

ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ



АНАТОЛИЙ КЛЁСОВ КОНСТАНТИН ПЕНЗЕВ



**АРИЙСКИЕ
НАРОДЫ
НА ПРОСТОРАХ
ЕВРАЗИИ**



МИХАИЛ ЗАДОРНОВ
РЕКОМЕНДУЕТ ПРОЧИТАТЬ

А.А. Клёсов, К.А. Пензев. **Арийские народы на просторах Евразии.** (Серия «ДНК-генеалогия»).– М.: Книжный мир, 2015. – 352 с.

ISBN 978-5-8041-0733-9

Легендарных Ариев нередко называют индоевропейцами. Но новейшие исследования в области ДНК-генеалогии показывают, что арийские народы шире индоевропейских языков. До времен, откуда пошли их предки, лингвистика, просто не дотягивается. Это носители гаплогруппы R1a, которые создали удивительные культуры и цивилизации по всей Евразии. Об этом рассказывается в новом незаурядном исследовании Анатолия Клёсова и Константина Пензева.

Арии вошли в историю и мифологию под разными именами, что маскировало их идентификацию. Это и «гипербореи» Русского Севера, и редины на Мальдивах тысячелетия назад, и «афанасьевцы» Минусинской котловины, и скифы от Дона до Алтая, и кельты Центральной Европы, и многие другие. Прямыми потомками древних Ариев являются многие миллионы славян. Сегодня термин «арий» в своем социальном значении открыт для людей всех рас, языков и национальностей. И авторы с удовольствием приглашают своих читателей обратиться к древней истории через призму новой науки – ДНК-генеалогии.

ISBN 978-5-8041-0733-9

ЗАО «Книжный мир»
Тел.: (495) 720-62-02
www.kmbook.ru

© А.А. Клёсов, 2015
© К.А. Пензев, 2015
© Книжный мир, 2015

СОДЕРЖАНИЕ

Введение	4
Глава 1. Основы и главные положения ДНК-генеалогии	12
Глава 2. О происхождении человечества по данным ДНК-генеалогии	42
Глава 3. Древние миграции родов-гаплогрупп. Арийские миграции	106
Глава 4. О некоторых причинах арийских миграций в эпоху бронзы	150
Глава 5. Ископаемые группы и гаплотипы	175
Глава 6. Арии на Мальдивах	214
Глава 7. Арии на Русском Севере	223
Глава 8. О преемственности ариев, скифов и славян	235
Глава 9. Арийские народы на востоке Азии	259
Заключение	347

ГЛАВА 1. ОСНОВЫ И ГЛАВНЫЕ ПОЛОЖЕНИЯ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ

В этой книге речь пойдет о новой науке, которая только создается, основы которой только закладываются в последние годы. Если точнее, то основы этой новой науки уже созданы, причем стремительно, и идет прогрессивное накопление экспериментального материала. Новый материал поступает потоком, ежедневно в базы данных уходят десятки и сотни новых «экспериментальных точек», которые по принципу обратной связи корректируют методологию новой науки, что приводит к уточнению методов расчета.

Имя этой науки – ДНК-генеалогия. Ее экспериментальные данные – это картина мутаций в нерекомбинантных участках мужской половой хромосомы (на самом деле – и в митохондриальной ДНК, но в этой книге речь пойдет в основном о Y-хромосоме, более информативной для исторических исследований), причем картина мутаций как в Y-хромосомах отдельных людей, так и их групп, популяций. Методология новой науки – перевод динамической картины мутаций в хронологические показатели, во времена жизни общих предков популяций, а на самом деле – общих предков древних родов и племен. То есть фактически производится расчет времен, когда в древности жили эти рода и племена¹⁴.

¹⁴ *Klyosov A.A.*. DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method // *J. Genetic Genealogy*. 2009. Vol. 5. P. 186–216; *Rozhanskii I.L., Klyosov A.A.* Mutation Rate Constants in DNA Genealogy (Y Chromosome) // *Advances in Anthropology*. 2011. Vol. 1. No.2. P. 26–34.

Мутации, рассматриваемые в ДНК-генеалогии – это или одиночные (как правило) замены нуклеотидов в ДНК, как, например, аденин на цитозин, или цитозин на тимин, или вставки нуклеотидов, или делеции, или мутации более сложные, при которых ошибка копирующего фермента приводит к переносу целого блока нуклеотидов, tandemного, как его порой называют. Это дает или удлинение серии таких блоков на один (редко – сразу на два-три блока), или их укорачивание. Первые мутации – SNP (Single Nucleotide Polymorphism, или в переводе «одиночные нуклеотидные вариации»), или «снипы», обычно очень стабильны, и их для ДНК-генеалогии отбирают только такие, которые случаются только один раз (два раза – максимум) за историю человечества. Поэтому они являются маркерами родов человечества. Примеры будут даны ниже.

