

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

**Proceedings of the Academy
of DNA Genealogy
Boston-Moscow-Tsukuba**

**Volume 5, No. 1
January 2012**

**Академия ДНК-генеалогии
Boston-Moscow-Tsukuba**

ISSN 1942-7484

Вестник Академии ДНК-генеалогии.

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии.
Издательство Lulu inc., 2012.

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
Академия ДНК-генеалогии

Оформление издания
Anatole A. Klyosov
Павел Шварев

© Авторские права на статьи принадлежат Академии ДНК-генеалогии, 2012. При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2012

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление	2347
Осторожно: популяционные генетики. А.А. Клёсов.....	2348
1. Анализ литовской популяции (Kasperavičiūtė et al, 2004).....	2356
2. Смешное попгенетическое «определение» и «интерпретация» времен разделения христианства и мусульманства в Ливане (подсказка – якобы за полторы тысячи лет до христианства и за две тысячи лет до мусульманства) (Haber et al, 2010)	2371
3. «Этническая история русских» полученная из «разнообразия мтДНК» (Mogozova et al, 2011)	2374
4. Сибирские и америндские гаплотипы гаплогрупп R1b и Q1a (Malyarchuk et al, 2011)	2385
5. «Неолит в зеркале генетики» (Balanovsky, O.P, 2009)	2390
6. Генетическая генеалогия: история и методология (Е.Я. Тетушкин, 2011)	2392
Любопытный поворот истории про гаплотип фараона Тутанхамона и его происхождение (Продолжение, начало в Вестнике 2011, ноябрь, т. 4, №11) А.А. Клёсов.....	2431
ДНК-генеалогия, археология и лингвистика: трудности коммуникации (Часть 1) А.А. Клёсов	2437
ДНК-генеалогия, археология и лингвистика: трудности коммуникации (Часть 2) А.А. Клёсов	2456
Letters from the Readers: PERSONAL CASES Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии Part 35, letters 116-119.	2473

Осторожно: популяционные генетики

А. Клёсов

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

Предисловие

Предваряя статью таким названием, автор вовсе не имеет в виду, что все работы в области популяционной генетики ошибочные и совершенно бездарные. Нет, если они выполнены правильно, и вопросы поставлены правильные, и методология правильная, и альтернативные варианты ответов рассмотрены и последовательно и обосновано отведены, то с ними, этими работами, и их авторами все в порядке.

Беда в том, что такие работы мне лично пока не попадались, если они относились к рассмотрению древних миграций человека, истории популяций, датировок древних (или не очень древних) популяций, и даже корректных характеристик популяций, хотя уж последнее-то популяционные генетики должны уметь делать.

Видимо, либо статьи с корректным анализом популяционных генетиков мне как-то не попадались, хотя я их читаю десятками, либо у меня другие представления о понятии «корректный анализ». И дело не во мне лично, поскольку мои коллеги с подобным естественно-научным образованием, как и у меня, пришли к тому же мнению относительно современного круга популяционных генетиков. Что-то системное с ними, современными популяционными генетиками, с уровнем их мышления, их школой, их ценностями в науке.

На днях коллега по международному форуму RootsWeb в полусутоливой (но и в полусерьезной) форме предложил мне не нарушать традиций популяционной генетики (в том, что они называют «генетической генеалогией») и не требовать от популяционных генетиков доказательств выдвигаемых ими положений (в том случае это касалось Чингиз-хана, которому совершенно бездоказательно приписывают гаплотип, который якобы в больших количествах распространен по Евразии). Он сформулировал это в следующем виде:

The tradition requires to accept claims without evidence. Without this tradition the field of Genetic Genealogy couldn't exist. It's when you have evidence, then you have a problem. Evidence makes it is virtually impossible for

a proposal to even get considered. So Genghis Khan, it is. Period. "Everyone knows that". There is no evidence around to complicate things.

В переводе это звучит примерно так:

«Традиция (популяционной генетики) требует принимать положения без каких-либо доказательств. Без этой традиции область генетической генеалогии не может существовать. Напротив, когда у вас есть доказательства, вы создаете себе проблемы. Доказательства делают ваши положения практически невозможными для рассмотрения (попгенетиками). Так что (это гаплотип) Чингиз-хана. Точка. «Любой это знает». То, что к этому нет доказательств, делает ситуацию значительно проще и понятней».

Шутки шутками, но устойчивая неспособность (или нежелание, или отсутствие добротной академической школы) к рассмотрению альтернативных вариантов гипотез является яркой отличительной особенностью современной популяционной генетики (точнее, современных популяционных генетиков) как в России, так и в других странах. Поражает примитивность «академических» статей попгенетиков, выхватывание одного какого-то фактора из совокупности многих, подгонка выводов под устоявшиеся положения, страх к свежим выводам и новым концепциям. Гаплотипы, при всем богатстве информации, в них заключенной, даже не рассматриваются. Поразительно, но во всей объемной книге Балановских «Русский генофонд на Русской равнине» (2007 г., 416 стр) не рассмотрено ни одного (!) гаплотипа. Это – современная популяционная генетика. И это при том, что к году выхода книги гаплотипы уже всюду изучались и публиковались по меньшей мере десятком лет. Иначе говоря, авторы шли на публикацию заведомо устаревшей книги.

Устойчивая настороженность к подходам и выводам современной популяционной генетики у автора настоящей статьи появилась с самого начала возникновения их «теорий». Оказалось, что их «теории» и «выводы» очень часто основаны практически ни на чем. На чем, например, был основан вывод, за который попгенетики держались много лет – что носители гаплогруппы R1b якобы жили в Европе 30 тысяч лет назад? Я скажу, на чем – на том, что люди в Европе действительно жили в те времена. И они были просто «с потолка» отнесены к гаплогруппе R1b. Почему, на каком основании? Да на том, что они СЕЙЧАС там живут. А поскольку попгенетики обожают «теорию палеолитической непрерывности» без ее критического осмысления, то из нее следует вывод, характерный для уровня мышления попгенетиков – раз живут сейчас, значит, жили раньше, и 30 тысяч лет назад. Непрерывность же, не так ли?

Кроме этого примитивного положения, НИ ЕДИНОВОГО основания к этим пресловутым 30 тысячам тысяч лет для гаплогруппы R1b в Европе выдвинуто не было – в том числе «отцами-основателями» - Хаммером, Семино (мать-основатель), Уэллсом и другими. Вот, например, цитата из книги Уэллса (Spencer Wells, "Deep Ancestry", 2006): *"Around 30,000 years ago, a descendant of the clan making its way into Europe gave rise to marker M343, the defining marker of haplogroup R1b. These travelers are direct descendants of the people who dominated the human expansion into Europe, the Cro-Magnon"*. То есть, что 30 тысяч лет назад образовалась гаплогруппа R1b, прямой потомок европейских кроманьонов. На основании чего получена датировка 30 тысяч лет назад для гаплогруппы R1b в Европе, и что якобы она была потомком кроманьонского человека? Анализировались гаплотипы носителей гаплогруппы R1b в Европе? Считались и рассчитывались мутации в гаплотипах? Проводились соответствующий экстраполяции? Нашли ископаемые гаплотипы R1b в Европе? Ничего этого и близко не было. Это - беспардонная ложь, если говорить напрямую. Цифра просто была придумана, и вошла в справочники. Придумано и про потомков кроманьонцев. Это – популяционная генетика, ее методология. На самом деле расчеты по гаплотипам гаплогруппы R1b в Европе показывают, что гаплогруппа появилась в Европе примерно от 4800 до 4500 лет назад, видимо, прибыв по нескольким направлениям, все исходно из Азии. Никаких кроманьонцев там отродясь не было.

Откуда у попгенетиков выводы, повторяемые много раз, что гаплогруппа R1a появилась 15 тысяч лет назад в южно-русских степях и пережидала ледниковый период в некоем «украинском убежище»? Это приводится, в частности, в той же книге Wells, но откуда это появилось, на основании каких данных – ни слова. Цитирую: *"Sometime between 10,000 and 15,000 years ago, a man of European origin was born in present-day Ukraine or southern Russia"*. Несколько ранее, в статье 2001 года (Wells et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 98, No. 18, 10244-10249), относительно R1a-M17 он же писал – *"M17... with an inferred age of ~ 15,000 years"... "originating in Southern Russia/Ukraine"*. Дело вовсе не в том, что статья старая, и что дело давнее, и что все ошибаются. Естественно, в науке ВСЕ ошибаются в той или иной степени. Вопрос не в том, а в том, откуда эти цифры появились? Анализировали гаплотипы, считали мутации? Естественно, нет, этого они делать не умеют. Просто шли на элементарную подтасовку, основывались не на гаплотипах, не на расчетах, а просто подгоняли под «общие соображения», выдавая это за науку. Это тоже популяционная генетика.

Именно потому, что анализировать гаплотипы попгенетики не умеют, появились якобы данные, что гаплогруппа R1a имеет «наибольшее

разнообразии» на Украине, и там, само собой, ее «прародина». Никаких данных на этот счет опубликовано не было, никакого разнообразия не представлено. Но понятие «украинская гаплогруппа R1a» уже пошло в ход. Wiik в своей статье (“Where did European men come from?”, J. Genet. Geneal., 2008) повторил слова «украинская гаплогруппа R1a» 37 раз, я не преувеличиваю. На самом деле никакой древности гаплогруппы R1a на Украине нет, возраст практически один – что в Польше, что на Украине, в Белоруссии, в России. Никаких оснований называть гаплогруппу R1a «украинской», «польской» или «русской» нет.

Но Wikipedia продолжает эти «трактовки» предлагать и сегодня. Вот, например:

>The European distribution of Y-chromosome haplogroup R1a has been suggested to have occurred as a result of receding glacial activity allowing males bearing the lineage from the present day territory of Ukraine to migrate and gradually populate central, northern, and western Europe.

Перевод – «Было предположено, что распределение гаплогруппы R1a в Европе оказалось результатом ухода ледников, что позволило носителям этой гаплогруппы мигрировать с территории Украины и постепенно заселить центральную, северную и западную Европу». Что было основанием для такого предположения? Судя по описанию, речь идет о временах примерно 12 тысяч лет назад. Откуда на Украине такие датировки для гаплогруппы R1a? Нет таких данных, и не было. Что за работа? Ответ – ссылка на статью Passarino et al, 2002 года в Eur. J. Hum. Genet. Сущие фантазии, ничем не подкрепленные. Популяционная генетика.

С гаплогруппой R1b в Wikipedia не легче. Цитата:

>It has been proposed that males from Haplogroup Hg P*(xR1a1) or R1b (Y-DNA) repopulated most of Europe shortly after the Last Glacial Maximum, related to population expansions out of the Franco-Cantabrian region (see also Ahrensburg culture).

Перевод – «Было предложено, что гаплогруппа R1b перезаселила большую часть Европы вскоре после последнего ледникового максимума, за счет экспансии популяции из Франко-Кантабрианского региона (см. также аренсбургскую культуру).

К сведению, аренсбургская культура – это верхнепалеолитическая культура на севере Европы, распространенная около 11 тыс лет назад на восток вплоть до Волги. То, что 11 тысяч лет назад носители R1b могли быть на Средней Волге, продвинувшись с востока – не исключено (Клёсов, 2010а), но причем здесь Франко-Кантабрианский регион? Ответ, впрочем, ясен –

пытались привязать басков, но без анализа гаплотипов. Если бы гаплотипы проанализировали – получили бы 3600 лет назад, но никак не 11 тысяч лет назад. R1b появились в Европе только через 6 тысяч лет. Кто автор сей работы? Ответ – Дируу, статья 2006 года в журнале *Forensic Science International*. Чистые фантазии. Вот такая популяционная генетика.

Популяционные генетики Кивисилд и Виллемс активно доказывают, что гаплогруппа R1a появилась в Индии, и оттуда ее носители ушли в Европу. Это они повторяют и в 2011 году, хотя уже известны более «глубинные» субклады гаплогруппы R1a1, причем известно, что хронология субкладов идет на понижение (то есть ближе к нашему времени) при переходе их носителей от Европы через Русскую равнину, и далее в Среднюю Азию, Индию, Иран. Не могли эти субклады идти против течения времени из Индии в Европу. Откуда такие «выводы»? Оттуда, что считали мутации «по Животовскому» (см. следующий абзац и далее в настоящей статье), завышая времена в три раза, и получая в Индии 12 тысяч лет вместо правильных 4 тысяч лет для времен жизни общих предков «индоевропейцев». Они, Кивисилд и Виллемс, слышали, что R1a1 в Европе имеет возраст 4-5 тысяч лет, вот и получается, что это из Индии пришли в Европу, потому что 12 тысяч лет в Индии старше. А все потому, что поленились посчитать сами возраст R1a1 в Европе, хотя бы для сравнения, тогда получили бы «по Животовскому» в Европе 15 тысяч лет, старше, чем в Индии. А если бы считали в Индии правильно, нашли бы, что там на самом деле несколько популяций R1a, одна – «индоевропейская», возрастом примерно 4000 лет, и другая – древние мигранты с востока, с Гималаев, с северного Китая, из Южной Сибири. В Индию R1a1 пришли в основном двумя путями – с востока, примерно 12-10 тысяч лет назад, и с севера, арии, примерно 3500 лет назад. Но популяционные генетики так считать не умеют.

Популяционный генетик Л.А. Животовский нанес трудно поправимый вред своей науке, введя совершенно искусственные «популяционные скорости мутаций». Они имеют совершенно узкое и практически нереальное применение, базируются на нереальных предположениях и допущениях, и фактически завышают времена жизни общих предков популяции в 2.5 – 3 раза (см. далее в настоящей статье). Более того, чтобы «обосновать», что эти ложные «популяционные скорости мутаций» применимы к реальным системам, Л.А. Животовский произвел откровенную подгонку данных, меняя состав изучаемых серий гаплотипов, меняя полученные «скорости мутаций» и подтягивая цифры к желаемым, и приводя названия популяций, которые он якобы анализировал, а на самом деле НЕ анализировал. Это все было объявлено как доказательство применимости «популяционной скорости мутации». Подробное рассмотрение этих манипуляций – в последующем разделе настоящей

статьи, а также в работах «Еще раз о «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни» (Клёсов, 2009а), и в статье в журнале Human Genetics (Klyosov, 2009а).

Понятно, что все могут ошибаться, и от ошибок никто не застрахован, в том числе и в науке. Собственно, наука и развивается так, что при взгляде назад можно увидеть цепь ошибок, которые были вызваны отсутствием важных данных, и соответственно неверными, неполными, и просто ошибочными интерпретациями. В науке это – нормальное дело. Но я здесь говорю про другие ошибки, которыми изобилует популяционная генетика, а именно отсутствием умения и желания анализировать ИМЕЮЩИЕСЯ данные, рассматривать альтернативы, отсутствием способности рассматривать имеющиеся данные в совокупности, сравнивая их и сопоставляя. Примеров – масса. Собственно, практически каждая статья в области «популяционной генетики человека», выходящая в настоящее время в «академических» журналах, включая Доклады Академии наук США, доклады Британского королевского общества, не говоря о специализированных журналах в области генетики человека и популяционной генетики, представляет собой нагромождение нелепиц. Это – бич современной популяционной генетики.

Причина, на мой взгляд – отсутствие разумной, критической, добротной современной школы в популяционной генетике человека, в той ее части, которая занимается изучением истории человечества на основе гаплогрупп и гаплотипов Y-хромосомы и мтДНК. Соответствующие примеры нелепиц мы разбираем почти в каждом выпуске Вестника – не для того, чтобы научить поггенетиков, это бесполезно, они уже необучаемы, но для того, чтобы на их примерах учить молодых ученых, как не надо анализировать данные, и как надо это делать. Вот список этих примеров, далеко не полный, из выпусков Вестника только 2011 года.

Вестник №12 «Происхождение древних субкладов гаплогруппы R1b – территории и времена» (разбирается необоснованное, но устойчивое положение поггенетиков, что гаплогруппа R1b образовалась на Ближнем Востоке, причем никаких обоснований к этому опять никогда не давалось, гаплотипы не анализировались, датировок по гаплотипам не было, кроме опять «популяционных скоростей мутаций»).

Вестник №11 «Гаплотип фараона Тутанхамона и его возможное происхождение» (разбирается необоснованное положение, что гаплотип Тутанхамона имеет европейское происхождение, причем гаплотип его не

анализировался, датировок происхождения гаплотипа не было)

«Гаплотипы гаплогрупп R1a1 и N1 в восточных Гималаях» (разбирается статья Kang et al, 2011, в которой гаплотипы даны, но анализ их не проводился).

«Исследования мтДНК» (разбираются утверждения российских популяционных генетиков о совершенно безумных временах происхождения гаплогрупп мтДНК, как, например, 273 тысячи лет назад в Волго-Уральском регионе, причем то, как делались эти «расчеты», в разбираемой статье нет)

Вестник №10

«Выход современного человечества из Африки» - генетика и ДНК-генеалогия не согласны (разбираются бесконечные натяжки и манипуляции популяционных генетиков по этому вопросу, игнорирование альтернативных решений).

Вестник №9

“The recent infamous (and failed) attempt to discredit the mutation rate constants. An overview of Busby et al (2011) article in Proc. of the Royal Soc. (B) and Dienekes Ponticos “essay” in his Anthropology blog”.

Вестник №5

“Критическое рассмотрение статьи “Decreased rate of evolution in Y Chromosome STR loci of increased size of the repeat unit” (M. Jarve, L. Zhivotovsky et al)

Вестник №3

«Еще раз о взаимоотношении ДНК-генеалогии, генетики и популяционной генетики»

Вестник №1

«История гаплогрупп R1a и R1b в Иране и Ливане. Критический разбор статьи “Influences of history, geography, and religion on genetic structure: the Maronites in Lebanon” by M. Haber et al, Eur. J. Hum. Genet., December 2010»,

Гаплогруппа R1a на Коморских островах и древние миграции гаплогрупп R1a1 и R1b. Критический разбор статьи “Genetic diversity on the Comoros Islands shows early seafaring as major determinant of human biocultural evolution in the Western Indian Ocean” by S. Msaidie et al, Eur. J. Hum. Genet., August 2010.

В выпусках 2010 года были статьи с разбором популяционно-генетических фантазий и грубых ляпов в статьях –

-- «О редком характере мутаций DYS390 в гаплогруппе R1b1b1», «Гаплогруппа O и ее субклады в Азии» и «О месте и времени происхождения гаплогруппы R1b (с удивлением читая Wikipedia)» (декабрь 2010),

-- «Мутации в гаплотипах Y-хромосомы в парах отец-сын и их значение для ДНК-генеалогии», «Еще о скоростях мутаций в гаплотипах Y-хромосомы», «Гаплогруппа R1a и ее субклады в Азии» (ноябрь 2010),

-- «Миграционный путь гаплогруппы R1b в Европу и расселение в Европе. Критический разбор статьи Myres et al (2010)» и «Гаплогруппа R1b1 и ее субклады в Азии» (октябрь 2010)

-- «Анализ генома популяций евреев и сопоставление с выводами ДНК-генеалогии» (июль 2010),

-- «Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу (1). Критический разбор статьи Balaesque et al (2010)», «Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу (2). Критический разбор статьи Morelli et al (2010)», «Несколько комментариев к статье А. Штрунова «Происхождение гаплогруппы I1-M253 в Восточной Европе» и «О рукописи А.М. Тюрина «К вопросу о географии гаплогруппы Y-хромосомы I1 в Восточной Европе» (июнь 2010),

-- “A comment on the paper: A Western Eurasian Male Is Found in 2000-Year-Old Elite Xiongnu Cemetery in Northeast Mongolia” (апрель 2010)Ю

Работа по переделке материала и выводов статей популяционно-генетических авторов практически бесконечна, потому что, повторяю, они безграмотны, в них сильно заметно отсутствие нормальной научной школы. Поэтому дело не столько в популяционной генетике, сколько в популяционных генетиках.

На, как говорил Козьма Прутков, порой и терпентин на что-нибудь полезен. Работа с этими статьями шлифует методологию ДНК-генеалогии, позволяет получать новые результаты и выводы, по ассоциации привлекаются новые материалы, которые опять же анализируются. Далее, в их статьях приводятся фактические данные, гаплотипы и гаплогруппы, из

которых популяционисты делают, как правило, совершенно примитивные и неверные выводы, но сам фактический материал можно использовать. Ссылки на эти фактические материалы я всегда даю. Так что как собиратели материала, как техники-лаборанты популяционисты приносят несомненную пользу. Сами же статьи их лучше не читать, а если читать, то понимая, что их интерпретации, и вообще раздел «Обсуждение результатов» в каждой статье надо пересматривать заново. Тогда все в порядке.

После такого введения рассмотрим еще несколько примеров анализа данных популяционистами, то, какие выводы они делают, и то, какие выводы на самом деле стоило бы сделать, если вместо «популяционной генетики» приложить подходы ДНК-генеалогии.

Анализ литовской популяции (Kasperavičiūtė et al, 2004)

Статья довольно старая, 2004 года. Но она опубликована в заслуженном журнале *Annals of Human Genetics*, в ее авторах – известный популяционный генетик M. Stoneking, и сама статья – о гаплотипах литовцев, близкая нам популяция.

Статья на мой взгляд не особенно интересная, и единственное, что в ней привлекает внимание, это то, что она ставит задачу показать происхождение современной популяции литовцев. Собственно, это и должна была быть главная задача статьи, это же вынесено в резюме статьи: *to address questions about the origin... of the present day population*. Посмотрим, к какому выводу пришли авторы и как они это сделали.

