

KLIN ID00044

Гаплогруппа/снипы: G1-M458

Гаплотип: 13 23 13 11 13-17 13 14 12 29 15 16 22 8 16 18 19 10 23 12 10 20 11

Регион: Казахстан, Средний жуз, племя Аргын.

Возможно, Вас это разочарует, но представленные здесь данные ДНК не позволяют подтвердить или опровергнуть предположения, к какому из родов племени Аргын принадлежали Ваши предки. На то существует несколько объективных причин. Первая – это недостаток информации по родословным участников казахского ДНК проекта, принадлежащих к ветви G1-L1323. Всего несколько человек из 41 предоставили такие сведения, что явно недостаточно. Впрочем, если их можно найти, например, в социальных сетях, то этот недостаток поправим.

Вторая, более существенная причина – это недостаточное количество маркеров в гаплотипе, что не позволяет оценить, с какой из имеющихся линий G1-L1323 он группируется. В качестве иллюстрации можно привести дерево 111-маркерных гаплотипов этой ветви, к которому был добавлен Ваш 23-маркерный гаплотип (рис. 1).

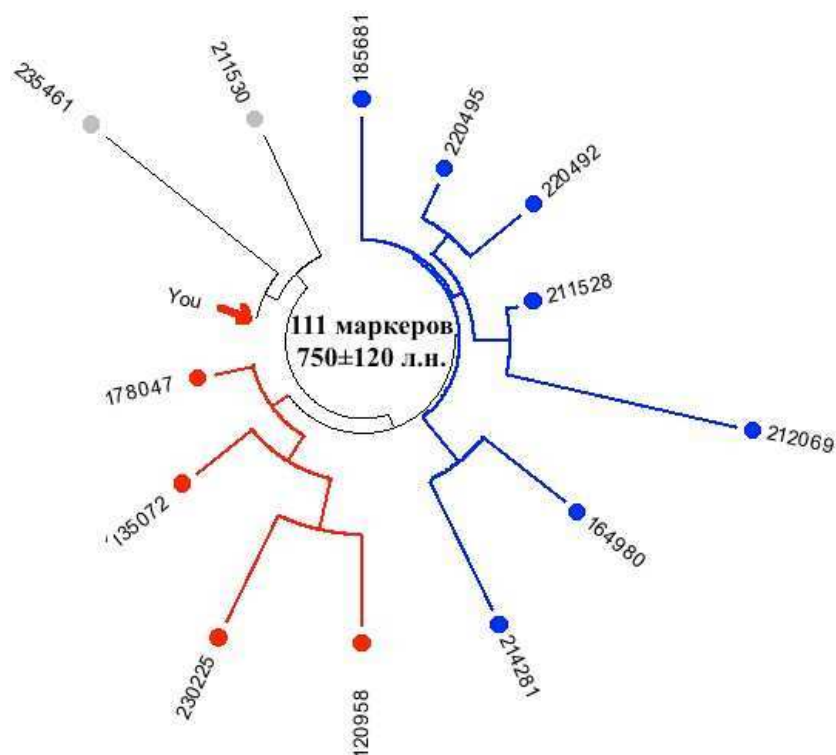
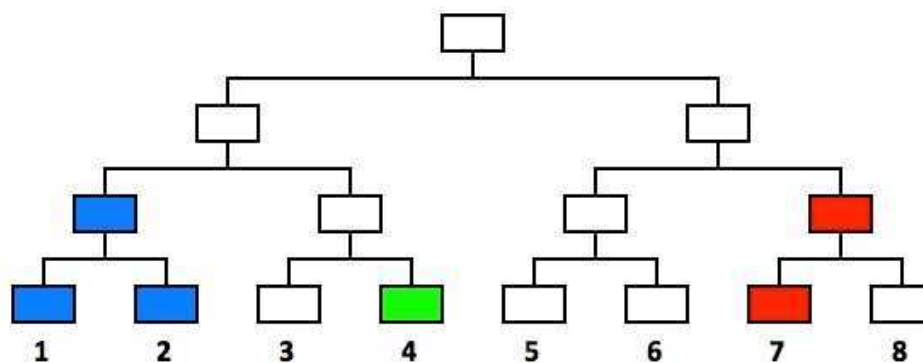


Рисунок 1. Дерево 111-маркерных гаплотипов казахов из ветви G1-L1323. Гаплотипы помечены идентификационными номерами в базе данных FTDNA.