Мутации второго типа – STR (Short Tandem Repeats, или «короткие tandemные повторы») – значительно более быстрые, и происходят в определенных участках, или локусах, или маркерах (это все синонимы) ДНК раз в несколько десятков или сотен поколений. Набор этих маркеров составляет гаплотип, примеры гаплотипов будут даны ниже. Гаплотип – это по сути цепочка чисел, показывающих число повторов в определенных маркерах. Например, у одного из авторов этой книги гаплотип выглядит так:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16 16
11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22 22 15
10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13 31 15 9 15 12 25 27 19 12
12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30 12 14 25 13 9 10 18 15 20 12 24 15 12 15
24 12 23 19 11 15 17 9 11 11

Это – так называемый 111-маркерный гаплотип. Здесь первое число показывает, что в одном из маркеров Y-хромосомы определенная последователь-

ность нуклеотидов повторяется 13 раз. В другом маркере, который здесь показан как следующий, блок нуклеотидов повторяется 24 раза, и так далее. Чтобы показать, что все это на самом деле четко определено и зафиксировано¹⁵, добавим, что в первом маркере (под названием DYS393) повторяется четверка нуклеотидов AGAT, то есть аденин-гуанин-аденин-тимин

GTGGTCTTCTACTTGTGTCAATAC/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/
AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/ATGTAT
GTCTTTTCTATGAGACATACCTCATTTTTTGGACTTGAGTTC

и эти повторы обрамляются уже неупорядоченными последовательностями нуклеотидов в ДНК, как показано выше. Во втором маркере, под названием DYS390, повторяется уже другая четверка, TCTG, то есть тимин-цитозин-тимин-гуанин, которая переходит в четверку TCTA, то есть тимин-цитозин-тимин-аденин, и число повторов складывается:

TATATTTTACACATTTTTGGGGCCCTGCATTTTGGTACCCCATAA
TATATTCTATCTA/TCTG/TCTG/TCTG/TCTG/TCTG/TCTG/
TCTG/TCTA/TCTA/TCTA/TCTA/TCTATCTA/TCTA/TCTA/TCTA/
TCTA/TCTA/TCTA/TCTG/TCTA/TCTA/TCTA/TCATCTATCTATCT
TTCCTTGTCTGAGTATACACATTGCAATGTTTTCATTTTACTG
TCAC

Перечисленные четыре нуклеотида – это язык ДНК, который состоит из этих четырех слов, или четырех букв, при сокращенной записи. Эти нуклеотиды комбинируются парами, как показано на рис. 1, и их так и называют – «пары оснований». Они фактически держат двойную спираль ДНК.

¹⁵ Sorenson Molecular Genealogy Foundation. URL: http://www.smgf.org/ychromosome/marker_details.jsp?marker

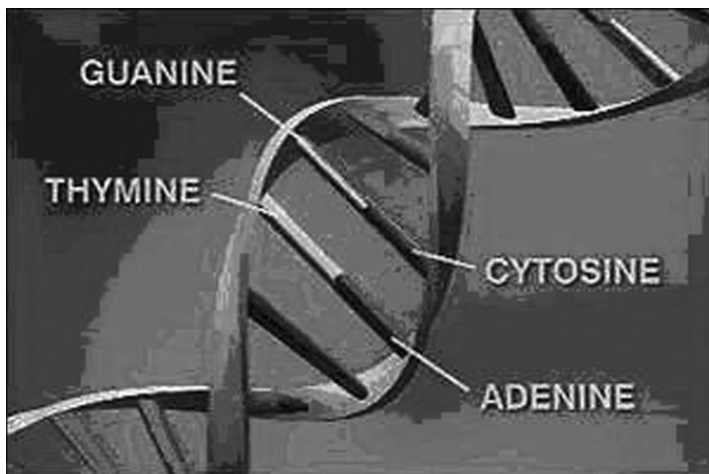


Рис. 1. Принципиальная иллюстрация сути комбинирования нуклеотидных «пар оснований» – аденина с тиминном, и гуанина с цитозином – при образовании двойной спирали ДНК. «Принципиальная» – потому что в реальной ситуации эти четыре нуклеотида могут располагаться вдоль цепочки ДНК в любых комбинациях и повторях.

Нам эти четверки (а также тройки нуклеотидов, и другие типы повторов) в маркерах ДНК в дальнейшем не понадобятся, это описание мы даем только для того, чтобы показать, что за числами в гаплотипах стоят масштабные исследования, которыми занимаются в мире сотни и тысячи человек.

Гаплотипы ДНК выбирают так, чтобы в них таких маркеров было как можно больше (но все-таки чтобы оставаться в рамках практичности), и в ранних работах использовались 6-маркерные гаплотипы, затем 12-маркерные, 17- и 19-маркерные, затем 25- и 37-маркерные, а сейчас работа рутинно ведется с 67- и 111-маркерными гаплотипами (правда, в академических публикациях это обычно от 8 до 17 маркерных гаплотипов). В 67-маркерных гаплотипах одна мутация происходит в среднем за 8 поколений, в 111-мар-

керных – за 5 поколений. Поэтому у 111-маркерных гаплотипов разрешение лучше. Но их определять дороже, чем более короткие, поэтому в академических исследованиях, при постоянной нехватке денежных средств, приходится работать с более короткими гаплотипами. Длинные гаплотипы определяют в коммерческих компаниях, обычно персонально, каждый для себя, и передают, как правило, в общественные базы данных. Сейчас в общественных базах данных – сотни тысяч гаплотипов, и базы прирастают многими гаплотипами ежедневно¹⁶.