Ответ, собственно, уже дан в самом резюме статьи: *an analysis of molecular variance confirmed the homogeneity of the Lithuanian population*. То есть анализ некоего «молекулярного разнообразия» подтвердил гомогенность современной популяции литовцев. Вот это уже интересно. Мы привыкли к тому, что в любой популяции есть свои ДНК-генеалогические ветви, что любая популяция состоит из разных гаплогрупп, то есть первичных родов, что любая популяция в этом отношении гетерогенна, просто одни популяции более гетерогенны, чем другие. Например, в популяции современных этнических русских в среднем около половины гаплогруппы R1a1 (условно говоря, восточнославянской), примерно 22% гаплогруппы I

(отчасти прибалтийской, а вообще говоря, общеевропейской) и примерно 14% гаплогруппы N1c1 (уральской, финно-угорской, балтийской). Это все условные отнесения, для примерного ассоциативного восприятия регионов либо происхождения, либо региона современного преобладающего населения.

Поэтому крайне странно, что литовская популяция провозглашается «гомогенной». На самом деле по данным самих же авторов среди 196 изучаемых гаплотипов мужчин-литовцев к гаплогруппе R1a1 относилось 88 человек (45%), к N1c1 – 72 человека (37%), к сводной гаплогруппе BR*(xDE, JR) – это, видимо, в основном гаплогруппа I – 20 человек (10%), к гаплогруппе P*(xR1a) – это, видимо, в основном гаплогруппа R1b – 10 человек (5%), плюс минорные гаплогруппы DE (5 человек, или 2.6%) и K*(xN1c1, P) – 1 человек. Какая же здесь «гомогенность», когда доминирующая гаплогруппа (R1a) охватывает менее половины мужского населения? Как водится у популяционных генетиков, авторы посчитали «разнообразие» (diversity) – некий полуколичественный параметр – всех гаплогрупп, и нашли, что он равен 0.653 ± 0.020 . У эстонцев он оказался равен 0.741 ± 0.012 , у латышей 0.667 ± 0.021 , у русских 0.712 ± 0.031 . Иначе говоря, вариации по гаплогруппам у литовцев были несколько меньшими по сравнению с другими перечисленными популяциями. Тем не менее, хороша «гомогенность».

Оказывается, под «гомогенностью» авторы подразумевают, что все шесть основных этнолингвистических групп литовского населения неоднородны одинаково. То есть все неоднородны, никакая при этом не выделяется в ту или иную сторону. Они гомогенны в своей неоднородности. И это понятно, потому что по сообщению самих же авторов они, эти этнолингвистические группы, образовались в ходе последнего тысячелетия, когда гаплогруппы были уже перемешаны. Так что вопрос о «происхождении современной литовской популяции» остался пока без ответа, перейдя в другую плоскость – что эта популяция была уже перемешана тысячу лет назад. О происхождении это, конечно, ничего не говорит.

Далее авторы занялись гаплотипами в 9-маркерном формате, и началась типичная популяционная фантастика. Авторы отметили, что среди 196 гаплотипов 123 являются разными. Стало быть, 73 гаплотипа повторяются, причем что это знание дает – авторы, конечно, не представляют и об этом не пишут. Ответ – не дает ничего, кроме пустых цифр. Авторы нашли, например, что среди 88 гаплотипов гаплогруппы R1a у литовцев 56 гаплотипов были «уникальными» («дистинктивными»), и семь из них были «наиболее одинаковыми»,

13 25 16 11 11 14 X X X 13 11 30

(переписаны здесь в формате FTDNA для 12-маркерных гаплотипов). Эти семь, как пишут авторы, составляют «3.6% от всех Y-хромосом в литовцах» (то есть 7 из 196), не понимая, что фраза эта лишена какого-то либо определенного смысла и никому в таком виде не нужна. Но «так принято», потому что разделить одно на другое несложно, а потом записать и отправить в статью, а зачем – это уже не важно.

По секрету – из этой информации уже можно определить возраст гаплогрупп по популяциям, но популяционная генетика об этом не имеет ни малейшего понятия. Как определить – будет пояснено ниже.

То же самое относится и к гаплотипам гаплогруппы N1c1 у литовцев, для которых авторы нашли, что из 72 человек четверть (то есть 18 человек) имеют идентичные гаплотипы

14 23 15 11 11 13 X X X 14 14 30

Авторы опять записали бессмысленную «информацию», что это составляет 22.4% от всех литовских Y-хромосом (разных гаплогрупп).

То, что написано в обсуждаемой статье популяционных генетиков, причем написано совершенно безосновательно – «Alternatively, the Baltic tribes from which modern Lithuanians originated may have been genetically homogeneous», не соответствовало действительности. Перевод – «как вариант, балтийские племена, из которых образовались современные литовцы, были генетически гомогенными». Мы уже знаем, что под «генетически» авторы понимают гаплотипы и гаплогруппы. На самом деле у авторов нет никаких конкретных данных о древних балтийских племенах, и данные статьи об этом совершенно не говорят. Датировки, полученные в статье, неверны (см. ниже), интерпретации – сплошное недоразумение. Популяционная генетика.

Вместо обоснованных и информативных расчетов авторы обсуждаемой статьи зафиксировали, что “gene diversity based on 9 STR loci was 0.985 ± 0.004 ”. Для начала, никаких генов, то есть «генов», в этих 9-маркерных гаплотипах нет. Это просто небрежный, вульгарный сленг. Речь идет о негеновых, нереккомбинантных фрагментах ДНК. Далее, разнообразие, по понятиям авторов, высокое, и не мудрено, для разных-то гаплогрупп. А вот в пределах гаплогруппы N1c1 у литовцев разнообразие по данным авторов было минимальным – 0.915 ± 0.023 . Опять остается загадкой, зачем все это считать, потому что ни для чего дальше эти цифры в статье не

используются, не применяются и не анализируются. В рамках ДНК-генеалогии ясно, что такие цифры связаны (прямо или косвенно) с возрастом популяции, но поскольку здесь смешаны в кучу серии гаплотипов из разных ветвей, то возраст из этих цифр «разнообразия» не посчитать, и никому они, эти цифры, не нужны. Просто «так принято», совершенно бездумно. Ниже мы покажем, как это на самом деле надо делать. А пока заметим, что по данным авторов для литовцев в пределах гаплогруппы R1a это «разнообразие» выше – 0.984 ± 0.05 , и понятно, почему: гаплогруппа R1a старше по сравнению с N1c1 в литовской популяции, как будет показано ниже в наших расчетах. Им в данных популяциях 4375 и 2400 лет, соответственно (см. ниже, наши расчеты).

Занятно, что авторы, не разбираясь в скоростях мутаций, практически вслепую применили как скорости мутаций Kayser et al (2000), основанные на парах отец-сын (полученные при совершенно недостаточной статистике, и, видимо, приводящие к заниженным датировкам), так и «популяционные скорости мутаций» Л. Животовского, которые приводят к завышениям датировок примерно в три раза. Так и получилось – первые дали 900 лет до общего предка литовцев гаплогруппы N1c1, вторые – 7600 лет, в 3.2 раза выше чем по более корректным расчетам (см. ниже). Для гаплогруппы R1a у литовцев соответствующие датировки получились 1,100 и 7,800 лет, соответственно, при более правильной величине 4,375 лет до общего предка (см. ниже). Особенно поразительно, что авторы включили в свои расчеты и время жизни общего («усредненного») предка популяции по всем гаплогруппам одновременно (!), что вообще не имеет никакого физического смысла. У них получилось 1000 и 7000 лет «по Кайзеру и по Животовскому», соответственно. Здесь комментариев просто нет.

Верные своим принципам, популяционные генетики тут же подгоняют полученные цифры к устоявшимся данным, полученным представителями других наук, в данном случае в археологии и антропологии. Авторы пишут, что полученная величина в 1000 лет («по Кайзеру») согласуется с временем развития сельского хозяйства на территории современной Литвы. На самом деле то, как эта цифра была авторами получена, является ошибкой. Сельское хозяйство здесь не при чем. Сюда же относятся фантазии о «элитном доминировании», тоже любимом предмете популяционных генетиков, который вставляется к месту и ни к месту, как в данном случае, поскольку расчеты датировок неверные. Сюда же относится невразумительная фраза *“the observed pattern of Y chromosome diversity in Lithuanians may be explained by a population bottleneck associated with Indo-European contact”*, помещенная в Резюме. Какая «наблюдаемая картина разнообразия», о чем здесь речь – остается неизвестным, как и причем здесь «бутылочное горлышко популяции», у кого, и откуда оно появилось – тоже

остаётся без ответа, как и то, что за «индо-европейцы» здесь упоминаются, видимо, древние носители гаплогруппы R1a. Но почему они создали бутылочное горлышко, когда носители гаплогруппы N1c1 просто пришли в Прибалтику позже – загадка сия велика есть.

Как видно, материал статьи совершенно бессвязный, вопрос о происхождении литовцев остался, естественно, без ответа, датировки неверные, формальные цифры «разнообразия» остались без интерпретации, «элитное доминирование» и «бутылочные горлышки популяции» неясно зачем вообще введены, к тому же диапазон датировок от 900 лет до 7600 лет для одних и тех же событий (в данном случае для общего предка гаплогруппы N1c1 у литовцев) делает задачи статьи лишёнными смысла. Популяционная генетика.

Для сравнения приведем здесь расчеты по литовским мужским популяциям с помощью методов ДНК-генеалогии.

Для начала – используем данные самих же авторов рассматриваемой статьи, и применим методы расчетов, авторам, видимо, незнакомые.

Гаплогруппа R1a у литовцев

Итак, авторы нашли, что среди 88 гаплотипов гаплогруппы R1a у литовцев семь были идентичными друг другу, и имели вид

13 25 16 11 11 14 X X X 13 11 30

В понятиях ДНК-генеалогии это – базовые гаплотипы. Для данного 9-маркерного формата гаплотипов константа скорости мутации равна 0.017 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет (Klyosov, 2009), что дает $[\ln(88/7)]/0.017 = 149 \rightarrow 175$ поколений, то есть примерно 4375 лет до общего предка литовских мужчин гаплогруппы R1a в данной популяции, что в пределах погрешности совпадает с возрастом общего предка гаплотипов R1a1 на Русской равнине (Клёсов, 2011а). И гаплотип у общего предка тот же самый, что в усеченной форме записан выше:

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

Что касается «гомогенности», то рис. 1 показывает, что никакой гомогенности в литовской выборке гаплотипов R1a не наблюдается. Литовские гаплотипы расходятся по разным ветвям, с общими предками, которые жили (определено по значительно более массивным выборкам) -

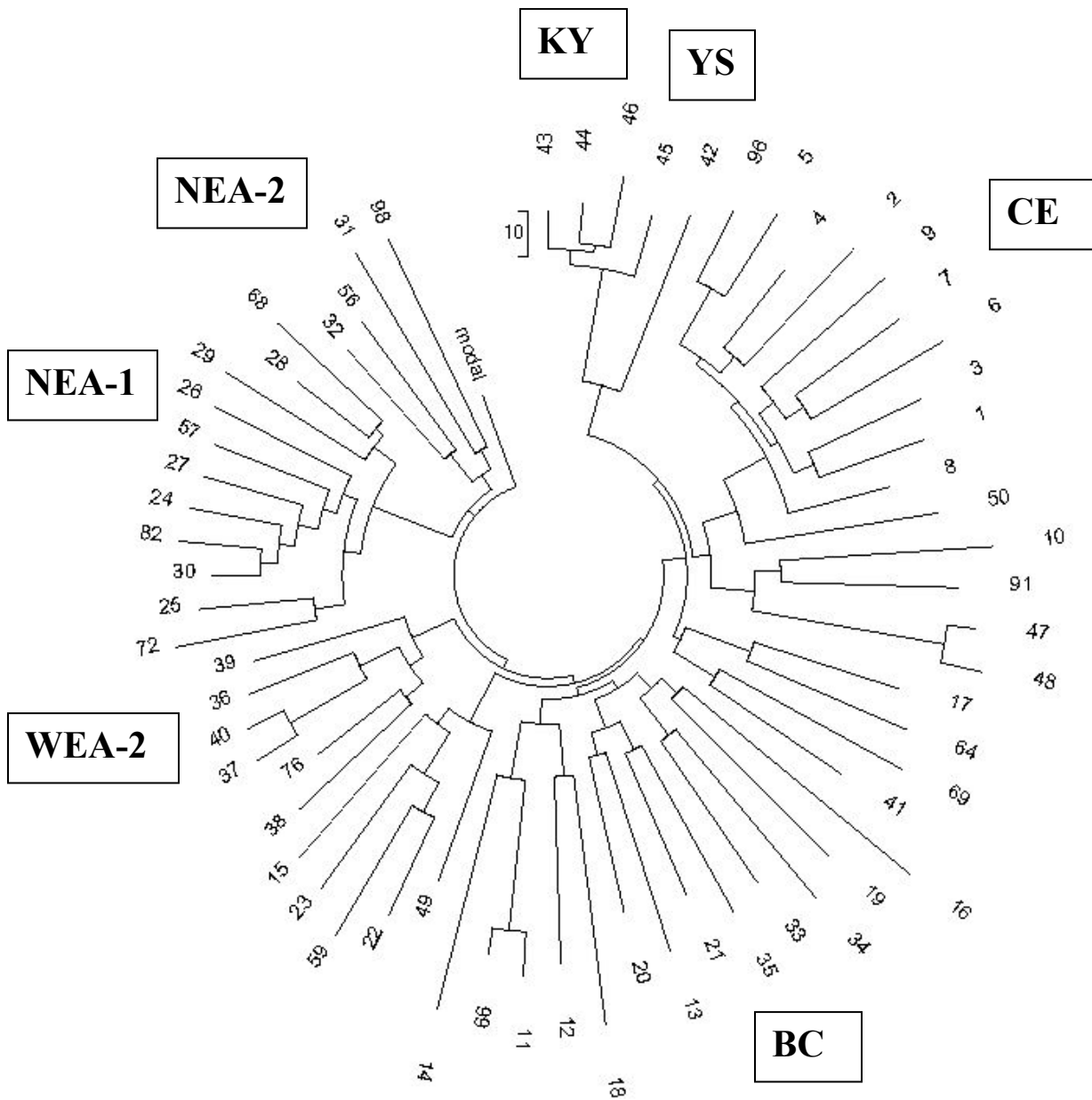


Рис. 1. Дерево из 63 гаплотипов в 67-маркерном формате, из них 54 литовских гаплотипов. Показаны ветви (по часовой стрелке): южно-азиатская (киргизская) [KY], «младшая скандинавская» [YS], центрально-европейская [CE], балто-карпатская [BC], западная евразийская-2 [WEA-2], северная евразийская-1 [NEA-1] и северная евразийская-2 [NEA-2]. Гаплотипы 2 и 6 в CE ветви принадлежат эстонцам, им же принадлежат гаплотипы 16, 33 и 34 в BC ветви, и отдельно стоящий 41 (старая скандинавская ветвь). Гаплотипы 19 (BC ветвь) и 39 (WEA-2 ветвь) - латышские, как и гаплотип 23.

-- Центрально-европейская ветвь - 3425 лет назад (она в свою очередь расходуется на две подветви с возрастом 3000 ± 400 лет каждая); у литовцев там 94 мутации от 67-маркерного базового гаплотипа ветви, что составляет $94/9/0.12 = 87 \rightarrow 96$ поколений, то есть 2400 ± 350 лет до общего предка.

-- Балто-карпатскую ветвь с общим предком 4000 ± 500 лет назад, и и двумя подветвями с общими предками 2700 ± 300 и 2500 ± 300 лет назад; литовские гаплотипы принадлежат всем трем подветвям.

-- Западную евразийскую ветвь-2 возрастом 2600 ± 300 лет; пять литовских гаплотипов отклоняются суммарно на 51 мутацию от базового гаплотипа, что дает $51/5/0.12 = 85 \rightarrow 93$ поколения, то есть 2325 ± 400 лет до общего предка, в хорошем соответствии с возрастом всей ветви.

-- Северную евразийскую ветвь возрастом 2200 ± 250 лет; 15 литовских гаплотипов этой ветви расходятся на две подветви, NEA-1 и NEA-2.

-- Еще есть серия южно-азиатской ветви, с гаплотипами, похожими на киргизские и общим предком примерно 1050 лет назад. Возможно, это литовские татары.

- отдельно стоят два единичных гаплотипа младшей и старшей скандинавских ветвей. Правда, гаплотип старшей скандинавской ветви принадлежит эстонцу.

Эти ветви все в совокупности идут от общего предка Русской равнины, который жил примерно 4800 лет назад.

Гаплогруппа N1c1 у литовцев

При рассмотрении 72 гаплотипов гаплогруппы N1c1 у литовцев авторы обсуждаемой статьи нашли, что из них четверть (то есть 18 человек) имеют идентичные гаплотипы

14 23 15 11 11 13 X X X 14 14 30

Считать «разнообразие» - здесь давно устаревшее понятие. Вместо этого запишем $[\ln(72/18)]/0.017 = 82 \rightarrow 90$ поколений, то есть примерно 2250 лет до общего предка литовских мужчин гаплогруппы N1c1 в данной популяции. Это - конец прошлой эры. Посмотрим, что дают более аккуратные расчеты по большим выборкам более протяженных гаплотипов (Клёсов, 2011b). Базовый гаплотип 20 литовцев гаплогруппы N1c1-M178+L708+L550+ из базы данных FTDNA имеет вид

14 23 15 11 11 13 11 12 10 14 14 30 – 17 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 – 10 11 18
20 13 15 16 19 36 36 14 10

и все 20 37-маркерных гаплотипа имеют 152 мутаций от приведенного базового гаплотипа. Это дает $152/20/0.09 = 84 \rightarrow 92$ поколений, то есть 2300 ± 300 лет до общего предка. Совпадение практически абсолютное с расчетом выше по данным обсуждаемой статьи. В целом среди N1c1 преобладает DYS19 = 14, у литовцев - 15. В пределах гаплогруппы N1c1 литовцы образуют южно-балтийскую ветвь с характерной четверкой DYS464 14-14-15-15 и DYS459 9-9, в отличие от угро-финской ветви с 13-13-14-14 и 10-10, соответственно. Правда, и там литовские гаплотипы расходятся на несколько ДНК-генеалогических ветвей с общими предками в середине 1-го тысячелетия нашей эры, примерно 1500 лет назад.

Но это – суммарные расчеты, без учета того, что дерево гаплотипов литовцев гаплогруппы N1c1 на самом деле расходится на ветви (рис. 2), и у каждой ветви – свой возраст, свой общий предок. Расчеты показывают, что все эти ветви образованы в середине 1-го тысячелетия нашей эры или позже. Посмотрим, как это делается.

На рис. 2 отчетливо видны две обширные ветви справа и слева, которые в свою очередь состоят суммарно из семи подветвей.

Ветвь 1 из шести гаплотипов имеет базовый гаплотип

14 23 15 11 11 13 11 12 10 14 14 30 – 17 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 -- 10 11 18
20 13 15 16 19 36 36 14 10

В ветви – 30 мутаций, что дает $30/6/0.09 = 56 \rightarrow 60$ поколений, то есть 1500 ± 310 лет до общего предка ветви. Это – середина 1-го тысячелетия нашей эры. Как раз время подъема сельского хозяйства в регионе, согласно цитируемым авторами рассматриваемой статьи археологических данных. Только это уже не «между 1000 и 7000 лет», а вполне корректно рассчитанные данные.

Ветвь 2 рядом – это не дочерняя ветвь, она происходит от предка примерно 1050 лет назад, и имеет вместе с первой ветвью общего предка примерно 2200 лет назад.

Две подветви 3 и 4 легко объединяются, так как они одинаковые по размеру, и «вес» их одинаков. Эти шесть гаплотипов имеют базовый гаплотип

14 23 15 11 11 13 11 12 10 13 14 29 - 17 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 -- 10 11 18
 20 13 15 15 18 35 35 13 10

В этой ветви тоже 30 мутаций, что тоже определяет возраст ветви в 1500 лет назад.