При расчете мутационных дистанций в общем фрагменте из 23-х маркеров алгоритм поместил Вас в начало всей ветви, посчитав равноудаленным от всех остальных участников. Эта проблема может быть решена с помощью более глубоких тестов, как 111 маркеров и/или исчерпывающий анализ снипов в пакетах BigY или YFull, но такое далеко не каждому по карману.

Однако даже если эти тесты будут сделаны, в действие вступает третья причина – особенности структуры ветви G1-L1323. Набор гаплотипов с казахского ДНК проекта представляет собой очень однородное облако точек, в котором каждый участник располагается примерно на одной и той же дистанции от большинства остальных, и нет каких-либо надежных критериев, кто к кому в какой степени родства находится. Ветви, которые выделяет тот или иной алгоритм, нестабильны, и легко меняют свой состав от одного расчета к другому. Показательный пример – деревья в 37- и 67-маркерных форматах, в которых ветви, что (формально) выделены цветом на 111-маркерной дереве, расходятся равномерно по всему дереву (рис. 2 и 3). Это общая черта в Y-ДНК всех родов, которые показывают стабильный рост от времени жизни своего предка, без значительных разрывов.

Отчего это происходит, можно проиллюстрировать на примере гипотетической семьи из четырех поколений, в которой были найдены 3 мутации, помеченные на генеалогическом древе синим, зеленым и красным цветами:



Родные братья №№ 1 и 2 унаследовали «синюю» мутацию от своего отца, что отделяет их как от предкового гаплотипа, так и от других родственников. Это самый простой случай. Однако с братьями №№ 3 и 4 возникает другой вариант. Потомок № 3 сохранил предковый гаплотип неизменным, но у его родного брата произошла «зеленая» мутация, что привело к внешне парадоксальной ситуации – его троюродные братья №№ 5 и 6 по своей ДНК оказываются к нему ближе, чем родной брат. Наиболее сложный случай представляет гаплотип потомка № 8, у которого произошла т.н. возвратная мутация, и гаплотип снова совпал с предковым. Следовательно, анализ его ДНК выдаст ложную информацию, что ближайшими родственниками ему оказываются не отец и родной брат, а двоюродные и троюродные братья. Если каждая из линий будет продолжаться дальше, то путаница станет нарастать, что в итоге приведет к невозможности реконструировать реальную генеалогию рода по данным ДНК.

Однако если впоследствии по мужской линии пресекутся все рода, кроме, например, «зеленого» и «красного», то, в принципе, появляется возможность различить каждую из оставшихся линий, поскольку они будут менее перепутаны. По результатам дальнейшего анализа затем можно будет реконструировать их предковый «белый» гаплотип и оценить, когда жил общий предок. Чем более протяженными являются гаплотипы и чем больше сипов известно, тем больше вероятность, что из прежде бесформенного массива данных удастся выделить рода, восходящие к тому или иному конкретному человеку. Так, удалось разделить на большое количество дочерних подветвей широко распространенные в Западной Европе гаплогруппы R1b-M51 и I1-M253, что долгое время представляли из

себя подобные, плохо различимые наборы гаплотипов. Эта работа была проделана в основном для линий, имеющих «возраст» от 2000 до 4000 лет.

Для столь молодой линии, как казахская G1-L1323, такая задача пока не имеет однозначного решения - слишком мало времени прошло с того момента, как потомки основателя племени Аргын начали быстро наращивать свою численность. Однако имеющиеся данные позволяют с хорошей точностью установить, когда жил предок. Это было в начале XIII века (± 100 лет), когда монгольское нашествие радикальным образом изменило этнический состав Великой Степи.

Если исходить из списка казахов с национального ДНК проекта, то значительная часть современных родов из всех жузов восходит к предкам, жившим примерно в то же время или несколько раньше. Они обведены в рамку на диаграмме (рис. 4).