Как мы покажем ниже, эти гаплотипы, а именно числа в них, напрямую связаны с хронологией древних миграций людей, переходами людей на новые места, событиями прошлого – войнами, климатическими катаклизмами, эпидемиями, в общем, со всем тем, что так или иначе влияло на численность популяций человека в определенные времена и на определенных территориях. Например, расчеты могут показать когда древние арии появились на Русской равнине, когда они появились в Индии, Иране, на Ближнем Востоке – потому что эти события приводили к появлению на этих территориях и в те времена общих предков популяций, которые разрастались вплоть до нашего времени, образуя «кусты» гаплотипов со всеми мутациями в них, то есть изменениями чисел в маркерах. Например, один из активных исследователей в

¹⁶ <http://r1a.org/irakaz-v03.xls>, <http://r1a.org/>
A Free Public Service from Family Tree DNA. URL: <http://www.ysearch.org/>, <http://www.smgf.org/pages/ydatabase.jsp>/
Family Tree DNA. URL: <http://www.familytreedna.com/public/R1aY-Haplogroup/default.aspx?section=yresults>,
<http://www.familytreedna.com/public/R1a/default.aspx?section=yresults>
Klyosov A.A., Rozhanskii I.L. Re-Examining the «Out of Africa» Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids) in Light of DNA Genealogy (2012) // *Advances in Anthropology*. 2009., No.2. P. 80–86. URL: <http://dx.doi.org/10.4236/aa.2012.22009>

области ДНК-генеалогии, родом из Белоруссии, имеет такой 111-маркерный гаплотип

13 **25** 16 11 11 **14** 12 12 10 13 11 **29** **15** 9 10 11 11 **25** 14 20 **32** **12** 15 **15** 16
11 11 19 23 15 16 17 **19** **35** **42** **13** 11 11 **8** 17 17 8 **12** 10 8 10 10 12 22 22 15
10 12 12 13 8 **14** **22** 21 12 **12** 11 13 11 11 12 13 31 **14** 9 15 12 25 27 19 12
12 12 12 10 9 12 11 10 11 **11** 30 12 14 25 13 9 10 **19** 15 20 **11** **23** **16** 12 15
25 12 23 19 11 15 17 9 11 11

Его от гаплотипа выше отделяет 26 мутаций (отмечено), что для 111-маркерных гаплотипов не так много, и упрощенный расчет показывает, что эти два гаплотипа разделяют $26/0.198 = 131 \rightarrow 150$ условных поколений (по 25 лет каждое), или 3750 лет. Это означает, что их общий предок жил примерно $3750/2 = 1875$ л.н., то есть в начале нашей эры. Здесь 0.198 (мутаций на гаплотип за условное поколение) – это константа скорости мутаций для 111-маркерных гаплотипов, стрелка показывает табличную поправку на возвратные мутации. Это – упрощенный пример, потому что по двум гаплотипам расчеты обычно не ведут, ведут по десяткам и сотням гаплотипов, если таковые есть в наличии, рассчитывают математические погрешности в определяемых цифрах, и т.д. Здесь только иллюстрируется принцип расчета.

Столь относительно небольшое время до общего предка двух наших коллег нашло объяснение при более глубоком исследовании – оказалось, что они оба по предкам принадлежат одному славянскому племени, которое за неимением сведений о гаплотипах известных из истории древнерусских племен получило условное название «восточно-карпатское»¹⁷. Дело в том, что кроме гаплотипов наши ДНК несут практически необратимые метки, называемые «снипы» (см. выше,

¹⁷ *Rozhanskii I.L., Klyosov A.A. Haplogroup R1a, Its Subclades and Branches in Europe during the Last 9000 Years // Advances in Anthropology. 2012. V. 2. No. 3. P. 139–156.*

SNP), которые фактически помечают рода и племена. Так вот, у носителей тех двух 111-маркерных гаплотипов выше оказался не только один и тот же снип под индексом R1a-Z280, что означает принадлежность их обоих к роду R1a, причем его центрально-евразийской части (на что указывает снип Z280), но и сходство гаплотипов относит их обоих к восточно-карпатскому племени, или субкладу, в терминах ДНК-генеалогии. Вполне возможно, что этим племенем окажется одно из хорошо нам известных древнеславянских племен, но пока соответствующей «калибровки» не проведено. Мы пока не знаем, какие у тех древнеславянских племен были гаплотипы и субклады, но скоро непременно узнаем, при анализе ДНК их ископаемых костей.