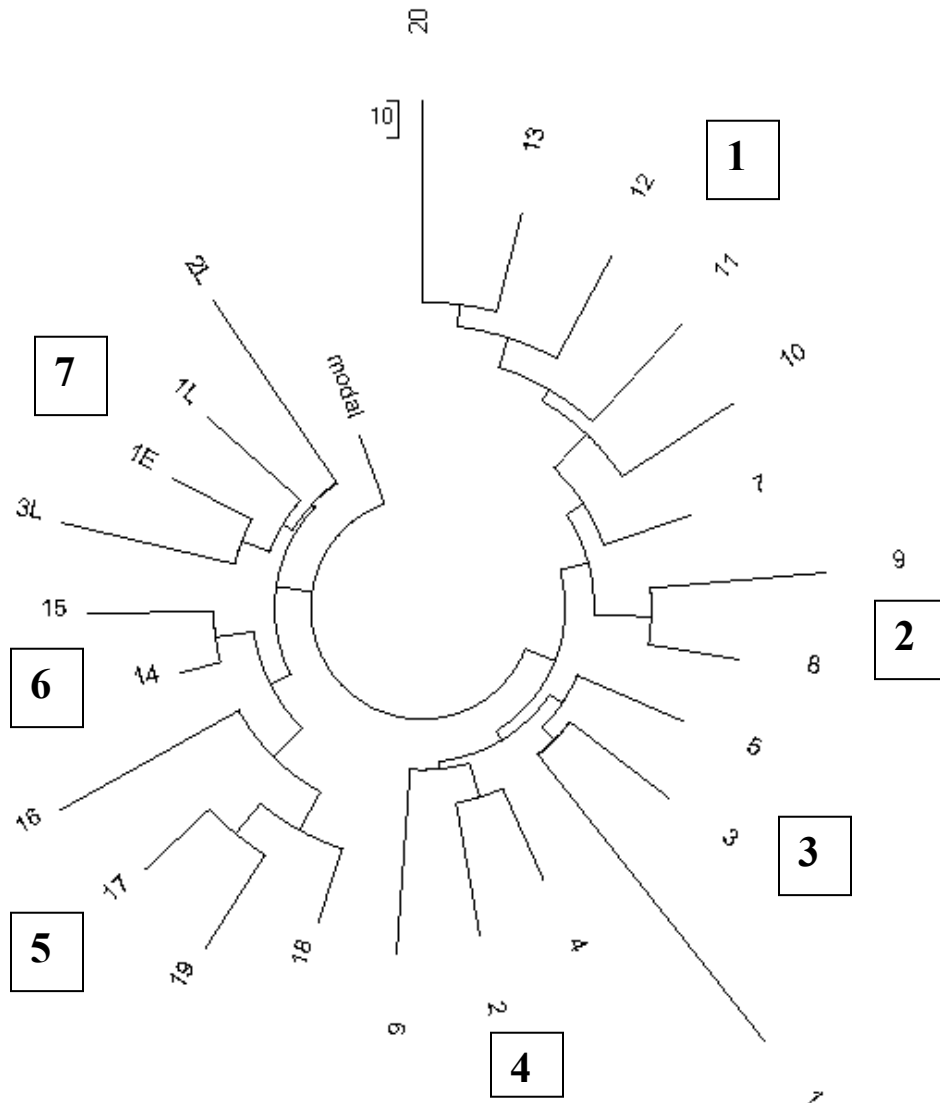


Рис. 2. Дерево из 24 прибалтийских гаплотипов гаплогруппы N1c1 в 37-маркерном формате. 20 гаплотипов литовские, три гаплотипа (1L, 2L, 3L) - латышские, 1E - эстонский. Пронумерованы семь ветвей дерева.

Между ветвями 1 и 3-4 - 6 мутаций, что разводит их общих предков на $6/0.09 = 67 \rightarrow 72$ поколений, то есть на 1800 лет, и помещает ИХ общего предка на $(1800+1500+1500)/2 = 2400$ лет назад.

Ветвь 5 имеет базовый гаплотип

14 23 15 10/11 11 13 11 12 10 14 14 31 – 17/18 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 --
12 11 18 20 14 15 17 20 37 37 14 10

и 14 мутаций ветви от этого базового гаплотипа помещают общего предка ветви на 1025 ± 280 лет назад.

Малая ветвь рядом (6) имеет недавнего предка, всего 425 лет назад. Но она отстоит от ветви 5 на 6.5 мутаций, то есть на 1950 лет, что помещает общего предка ветви 5-6 примерно на 1700 лет назад.

Наконец, сводная ветвь латышей и эстонца (7) имеет возраст 1250 лет. Но она заметно отличается по своему базовому гаплотипу

14 23 15 11 11 14 11 12 10 13 14 29 – 17 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 -- 11 11 18
20 14 15 17 20 36 36 13 10

от остальных ветвей. Так, от соседней ветви 5 она отличается на 8 мутаций, что помещает ИХ общего предка на 2400 лет назад.

Как мы видим, примерно 2200-2400 лет назад жил общий предок южно-балтийской ветви гаплотипов группы N1c1, который принципиально отличался от финской ветви по ряду маркеров в базовом гаплотипе, как описано выше. Подробный анализ этих различий был проведен в работе (Клёсов, 2011b). Подавляющее большинство литовских, латышских и эстонских гаплотипов группы N1c1 относятся именно к южно-балтийской ветви, с четверкой 14-14-15-15 (DYS464) и парой 9-9 (DYS459). Насколько эти различия с финской группой выражены и воспроизводимы, видно из рис. 3. Надписи «литовцы» и «финны» показывают, в какой ветви преобладающе оказываются эти этнические группы.

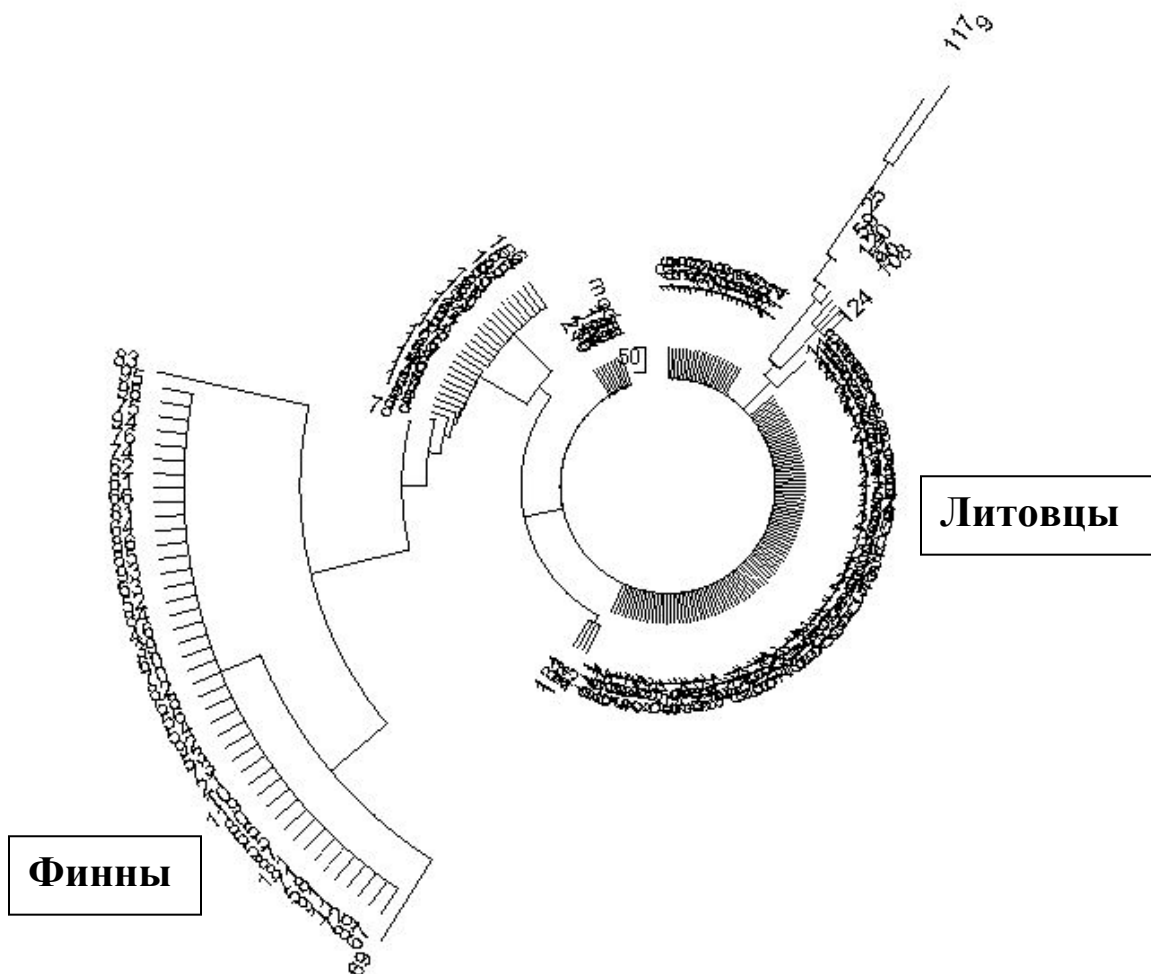


Рис. 3. Дерево 213 четырехмаркерных гаплотипов (DYS464a,b,c,d) Проекта N1c1, <http://www.familytreedna.com/public/N1c1/default.aspx>. По кругу на стволе дерева – 127 идентичных друг другу базовых гаплотипов «южно-балтийской ветви» дерева с четверкой 14-14-15-15. Среди них – 24 финна (19% от ветви, треть от всех финнов в выборке). Слева – ветвь из идентичных друг другу 43 гаплотипов с четверкой 13-13-14-14 «угро-финской ветви», в которых из 40 известных этнических отнесений предков 28 финнов (70% от всей ветви), 7 русских, два шведа, и по одному немец, норвежец, румын. Две небольшие ветви слева вверху (15-15-15-15 и 13-13-15-15) из 15 и 11 гаплотипов, соответственно, включают: в первой – недифференцированный состав из четырех финнов, трех англичан, двух русских, двух поляков, украинца, чеха, литовца и латыша (15-15-15-15), и во второй – почти исключительно финнов (8 из 11, то есть 73%) с добавлением норвежца, литовца и ирландца (13-13-15-15). Выброс справа вверху в ветви из 10 гаплотипов – гаплотипы N1 и/или N1b.

Гаплогруппы I1 и I2 у литовцев

Гаплогруппы I2 у литовцев практически нет, как и вообще в Прибалтике. По данным проекта FTDNA

<http://www.familytreedna.com/public/I2aHapGroup/default.aspx?vgroup=I2aHapGroup&vgroup=I2aHapGroup§ion=yresults>

среди 594 гаплотипов гаплогруппы I2 имеются только один литовский, один латышский и ни одного эстонского гаплотипа.

Аналогично, по данным Проекта

http://www.familytreedna.com/public/yDNA_I1/default.aspx?section=yresults

среди 3400 гаплотипов есть только четыре прибалтийских, эстонский и три литовских гаплотипа.

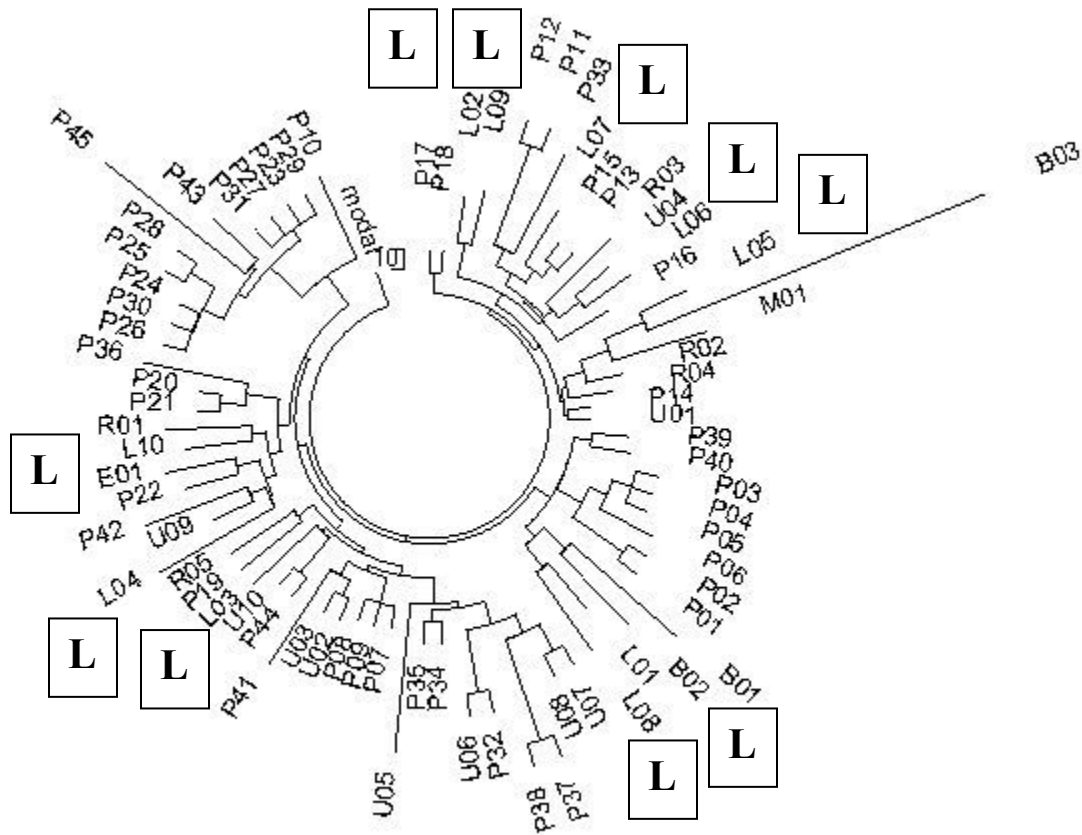


Рис. 4. Дерево из 74 восточно-европейских гаплотипов гаплогруппы I1-M253 в 25-маркерном формате, построено по данным базы YSearch. Буквами латинского алфавита обозначены Польша, Украина, Белоруссия, Эстония, Литва, Россия. На дереве отмечены 10 литовских гаплотипов.

Эти три литовских гаплотипа гаплогруппы I1 имеют следующий базовый гаплотип в 67-маркерном формате:

13 23 14 10 14 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 – 10 10 19 21
14 14 16 20 35 37 12 10 – 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 23 25 15 10 12 12 16 8 13 25 20
13 13 11 12 11 11 12 11

Во всех 67 маркерах они имеют 25 мутаций, что дает $25/3/0.12 = 1850 \pm 410$ лет до общего предка. Это явно заниженная датировка, потому что гаплотипов всего три. Ниже показано, что при увеличении выборки до 10 гаплотипов датировка возрастает до 3000 ± 430 лет до общего предка.

Если к этим трем гаплотипам литовцев добавить гаплотипы эстонец, украинца, двух белорусов и трех русских той же гаплогруппы, то полученные 10 гаплотипов имеют тот же базовый гаплотип, но с датировкой общего предка 2175 ± 340 лет назад.

Надо, впрочем, принять во внимание, что эти 10 гаплотипов принадлежат разным субкладам – один литовец субклада I1d-L22 (как и эстонец, все трое русских и украинец), один литовец и два белоруса – субклада I1b-M227, и один литовец – общего субклада I1, что, впрочем, означает, что субклады для него не определяли. Поэтому в реальности общий предок всех трех литовских гаплотипов может быть древнее.

- • I1 L64, L75, L80, L81, L118, L121/S62, L123, L157.1, L186, L187, M253,
- • I1* -
- • I1a M21
- • I1b M227
- • • I1b* -
- • • I1b1 M72
- • I1c M507/P259
- • I1d L22/S142

В базе данных Ysearch обнаружили 10 литовских гаплотипов, и в составе 74 восточно-европейских гаплотипов они приведены на дереве 25-маркерных гаплотипов на рис. 4.

Видно, что литовские гаплотипы не занимают какого-либо определенного места, не формируют свою ветвь, как и любые другие восточно-европейские гаплотипы. Все 74 гаплотипа дерева имеют базовый гаплотип (две отличающиеся мутации от предыдущего базового гаплотипа отмечены)

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16

и суммарно отстоят от него на 386 мутаций. Это дает $386/74/0.046 = 113 \rightarrow 128$ поколений, или 3200 ± 360 лет до общего предка.

Еще 10 гаплотипов приведены и на литовском сайте <http://www.familytreedna.com/public/LituaniaPropria/default.aspx?section=yresults> . Базовый гаплотип там следующий:

13 22/23 14 10 14 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 – 10 10
19 21 14 14 16 20 35 36/37 12 10 – 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 24 25 15 10 12 12 16 8
13 25 20 13 13 11 12 11 11 12 11

Он практически такой же, что приведен выше для серии гаплотипов с Проекта I1 FTDNA. В 37-маркерном формате все 10 гаплотипов имеют 96 мутаций, что дает $96/10/0.09 = 107 \rightarrow 120$ поколений, то есть 3000 ± 430 лет до общего предка. Это – в пределах погрешности с величиной, данной выше.

Надо опять принять во внимание, что эти 10 гаплотипов принадлежат разным субкладам – один литовец к субкладу I1d1, и один - к субкладу I1b-M227.

Как видно, самая древняя гаплогруппа у литовцев R1a1 (середина 3-го тыс до нашей эры), и она же самая распространенная. Следующей по древности идет гаплогруппа I1 (конец 2-го тыс до н.э – начало 1-го тыс до н.э.), и далее – гаплогруппа N1c1, которая вошла в литовскую популяцию только в середине 1-го тыс нашей эры.

Итак, рассмотрение литовских гаплотипов разных гаплогрупп показывает, что общий предок гаплогруппы R1a1 литовцев жил примерно 4600 лет назад, в середине 3-го тыс до н.э., и прибывал на Балтику в составе разных субкладов, почти все из них образовались в середине 1-го тыс до н.э. (центрально-европейский 2400 ± 350 лет назад, балто-карпатский 2500 и 2700 лет назад, западный евразийский 2600 ± 300 лет назад, северный евразийский 2200 ± 250 лет назад). Носители этих субкладов говорили, как показывает лингвистика, на диалектах древнего арийского языка, что и образовало балтскую языковую группу, или балто-славянскую, в зависимости от того, как называть и чему отдавать предпочтение.

Как отмечает И.Л. Рожанский (2011), по меньшей мере три линии миграции восточных славян в Литву, хотя и крайне слабо представленных

там, можно связать с миграциями из карпатского (или дунайско-карпатского) региона. Это обе ветви субклада M458 и восточная карпатская (она же западно-евразийская-2) ветвь субклада Z280. Все они имеют почти один и тот же возраст, около 2700 лет.

Примерно одновременно с ними на Балтику стали прибывать носители гаплогруппы I1, значительно меньшие по численности. Их источник – Европа, где гаплогруппа I1 прошла бутылочное горлышко популяции примерно 3400 лет назад, и восточная Европа с общим предком 3200 ± 360 лет назад, примерно то же, что и у литовских гаплотипов. Это, видимо, и были древние балты, во всяком случае, нынешние литовцы – их прямые потомки. Те, кто жили на территории современной Литвы раньше, если таковые были, видимо, не оставили потомства, которое бы дожило до нашего времени.

Заметно позже, к середине 1-го тысячелетия, в Прибалтику стали прибывать носители гаплогруппы N1c1, ее южно-балтийской ветви, отделяясь от финской ветви, которая прошла и расселилась севернее. Общий предок обеих ветвей жил на Урале, или находился на миграционном пути между Уралом или Поволжьем и Балтикой примерно 4200 лет назад, и эта миграция расщепилась на несколько ДНК-генеалогических линии, все примерно одинакового «возраста», все датируются серединой 1-го тыс н.э. Случайное это совпадение или нет, но в те же времена в Европе происходило становление языкового славянства, и в те же времена вдоль Прибалтики формировались прибалтийские племена, а также викинги. Одна линия сформировала угро-финскую ветвь, состоящую в значительной степени из финнов, но с добавлениями части русских, норвежцев, шведов; другая линия дала потомков, ныне живущих в основном в России, в прибалтийских странах – Эстонии, Литве, Латвии, а также Польше, и их соседей, откуда гаплотипы южно-балтийской группы попали с потомками вплоть до Атлантики и Мексики. Характерными признаками гаплотипов угро-финской группы являются DYD459=10 (или удвоенные значения), DYS464=13-14 (или удвоенные значения), негативный снип L550-. Характерными признаками гаплотипов южно-балтийской группы являются DYD459=9 (или удвоенные значения), DYS464=14-15 (или удвоенные значения), позитивный снип L550+ (субклад N1c1d). Сами литовцы впервые упоминаются в исторических документах в начале 11-го века, то есть всего несколько столетий после прибытия носителей гаплогруппы N1c1.

Неолитические обитатели Балтики начиная с 6500 лет назад, о которых говорится в рассматриваемой статье, в гаплотипах современных литовцев не просматриваются. Данные об «интенсивном культурном развитии в

Литве, включая керамику», возможно, и были, но, похоже, потомков тех людей в Прибалтике не осталось. Что касается балтов «в 5-м тысячелетии назад», то это могли быть носители гаплогруппы R1a1 из Европы и с Русской равнины. Авторы справедливо пишут, что «археологические данные показывают, что финно-угорское влияние на литовскую популяцию было минимальным». Правда, авторы это ничем не подтверждают, и просто цитируют данные археологии. ДНК-генеалогия это полностью подтверждает. Во-первых, носители гаплогруппы N1c1 прибыли на Балтику уже относительно поздно, в середине 1-го тыс н.э., и, самое главное, это не были финно-угры по гаплотипам. Те ушли севернее, а южнее, в литовской Прибалтике, были южные славяне южно-балтийского субклада гаплогруппы N1c1.

**Смешное популяционно-генетическое «определение» и
«интерпретация» времен разделения христианства и
мусульманства в Ливане (подсказка – якобы за
полторы тысячи лет до христианства и за две тысячи
лет до мусульманства)
(Haber et al, 2010)**

Статья (“Influences of history, geography, and religion on genetic structure: the Maronites in Lebanon”, 2010) примечательна тем, что в ее авторах – серьезные силы популяционной генетики, среди 13 авторов – Wells, Tyler-Smith, Zalloua, и журнал серьезный – Eur. J. Hum. Genet., и год публикации недавний – декабрь 2010. Но читая ее, приходится только горестно разводиться руками. Хотя можно и посмеяться, но печаль перевешивает.

Приходится повторить, что это стало уже печальной традицией академических статей, представляемых специалистами в области популяционной генетики: хорошие подборки гаплогрупп и гаплотипов (правда, гаплотипов коротких, обычно 8-9-10 маркерных), совершенно ошибочные методы расчета хронологий ближайших общих предков этих гаплотипов, отсюда удручающе неверные выводы и заключения исторического характера. Как обычно, сами гаплотипы в статьях не рассматриваются, и ценная информация, заключающаяся в базовых, или предковых гаплотипах, совершенно не анализируется и не принимается во внимание. Вместо этого все гаплотипы всех гаплогрупп смешиваются в один «пул», рассчитываются некие суммарные «частоты», то есть

frequencies, и строится некая диаграмма «популяционной генетики и географии», показывающая некие «дистанции между популяциями».

