гаплотипа, что соответствует в среднем 0.71 мутаций на маркер, или 529 поколений до общего предка (с поправкой на возвратные мутации), то есть 13200 лет до общего предка. В целом, как и предполагалось, меньше 16 тысяч лет и больше 5 тысяч.

ПИСЬМО ДВЕНАДЦАТОЕ

В статье «Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2,000-Year-old necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia» (авторы Christine Keyser-Tracqui, Eric Crube'zy, и Bertrand Ludes), *Am. J. Hum. Genet.* 73, 247-260 (2003) авторы приводят список гаплотипов из древних захоронений конца прошлой – начала нашей эры (см. таблицу). Похоже, что самые старые захоронения имеют гаплогруппу R1a1, числом 14 гаплотипов.

Можете ли вы определить, когда жил общий предок этих гаплотипов? По вашим последним статьям, общий предок рода ариев (R1a1) на русской равнине жил 4500 лет назад, и его потомки передвигались на восток, образовав андроновскую археологическую культуру, и в итоге дойдя до Монголии и Китая. В таком случае общий предок описанного монгольского захоронения должен быть максимум 4500 лет или моложе, но никак не старше. Так ли это?

Table 2

Y Chromosome STR Haplotypes Determined for 27 of the Ancient Male Specimens

GRAVE	ALLELE(S) AT MARKER							
	DYS19	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	YCAII	DYS385	DYS389II
25A	14	–	11	14	14	–	–	–
26	14	24	10	11	14	18/22	12/19	–
27	–	–	10	11	14	22/22	–	–
28	15	24	10	11	14	19/19	–	30
32A	–	23	10	–	14	–	–	–
36	16	23	10	11	13	–	–	–
46	15	24	10	11	13	22/23	12/15	29
47	15	24	10	11	13	22/23	12/15	–
50	15	24	10	11	13	22/23	12/15	29
52	15	24	10	11	13	22/23	12/15	29
53	15	24	10	11	13	22/23	12/15	–
54	15	24	10	11	13	22/23	–	–
57	17	23	10	11	14	22/24	11/20	29
58	17	23	10	11	14	22/24	11/20	29
65	16	24	11	11	13	–	–	–
69	14	23	11	13	13	18/21	11/13	–
70	16	25	11	11	13	19/23	11/14	31
72	16	25	11	11	13	19/23	–	–
73	16	25	11	11	13	19/23	–	–
76	14	–	–	13	13	23/23	–	–
81	14	23	–	14	13	–	–	–
84.1	14	24	10	16	14	18/20	–	–
84bis	–	23	11	–	11	19/19	–	–
88	14	25	–	14	15	18/23	14/14	–
94	14	25	10	14	15	18/23	14/14	–
92	13	24	10	15	13	19/20	15/17	29
95	15	24	11	14	12	19/21	13/20	28

NOTE.—Dash denotes that an allele could not be amplified for the locus in question.

МОЙ ОТВЕТ:

Это – хорошее упражнение. При формальном счете мутаций у 14-ти гаплотипов, определенных Вами как R1a, мутаций много. Однако следует отметить два "момента". Во-первых, похоже, что захоронения лежат семействами, то есть блоками гаплотипов, идентичными (и раздельными) парами, тройками, четверками. То есть нет статистической выборки, необходимой для определения возраста. Но это не так страшно, и результат будет зависеть от конкретных мутаций. Во-вторых, что пара 57-58 к R1a1 явно не относится. Но если их (ошибочно) включить в выборку, это сразу даст всплеск мутаций и сильно "удревлит" предка".

Поясню.

Идентичны пары 47-47, 57-58 (а между этими идентичными парами - огромная разница в 4 мутации на 5 маркерах, и в 10 мутациях на 8 маркерах), тройка 70-72-73, четверка 50-52-53-54. Именно нумерация этих идентичных захоронений-гаплотипов указывает на близких родственников. Если бы они были разбросаны по нумерации по всему пантеону, это еще куда ни шло. Кстати, четыре мутации на TEX пяти маркерах дает разницу в 21 тысячу лет между общими предками, а 10 мутаций на 8 TEX маркерах дают разницу в 36 тысяч лет между общими предками гаплогруппы R1a1. Это вряд ли мыслимо. И не мудрено, поскольку пара DYS385, которая обычно 11-14 (11-15) у гаплогруппы R1a1, у пары 57-58 составляет 11-20. Это вряд ли R1a1, да и маркеры DYS19, 390 и 393 у них на грани фолла.

Если же мы отбросим пару 57-58, то все приходит (по возрасту) в относительную норму, даже при том, что возможны три группы родственников, и три одиночки. На эти 12 пятимаркерных гаплотипов приходится 14 мутаций от общего предка

15-X-24-10-11-13

(в "научной" номенклатуре DYS19-388-390-391-392-393), что соответствует 3950 лет до общего предка. Это совершенно вписывается в мои расчеты, что арии R1a1 вышли с запада на русскую равнину 4500 лет назад, и через несколько столетий достигли Урала. Индусы имеют 3850 лет до общего предка.

Занятно, кстати, что последняя тройка 70-72-73 имеет гаплотип (первые шесть плюс 385a,b плюс 389-2)

16-X-25-11-11-13, 11-14, 31

который практически в точности соответствует базовому гаплотипу восточных славян 4500 лет назад. Да и тот, что выше, рядом, потому что у них на самом деле аллели при усреднении дробные, и только при округлении расходятся. А на самом деле там средние величины аллелей 15.41 и 15.55, что практически одинаково.

Это еще раз говорит о том, что в захоронении - потомки тех, кто шли за 600 лет до того по русской равнине. Стало быть, потомки праславян. И потомки (или братья) ариев, хотя последнее зависит от дефиниций. Спасибо за хорошие вопросы,

Anatole Klyosov