Расчеты, приведенные выше, оказались возможными, потому что уже показано и доказано, что мутации в маркерах происходят в основном (или исключительно) неупорядоченно, и к ним оказалось возможным применять правила и подходы химической кинетики, или биологической кинетики, кому какой термин больше нравится – суть одна. Маркеры мутируют по законам кинетики первого порядка, других закономерностей пока не обнаружено. Это означает, что каждому маркеру свойственна определенная константа скорости мутации, и каждому гаплотипу (состоящему, как мы уже знаем, из набора маркеров) – тоже свойственна определенная средняя константа скорости мутации, равная сумме констант скоростей мутаций отдельных маркеров. Поэтому чем древнее общий предок популяции, тем больше мутаций накапливается в гаплотипах его потомков по сравнению с ним, тем больше поколений (и лет) отделяет современных потомков от их общего предка, и это число поколений (и лет) рассчитывается методами ДНК-генеалогии.

ДНК-генеалогия базируется на четких правилах, которых можно насчитать тринадцать.

Первое – к генетике ДНК-генеалогия прямого отношения не имеет. Хотя в определённой части ДНК-генеалогии рассматривают и гены, например, при рассмотрении всего генома человека, но это – специальная часть ДНК-генеалогии, и этого здесь не будет. ДНК (дезоксирибонуклеиновая кислота) – это не только гены. Гены вообще занимают только 1,9% последовательности ДНК. Остальные 98,1% – длинные участки, так называемые «никчёмные». Генов там нет¹⁸.

В ДНК есть протяжённые последовательности повторяющихся нуклеотидов, в которых, повторяем, генов нет, и эти последовательности детально копируются при передаче наследственной информации от отца к сыну. Мы специально пишем «от отца к сыну», потому что в в этой книге речь идёт только о «мужской» наследственной информации, передаваемой с мужской половой Y-хромосомой. У женщин её, этой хромосомы, нет.

«Никчёмными» эти негенные последовательности ДНК назвали по незнанию, и это название уже уходит в прошлое. По мере исследований, оказалось, что эти последовательности хранят массу информации и не только «генеалогического» характера. Более того, оказалось, что они, эти «никчёмные» участки, содержат сотни, если не тысячи крошечных генов РНК, кодирующих так называемые микро-РНК, длиной всего пару десятков нуклеотидов каждый, и которые регулируют синтез белков. Но это – предмет другого повествования. (Здесь читателя не должны запутывать слова «генов нет», но «крошечные гены РНК», потому что это не те «гены». Главное то, что

¹⁸ Клёсов А.А. Микросателлиты и гены Y-хромосомы // Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2012. Т. 5. № 7. С. 911–913.

методологии генетики и ДНК-генеалогии совершенно разные, а методологии по сути определяют науки).

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

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

Здесь – важное примечание. В антропологии принято считать, в соответствии с базовыми понятиями, парадигмой антропологии, что сотни тыс. л.н. людей не было. Были палеонтропы, архантропы, неандертальцы, эректусы, другие гоминиды. Однако наши предки были, как их ни называть. Они были и десятки, и сотни тыс. л.н., и миллионы л.н. От них, «приматов», мы и наследуем гаплотипы и гаплогруппы, пусть в значительной степени изменённые, мутированные, иногда потерявшие целые куски.

Таким образом, аргументы, что тогда-то давно не было предков современного человека, в принципе неверны. Они были, но просто или не обнаружены антропологами (что вполне возможно), хотя и проживали на рассматриваемой территории, или они оказались представлены минорной долей гоминидов и прочих «приматов», и при изучении последних просто не встречались, проскочили сито антропологов, весьма

крупноячеистое. Возможно также, что определение, используемое антропологами, слишком жёсткое и не отражает значительно более сложной истории происхождения человечества.

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

Отсюда второе положение – время от времени при копировании Y-хромосомы в копии проскакивают ошибки. Фермент под названием ДНК-полимераза (на самом деле вместе с целым набором молекулярных инструментов) или просто ошибается и делает некоторые участки ДНК короче или длиннее, удлиняя или сокращая повторы нуклеотидов, или «ремонтирует» повреждённые участки и в ходе «ремонта» удаляет повреждение (эта операция называется «делеция») или «вшивает» новый нуклеотид (называется «вставка», или «инсерт»). То, что удалось отремонтировать, в мутации не попадает, как будто мутации и не было. Что не удалось – передается сыну при рождении. Если родилась дочь, то Y-хромосома не передается. Если только дочери, или детей нет – Y-хромосома терминируется, вместе с мужской наследственной линией.

Мутации, которые интересуют ДНК-генеалогию, бывают двух типов – или изменение числа повторов, тандемов (STR), что описано выше, или «точечные», одно- или несколько-нуклеотидные (SNP).