Например, если в одной популяции есть преобладающий набор гаплогрупп А и В, а в другой – набор гаплогрупп R1a и R1b с примесью Q, то на диаграмме будут ясно видны два кластера, один А-В, другой R1b-R1a и относительно недалеко от них кластер Q, и расстояние между кластером первым и вторым будет самым большим. То есть последует вывод об отдаленности «популяционной структуры» населения Африки от населения Европы, по сравнению с расстояниями внутри самих кластеров, «внутри популяций». А если гаплотипы и рассматриваются, то, как правило, популяционные генетики применяют к ним печально известный «коэффициент Животовского», который завышает исторические оценки (датировки) примерно в три раза, а на самом деле как получится, обычно от двух до пяти раз. И то с погрешностью, близкой к 100%.

В ДНК-генеалогии, напротив, каждая гаплогруппа анализируется отдельно, в каждой выделяются ДНК-генеалогические ветви, и они анализируются тоже отдельно. Рассчитываются времена до общих предков каждой ветви, анализируется структура базовых гаплотипов, выявляется хронология «бутылочных горлышек» популяции, и восстанавливаются, реконструируются времена жизни общих предков популяций, которые не прошли «бутылочные горлышки». То есть информация получается несравненно более детальная, имеющая прямую связь с историей, причем хронология получается в абсолютном масштабе времени.

В этом принципиальная разница между ДНК-генеалогией и популяционной генетикой. В первой – воссоздать историческую картину времен жизни и миграций общих предков популяций, во второй – показать разницу между популяциями в отношении «похожести» или «непохожести», выразив это в некоторых коэффициентах, не имеющих абсолютного значения. Первая – по сути историческая наука, вторая – по сути генетическая. Сравнительная генетика. Популяционная генетика. Она, безусловно, важна, но для решения совершенно других задач.

Обсуждаемая работа строилась именно так, как описано выше. Были посчитаны «частоты» для ряда популяций Ливана, Кипра, Турции, Сирии, Балкан, Италии и Ирана, разделенных по региональному признаку и по религиозному. Например, среди 127 маронитов северного Ливана оказалось двое с гаплогруппой R1a1-M17. Записали – частота 1.6%. А с гаплогруппой R1b1-M343 – 8 человек. Записали – частота 6.3%.

В Западном Иране гаплогруппы R1a1 было 13.5% (27 человек из 200), R1b1 - 12.0% (24 человека). А в Восточном Иране - 22.6% и 5.6%, соответственно (28 и 7 человек из 124). Хорошие цифры, показывают, что в Восточном Иране гаплогруппы R1b1 мало, они все группируются в районе Анатолии, и на восток особенно не продвинулись. И с востока, судя по этим данным, особенно не продвигались. И действительно, у башкир на Урале и в Северном Казахстане R1b1 около половины, хотя распределена неравномерно. Но в обсуждаемой статье об этом нет, ни миграций, ни продвижений, тема не та. R1b1 - это скорее Центральная Азия, чем Иран.

По представленным в статье данным, максимум R1a1 по перечисленным популяциям - именно в Восточном Иране (22.6%), потом в Западном (13.5%), потом в Турции, «регионе 5» (12.8%) и на Балканах (11.5%), а максимум R1b1 - в Италии (35.8%), в «регионах 2, 6, 8, 9 и 7» Турции (32.1%, 21.2%, 20%, 15.4% и 14.9%, соответственно), и на Балканах (17.3%). И так по 30 популяциям и 15 гаплогруппам.

Эту матрицу нанесли на график, и получили облако точек, из которого считали «вариации» этих частот « между нациями», «между религиями», и «между регионами». Понятно, что это никакая не ДНК-генеалогия, и не имеет к ней никакого отношения.

Но авторы все-таки замахнулись на исторические оценки, хотя лучше бы они этого не делали. Потому что они опять, как принято у популяционных генетиков, сложили в один пул все мутации и разделили на все тот же «коэффициент Животовского», который выведен по сути для совершенно другой, в высшей степени искусственной ситуации (а именно, для тысяч гаплогрупп на протяжении десятков тысяч лет). В итоге они получили, совершенно не задумываясь (как следует из статьи) о смысле, что разделение христиан с мусульманами произошло 3475 лет назад (с доверительным интервалом между 2000 и 6025 лет назад!) или 3325 лет назад (с доверительным интервалом от 1875 до 4225 лет назад), и затем эти 3475 и 3325 лет усредняли (!), получив, надо полагать, 3400 лет назад. Поскольку, как авторы отмечают, это намного раньше времен как христианства, так и мусульманства, то они делают вывод, что эти народы стали разделяться еще в те времена, то есть за полторы тысячи лет до христианства, не говоря о мусульманстве. Потрясающе! Подумать об альтернативе, что просто неправильно считают, никому из 13 авторов статьи в голову не пришло, включая Спенсера Уэлса и Криса Тайлера-Смита. В итоге этот неверный вывод вынесли и в заключение статьи, и в Абстракт.

На самом деле, разделив на 3, тот самый средний поправочный коэффициент, отличающий «коэффициент Животовского» от здравого смысла, они бы получили, что разделение христиан и мусульман произошло примерно 1100-1200 лет назад, то есть в 8-10 вв нашей эры, плюс-минус несколько веков, то есть именно во времена распространения мусульманства.

Наконец, как и наблюдается практически всегда в статьях и книгах по популяционной генетике, ни одного гаплотипа в статью даже и не вынесли. Никакого обсуждения гаплотипов не было, как будто никакой информации они не несут.

Вот это и есть принципиальное отличие популяционной генетики от ДНК-генеалогии. Для последней – вид гаплотипа, его численное выражение – это визитная карточка, паспорт популяции. Сопоставление базовых гаплотипов популяций – это кладезь информации, недоступной в рамках популяционной генетики.

Детальный анализ гаплотипов и гаплогрупп R1a и R1b в Иране и Ливане был проведен нами в статье (Клёсов, 2011с), не будем здесь его повторять.

«Этническая история русских» полученная из «разнообразия мтДНК» (Morozova et al, 2011)

Статья – совсем недавняя, опубликована в декабре 2011 года. Авторы – группа сотрудников Института общей генетики РАН. Удивительно, что среди авторов нет Л.А. Животовского из того же института, но такую независимость и самостоятельность можно только приветствовать.

Изначально к статье симпатия, поскольку любой толковый материал про этническую историю русских можно только приветствовать. Что можно ожидать от такого материала? Давайте начнем скорее с того, что уже известно, в целом или в частности. Известно, что мужской состав этнических русских в основном определяют три гаплогруппы – R1a, N1c1, и I (I1+I2), на которые приходится суммарно примерно 84% (Клёсов, 2009b,c,d и ссылки там же). Это, условно говоря, восточные славяне (доля в Европейской части России в среднем 48%, но до 62% в южных областях России, и соответственно меньше на севере, от Пскова и севернее), южные балты (которых можно условно назвать финно-уграми, следуя лингвистической классификации), и на которые приходится в среднем 14%

по Европейской России, и, условно говоря, западно-европейцы (гаплогруппы I1 и I2, с их 6.5% и 15%, соответственно). Последние две гаплогруппы называют то «палеоевропейскими», то «древнерусскими», то «балтийскими», «скандинавскими» (I1), и «южно-славянскими» или «балканскими» (I2). Ни одно из этих названий не является абсолютным, и полностью зависит от контекста, в который эти названия помещают.

Например, «восточно-славянской» гаплогруппа R1a1 является только на территории России, и то только на основании лингвистических категорий. Название «Южные балты» для гаплогруппы N1c1 применимо только для тех, кто именно живет в России-Литве-Латвии-Эстонии, потому что они действительно принадлежат в основном южно-балтийской ветви гаплогруппы N1c1, со снипом L550 (субклад N1c1d) и характерными аллелями в гаплотипах (например, двойкой 9-9 и четверкой 14-14-15-15 в DYS459 и DYS464, соответственно). Та же гаплогруппа N1c1, но среди этнических финнов (то есть тех, кто считают себя финнами, говорят на финском языке и поколениями живут в Финляндии) южно-балтийской уже никак не являются, имеют негативный снип L550, двойку 10-10 и четверку 13-13-14-14, соответственно (Клёсов, 2011b).

Что касается гаплогрупп I1 и I2, то в России их совсем мало по сравнению с Британскими островами и вообще Европой. Поэтому по сути это «общеευропейские» гаплогруппы, хотя есть основания считать, что гаплогруппа I могла возникнуть на Русской равнине более 40 тысяч лет назад, и затем мигрировать на запад, в Европу. Возможно, там и разошлась на субклады I1 и I2, причем первый явно прошел бутылочное горлышко популяции примерно 3500 лет назад, в середине второго тыс до нашей эры, и в небольших количествах вернулся на Русскую равнину примерно 3200 лет назад. В применении в России их можно считать условно «южнорусскими», потому что, например, в Прибалтике их практически нет. Из тысяч гаплотипов проектов I1 и I2 только десяток прибалтийских I1, причем они есть только в литовском проекте, в котором 125 гаплотипов гаплогруппы N1c1 и 60 гаплотипов R1a1. В крупном проекте I2

<http://www.familytreedna.com/public/I2aHapGroup/default.aspx?vgroup=I2aHapGroup&vgroup=I2aHapGroup§ion=yresults>

среди 594 гаплотипов гаплогруппы I2 имеются только один литовский, один латышский и ни одного эстонского гаплотипа. Там же – 9 русских, 2 украинских и 6 белорусских гаплотипов. В еще более крупном проекте I1

http://www.familytreedna.com/public/yDNA_I1/default.aspx?section=yresults среди 3400 гаплотипов есть только один эстонский и 3 литовских гаплотипа, но 12 русских, 9 украинских и 3 белорусских. Эти данные можно, конечно, интерпретировать по-разному, но суть в том, что гаплотипов I1 и I2 на севере мало, и они смещены к югу. Назвать

гаплогруппу I1 «прибалтийской» в контексте Русской равнины было бы неуместно.

Все, что изложено в качестве введения выше и относится к мужским гаплогруппам, опубликовано во многих статьях в Вестнике в 2009-2011 гг.

Что касается женских мтДНК, то в целом известно, что преобладающей гаплогруппой в Европейской части России является гаплогруппа H (примерно 43%), а также гаплогруппы U5 (11%), T2 (9%), J (примерно 8%), остальные в меньшей степени (Клёсов, 2010b, 2011e и ссылки там же).

В отношении «этнической истории» России на основании мтДНК трудно представить что-либо новое или необычное, что такое исследование может дать, исходя из общих представлений. ДНК-генеалогию там особо не вычислить, потому что одна мутация в мтДНК происходит раз в несколько тысяч лет (Клёсов, 2011d и ссылки там же). С такими скоростями мутаций «этническую историю русских» изучать трудно, если под «русскими» не считать тех, кто жили на Русской равнине 5-10 тысяч лет назад. Более того, как показано в работах (Клёсов, 2009b,c,d), для всех трех основных мужских гаплогрупп их доля по областям Российской Федерации полностью неупорядочена и перемешана. Есть только общая тенденция роста доли гаплогруппы N1c1 на север (начиная с широты Пскова) и роста доли R1a1, напротив, на юг. По общим соображениям, мтДНК тоже должны быть там, в русских областях, перемешаны. Сколько тысячелетий прошло с их образования и множественных миграций, притом что женщины обычно переходили в замужество на другие территории. Но это – общие соображения, которые порой не подтверждаются объективными научными данными.

Посмотрим, что нашли в этом отношении авторы. Открываем статью с надеждами. Читаем Abstract. Там обычно в концентрированном виде то, что НАШЛИ, а не то, что ДЕЛАЛИ. По крайней мере так должно быть.

Итак, если отжать воду, а именно что «делали», то имеем:

1. Подтверждено, что средневековые славяне имели племенную структуру.
2. Показано, что «разнообразие» среди русских начинается во второй половине 1-го тыс нашей эры, «времени колонизации Восточно-европейской равнины славянскими племенами».

Как, и это всё? Кто бы сомневался в этих основных выводах, тем более что это все взято из учебников истории для средних классов школы.

(Более того, как показано ниже, это из данных авторов совершенно не следует. Но наберемся терпения. Перед нами – интересный и поучительный случай).

Ну ладно, уже ясно, что ничего нового не нашли. Или в известном ключе популяционной генетики новые выводы сделать просто побоялись, и подогнали к тому, что уже известно. Хорошая наука, удобная, неконфликтная.

Правда, в абстракте есть еще загадочная фраза, что *«картина разнообразия объяснена как влиянием нативных популяций восточно-европейской равнины, так и генетическими различиями среди ранних славян»*. Ну так почему не написали, что это дало? Что значит «объяснена»? Вывод-то какой сделан? Абстракт именно для того, чтобы вывод написать, а не поделиться, типа, что «мы работали».

Вот это и есть отсутствие грамотной школы в популяционной генетике. Никто не научил, что в абстракт выносят то, что найдено, как продвинута наука в результате исследования, а не то, что делалось. Типа «мы собирали грибы». А где грибы-то? «Да мы собирали».

Ладно, если даже ничего нового не нашли, но грамотно показали, что средневековые славяне делились на племена, и что общие предки славян жили во второй половине 1-го тысячелетия, уже хорошо для становления науки, пусть будет грамотным упражнением. Но уже закрадываются сомнения, потому что по Y-хромосомным гаплотипам известно, что ветви славянских (или пра-славянских) племен ведут свое начало в основном из начала-середины 1-го тыс до нашей эры, а общие предки этих племен жили на Русской равнине 4800±500 лет назад. В те же времена или чуть позже предки нынешних славян продвинулись в Прибалтику, на территории современных Литвы-Латвии. Примерно 4000 лет назад предки нынешних славян прошли до Южного Урала, основали андроновскую и синташтинскую археологические культуры, и примерно 3500 лет назад предки нынешних славян, точнее, братья наших предков, ушли в Индию, Иран, Анатолию, Саудовскую Аравию. Ушли, естественно, с Русской равнине, не по воздуху летели из Европы. Это была долгая миграция, с образованием племен, ветвей гаплотипов, образованием новых субкладов гаплогруппы R1a1. Хотя на север Русской равнины, в южную Прибалтику, носители южно-балтийской ветви гаплогруппы N1c1 прибыли действительно в середине 1-го тысячелетия нашей эры. Но перед этим там уже были носители гаплогруппы R1a1 (см. выше), что и формировало балтов и привело к образованию балто-славянской языковой группы. Это, в

частности, описано в первой части настоящей статьи, и дано с цитатами на наши предшествующие работы. Но явно неверно ограничивать наших славянских, или русских предков только «второй половиной 1-го тысячелетия нашей эры», это только угорские племена, ставшие южно-балтийскими. Может, авторы рассматриваемой статьи только их изучали? Смотрим дальше, саму статью.

Набор рассматриваемых мтДНК впечатляет. Помимо 953 образцов из России (образцы из 10 областей собирали сами, плюс пять областей добавили из литературы, всего получив образцы из 14 областей России, одна область перекрывалась по своим и литературным данным), еще добавили массу литературных данных по мтДНК, что позволило получить репрезентацию по мтДНК по шести языковым группам – славянской, балтской, финно-угорской, тюркской, германской, и иранской (последние – осетины и персы). Естественно, языковые группы здесь не при чем, в ДНК они не отражены. Речь идет о территориях преимущественного расселения носителей этих языков, причем в наше время. В древности эти (языковые) территории часто были, естественно, другие. Неясно, почему авторы так напирают на языки. Это у них, видимо, такой сленг, не очень удачный.

Для начала – сразу относительно мелкое замечание. Авторы много места уделяют описаниям статистических расчетов, как и положено популяционным генетикам, но на практике вся эта теория отбрасывается. Например, авторы пишут, что средняя частота восточно-евразийских гаплогрупп среди восточно-европейских российских областей составляет 2.44%, а среди поляков, например, только 1.8% (или максимум 1.8%). Это понятно – где поляки и где восточная Азия. Но на самом деле здесь не 2.44%, да еще с точностью до сотых долей процента. Цифры по всему полю прыгают, и, например, гаплогруппа А почему-то подскакивает до 3.23% у смоленцев (на самом деле там 2 человека из 62 смолян, какие уж там «3.23% до сотых долей процента», статистическая погрешность при двух человеках как минимум плюс-минус 70%, и то это для одной сигма, для двух сигма погрешность вдвое выше, что вообще почти теряет смысл). У рязанцев гаплогруппу А имеет один человек из 60, и еще у новгородцев – один из 114 человек. У остальных 11 областей – ни одного. Чего уж там усреднять, да еще до сотых долей процента... Короче, восточно-азиатских гаплогрупп в российских областях по представленным данным $2.45 \pm 1.50\%$, а у поляков – 1.8%, и тоже с погрешностью. Так что это одни и те же цифры, у русских и поляков, в пределах погрешности.

Вот это и огорчает, что авторы не понимают, или пренебрежительно относятся к тому, как надо представлять данные. Это тоже результат отсутствия у них хорошей научной школы. Это и сыграло с ними

фатальную шутку, как станет ясно ниже. Надо же понимать, что складывая, вычитая и деля цифры статистической природы, надо особенно внимательно представлять интервалы погрешности, доверительные интервалы. Нельзя писать 2.45%, когда там $2.45 \pm 1.50\%$, то есть как минимум между 0.95% и 3.95%. Потому и генетические дистанции при таких расчетах обречены на ложность, при вычитании одних малых чисел с большими погрешностями из других, да еще возводя в квадрат.

Короче, ясно, что мало у русских восточно-азиатских гаплогрупп по сравнению с тремя основными – H, U и U5 (и далее – J и T), и этого достаточно. Остальных западно-евразийских тоже мало, на уровне единиц и долей процента. Ясно, что это случайно примкнувшие, и не нужно там пытаться «наводить науку» на сотых долях процента. Никакого научного смысла в такой точности нет. Главное, что это не имеет никакого прямого отношения к истории этнических русских. Эти доли процента могли попасть в указанные области когда угодно, хоть в этом веке, хоть в прошлом, хоть в позапрошлом.

Кстати, интересно, что гаплогруппа U, которую в избытке нашли авторы, полностью отсутствует у этнических русских по данным (Behar et al, 2010). Она по данным Бехара и др. сохранилась только у узбеков, да и то на уровне менее 5%, а больше ни у кого в мире ее нет, хотя гаплогруппы U5 по тем же данным 10.6%. Так что здесь сильное противоречие с опубликованными ранее данными. Но не будет останавливаться, пусть авторы сами разбираются.

Дальше пошла любимая игра популяризаторов – все гаплотипы перемешали, невзирая на гаплогруппы, и построили поле «генетических дистанций», по прописи Кавалли-Сфорца 1967 года, 45 лет назад. То есть гаплогруппы-гаплотипы определяют по высшему классу, а затем впрягают в старую телегу. А смысл? Получили, что русские по всей солянке-совокупности всего и вся попадают в ближайшее окружение поляков, боснийцев, мордвы, марийцев, чувашей, татар и осетин. Можно добавить карелов и словенцев, они тоже недалеко. Ну, и что нового? Мы воздели в изумлении руки? Остается добавить, что это представители славянской, финно-угорской, тюркской и иранской языковых групп. Информативно, да? Зато германская и балтская группы остались вдаль, скажет торжествующе популяризатор. Вот именно это и показывает, что никакой научной ценности в этих построениях нет. Потому что половина литовцев – гаплогруппа R1a1, общая с восточными славянами, как и пятая часть немцев, столько же у шведов, четверть у венгров, что тоже находятся в отдалении на диаграмме. А это и есть общая история, один род. Можно сказать, конечно, что у женщин одна корреляция, у мужчин – другая. Ну, и что это тоже даст? Что

история женщин и мужчин у русских (и у других) разная? Да, наверное, и это тоже. Женщины в род приходили, или их силой привозили из разных краев, в том числе и из восточной Азии. Ну и что это говорит об истории этнических русских?

«Русские ближе к волго-уральскому региону», делают вывод авторы из этой диаграммы. Что, рядом стоящие поляки, боснийцы и осетины – это волго-уральский регион? Что это, как ни откровенная натяжка? Впрочем, она объясняется легко. Следующая фраза – *«заметим, что это в полном согласии с их географическим расположением»*. Вот и подогнали. А то, что у поляков и русских по половине, а местами и по две трети одинаковой гаплогруппы R1a1 – это не близость географического расположения? То же и с белорусами. С каких пор белорусы – это волго-уральский регион?

Авторы здесь же делают ссылку на то, что *«это позволяет узнать генетические характеристики сообществ, которые существовали до современных этнических групп»*, причем это ссылка на работу 1969 года одного из авторов, С. Рычкова. Это положение тоже непонятно в контексте данной работы. Что за «генетические характеристики» авторы узнали, которые существовали до современных этнических групп? Начнем с того, что мтДНК в этом контексте – это не «генетическая характеристика». Да и вообще, какой смысл здесь этой фразы? О каких «сообществах» здесь речь? О гаплогруппе H? Так она и сейчас существует.