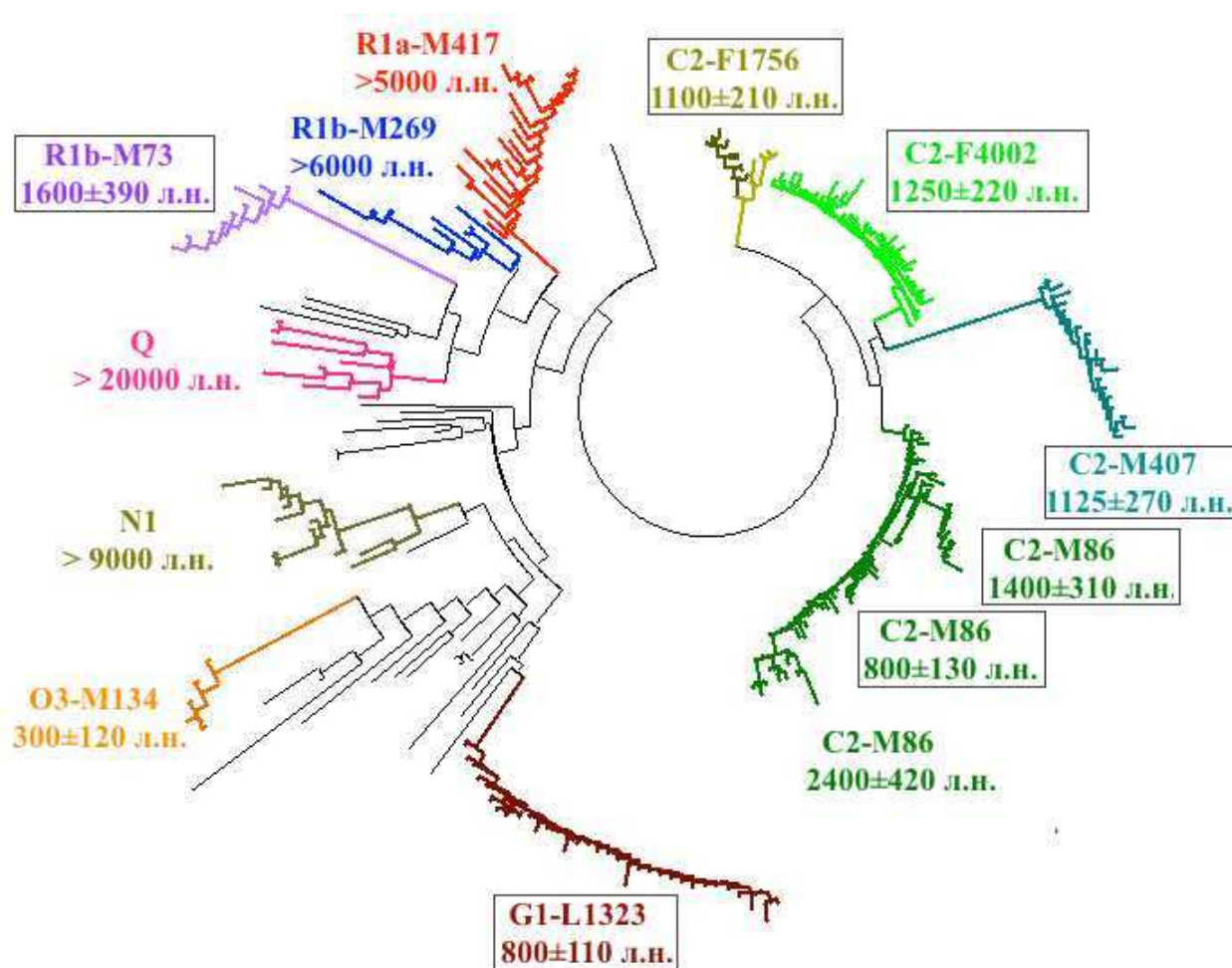


Рисунок 4. Дерево 37-маркерных гаплотипов участников казахского ДНК проекта.

Основная часть этих линий принадлежит к гаплогруппе C2, что является специфической для Восточной Азии. Их появление на территории Казахстана совпадает со временами тюркской, а затем монгольской экспансии, что привели к вытеснению прежних, более старых генеалогических линий местного населения. Они собраны в левой части диаграммы, причем носители гаплогрупп Q1a, R1a и R1b были обнаружены в этом регионе при анализе ископаемой ДНК из курганов бронзового и раннего железного веков.

Однако Ваша ветвь G1-L1323 не относится ни к недавно пришедшим восточноазиатским, ни к древним евразийским линиям, описанным выше, и ее происхождение следует искать где-то еще. В существующих базах данных предковая гаплогруппа G1 относится к одним из самых редких. Помимо Казахстана, ее представителей можно найти в Передней Азии, гораздо реже – на Ближнем Востоке, но все они очень далеки от G1-L1323. Возможно, родственные аргынам линии еще не нашли, если их носители живут в регионах, слабо охваченных тестированием ДНК. Например, в Средней Азии, которую можно считать наиболее вероятной родиной предка Вашего племени. В пользу такой гипотезы можно привести другие линии с очевидными среднеазиатскими или иранскими корнями, что также встречаются у казахов, в том числе из Среднего жуза. Это J2a, Q1b-M378, R1a-L657 (племя Бабасан), R2 и, возможно, R1b-M73. Дальнейшие исследования должны будут дать ключ к разгадке.