Оказалось, что многие повторы нуклеотидов находятся у разных людей в одних и тех же участках Y-хромосомы. Эти участки уже специалистами пронумерованы, классифицированы, сведены в списки. Они получили название «маркеры». Набор маркеров, точнее, повторов в них, называется «гапло-

тип». Уже известных маркеров – более тысячи. Они, как правило, одни и те же у всех людей на Земле и отличаются друг от друга только числом повторов, что вызвано теми самыми ошибками ферментов при копировании из поколения в поколение. Внимательное рассмотрение маркеров и гаплотипов позволило сделать вывод, что все люди на Земле произошли от одного общего предка. Но здесь понятие «одного предка» можно рассматривать на разных уровнях сложности. Например, древнейшая африканская линия (гаплогруппа A00) имеет общего предка с гаплогруппой R1a (преобладающей гаплогруппы Восточной Европы, в частности, у этнических русских) примерно 210 тыс. л.н., то есть оттуда, из такой глубины тысячелетий расходятся гаплотипы современных носителей гаплогрупп A00 и R1a:

13 11 12 10 11 16 10 8 14 14 8 8 8 9 12 11 12 8 12 12 11 11 (A00)

12 12 11 11 11 11 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a)

Здесь приведены 22 очень «медленных» маркера Y-хромосомы, каждый из которых мутирует раз во многие тысячелетия. Можно подсчитать, что эти гаплотипы разошлись на 26 мутаций, и расчеты, основанные на скорости мутации каждого маркера, показывают, что эти 26 мутаций соответствуют времени жизни их общего предка 210 тыс. л.н. Но даже беглый взгляд на эти гаплотипы показывает, что ДНК древнейших африканцев и этнических русских, носителей гаплогруппы R1a, не так уж намного различаются. Потому что и они, и мы – *Homo sapiens*, человек разумный. 210 тысяч лет для гаплотипов – срок не такой большой.

Хорошо, а если вместо типичного гаплотипа R1a подставить гаплотип R1b, преобладающей гаплогруппы Западной Европы? Мутации здесь настолько

медленные, что в таком формате представления гаплотипа он будет практически одинаков по всей Западной Европе:

11 12 13 11 11 12 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (**R1b**)

Мы видим, что при таком разрешении большая часть аллелей (это – числа в гаплотипах) у R1a и R1b одинаковы (совпадают 16 аллелей из 22). Между A00 и R1b – 24 мутации, что снижает возраст общего предка на семь тысяч лет, то есть на 3%. Это – в пределах погрешности расчетов. Только не стоит строить пропорции, там счет нелинейный.

Можно ли считать, что общий предок человечества жил 200–210 тыс. л.н.? Вряд ли, поскольку гаплогруппа A00 была обнаружена всего два года назад, и до этого считали, что общий предок человечества жил 140 тыс. л.н. Если завтра исследователи найдут новую гаплогруппу, то срок начала человечества опять отодвинется. И он несомненно будет отодвигаться дальше, по мере увеличения наших знаний. Уже появилась еще одна реперная точка – это общий предок шимпанзе и человека. У современного шимпанзе из полной хромосомной последовательности удалось определить 16 маркеров Y-хромосомы¹⁹. Они показаны рядом со значениями аллелей в тех же маркерах предковой Y-хромосомы человека:

8 15 10 4 5 9 10 5 10 4 4 7 4 4 8 9 (**шимпанзе**)

11 12 11 11 10 8 10 8 12 10 12 12 12 11 11 11 (**человек**)

¹⁹ Klyosov A. A., Rozhanskii I.L., Ryabchenko L.E. Re-Examining the Out-of-Africa Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, Haplogroups and Haplotypes in the Y Chromosome of Chimpanzee and Humans // *Advances in Anthropology*. 2012. Vol. 2, No.4. P. 198–213.

Это оказались еще более медленные маркеры, и 64 мутации (!) между ними помещают общего предка шимпанзе и человека на глубину времен в 5.5 миллионов л.н. В целом это же дают и антропологические оценки. Что важно – никаких «инопланетян» в создании современного человека не было, вместо этого имеется непрерывный эволюционный путь от общего предка шимпанзе и человека миллионы л.н. к нам, современным людям.

Итак, положение третье: все люди – родственники, они все происходят в целом от одного предка, хотя его идентификация зависит от определений, кого им считать. Этот предок оказался древнее, чем предполагалось раньше, но он был. Еще недавно считалось, что он жил примерно 70 тыс. л.н., потом 120 тысяч, потом 140 тысяч, сейчас он уже уходит глубже 200 тыс. л.н., постепенно приближаясь к общему предку с неандертальцем 300–500 тыс. л.н., и, возможно, уйдет еще далее к приматам, миллионы л.н. Как мы видим, гаплотипы хоть и отдаленно, но в принципе похожи на те, что есть у всех нас. У шимпанзе и у нас – одни и те же маркеры, то есть повторяющиеся последовательности Y-хромосомы. Следовательно, общий предок был один и тот же, только очень древний.