Авторы представляют таблицу, в которой указаны «генетические расстояния» от усредненных русских мтДНК до усредненных мтДНК шести языковых групп. Вообще сама концепция приравнивать современные «языковые группы» к гаплогруппам-гаплотипам является более чем сомнительной. Иногда это работает, но для языковых и гаплогруппных изолятов (например, баски). Для балтов, например, у которых половина гаплогруппы R1a1, это непонятно что дает. У авторов получилось, что ближе всех к русским – славянская языковая группа. Кто бы удивлялся, тем более, что у них преобладает опять же R1a1 (у мужчин) и H (у женщин). Рядом – балты (причина та же). А дальше всех – иранцы, то есть осетины и персы. Опять, кто бы удивлялся. Тем более что это должно зависеть от времени, и от того, сравнивают с мужчинами или женщинами. Персы 2500 лет назад – это определенно преобладание R1a1 (у мужчин), ариев того времени. Это – родные братья наших праславянских предков той же гаплогруппы R1a1. Кстати, и гаплотипы почти одни и те же, вплоть до 67-маркерных (Клёсов, 2011а). Кто были их женщины – мне неясно. Начиная с 7-го века н.э. ариев значительно вытеснили мусульмане, гаплогруппы J2 в большой степени. Языки тем не менее остались иранские, хотя уже трансформировались в новейшие иранские языки. А современные

осетины – это в большой степени гаплогруппа G (у мужчин). У женщин – надо разбираться, но судя по данным таблицы 3 – удаленные по мтДНК от русских женщин, что не удивительно. Ну и что эта таблица дает? Что осетинские женщины не сделали большого вклада в ДНК русских женщин? Я лично не удивляюсь. Думаю, что и никто не удивится. И что там «полностью подтверждает концепцию русского этногенеза», как утверждают авторы статьи? Неудивительно, что авторы не вынесли это в Абстракт, там нечего выносить. Иначе пришлось бы написать, что русские женщины близки к балтийским и далеки от осетинок. Это, видимо, и есть «концепция русского этногенеза».

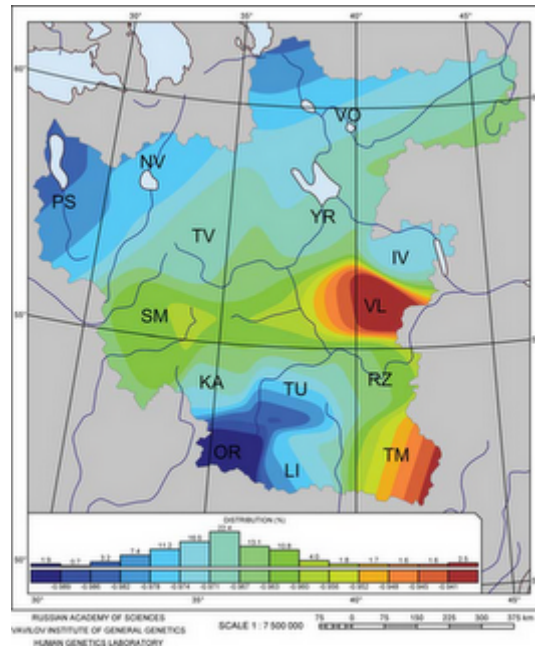


Рис. 5. Области: VO - Вологодская, NV – Новгородская, PS – Псковская, YR – Ярославская, TV – Тверская, IV – Ивановская, SM – Смоленская, VL – Владимирская, KA – Калужская, TU – Тульская, RZ – Рязанская, OR – Орловская, LI – Липецкая, TM – Тамбовская. Голубой цвет (для электронного выпуска Вестника) – популяции, близкие к усредненным «средним русским» по всем популяциям, коричневый – удаленные от «средних русских» (из статьи Morozova et al, 2011).

Авторы усреднили всех русских по «генетическим дистанциям» (про погрешности – см. выше), а затем по областям определили, какие области как отклоняются от «средних русских». Те, кто отклоняются меньше, изобразили голубым цветом на рис. 5, кто отклоняется больше – коричневым цветом. Авторы заметили, что то же самое разделение наблюдается и по Y-хромосомным «маркерам» (Гаплогруппам? Гаплотипам?). Для меня это большая новость, и я сильно сомневаюсь, что авторы понимают, что написали. Что там по гаплотипам-гаплогруппам

отличается в Орловской и Владимирской областях – это какая-то мистика. Например, по данным Roewer (см. ссылку в работе Клёсов, 2009b), в Орловской области из 42 гаплотипов 19 R1a1, семь I, пять N1c1, четыре R1, четыре G, и по одному DE, J2, и K. Что там во Владимирской области может быть принципиально другое? Даже в среднем Орловская область такая же, как Россия, с 45% R1a1 (в России в среднем 48%) и 12% N1c1 (в России 14%).

Что в статье дальше, в отношении языка – это просто издевательство над здравым смыслом. Принцип такой, что любые цифры можно усреднять, складывать, вычитать, и почему это не сделать? Авторы усреднили «генетические дистанции» по северным, центральным, юго-западным и юго-восточным областям, и стали измерять усредненные же дистанции от мтДНК указанных выше шести языковых групп. Понятно, что дело здесь вовсе не в языках, а в географии. Получилось, ясное дело, что меньше всего расстояние от славян (потому что они и есть в основном славяне), равное -0.89 ± 0.07 (это уже мои усреднения по их данным, но без включения погрешностей самих данных), далее – от балтов (литовцев и латышей), то есть от западно-прибалтийского региона -0.66 ± 0.12 , далее – от финно-угров (финны, эстонцы, карелы, венгры, мордва, марийцы, коми и удмурты) -0.62 ± 0.36 , далее – германская группа -0.27 ± 0.40 , тюркская (башкиры, чувашаи, азербайджанцы, турки, узбеки, туркмены) $+1.10 \pm 0.27$, и иранская (осетины и персы) $+1.33 \pm 0.18$.

Что это дает, кроме совершенно очевидного, что это говорит об «истории этнических русских» – совершенно непонятно. Чем дальше культурно и гаплогруппно, тем дальше и получается. А что, кто-то ожидал иначе? ЧТО с помощью полученных данных удалось показать? Какую историческую загадку решить? Какую новую методологию предложить и обосновать? И, главное, по названию статьи – что это сказало об «этнической истории русских»? Что русские – не персы и не осетины? И не туркмены с азербайджанцами? Можно было бы отложить также религию в какой-либо цифровой форме, формы жилищ, похоронные ритуалы, облаченные в номера, форму букв алфавита, и получилось бы тоже самое. Наверное, всё это говорит об истории в том смысле, что история была разной, раз алфавит другой – там арабская вязь, а там кириллица, а там латинские буквы, только разве в том была задача статьи?

На этом раздел «Результаты» закончился. Минуточку, а как насчет второй половины 1-го тысячелетия нашей эры, к которому, по подаче Абстракта, сводится «разнообразие» мтДНК? Об этом ведь пока не было ни слова, как и о «славянских племенах» и о колонизации ими Восточно-Европейской равнины. Приехали. Добро пожаловать в популяционную генетику. Как и предсказывалось, ничего об этом найдено не было, но чтобы было типа

научно и неконфликтно, просто переписали из учебника для средней школы и подали, якобы это – ура! – подтвердили, причем строгими научными методами. Изучением мтДНК.

После этого раздел «Обсуждение» можно и не читать, все уже сказано. Там сейчас, разумеется, пойдет акробатика. Но мы прочитаем. Там особенно интересно.

Первое – что данные якобы показывают деление «исторических русских» (это-то откуда? Это ведь мтДНК современников при полном отсутствии расчетов датировок по мутациям в гаплотипах) на три части. Итак, это «северные русские», финно-угры, и «южные русские». Да, мы знаем, что при продвижении с севера на юг в Y-хромосомах в целом уменьшается доля N1c1 и возрастает доля R1a1 и I1/I2. Но N1c1 – это не «финно-угры», у тех совершенно другие гаплотипы, другие субклады этой гаплогруппы. Да и что там делить – «генетические дистанции» у «северных русских» (округленно, чтобы снять «научообразность») 5.9, 3.8, 5.8, 5.8, у «юго-западных» 6.3 и 4.8, плюс 1.7 в Орловской области. Да нет в Орловской области такого различия от остальных юго-западных областей, там все перемешано. Такие различия надо по несколько раз проверять-перепроверять, а не просто бухнуть цифры, типа – смотрите, что у нас получилось. Дивитесь, громадяне.

А вся разница всего лишь в том, что в Орловской области все три основные «русские» гаплогруппы – H, U и U5 оказались по доле примерно такие же, как усредненные по России. Но поскольку авторы не рассчитывают погрешности, это сыграло с ними злую шутку. Давайте посмотрим. Погрешности пришлось рассчитать уже мне, авторы обходятся без них. Точнее, они приводят нечто (например, в таблице 3 в их статье), но там погрешности якобы на уровне сотых и тысячных долей процента. Это уже даже не смешно. Это – трагедия в отношении той же научной школы.

Ниже я рассчитывал погрешности при одной сигма (68% достоверности), но при двух сигма (95% достоверности) погрешности надо увеличить вдвое.

Гаплогруппа H.

В Орловской области эту гаплогруппу имеют 51 человек из 115, то есть 44.3 ± 6.2 . Усредненные по России – 40.5 ± 5.4 .

Гаплогруппа U.

В Орловской области эту гаплогруппу имеют 22 человека из 115, то есть 19.1 ± 4.1 . Усредненные по России – 20.8 ± 6.0 .

Гаплогруппа U5.

В Орловской области эту гаплогруппу имеют 12 человек из 115, то есть 10.4 ± 3.0 . Усредненные по России – 10.9 ± 4.8 .

Посмотрим на Калужскую область, она якобы резко отличается от Орловской (отличие Орловской области от средней по России по данным авторов 1.662, Калужской 6.296).

Гаплогруппа H.

В Калужской области эту гаплогруппу имеют 26 человек из 70, то есть 37.4 ± 7.3 . Усредненные по России – 40.5 ± 5.4 .

Гаплогруппа U.

В Калужской области эту гаплогруппу имеют 18 человек из 70, то есть 25.7 ± 6.1 .

Усредненные по России – 20.8 ± 6.0 .

Гаплогруппа U5.

В Калужской области эту гаплогруппу имеют 8 человек из 70, то есть 11.4 ± 4.0 . Усредненные по России – 10.9 ± 4.8 .

Как видно, Орловская и Калужская области одинаковы в пределах погрешности со средним по России по всем трем гаплогруппам – H, U и U5. Но поскольку авторы погрешности не считали, а числа малые, то погрешности были 14%, 21% и 29% для Орловской области, и 20%, 24% и 35% для Калужской. И это – для 68%-ного доверительного интервала. Для 95%-ного погрешности достигают 70%.

Вот и получается, что для юго-западного региона то, что показано как «девиации» 1.662 для Орла и 6.296 для Калуги – это на самом деле одно и то же в пределах погрешности экспериментальных данных. Поэтому все синтетические карты авторов и их выводы в отношении разных групп населения – ломаются как карточный домик, извините за каламбур.

Это же касается и все остальных цифр в статье. На самом деле распределение («разнообразие») мтДНК по всем 14 областям России одинаковое в пределах ошибки измерения. К этому же выводу я пришел еще в 2009 году в отношении распределения гаплогрупп Y-хромосомы по областям. Повторю - всё, что можно сказать – это то, что к северу (от Пскова) доля гаплогруппы N1c1 возрастает, а R1a1 снижается, но по областям никакой воспроизводимой закономерности нет.

Все остальное обсуждение в статье уже не имеет никакого значения, так как строится на сплошной широкой ошибке. Все обсуждение построено на ложных цифрах и закономерностях, либо просто списано у археологов. Данные по самим мтДНК по областям полезны и могут пригодиться в будущем. Все остальное – нет.

Вот и вся популяционная генетика авторов.

Послесловие. Я направил копию этой главы основному автору обсуждаемой статьи, И.Ю. Морозовой в Институт общей генетики, и предложил высказать свои соображения «в порядке дискуссии» для включения в настоящий номер Вестника. И.Ю. Морозова вежливо отказалась.

Сибирские и америндские гаплотипы гаплогрупп R1b и Q1a (Malyarchuk et al, 2011)

Эта статья представляет показательный пример, как очень хороший материал может быть резко испорчен применением фундаментально неверных скоростей мутаций (так называемых «популяционных скоростей мутации» Л. А. Животовского) . Остается мистикой, как «академическая популяционная генетика» слепо приняла совершенно неверный подход и активно публикует статьи с неверными датировками, которые в 2.5-4 раза (на 250-400%) завышают (удревяют) времена жизни общих предков популяций. Любые исторические оценки и утверждения при этом становятся безнадежно неверными. Поразительно, что никто в «академическом популяционно-генетическом мире» за 5-6 лет не удосужился проверить базу этого безумного подхода, проверить его «калибровку», обратить внимание на откровенную подгонку «метода» – слово «натяжка» здесь уже не подходит, натяжек на 300-400% не бывает, здесь откровенная и намеренная фальсификация. Никто не подумал, как это может быть, чтобы одна и та же величина «скорости мутации» (0.00069 мутаций на маркер на 25 лет) была применима к любым гаплотипам – 6-маркерным, 7-, 8-, 9-, 10-, 12-маркерным и так далее (см. об этом ниже)

И вот сейчас опять – статья 2011 года, прекрасный материал, а «датировки» почти всё испортили.

По порядку. Статья фактически состоит из нескольких частей. **Одна часть** – гаплотипы гаплогруппы R1b в северной Азии, в Сибири. Приводятся

популяции, в которых найдены гаплотипы групп R1b1b1-M73 и R1b1a2-M269, для некоторых приведены базовые гаплотипы, местами даны датировки. Последнее никуда не годится, как и выводы исторического, хронологического характера, которые делаются на основе полученных «датировок». **Вторая часть** – гаплотипы гаплогруппы Q1a3, но короткие, семи-маркерные. Опять датировки, неверные. **Третья часть** – о миграции предков этих гаплотипов из северной Азии в Америку, через Берингов пролив.

Главные результаты следующие (у авторов, как обычно у популяционных генетиков, плохо со статистическими оценками, поэтому я даю их результаты с округлением. Например, 5 из 38 – это $13\pm 6\%$, поэтому давать «13.2%» лишено смысла; и это для одной сигма, то есть с доверительным интервалом в 68%. Для 95%-ной надежности, о которой здесь речи быть не может это $13\pm 12\%$):

1. Доля гаплогруппы R1b1b1-M73 у сибирских популяций:
 - Шоры, 5 человек из 38 (13%)
 - Телеуты, 5 из 44 человек (11%)
 - Калмыки и хакасы, 2 из 60 и 64 чел, соответственно, примерно 3%
 - Тувинцы, 2 из 108 человек, около 2%
 - Алтайцы, 1 из 89 человек, около 1%

Это – немного (кроме шор и телеутов), но важно. Чуть ниже я поясню, почему важно. По данным авторов, гаплогруппа R1b1b1-M73 расходится на два базовых гаплотипа (возможно и на три, но третий они не приводят), которые в формате FTDNA можно записать следующим образом (последние два маркера – DYS 437 и DYS438):

13 22 14 11 13 16 X X 13 13 13 17 – 15 10

13 19 14 11 13 13 X X 13 14 13 16 – 15 10

До этого места все замечательно. А потом пошли датировки. Для первого базового гаплотипа якобы 4400 ± 1500 лет, для второго якобы 5600 ± 4000 лет назад. Результаты, повторяю, неверные. На этом данная часть в статье закончена, с призывом найти больше аллелей и убедиться, что происхождение этих гаплотипов – сибирское.

Даю свою интерпретацию этой части работы. Из данных работы можно вычислить, что первый базовый гаплотип относится к популяции из 15 человек (все 5 шор, все 5 телеутов, оба хакаса, плюс мариец, турок [?] и татарин), и все 15 человек имели 22 мутации в их гаплотипах.

Действительно, если применить «скорость Животовского», то $22/15/12/0.00069 = 177$ условных поколений, то есть $177 \times 25 = 4425$ лет. В статье - 4400 лет.

Но это неверно. Для показанных 12-маркерных гаплотипов константа скорости мутации равна 0.024 на гаплотип на условное поколение в 25 лет (Klyosov, 2009), и получаем $22/15/0.024 = 61 \rightarrow 65$ поколений (стрелка показывает поправку на возвратные мутации), то есть 1625 ± 380 лет до общего предка. Разница - на 270%.

Далее, по данным статьи (рис. 2) этот базовый гаплотип имели 5 человек из 15, что дает $[\ln(15/5)]/0.024 = 46 \rightarrow 48$ поколений, то есть 1200 ± 580 лет до общего предка. В принципе, эти значения находятся в пределах погрешности, которая велика из-за малости выборки. Если бы случайно (именно так) базовый гаплотип имели не 5, а 4 или 6 человек, то получилось бы $[\ln(15/4)]/0.024 = 55 \rightarrow 58$ поколений, или 1450 лет, или $[\ln(15/6)]/0.024 = 38 \rightarrow 40$ поколений, или 1000 лет до общего предка. В любом случае, общий предок с данным базовым гаплотипов жил в первом тыс нашей эры.

Вот тот же базовый гаплотип, но с бОльшим количеством аллелей, в соответствии с пожеланиями авторов статьи. Эти данные мной опубликованы еще в 2008 году (Клёсов, 2008). Ниже - базовый гаплотип гаплогруппы R1b1a1-M73 (по номенклатуре 2011 года), найденный в Центральной Азии - узбеков, таджиков, тувинцев, уйгур, казахов

13 22 14 11 13 17 12 12 12/13 13 13 17 -- 15 9 9 11 11 23 15 20 29 12 15 15 17 -- 10

Совпадающие (с данными обсуждаемой работы) мутации отмечены синим (для электронного издания Вестника), отличающиеся - красным.

Как видно, это один и тот же гаплотип, всего лишь с одной мутацией. Его датировка - 2500 ± 560 лет до общего предка. Похоже, что сибирский базовый гаплотип - мигрант из Центральной Азии, но неподалеку.

Для второго базового гаплотипа R-M73

13 19 14 11 13 13 X X 13 14 13 16 - 15 10

якобы 5600 ± 4000 лет назад. Результаты, повторяю, неверные.

Даю свою интерпретацию этой части работы. Из данных работы можно вычислить, что второй базовый гаплотип относится к популяции из 11 человек (3 башкира, 2 калмыка, 2 тувинца, татарин, кабардинец, русский и

алтаец), и все 11 человек имели 20 мутации в их гаплотипах. Действительно, «по Животовскому» $20/11/12/0.00069 = 220$ условных поколений, то есть $177 \times 25 = 5500$ лет. В статье – 5600 лет.

Но это опять неверно. На самом деле получаем $20/11/0.024 = 76 \rightarrow 83$ поколения, то есть 2075 ± 510 лет до общего предка. Разница – опять 270%.

Далее, по данным статьи (рис. 2) этот базовый гаплотип имели 2 человека из 11. Это дает $[\ln(11/2)]/0.024 = 71 \rightarrow 77$ поколений, то есть примерно 1925 лет до общего предка. Сошлось почти абсолютно. Это показывает, что общий предок был действительно один, и мы его нашли. Он жил примерно на границе старой и новой эры.

Вот тот же базовый гаплотип, но с бОльшим количеством аллелей (Клёсов, 2008):

13 19 14 11 13 13 12 12 14/**13 14 13 30** -- 17 9 9 11 11 23 **15** 19 33 12 15 15 16 -- **10**

Совпадающие мутации (с данными авторов) опять отмечены синим, отличающихся здесь нет.

Это один и тот же гаплотип. Его датировка - 1075 ± 300 лет до общего предка. Видимо, добавление кавказцев и русского его удревнило.

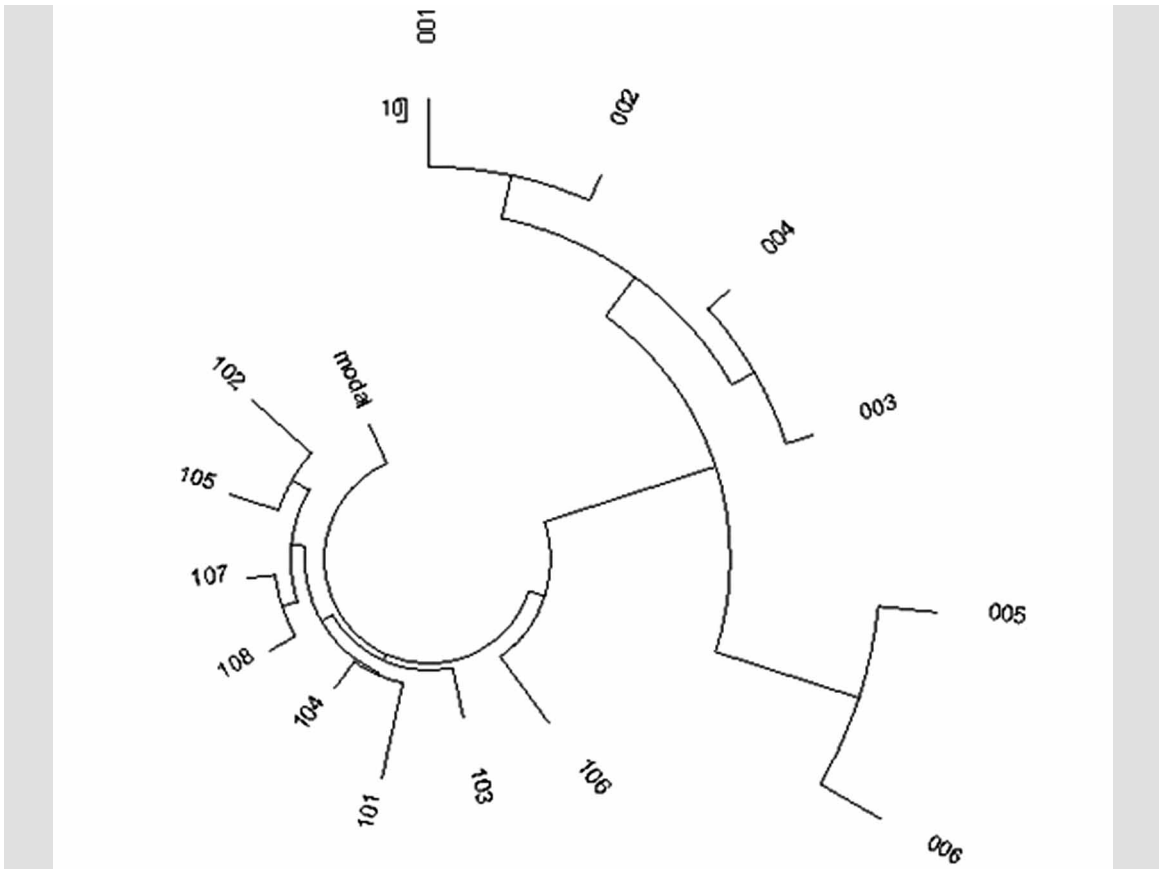


Рис. 6. Дерево из четырнадцати 25-маркерных гаплотипов среднеазиатских гаплотипов гаплогруппы R1b (Клессов, 2008).

Вот так (см. выше) выглядит дерево гаплотипов с этими двумя ветвями (Клессов, 2008).

Оба центрально-азиатских базовых гаплотипа расходятся на 18 мутаций, что дает $18/0.046 = 391 \rightarrow 624$ поколения, то есть 15,600 лет, и их общий предок жил $(15600+2500+1075)/2 = 9,600$ лет назад. Видимо, жил в Центральной Азии, возможно, в Сибири. В целом расчеты по многим выборкам показывают, что общий предок гаплогруппы R1b жил в Центральной Азии 16 тысяч лет назад (Клессов, 2011e).

Датировки, которые авторы дают в статье, что общий предок гаплогруппы R-M73 жил якобы 20,400 или даже 39,600 лет назад категорически неверные. Там опять надо делить примерно на три-четыре, хотя насколько именно – зависит от конкретных серий гаплотипов.

Последующее обсуждение в статье в значительной степени базируется на неверных датировках, поэтому большого интереса, увы, не представляет.

«Неолит в зеркале генетики» (Balanovsky, O.P, 2009)

Статья, увы, совершенно пустая, и я немало размышлял, стоит ли вообще о ней упоминать даже в критическом варианте. Но решил, что под рубрикой «Берегитесь погнетиков» можно и упомянуть. Вообще когда люди типа автора цитируемой работы пишут про неолит, не умея и не пытаясь датировать исторические события тех (и вообще каких-либо) времен, основываясь на **СОВРЕМЕННОМ** распределении гаплогрупп, да и то на уровне «клин с юго-востока на северо-запад», не понимая, что в те времена распределения были совершенно другими, постоянно называя тех жителей «фермерами», а других «охотниками-собираателями», не имея на самом деле понятия, **ЧТО** это реально дает при описании, какую информацию, и почему не просто «люди», то понятно, что статья и будет пустой. На самом деле она фантастически пустая, совершенно неинформативная, и везде, где делалась редкая попытка дать хоть какую-то информацию, последняя оказывалась неверной. Свои данные автор приводит только в виде одной карты, да и то только для современных распределений нескольких гаплогрупп. К неолиту это никакого отношения не имеет, а если что-то имеет, то автор этого все равно не знает, что именно имеет, что там было и когда.

Поэтому статья, все ее десять страниц, была обречена на пустоту еще до ее написания, просто по определению. Взглянем на раздел «Заклучения», может, хоть там что-то? В нем восемь абзацев. Первый описывает то, что есть две концепции модели неолитизации – физическая («демическая») диффузия и «культурная диффузия». Ничего своего автор, естественно, не предлагает, да и что он может предложить? Поэтому конец абзаца зависит, и даже своего мнения автор не высказывает. Да и что он может высказать? Это, напоминаю, раздел «Заклучения».

Второй абзац – автор перечисляет несколько вопросов, которые остаются неясными или нерешенными историками и антропологами, как, например:

- заселение Европы в верхнем палеолите анатомически современными людьми (здесь вообще неясно, в чем автор видит вопрос и какой именно),
- перезаселение Европы в мезолите и соответствующее «реструктурирование генетического ландшафта» из двух-четырех «убежищ» (в чем вопрос, автор опять не указывает, как и что за «убежища»),
- «важность неолитической экспансии» в виде распространения «фермеров» или распространения «неолитического культурного набора» (Neolithic cultural package),

-- «роль пост-неолитического передвижения людей по Европе» (роль чего и в чем – автор не указывает).

Вот эти шаблонные обороты, которые я вынужден брать в кавычки, поскольку непонятно, что они несут в данном контексте, повторяются постоянно, и являются характерным признаком статьи и стиля автора. Что автор адресует, в чем вопрос, к чему относится «важность... экспансии», важность в чем и для чего? Что вообще популяционная генетика может сделать для решения этих вопросов и что предлагает автор – вообще остается за бортом, кроме глухого упоминания аутосомных (классических) и аутосомных ДНК маркеров, а также мтДНК и «Y-хромосомных вариаций». Что за «вариации» - тоже остается неизвестным. Ни одного гаплотипа в статье не приведено, ни одной иллюстрации «вариаций» не дано. Идет некий «поток сознания», хотя слово «сознание» здесь не очень применимо.

Чтобы не показалось, что я здесь просто «беспредметно критикую», замечу, что я в данном контексте привел бы (или процитировал) серии гаплотипов и показал, что датировки прибытия носителей гаплогруппы R1b в Европу относятся к 4800 лет назад (на Пиренеях) и 4500 лет назад в Центральной Европе и на Балканах, привел бы карты распределения гаплогруппы R1b по Европе в те времена и позже, показав динамику заселения во времени и по регионам в 3-м и 2-м тыс до н.э., и то же самое для гаплогруппы R1a, и показал бы, что заселение Прибалтики гаплогруппой N1c1 к неолиту уже никак не относится, это в основном наша эра, в некоторых случаях 1-е тыс до н.э. Но это не популяционная генетика, это ДНК-генеалогия. Ее расчеты уходят вглубь до времен образования европеоидов примерно 58 тысяч лет назад, хотя миграции гаплогрупп по регионам для верхнего палеолита – задача пока нерешенная и для ДНК-генеалогии, но некоторые соображения для их последующей проверки выдвинуть уже можно. Что касается неолита, ДНК-генеалогия уже располагает многими вполне определенными данными, которые О. Балановский, видимо, не знает, а если и читал о них – то не описывает и не цитирует. Это – не его профиль, не его область знаний.

Последующие два абзаца – опять совершенно пустые, никакой информации не дают, кроме того, что старые положения популяционной генетики в отношении «клима юго-восток – северо-запад» «больше не считаются» признаком «неолитической экспансии». Что им считается сейчас – автор не говорит.

Автор пишет, что «Y-хромосомные данные показывают определенные домены доисторических передвижений по Европе». Откуда он это взял и на

чем это основано – автор не пишет. О каких «Y-хромосомных данных» речь – тоже остается непонятным. Что за «домены доисторических передвижений»? Или это на самом деле современные распределения гаплогрупп? Какое отношение они имеют к доисторической Европе?

Автор просто взялся не за свое дело. То, о чем он хотел написать, и, к сожалению, написал, причем совершенно невнятно и неквалифицированно, требует совершенно специальной методологии, над которой последние годы работает ДНК-генеалогия. Ни слова об этом в разбираемой статье нет. Пустые слова о неких «мезолитических рефьюджиях» без четкой связи их с гаплотипами и гаплогруппами, датировками, остаются пустыми словами. Шаблонные фразы о Балканах как «воротах в Европу» делу нисколько не помогают, поскольку данные все равно не приводятся, и слова о том, ЧТО именно, в этих «воротах», «заслуживает особого внимания», остаются пустыми.

Очередной пассаж – «Ранние фермеры в Иберии... имели генетический тип европейских аборигенов» – опять пустые слова. Какой именно «генетический тип», кто это «ранние фермеры в Иберии», что за «европейские аборигены», какие гаплогруппы, какие гаплотипы, какие датировки – ничего этого в статье нет. Ничего этого автор не знает, зачем писать-то? Такое впечатление, что статью писал какой-то бездушный робот, запрограммированный на генерирование пустых фраз. Если речь идет о носителях гаплогруппы R1b в Иберии – а их там большинство – то они прибыли на полуостров около 5 тысяч лет назад. Это и есть «ранние фермеры»? Или кто-то другой? Если они, то никакого «генетического типа аборигенов» они не имели.

Воистину – берегитесь популяционных генетиков.

Генетическая генеалогия: история и методология (Е.Я. Тетушкин, 2011)

Статья опубликована недавно, в журнале «Генетика» (Тетушкин, 2011). Представляет вполне добротное описание истории этой области науки, начиная от Дарвина, через Н. Кольцова и Ю. Филипченко и до недавнего времени. ДНК-генеалогия в статье, естественно, не описана, хотя несколько ссылок под запятую даны, в глухом, так сказать, варианте. Причина опять понятна – автор не владеет методологией и материалом ДНК-генеалогии, поскольку она не «генетическая генеалогия» и не популяционная генетика, и автор обсуждаемой статьи это фактически подтвердил.

То, что автор не владеет материалом ДНК-генеалогии, он продемонстрировал тем, что по ходу описания задел три вопроса, которые популяционные генетики как не понимали раньше, так не понимают и сейчас. Это – (1) история с «модальным гаплотипов коэнов», (2) история с «популяционными скоростями Животовского», и (3) история с «мутациями в парах отец-сын». Разберем эти три случая в показательном, так сказать, варианте.

По мнению автора рассматриваемой статьи, определяющее значение для формирования идеологии и методологии «генетической генеалогии» в ранний период ее развития сыграли, в частности, публикации о Y-хромосомах еврейских священников, коэнов. С этим можно согласиться, но в двойственном варианте. С одной стороны, столь броская тема, поданная в стиле почти «желтой прессы», несомненно, привлекла внимание общественности к «генетической генеалогии». С другой стороны, то, как это обрабатывалось в научном отношении, заложила основы фантазийного и научно несостоятельного, некритичного подхода «генетической генеалогии» до настоящего времени, что, собственно, и является предметом нашего анализа. Это тут же породило и якобы 30-тысячелетнюю историю гаплогруппы R1b в Европе, и «украинское убежище гаплогруппы R1a во время ледникового периода», и «прародину» гаплогруппы R1a1 в южнорусских степях, хотя почему-то назвав ее при этом «украинской» гаплогруппой. Это в русском языке называется «лепить в белый свет как в копеечку», то есть без каких-либо оснований.

Примерно то же произошло и с «модальным гаплотипов коэнов». То, что этому «модальному гаплотипу» как минимум 9 тысяч лет (Klyosov, 2009b) - авторы не знали и не подумали, в популяционной генетике альтернативных вариантов гипотез вообще не признают. Но это еще полбеда. А вот то, как анализировали данные, это уже хуже. Рассмотрим это.

История с «модальным гаплотипов коэнов»

В 1997 году в журнале Nature была опубликована короткая статья «Y-хромосомы еврейских священников» (Skorecki et al, 1997). Эта статья вскоре приобрела статус пионерской и легендарной. В ней было объявлено, что частота определённых гаплотипов еврейских священников отличается от частоты встречаемости гаплотипов «простых» израэлитов. В работе с помощью двух маркеров ДНК изучались гаплотипы 188 евреев из Израиля, Северной Америки и Британии. При этом те, кто не были уверены в своем коэновском происхождении, включая левитов, выводились в отдельный список «израэлитов». Так были отобраны 44 коэна-ашкенази, 24 коэна-

сефарда, и 120 не-коэнов, израэлитов. Авторы, впрочем, не обмолвились, что доля коэнов в выборке (36%) намного превышает ожидаемую цифру 5%, приведенную в самом начале статьи.

В итоге авторы сообщили, что нашли ДНК-метку, которая встречается только у 1.5% коэнов, но у намного большего числа (18%) израэлитов. Другая метка, не из Y-хромосомы, взятая для сравнения, встречалась в одинаковой степени у коэнов и израэлитов. Коэны, стало быть, нормальные люди (так это читается у авторов), но отличаются меткой в Y-хромосоме от других евреев.

Курьёз статьи в том, что её главное положение, что коэны отличаются по метке в Y-хромосоме ДНК от остальных евреев, относится к 36% евреев в выборке, которые коэнами по своей доле быть никак не могут. Перефразируя авторов, данные статьи показали, что треть всех евреев, НАЗЫВАЮЩИЕ себя коэнами, генетически (в смысле наследственно) отличаются от остальных евреев.

Поскольку в статье использовалась устаревшая номенклатура и гаплотипы не идентифицировались и с тех пор эти данные не перепроверялись, то сейчас трудно сказать, в чем же состояли отличия коэнов от израэлитов, которые подчеркивали авторы статьи, тем более различия более чем на порядок измеряемой величины. По современным данным таких выраженных отличий нет. Но дело было сделано, внимание к вопросу привлечено.

Через год в том же журнале вышла вторая статья на ту же тему, с заметно изменённым авторским коллективом. Статья называлась «Происхождение ветхозаветных священников» (Thomas et al, 1998). В развитие высказанных ранее идей, авторы «логическим путём» обосновывают положение, что гаплотипы коэнов и левитов должны отличаться от гаплотипов других евреев и иметь общего предка не ближе, чем примерно две-три тысячи лет назад. Затем авторы рассматривают гаплотипы евреев и заключают, что с левитами эта логика не проходит, но гаплотипы коэнов действительно имеют общего предка примерно 3000 лет назад.

В статье рассматривались 6-маркерные гаплотипы (DYS 19, 388, 390, 391, 392, 393) и шесть снипов (устаревшая или уже забытая номенклатура) в Y-хромосомном материале 306 евреев из Израиля, Канады и Англии, и было найдено 112 вариантов гаплотипов. Только один – получивший наименование «модальный гаплотип коэнов» (МГК) – имел наибольшую частоту у коэнов, как среди коэнов-ашкенази (45%), так и среди коэнов-сефардов (56%). МГК плюс МГК с одной мутацией наблюдался у 69% и 61%

коэнов ашкенази и сефардов, соответственно. У израэлитов эти частоты были 13% (15%) и 10% (14%), соответственно (в скобках – частоты МГК с одной мутацией в шести маркерах).

Авторы оценили время, когда жил первопредок коэнов, исходя из отклонений величины аллели от средней по каждому маркеру, принимая среднюю скорость мутаций 0.0021 на маркер на поколение. Расчёт проводился по пяти маркерам, маркер 388 был отброшен по причине его отклонений от «ступенчатого характера мутаций» (непонятно, почему и в чём это выражалось, но в статье это не указано). Поскольку для всех евреев в выборке это среднее отклонение было равно 0.226 мутаций на маркер, то было рассчитано, что общий для всех 306 евреев предок жил 106 поколений, или 2650 лет назад, принимая 25 лет на поколение. Авторы замечают, что при 30 годах на поколение получится 3180 лет до общего предка. Для ашкеназов и сефардов отдельно эти величины были равны (25 лет на поколение) 2619 и 2684 лет, соответственно.

К этому можно заметить, что за прошедшие со времени публикации десять лет величины скоростей мутаций были уточнены, и для рассматриваемых пяти маркеров скорость мутации равна 0.00171 на поколение. Тогда общий предок коэнов, по данным авторов, жил $0.226/0.00171 = 132$ поколения назад без поправки на возвратные мутации, то есть 152 поколения с поправкой, или 3800 лет назад, а ещё точнее 3800 ± 430 лет назад. А если брать 30 лет на поколение, то общий предок коэнов жил 4560 ± 520 лет назад, то есть во времена Авраама или даже раньше.

В общем, можно считать, что полученные величины не противоречат библейским данным. Но с этим подходом есть проблемы, и принципиальные. Менее серьезной является проблема, что само введение понятия «модальный гаплотип коэнов» было неудачным, поскольку он наблюдается не только у коэнов и не у всех коэнов, но и у многих израэлитов, а также у многих арабов и вообще у многих носителей других гаплогрупп, в первую очередь J1 и J2. Многие коэны, имеющие данный гаплотип, относятся к одной из этих гаплогрупп, что в свою очередь, формально говоря, практически исключает происхождение тех или других от одного предка, звали его Аарон или как-то иначе. Наконец, этот гаплотип со временем искажается мутациями, что автоматически выводит его из понятия «гаплотип коэнов». В общем, с «модальным гаплотипом коэнов» так много исключений, что не видно самого правила. На самом деле его и не существует.

Самое главное, что сама концепция расчёта общего предка, используемая в статье, в принципе порочна. Как было показано (Klyosov, 2008a, 2009a,b;

Клёсов, 2009е), подавляющее большинство евреев, носителей «гаплотипа коэнов», являются потомками по меньшей мере двух (!) относительно недавних предков, один или более из которых определённо жили уже в нашей эре, во времена Диаспоры. То, что сделали авторы обсуждаемой статьи – это просто усреднили «отклонения величины аллелей от средней» для двух разных предков, а на самом деле от нескольких, каждый из которых имеют свои генеалогические линии, потому что в своих расчётах разных предков не разделяли.

Фактически авторы измеряли «среднюю температуру по больнице». При этом время жизни «общего предка» могло получиться любое. Получилось 2650 или 3180 лет, если брать 25 или 30 лет на поколение. А взяли бы другое количество лет на поколение – получились бы другие цифры. И проблема даже не в том, что усредняли по разным предкам, а в том, что потомки этих разных предков, разных ДНК-генеалогических линий, были представлены в выборке в разных количествах. Поэтому те, кто были наиболее многочисленны в выборке, «тянули» время рассчитываемого предка на себя. Именно поэтому могла получиться почти любая (в широких пределах) цифра времени жизни «общего предка», на самом деле фантомного.

Рассмотрим, как на самом деле надо считать.

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

14-16-23-10-11-12

Это и есть тот самый «Модальный гаплотип коэнов» (МГК). В общем, уже ясно, что когда базовый (предковый) гаплотип находится в серии в количестве 91 из 194, то есть половина, то предок явно не древний. Тем не менее, авторы цитированных выше работ в журнале Nature в 1997 и 1998 годах объявили, что МГК появился больше 3 тысяч лет тому назад. Этого просто не может быть, глядя на эти гаплотипы и обращая внимание на частоты встречаемости гаплотипов в серии.

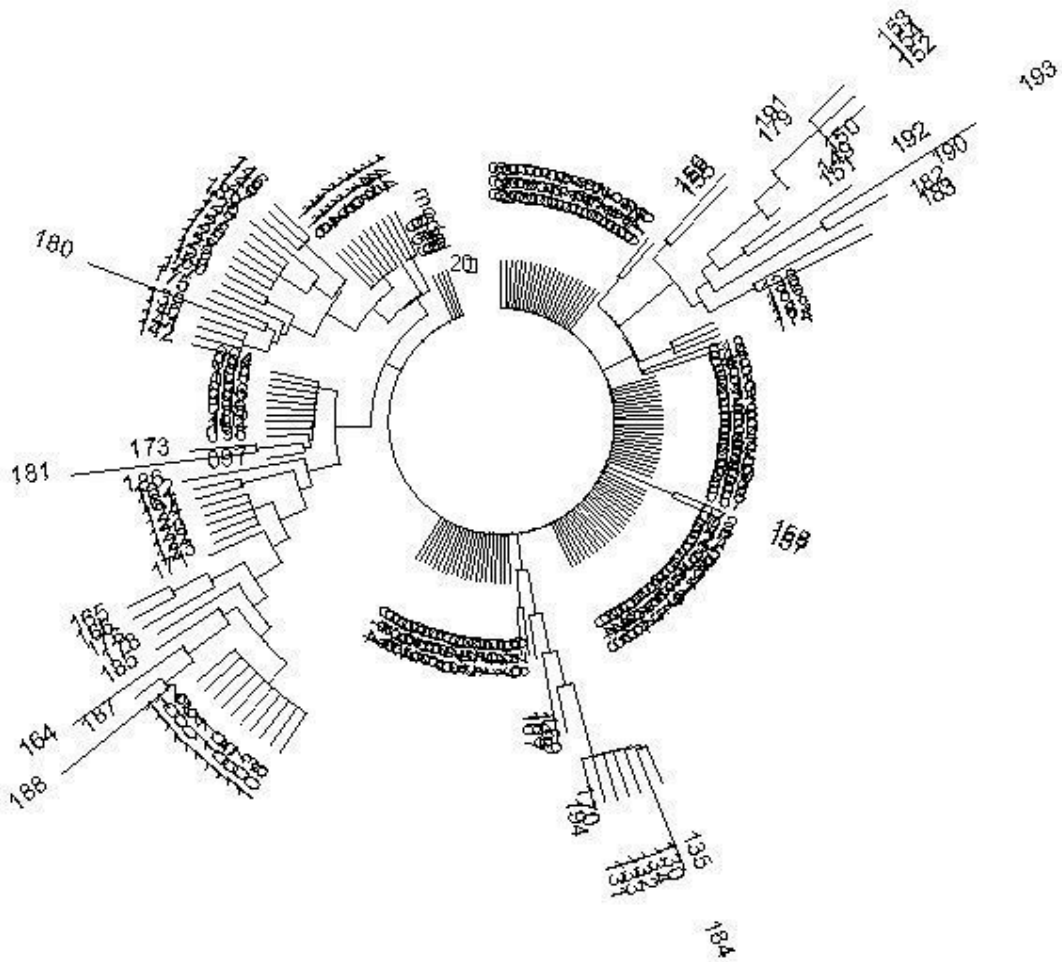


Рис. 7. Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J, построено по данным Бехара и др. (2003). В выборке - 194 гаплотипов.