Положение четвертое – гаплотипы изображают в виде числа тандемов, или повторов, по каждому маркеру, выбранному из десятков и сотен. В англоязычной литературе, как уже говорилось, их называют STR, или Short Tandem Repeats. Самый простой и короткий гаплотип из тех, которые рассматривает ДНК-генеалогия, состоит из пяти или шести маркеров. Например, у носителей гаплогруппы G2a, которая на западном и центральном Кавказе основная по численности и составляет около половины мужского населения, базовый (или предковый) 6-маркерный гаплотип, в той записи, которую обычно приводят в научных публикациях, особенно в устаревших, такой:

15-12-22-10-10-14,

у носителей гаплогруппы R1a-Z280, типичной для современных этнических русских,

16-12-25-11-11-13,

у носителей R1a-L342.2, наиболее полно соответствующих степным ариям III тыс. до н.э.,

16-12-25-11-11-13,

у скифов из раскопок в Минусинской котловине, с датировками 3800-3400 л.н.,

16-12-25-11-11-13,

в высших кастах Индии (R1a-L342.2-L657)

16-12-25-11-11-13,

у западных славян гаплогруппы R1a-M458, которая образовалась на территории Белоруссии-Украины примерно 4200 л.н., уже после ухода ариев с Русской ранины в Месопотамию (митаннийские арии), на Иранское плато (авестийские арии), на Южный Урал и затем в Индостан (индоарии),

17-12-25-10-11-13.

Потомки древних носителей гаплогруппы R1a-M458 сейчас живут в основном в Белоруссии, Польше, на Украине, продвинулись в Центральную Европу; возможно, это они были первыми кельтами в Центральной Европе (в частности, в Австрии, образуя ядро галыштаттской археологической культуры).

Мы видим, что даже короткие, 6-маркерные гаплотипы являются вполне информативными, и позволяют сразу распознать представителей арийских народов и их потомков – скифов, восточных славян, состав высших каст в Индии (гаплогруппы R1a, которая там доминирует). Более протяженные гаплотипы, вплоть до 67- и 111-маркерных, позволяют уточнить картину, выявить более недавние ДНК-генеалогические линии, определить их датировку. Но суть от этого принципиально не меняется.

Как уже пояснялось выше, эти гаплотипы показывают число повторов нуклеотидных участков в маркерах, которые обозначают соответствующими индексами 19, 388, 390, 391, 392 и 393. Например, у большинства этнических русских гаплогруппы R1a в первом маркере (номер 19) было найдено 16 повторов определённой последовательности нуклеотидов. Во втором – 12 повторов уже другой последовательности и так далее. При передаче этого гаплотипа от отца сыну с вероятностью примерно одна сотая, или один процент (то есть в среднем у одного на сто рождений) может произойти мутация, например, такая:

16-12-**24**-11-11-13.

А может произойти и такая –

16-12-25-**10**-11-13,

или любая другая, только одни мутации в одних маркерах происходят чаще, в других – реже. А в среднем мутация в таких 6-маркерных гаплотипах происходит, как было найдено, в среднем раз на сто рождений мальчиков. Если перевести во времена, то константа скорости мутации в 6-маркерных гаплотипах равна 0.0088 мутаций на весь гаплотип за 25 лет.

Отсюда следует положение пятое – по числу мутаций в гаплотипах можно определять возраст гаплотипа, то есть время, прошедшее от общего предка этого гаплотипа до его сегодняшних потомков. Поскольку сыновья сохраняют гаплотип отца, переданный по наследству, и мутации в этом гаплотипе проскакивают в среднем только раз примерно в 3100 лет (6-маркерный гаплотип) или раз в 1300 лет (12-маркерный гаплотип), или раз в 125 лет (111-маркерный гаплотип), то даже через 5000 лет у потомков сохранится 23% исходного 6-маркерного гаплотипа, без изменений. То есть в списке из 100 гаплотипов потомков – 23 гаплотипа будут такими же, какой был у предка 5000 л.н. Это если рассматривать 6-маркерные гаплотипы. При рассмотрении 12-маркерных гаплотипов те же 23% гаплотипов предка сохранятся через 88 поколений, или 2200 лет.

Таким образом, определить гаплотип предка можно и через тысячелетия. И по его виду можно узнать, из каких краёв предок пришёл, сравнив вид гаплотипа с гаплотипами по территориям, и с доступными ископаемыми гаплотипами.

Положение шестое – гаплотипы не указывают на этносы, это совершенно разные понятия. Гаплотипы указывают на древние рода, племена, которые намного старше этносов. С тех древних времен гаплотипы давно разошлись по разным территориям, на которых потом, через тысячелетия сформировались этносы. Например, продолжая аналогию с кавказцами, 6-маркерный предковый гаплотип племени G2a1a1, основной на западе и в центре (например, у грузин), с немногими мутациями, набравшими за тысячелетия

есть и у осетин (дигорцев и иронцев), и у шапсугов, и у черкесов (адыгов), и у абхазов, с некоторыми вариациями, потому что общий предок в каждом этносе жил в разное время. К одним этот род пришел недавно и бурно размножился, как у осетин, у других был со стародавних времен, у третьих род почти уничтожили враги, представителей осталось мало, и пропорции родов в этносе качнулись в другую сторону. Но все они, потомки гаплогруппы G и племена G2a1a1, братья, один и тот же род, все от одного и того же предка-патриарха, хотя доля этого рода у всех сейчас разная. Если у грузин его 32% (еще 10% — племена G2a3b1), то у осетин-дигорцев 55%, у осетин-иронцев 72%, у абхазов 27%, у черкесов 14%, у шапсугов всего 1%.