Полный набор из 194 гаплотипов содержит 263 мутации от «модального гаплотипа коэнов», то есть указывает на общего предка, жившего $263/194/0.0088 = 154 \rightarrow 182$ условных (по 25 калиброванных лет) поколений назад (стрелка - поправка на возвратные мутации), то есть 4550 ± 530 лет назад. Здесь 0.0088 - средняя скорость мутаций для 6-маркерных гаплотипов (Klyosov, 2009c). Но посмотрим на долю остаточных базовых гаплотипов: $[\ln(194/91)]/0.0088 = 86 \rightarrow 95$ поколений, 2375 ± 340 лет назад. Разница до «одного и того же общего предка» - более двух тысяч лет. Так быть не может. Значит, там не один предок, а больше. Нельзя так считать, как считали авторы статей в Nature. И как считают, к сожалению, в десятках других статей, написанных популяристами.

Посмотрим на другую выборку, гаплогруппы J1 евреев, извлечённую из базы данных YSearch. 90 гаплотипов, в них 41 базовый и 123 мутации от точно такого же базового гаплотипа. Это даёт $123/90/0.0088 = 155$

поколений до общего предка (а в «научной выборке» было 154 поколение!) и $\ln(90/41)/0.0088 = 89$ поколений («научная» выборка дала 86 поколений), без поправок на возвратные мутации, которые уже не нужны, поскольку речь о «фантомном» предке. Но в любом случае, «коммерческая» и «научная» выборка дали одни и те же результаты. Обе показывают, что предок был не один. Но обе показывают, что распределение данных ДНК-генеалогических линий у евреев является стабильным и воспроизводимым. Вот только рассматривают их авторы публикаций неверно.

Детальное изучение выборок показало (Klyosov, 2008a) что эти выборки содержат по меньшей мере восемь (!) генеалогических линий (рис. 7), каждая из которых берёт начало от своего общего предка, и предки эти жили (без погрешностей расчётов) 11100, 6200, 5100, 3500, 1800, 775, 1650 и 1350 лет назад. Последние две линии – «Модальный гаплотип коэнов», которых оказалось два уже в 12-маркерных гаплотипах.

Далее оказалось, что картина с «модальным гаплотипом коэнов» становится ещё более курьёзной, поскольку такой же гаплотип обнаружился и в другой гаплогруппе, J2. Так, в работе Бехара и др. (Behar et al, 2004) была опубликована выборка из 88 гаплотипов евреев гаплогруппы J2, 25 гаплотипов из которой были идентичны друг другу:

14-16-23-10-11-12

По чистой случайности этот 6-маркерный гаплотип идентичен «модальному гаплотипу коэнов» гаплогруппы J1. Эта идентичность вызвала массу дискуссий, которые продолжаются и сейчас – почему идентичны гаплотипу коэнов, ведь это же другая гаплогруппа! А это просто причуды статистики. Случайно именно эти шесть аллелей совпали, а многие из остальных заметно различаются в «гаплотипах коэнов» гаплогрупп J1 и J2. Например, на первых 25 маркерах между ними 11 различий.

Все 88 гаплотипов содержат 160 мутаций от базового гаплотипа. По доле базового гаплотипа число поколений до общего предка равно $\ln(88/25)/0.0088 = 143$ поколения, или 167 поколений с учётом возвратных мутаций, то есть 4175 ± 930 лет назад, по мутациям – $160/88/0.0088 = 207$ поколений, или 260 поколений с учётом возвратных мутаций, то есть 6500 ± 830 лет. Опять разницей, более двух тысяч лет разницы между якобы одним и тем же общим предком, значит – более одного общего предка. Но это и по рис. 8 видно, что в дереве гаплотипов – явно не менее трёх ДНК-генеалогических линий («плоские» ветви), значит, считать их возраст надо по индивидуальным ветвям.

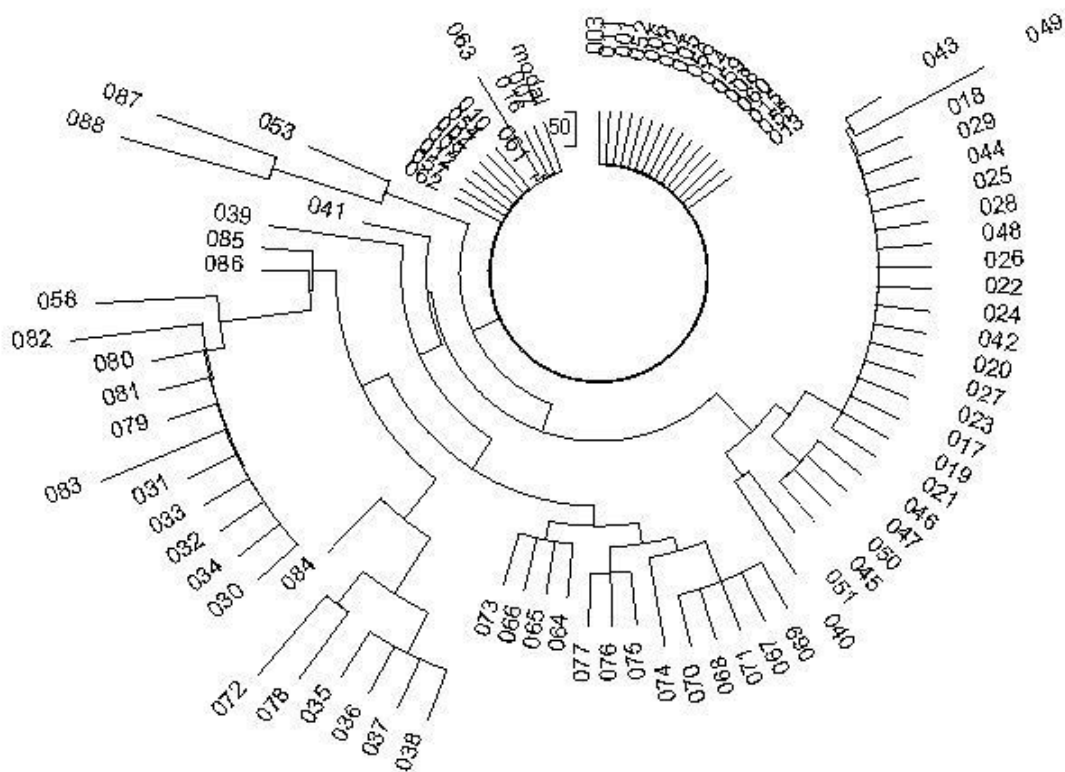


Рис. 8. Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J2, построено по данным Бехара и др. (2004). В выборке – 88 гаплотипов.

Проверим по другой базе данных, по другой выборке, «коммерческой». В ней – 75 гаплотипов евреев гаплогруппы J2, которые включают 15 базовых гаплотипов, таких же, как и в «научной» выборке, и содержат 135 мутаций. Это дает $\ln(75/15)/0.0088 = 183$ поколений и $135/75/0.0088 = 205$ поколений до общего предка (без поправки на возвратные мутации). Опять более одного общего предка, на что указывает и дерево гаплотипов (рис. 9).

Анализ деревьев гаплотипов показал, что у евреев гаплогруппы J2 имеется по меньшей мере пять общих предков. Те, от которых произошло наибольшее количество современных евреев гаплогруппы J2, жили 6100, 900, и 1200 лет назад (без учета погрешностей). Последняя генеалогическая линия – «модальные гаплотипы коэнов».



Рис. 9. Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J2, построено по данным базы данных YSearch (2008). В выборке – 75 гаплотипов.

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

Вопрос с гаплотипами коэнов был проанализирован в работах (Klyosov, 2009a,b), и показано, что наиболее многочисленная группа потомков коэнов гаплогруппы J1 происходит от общего предка, который жил 1075 ± 130 лет назад или 1050 ± 190 лет назад, по двум разным выборкам, первая «академическая», вторая «коммерческая», по 67-маркерным гаплотипам.

Возвращаемся к рассматриваемой статье Е.Я. Тетушкина. Он пишет: *Scorecki et al...* показали, что основная часть священнослужителей (коэны) имеют

идентичные Y-STR-маркеры, которые могли быть унаследованы от первосвященника Аарона (брата Моисея), кто, согласно Библии, жил более 3000 лет назад (позднее, оценки частот этих маркеров в современных козах были значительно подправлены в сторону их уменьшения). [обратный перевод].

Это называется - начал за здравие, закончил за упокой. Так могли быть унаследованы или «значительно подправлены», что ломает все, что сказано выше? Мало того, что фраза совершенно неинформативна, поскольку не сообщает, что значит «подправлены», на каком основании подправлены, к чему это приводит. Она, что называется, «и вашим, и нашим». Хорошая наука, неконфликтная - только и остается повторить (см. выше). Вроде и так, и вроде не так, а что именно - то ли не знаем, то ли умолчим.

История с «популяционными скоростями Животовского»

В обсуждаемой работе автор, Е.Я. Тетушкин, немалое внимание уделил «проблеме» со скоростями мутаций, «популяционной», или «эволюционной», и «генеалогической», которые «значительно различаются». На самом деле никакой проблемы там нет, если понимать, что первая «скорость» имеет тот же смысл, что «свалить все в кучу, усреднить и поделить на что получится», то есть никакого смысла на самом деле не имеет, а вторая применяется популяционными настолько неразборчиво, что имеет смысл только при случайных сериях гаплотипов, не имеющих ветвей, или отдельных ДНК-генеалогических линий, каждая со своим отдельным общим предком.

В качестве аналогии можно привести пример из химии, когда в растворе есть смесь химических реагентов, которые беспорядочно реагируют друг с другом. Пытаться описать это некой единой «константой скорости реакции» (типа «эволюционной» или «популяционной») - это не понимать сути химии. В химии само понятие «константа» в подобных случаях имеет смысл, что по мере исчерпания реагента скорость остается пропорциональной концентрации вещества ($v = kc$), и константа k - это и есть показатель пропорциональности. В более общем случае для константы скорости первого порядка это записывается как $c/c_0 = e^{-kt}$, или $\ln(c_0/c) = kt$, и здесь опять k - это константа скорости реакции, показатель пропорциональности левой и правой части приведенного уравнения. Это же уравнение обязано описывать и накопление мутаций в гаплотипах, и уменьшение количества базовых, или предковых гаплотипов в серии гаплотипов, и константа скорости мутаций обязана быть одной и той же, на то она и константа. Именно потому основным критерием в ДНК-генеалогии является совпадение величины константы скорости мутации,

определяемой как по накоплению мутаций («линейный метод» расчета), так и по уменьшению количества базовых гаплотипов в серии («логарифмический метод» расчета, при котором мутации вообще не считаются).

В «популяционных» расчетах по скоростям мутаций такого нет и близко. Там берется общее количество суммарно набравших мутаций, от разных ветвей разного возраста и происхождения и от разных предков, вся эта мешанина делится на количество гаплотипов, что и называется некоей «вариацией», «разнообразием», и далее делится на некую «популяционную» скорость мутаций, вычисленную из некоей абстрактной системы, не имеющей никакого отношения к реальности. Проверить-то все равно нельзя, никаких критериев проверки нет, что получится, то и получится. А разделить что-то на что-то всегда можно. А именно, в одном из вариантов («метод Животовского») берется 10 тысяч гаплогрупп (!) за все время существования человечества (!), то есть принимается идеальное перемешивание системы гаплотипов по всему человечеству во времени и пространстве. Тогда расчеты показывают, что для такой системы идеально усредненная константа скорости мутации при определенных приближениях равна 0.00069 мутаций на локус за 25 лет. При этом все локусы считаются одинаковыми, и возвратных мутаций нет, как нет и их учета. Такого на самом деле никогда не бывает.

Все это приводит к тому, что подобные расчеты применять на практике просто нельзя. А популяционники их бездумно применяют сплошь и рядом для любых систем – и те, которые случайно оказались состоящими из одной ветви, и те, которые состоят из двух-трех ветвей, которые можно (и нужно) было бы разделить, и вообще для любых систем гаплотипов. В итоге результат оказывается совершенно непредсказуемым и потому бессмысленным.

Автор обсуждаемой статьи, Е.Я. Тетушкин, сути этого не понимает, хотя, похоже, ощущает, что что-то здесь не то. Он пишет, что согласно Животовскому и др. (Zhivotovsky et al, 2004), «средняя популяционная скорость мутаций» для Y-хромосомных STR принимается за 0.00069 мутаций на маркер на поколение, и что «генеалогическая» скорость мутаций, по мнению многих авторов, «намного выше», и что «эта сложная ситуация требует специального рассмотрения». Забавно то, что Е.Я. Тетушкин читал статью (Клёсов, 2009а), в которой это «специальное рассмотрение» было специально проведено, но то ли ее не понял, то ли понять не захотел. Это следует из того, что он пишет, что работа Животовского по «популяционным скоростям» критиковалась непрофессионально.

Давайте разберемся, у кого там непрофессионально. В ответ на мою критику в журнале *Human Genetics* (Klyosov, 2009a) работы (Hammer, 2009a) Хаммер с Животовским пишут (Hammer, 2009b):

By examining Y-STR variation within Y chromosome haplogroups (i.e., defined by unique event polymorphisms) in populations with documented short-term histories, they inferred an evolutionary effective mutation rate of 0.00069 per 25 years on average... (Zhivotovsky et al, 2004). ... (i.e., the effective rate was calibrated for time periods of ~ 1,000 years). Since 2004, this approach has been employed by the researchers and critically evaluated in the scientific literature (e.g., Arredi et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004; Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005).

Перевод: «При изучении вариаций в гаплотипах Y-хромосомных гаплогрупп (то есть обусловленных снипами) в популяциях с документированными непродолжительными хронологиями, они пришли к выводу об эволюционных эффективных скоростях мутации 0.00069 за 25 лет... (Zhivotovsky et al, 2004). ... (то есть эти эффективные скорости были калиброваны за период времени примерно 1000 лет). С 2004 года этот подход был применен исследователями и критически рассмотрен в научной литературе (например, Arredi et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004; Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005).

На самом деле, как будет показано ниже, никакой «калибровки» в исходной работе Л. Животовского (Zhivotovsky et al, 2004) не было. Были приведены нестыкующиеся данные, или данные вообще не приведены, и затем серией произвольных манипуляций часть данных убиралась, пока «скорости мутаций» не достигли одного порядка (именно так), которые были обозначены на «0.00069 мутаций на маркер на поколение» с погрешностью того же порядка. В последующие пять лет эта работа постоянно цитировалась с указаниями, что данные «калибровались» и «критически проверялись», пока в академическом мире в это сами не уверовали. Никакой «критической проверки», поддерживающей «коэффициент Животовского» в литературе тоже не было. К сожалению, метод продолжает применяться, давая совершенно неверные и непредсказуемые данные и приводя к совершенно ложным интерпретациям. В работе (Клёсов, 2009а) те же серии гаплотипов были перепроверены, и получены совершенно другие скорости мутаций, согласующиеся с нормальной «генеалогической» скоростью мутаций.

Можно между делом отметить, что из цитированных Хаммером, Животовским и др. шести работ, которые «критически рассматривали», в трех соавтором был сам Л. Животовский (Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Zhivotovsky and Underhill 2005), а остальные метод и не обсуждали, а просто бездумно использовали, так что какое уж там «критическое рассмотрение». Но здесь ситуация более «подтасовочная», чем просто бездумное использование, потому что никакой «калибровки» Л. Животовским с соавторами своей скорости 0.00069 не было и близко. Были неопределенные манипуляции с удалением некоторых гаплотипов из рассматриваемой серии, были некоторые неопределенные же пассы, которые в итоге привели в цифрам с огромными погрешностями, под которые подпадает практически любой диапазон скоростей мутаций. Говорить о «калибровке» именно величины 0.00069 – это по меньшей мере недобросовестность. Ниже я покажу в деталях, что там была за «калибровка».

Это – не просто демонстрация примитивного, неверного и фактически необоснованного подхода, который Л. Животовский активно насаживает в совместных публикациях по всему миру. Хуже, когда этот подход подается как «калиброванный», причем подается самим Л. Животовским, который прекрасно знает, что никакой калибровки там не было. Еще хуже, что этот метод тиражируется в «академической» литературе. В статье (Athey, 2009), Whit Athey пишет (перевод): «Популяции с древними корнями подвержены эффекту популяционной динамики, то есть исчезновение многих линий и заметная экспансия других линий, плюс возможное уменьшение продолжительности поколений (почему в такой же степени не уменьшение? – АК). Все эти эффекты требуют корректировочных факторов, которые совместно могут достичь фактора, равного двум, который использует Животовский в своей часто цитируемой статье (Zhivotovsky, 2004).

На самом деле Л. Животовский использует фактор, примерно равный трем, но Athey сам начинает пускаться в манипуляции, переводя «фактор Животовского» из 0.00069/25 лет в фактор 0.00092/33.3 года, и беря одну из многих величин для скорости мутации для пар отец-сын 0.00184 (ссылку на которую он даже не дает), и получая фактор два.

Иначе говоря, идет активное использование и цитирование подхода, за которым ничего не кроется, кроме недоразумений и подтасовок.

В чем, собственно, метод состоит? Рассмотрим подробнее.

Суть «метода Животовского», или как не надо считать. А также, как надо

Если бы не было «генетического дрейфа», вызываемого природными катаклизмами, войнами, мором и другими причинами массовых вымираний, а также другими вариантами вымирания племен, родов и прочих популяций, а также переездом носителей гаплотипов на новые территории и начала (точнее, продолжения, но часто со сдвигом) там новых линий, то дерево гаплотипов было бы вполне симметричным и однородным, как, например, на рис. 10 и 11. Все несколько сотен гаплотипов каждого из этих и подобных деревьев сходятся к одному общему предку, который в показанных сериях жил 3950 ± 400 и 3600 ± 370 лет назад.

Но такие случаи редки, да и время здесь относительно небольшое, менее 4000 лет назад. Тем не менее, «метод Животовского» не дает рекомендаций, на каких временных показателях его применять. Хаммер с Животовским в цитированной выше статье (“Response”) считают, что этот метод следует применять при временах примерно 1000 лет назад, и, естественно, ранее. В данных двух случаях «метод Животовского» дал бы для популяций субкладов R-P312 и R-L21 времена общего предка 9030 и 8300 лет назад. При таких величинах интерпретация исторических событий была бы совершенно сдвинута. Вот так она и оказалась сдвинутой в недавней работе Андерхилла и Животовского с сотр. (Underhill et al, 2009), в которой времена жизни предков популяций субклада R1a1a7* 2600 лет назад были представлены как 8000 лет назад (как раз обычное 300%-ное завышение этих авторов), общие предки русских гаплогруппы R1a1a*, как «оказалось», жили 8700 лет назад, иранцев - 9400 лет назад, поляков - 11300 лет назад, кавказцев - 12200 лет назад, и так далее. Мало того, что эти цифры не имеют никакого отношения к реальности, но на их основании авторы опять - в который раз! - утверждают, что «никакого «потока» гаплогруппы R1a1 из Восточной Европы в Азию, в том числе в Индию, не было, во всяком случае со времен среднего голоцена» (то есть за последние 7-8 тысяч лет).

Остается только поражаться не только сплошным ошибкам авторов (Underhill et al, 2009), но и отсутствию их представлений об археологии, о том, что уже давно опубликованы данные о нахождении ископаемых R1a1 в андроновской культуре (Северный Казахстан, Южный Урал, Южная Сибирь). О том, что гаплотипы R1a1 у этнических русских и индийцев практически идентичны. Иначе говоря, грубые ошибки Л. Животовского и его соавторов в методологии расчетов переходят уже в системное искажение истории.