Исходя из вышесказанного понятно, что просто доля в процентах сама по себе означает не очень много, это просто структура современной популяции, то, чем занимаются популяционные генетики. У осетин этого рода (G2a1a1) больше, чем у грузин, но он моложе, то есть пришел в Осетию позже. У осетин три ветви этого рода, возрастом 1675 ± 380 лет, 1375 ± 210 лет и 450 ± 175 лет — наша эра или даже Средние века. У грузин эти ветви уходят в прошлую эру, с общим предком более трех тыс. л.н. А вообще на северо-западном и центральном Кавказе общий предок рода G2a1a1 жил 4875 ± 500 л.н., а родительского рода G2a — 11500 л.н. Мы приводим здесь примеры кавказцев, потому что в горах расхождение родов прослеживается более четко, они больше изолированы друг от друга. В России, Украине, Белоруссии этих различий почти нет, популяции значительно перемешались, и наиболее выделяемы — это описанные выше центрально-евразийская ветвь R1a-Z280 (с подветвями) и западнославянская (и братская ей центрально-европейская ветвь) R1a-M458.

Поскольку у каждого племени и в каждом этносе, в каждом регионе можно определять возраст племени и вообще популяции в целом, то можно определять, когда и в каком направлении шли древние миграции.

Положение седьмое – все расчеты производятся с погрешностями. Точные цифры получены быть не могут в принципе. Дело в том, что мутации неупорядоченные, поэтому мы имеем дело со статистикой²⁰. Чем больше выборка, тем точнее расчеты. Чем длиннее гаплотипы – тем точнее расчеты. Погрешность зависит от числа гаплотипов в выборке, от протяженности гаплотипов, от того, насколько точно определена и выверена, откалибрована константа скорости мутации, от того, насколько древний общий предок. Особенно неточно сравнивать мутации в парах гаплотипов людей. На двух гаплотипах мутация-другая могла добавиться буквально в предыдущем или нынешнем поколении. Это может сразу привести к прибавлению-отнятию тысячи лет «в одном поколении». А в большой выборке разница относительно нивелируется статистикой. Есть выборки в тысячи гаплотипов – там расчеты, конечно, точнее.

В ДНК-генеалогии часто важна не абсолютная точность, а концептуальный вывод. Например, если некто утверждает, что носители гаплогруппы R1b (которые сейчас составляют примерно 60% мужского населения Западной и Центральной Европы), жили там, в Европе, еще 30 тыс. л.н. (а такими утверждениями, без расчетов, была заполнена академическая литература по данным вопросам до недавнего времени), а расчеты показали 4800 л.н., то здесь дело не в точности, а в принципиальном выводе. То же самое по ДНК-генеалогии Кавказа – если данные показывают, что Кавказ заселялся носителями гаплогруппы J2 из Месопотамии примерно 7–6 тыс. л.н., причем заселялся разными племенами и по разным террито-

²⁰ Klyosov A.A. DNA Genealogy... P. 186–216.

риям, и уже известно каким именно, и в какое время, то это дает важные данные историкам и археологам, которые продолжают горячо спорить по данным вопросам. То же самое по ДНК-генеалогии Прибалтики – данные показывают, что Прибалтика со стороны Финляндии и со стороны Южной Балтики заселялась всего 2000–2500 л.н. (со стороны Южной Балтики примерно на 500 лет раньше), но сами мигранты, которые на исходе миграции разделились на две большие ветви – северная и южная – имеют общего предка примерно 3575 л.н., который, видимо, жил на Урале (см. главу 6 этой книги).

К этому ведёт положение восьмое – гаплотипы в немалой степени (но не всегда) связаны с определёнными территориями.

Но как такое может быть? А вот как. В древности большинство людей передвигались племенами, родами. Род, по определению, это группа людей, связанных родством. То есть гаплотипы у них одинаковые или близкие. Помните – одна мутация в среднем происходит за тысячелетия? Проходили тысячелетия, численность родов порой сокращалась до минимума («бутылочное горлышко» популяции), и если выживший имел некоторую мутацию в гаплотипе, то его потомки уже «стартовали» с этой новой мутацией, копируя ее поколениями в своих ДНК, а мужчины – в своей Y-хромосоме. В популяционной генетике это называется «эффект основателя», что, в общем, особой дополнительной смысловой нагрузки не несет, а является калькой с английского термина, которая по-русски звучит несколько странно. Некоторые люди покидали род по своей или чужой воле – плен, бегство, путешествия, военные походы, и выжившие начинали новый род на новом месте. В итоге карта мира с точки зрения ДНК-генеалогии получилась пятнистой, и каждое пятно порой имеет свой превалиру-

ющий гаплотип – гаплотип рода. Часто он и есть гаплотип предка, начавшего род на данной территории.

Но есть ещё один тип мутации – точечные мутации, снипы (калька с английского SNP, что в примерном переводе и означает «единичная нуклеотидная мутация», или «единичная нуклеотидная вариация»). Они – практически вечные. Раз появившись, они уже не исчезают. Теоретически, в том же нуклеотиде может произойти другая мутация, изменив первую. Но нуклеотидов – миллионы, и вероятность такого события крайне мала. Всего в хромосомах имеются многие миллионы снипов, из которых в ДНК-генеалогии применяются около 10 тыс., и каждый снип соответствует гаплогруппе, то есть роду, или субкладу, то есть племени, хотя эти дефиниции применяют весьма вольно, как пояснено выше. Двадцати наиболее крупным гаплогруппам, каждая из которых охватывает сотни миллионов людей, присвоили буквенные обозначения от А до Т, примерно в хронологическом порядке появления соответствующего рода на планете. Или, по крайней мере, в том порядке, как учёные полагают эти рода появились. Хотя ревизий на этот счёт предстоит ещё много. Только что прошла очередная – в список добавили две гаплогруппы, А00 и А0²¹, которые недавно обнаружили в Африке, и которые стоят совершенно особняком даже к другим африканцам, не говоря о европейцах или азиатах.

Итак, положение девятое – людей можно классифицировать по древним родам не только (и не столько) по виду гаплотипов, но и по наличию определённых снипов. Например, носители гаплогрупп А и В сейчас в основном живут в Африке (но где эти гаплогруппы появились, пока непонятно, похоже, что не в Африке); гаплогруппа С встречается особенно часто среди

²¹ International Society of Genetic Genealogy. URL: http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpA.html

монголоидов и жителей Австралии и Океании, хотя жители Австралии и Океании уже далеко не монголоиды, подгруппы (субклады) далеко отклонились друг от друга в ходе развития или эволюции); гаплогруппу G находят в древней Европе (в основном ископаемые гаплотипы), на Кавказе, в Передней Азии; гаплогруппа J – исходно Ближний Восток и оттуда перешла Кавказ не позднее 6-7 тыс. л.н.; представителей гаплогруппы J1 довольно много на Кавказе, а также среди арабов и евреев на Ближнем Востоке, гаплогруппы J2 много на Кавказе, в Месопотамии и среди жителей Средиземноморья; гаплогруппа L появилась, похоже, в Передней Азии, и разошлась в разные стороны – ее подгруппа (субклад) L1 – в Индии, L1b – в Грузии и Греции, L1c – на восточном Кавказе. Гаплогруппу N имеют многие жители Китая, Сибири, севера России, Прибалтики и части Скандинавии, куда и прибыли носители гаплогруппы N с востока – Урала и до того Южной Сибири тысячелетия назад).

Гаплогруппа I – возможно, имеет историю на Русской равнине продолжительностью не менее 40-45 тысяч лет, и после почти полного вымирания или истребления примерно 4500 л.н. сейчас, почти исключительно, находится в Европе, где возродилась относительно недавно, 3600–2300 л.н. (для I1 и I2, соответственно); гаплогруппы R1a и R1b появились в Южной Сибири после долгой миграции их предков, носителей гаплогруппы K, из которой образовалась гаплогруппа P и затем Q и R, возможно, из Европы или с Русской равнины на восток, далеко за Урал. Оттуда гаплогруппы R1a и R1b пришли в Европу, причем разными миграционными путями. R1a стала основной гаплогруппой Восточной Европы, R1b – западной и центральной Европы.

Данное положение сводится к тому, что у каждого мужчины есть снип из определённого набора, по которому можно отнести носителя к определённому

древнему роду. Времена появления снийпов, обычно применяемых в ДНК-генеалогии, относятся к диапазону от 25-40 тысяч лет для «старых» снийпов до 10-15 тысяч лет для «молодых», но сейчас уже выявляют снийпы, образовавшиеся всего 1000-1500 л.н. Например, четверть всего ирландского мужского населения имеют снийп (R1b-M222), который образовался около 2000 л.н., в начале нашей эры В континентальной Европе его практически нет.

Положение десятое – гаплогруппы не просто соответствуют определённым родам, но образуют определённую последовательность, лестницу гаплогрупп²², показывающих их иерархию – последовательный, ступенчатый переход от точки ухода в сторону африканских популяций от неафриканских (примерно 160 тыс. л.н.) до самой недавней гаплогруппы R, образовавшейся примерно 30–40 тыс. л.н. Эта лестница называется филогенетическим деревом гаплогрупп и их снийпов. Все гаплогруппы и субклады на дереве должны включать снийпы «вышестоящих» гаплогрупп и субкладов. То есть принцип «лесенки» должен выполняться. Преемственность узловых родов человечества должна соблюдаться.

Всё это делает филогенетическое дерево гаплогрупп достаточно прочной и обоснованной структурой. У него есть, впрочем, слабое место – его филогения не показывает, на каком континенте зародилось человечество, откуда пошли гаплогруппы, начиная с первых, на общем стволе, идущим от нашего общего предка с современным шимпанзе. Говоря языком филогении, дерево гаплогрупп не «укоренено». Укоренение дерева – результат интерпретаций наблюдений и доступных экспериментальных данных.

Положение одиннадцатое – в ДНК-генеалогии обычно оперируют поколениями. Поколение в кон-

²² International Society of Genetic Genealogy. URL: http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html