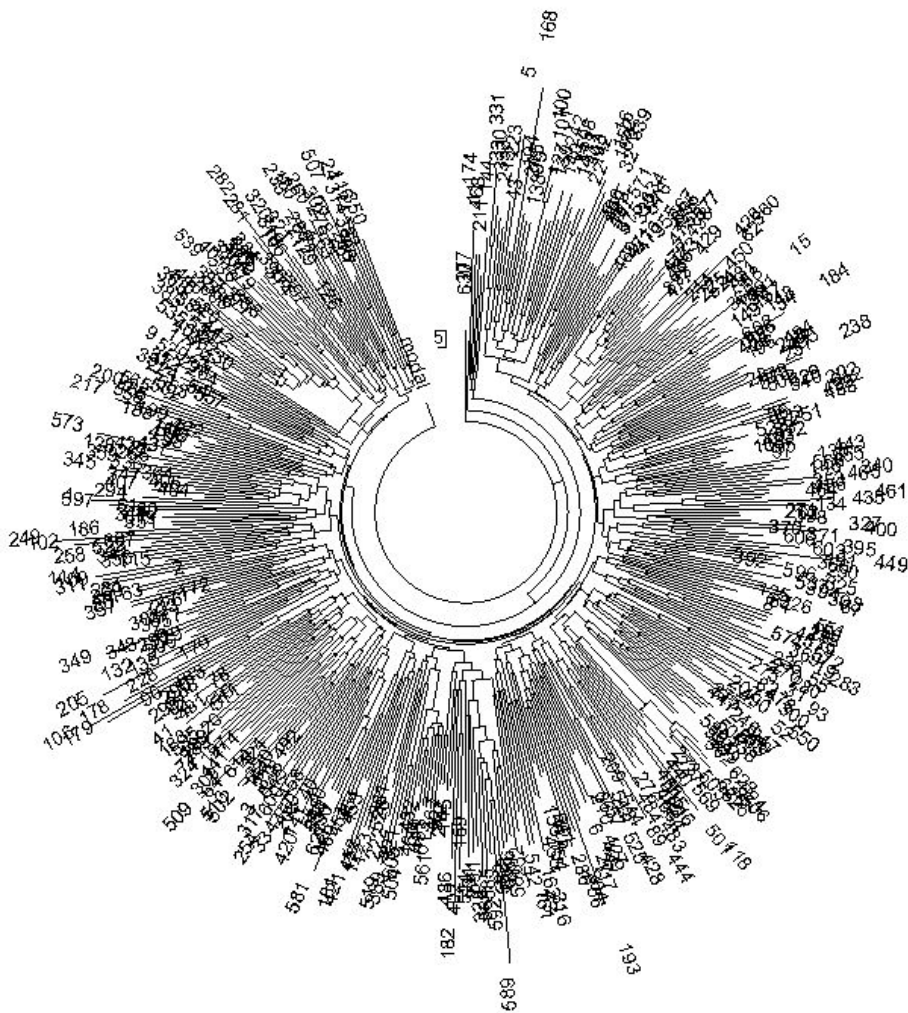


Рис. 10. Дерево 67-маркерных гаплотипов R-P312 (R1b1b2a1a2), построенное по данным проекта <http://www.familytreedna.com/public/atlantic-r1b1c/default.aspx> (октябрь 2009). В выборке 464 гаплотипа.

Еще пример. Приведенные выше величины 3950 ± 400 и 3600 ± 370 лет назад показывают, что в те времена имело место равномерное и неуклонное заселение Европы носителями гаплогруппы R1b1b2. Интересно, что в те же самые времена популяция R1a1 практически исчезает из Европы, и вновь заселяет Европу только 2600-3000 лет назад и позднее, а именно 2725 ± 300 лет назад для центрально-европейской ветви R1a1, 2575 ± 300 для западно-славянской ветви, 2800 ± 350 для северокарпатской ветви, 2750 ± 370 для западно-евразийской ветви, 2600 ± 290 для балто-карпатской ветви, 2550 ± 320 для южной Евразийской ветви, 2150 ± 300 для западно-карпатской ветви, и так далее (Рожанский и Клёсов, 2009). «По Животовскому», первые R1a1 в

Европе должны были появиться не 10-12 тысяч лет назад, а 25-30 тысяч лет назад, что противоречит здравому и историческому смыслу, в той же степени, в какой гаплогруппа I1 должна была появиться в Европе не 21400 лет назад, а 60 тысяч лет назад. И это только I1, не говоря об I2 и родительской I.

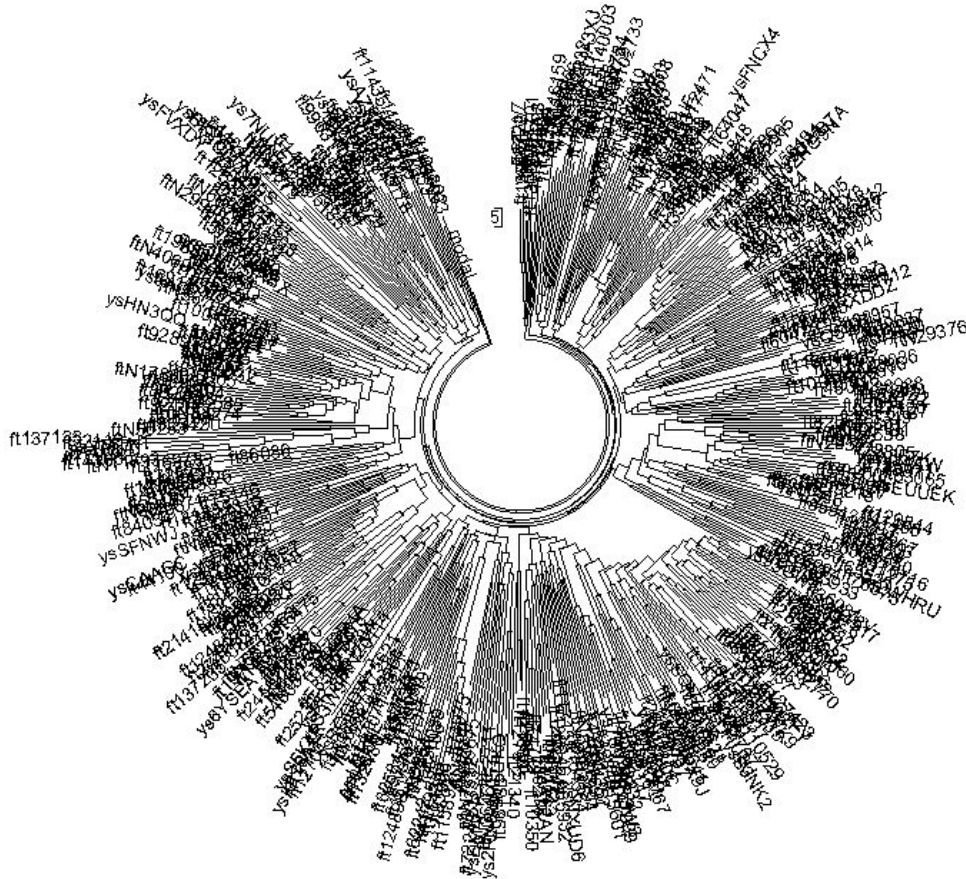


Рис. 11. Дерево 67-маркерных европейских гаплотипов субклада R-L21, он же R1b1b2a1a2f, построенное по данным проекта <http://www.familytreedna.com/public/R-21/default.aspx?publicwebsite.aspx> (октябрь 2009). В выборке - 509 гаплотипов.

Возвращаемся к равномерным, симметричным деревьям. Ясно, что «метод Животовского» по своей сути к ним не подходит. Никаких генетических дрейфов там не выражено, четко выявляется один общий предок, и никаких оснований занижать скачком скорость мутации нет.

В древних популяциях, как правило, из-за вымирания многих ДНК-генеалогических линий, дерево гаплотипов выглядит как набор «обрубков» ветвей. Это обрубки - результат сдвигов в базовых гаплотипах, результат «бутылочных горлышек» популяции. У каждой из этих ветвей есть свой

общий предок со своим базовым гаплотипом. Из набора этих базовых гаплотипов рассчитывается время жизни общего предка для всего дерева.

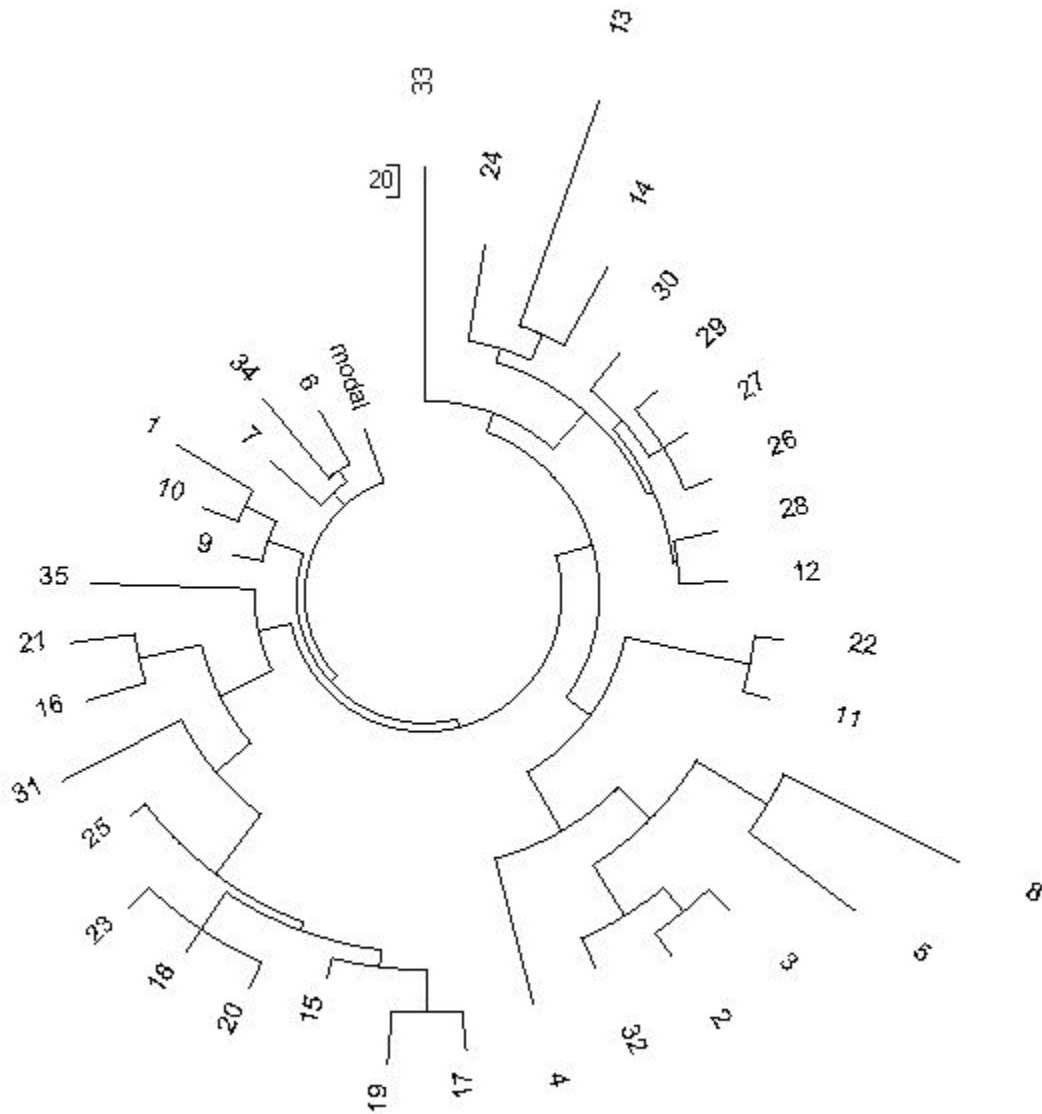


Рис. 12. Дерево из 35 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т Армении, все субклада М184 (Клёсов, 2011f).

Например, в статье (Клёсов, 2011f) рассматривались гаплотипы гаплогруппы Т в Армении (рис. 12). В статье показано, что дерево состоит из нескольких ветвей, у каждой свой базовый гаплотип, и две самые большие плоские ветви (слева внизу и справа наверху на рис. 12) имеют времена жизни общих предков примерно 500 и 1000 лет назад. Общий предок обеих ветвей жил примерно 7400 лет назад. Скорости мутаций при этих расчетах

были ранее откалиброваны по известным генеалогиям (Klyosov, 2009c; Rozhanskii and Klyosov, 2011) и равны 0.034 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет), или 0.002 мутации на маркер на поколение. Расчет «чихом» по всему дереву показал наличие 246 мутаций от суммарного базового гаплотипа дерева, что дало $246/35/0.034 = 206 \rightarrow 258$ поколений, то есть 6450 ± 770 лет до общего, «фантомного» предка всего дерева. Формально это в пределах погрешности расчетов с величиной, рассчитанной по двум противоположным ветвям дерева. Более детальный анализ того же дерева по всем четырем ветвям (Лабай, 2011) через месяц после публикации (Клёсов, 2011f) показал, что общий предок всего дерева жил примерно 6760 лет назад, то есть в согласии с предыдущей работой. В данном случае совпадение расчета «чихом» и по отдельным ветвям было вызвано довольно хорошей симметричностью дерева, в котором «веса» ветвей уравнивали друг друга. Но если приложить «метод Животовского», то получится $246/35/17/0.00069 = 599$ поколений по 25 лет, то есть 14,975 лет до общего предка, завышение на 220%. Естественно, была бы приведена огромная погрешность, где-то от 5 тысяч до 40 тысяч лет назад, и вопрос бы считался решенным.

При этом мало того, что получена ложная информация, но и потеряна ценная информация об истории отдельных ветвей дерева, об их базовых гаплотипах, два из которых принадлежали недавно живущим общим предкам молодых популяций Армении. То есть полностью искажается и теряется информация об истории населения страны. Поразительно, что популяционные генетики это не только не понимают, но и не хотят понимать.

Читатель может подумать, что данные «по Животовскому» всегда получаются завышенными. Ничего подобного. Они могут оказаться любыми. Никакой связи с реальностью они не имеют. В зависимости от числа гаплотипов и формы дерева они могут гулять по любому мыслимому диапазону. Вообще все расчеты Л. Животовского и тех, кто имеет несчастье использовать его «метод», можно свести к одной фразе – просто сообщать «это происходило давно». Во всяком случае, это будет точнее и научнее.

Далее, при таком «счете по Животовскому» игнорируется, что гаплотипы разной длины имеют разную среднюю скорость мутаций, что нужно вводить поправку на возвратные мутации, которая прогрессивно возрастает с увеличением времени до общего предка, что предок может быть один, или ветвей может быть несколько, что среди них могут быть совсем недавние ветви, и могут быть ветви дочерние от других ветвей самого дерева. Все это игнорируется, и делится на некий постоянный для всех

случаев фактор. Он просто призван «удревнить предка», насколько – не важно. Все равно никто не проверит.

Проверили. Оказалось, метод Животовского – одна большая сплошная ошибка. Он ведет «счет» типа как у древних индейских племен: один, два, три, а что выше – «много». Вот у него и есть «много», а сколько – неважно. Все равно никто не проверит.

Да, но как же «калибровка»? Взглянем, какая там была калибровка.

«Калибровка по Животовскому»

Открываем «часто цитируемую статью» (Zhivotovsky et al, 2004). Читаем для начала резюме статьи. В нем – две фразы. В первой фразе резюме сообщает, что «Мы установили эффективную скорость мутации на усредненном тандемном локусе Y-хромосомы 0.00069 в расчете на 25 лет, со стандартным отклонением 0.00057». Для начала неплохо. Правда, в академических статьях цитируют 0.00069, но не цитируют, что стандартное отклонение равно почти 100%, точнее, 83%. То есть в диапазоне от 0.00126 до 0.00012, более чем в десять раз. Величина 0.00126 уже близка к 0.00147 для 6-маркерных гаплотипов, с которыми Животовский в той статье и работал, только 14% разницы. Наверное, эту цифру и получил бы, если бы не манипулировал с гаплотипами по своему произволу. К этому мы еще вернемся.

Вторая фраза в резюме – «Это значение мы использовали для определения времен экспансии африканских банту, дивергенцию полинезийских популяций (маори, островов Кука, и самоанцев), и происхождение популяции цыган из Болгарии».

Посмотрим, как и что они использовали.

Африканские банту

Раздел «Материалы и методы». Смотрим про африканских Банту. Читаем – «анализировали 148 человек гаплогруппы E3a7-M191», перечисляются племена, сообщается, что анализ проводили по 10-маркерным гаплотипам. Раздел «Результаты». Данных по Банту нет, они вообще в данном разделе не упоминаются.

Раздел «Обсуждение». Банту не упоминаются.

Раздел «Применение». Говорится, что применили полученную величину 0.00069 к популяции Банту, чтобы посмотреть, как это коррелирует с археологическими, лингвистическими и историческими данными. Далее говорится, что если усреднить по всем 11 племенам и популяциям, перечисленным в разделе «Материалы и методы», то получится 3400 ± 1100 лет до «экспансии» Банту в подгруппе со снипом M191. И далее – «археологические и лингвистические данные поддерживают это значение, поскольку показывают присутствие Банту в Западной Африке в неолитические времена, ~ 1000 лет до нашей эры, или даже 2000 лет до нашей эры». И далее – «Величина 3400 лет назад может рассматриваться как нижняя граница для времен экспансии Банту.... Если мы возьмем наиболее частые гаплотипы среди тех 148 хромосом как предковые, и приложим к ним величину 0.00069, то время для M191 получится 14700 лет.... В этом случае, экспансия Банту могла произойти ранее, чем 3500 лет назад». И далее идут долгие рассуждения с неопределенной концовкой.

Если это «калибровка», то что такое НЕ калибровка?

К сожалению, исходные данные (гаплотипы) в статье не приведены, ссылка статьи, что они «в сети», не дает никакого линка. Я могу только заключить, что рассматриваемая популяция Банту молодая, не более 1000-1200 лет до общего предка, как это часто бывает с африканскими популяциями, только недавно прошедшими очередное бутылочное горлышко. Ни к каким археологическим или лингвистическим данным это не имеет никакого отношения. Рассуждения в статье не имеют никакого значения в отношении рассматриваемого вопроса. Никакой «калибровки» не было и близко.

Полинезийцы

В разделе «Материалы и методы» сообщается, что у авторов были 22 гаплотипа маори и 23 гаплотипа с островов Кука, гаплогруппы C2-M208, и эти данные действительно приведены в Таблице 1 в статье в виде серии 10-маркерных гаплотипов у маори, 10 и 7-маркерные гаплотипов у островитян Кука, и 10-маркерных гаплотипов у четырех самоанцев. Далее, сообщается, что маори прибыли в Новую Зеландию не позднее, чем 800 лет назад, что именно эта величина будет далее использована в статье (то есть 32 поколения назад, поскольку авторы брали 25 лет на поколение).

Применяя квадратичный метод, авторы показали, что среднее число мутаций на маркер у маори и островитян Кука равно 0.00998, при этом самоанцев в расчет не включали, а маори и островитян считали по 7-маркерным гаплотипам. По 10-маркерным расчета (у маори, или маори и

самоанцев вместе) не было. На основании этого авторы посчитали, что скорость мутации равна $0.00998/32 = 0.000312$.

Как видно, это вовсе не 0.00069, а даже в два раза медленнее. Далее авторы заключили, что это скорее всего недооценка, и опять пустились в долгие и вязкие рассуждения, почему это может быть недооценкой. На этом «калибровка» этой серии гаплотипов была завершена.

Болгарские цыгане

Авторы сообщили – со ссылками – что цыгане прибыли в Европу 900-1000 лет назад, и что они были зафиксированы в Болгарии ~ 700 лет назад (то есть ~ 28 поколений – АК). Далее они сообщили, что анализировали 179 гаплотипов из 12 цыганских таборов в Болгарии, и что все гаплотипы имели снип M82. Далее, один гаплотип (единственный из табора Даракчи) был исключен, потому что оказался нечетным (? - АК), и усреднение по всем 8-маркерным гаплотипам дало в среднем 0.01272 мутаций на маркер, и $0.01272/28 = 0.000454$ как средняя скорость мутаций на маркер. Заметим, что это опять заметно ниже, чем якобы «калиброванная» 0.00069. Авторы опять стали обсуждать, что это должна быть «недооценка».

После этого авторы решили пересчитать данные, внося коррективы в исходные серии гаплотипов, а именно внося «веса» в гаплотипы полинезийцев, и сняв ряд гаплотипов цыган. Это привело авторов к «корректировке» средней скорости мутаций в серии полинезийцев от 0.000312 до 0.000705 (!), то есть более чем в два раза. Более того, с учетом погрешности таких поправок величина средней скорости мутации стала равна 0.000705 ± 0.000332 , со стандартным отклонением по маркерам 0.00078, то есть выше, чем сама скорость мутации.

В отношении цыган авторы решили, что один табор – «Музыканты» - очень «гетерогенный», потому что их гаплотипы отличаются на две аллели в шести гаплотипах из 19 от наиболее распространенного гаплотипа. Так что «Музыкантов» сняли со счета, все 19 гаплотипов, и опять ввели «веса» по размеру популяции (что совершенно нельзя делать в случае вполне однородной серии гаплотипов, и нельзя было делать в этом конкретном случае). Получили среднюю скорость мутации 0.000725 ± 0.000187 . То есть сблизили полученные величины для полинезийцев и цыган.

Если это «калибровка», тогда непонятно, что такое «калибровка» в понимании авторов.

Наконец, используя такие же подходы, а именно вводя «веса», авторы посчитали данные для 52 популяций по всему миру (! - АК), взяв данные из литературы, и получили для средней величины скорости мутации 0.000638 ± 0.000109 . Непонятно, как это может рассматриваться как «калибровка», потому что средний возраст 52 популяций в мире определить просто невозможно.

В статье это не пояснено, но описано в общих словах, что это делалось с привлечением аутосомальных данных для трех- и четырех-нуклеотидных повторов, для которых скорости мутации равны, как полагают авторы, 0.00070 и 0.00071, соответственно. Конкретных данных не показано.

Это, конечно, никакая не калибровка. Это – подгонка.

А какие скорости мутаций на самом деле применимы для полинезийцев и цыган, если не изымать гаплотипы и не вводить никаких «весов»? Давайте определим. Иначе говоря, забудем на время о «методе Животовского» и посчитаем как надо.

Рассмотрение гаплотипов полинезийцев и цыган без всяких «эволюционных» манипуляций

Полинезийцы

У полинезийцев – маори (Новая Зеландия), жителей островов Кука, и самоанцев – в таблице 1 в цитируемой статье суммарно было определено 37 10-маркерных гаплотипов. Дерево гаплотипов приведено на рис. 13.

Из дерева гаплотипов неясно, один предок или несколько. Проверим по критерию сходимости линейного и логарифмического методов.

Базовый гаплотип (в формате FTDNA плюс DYSA72, он же DYS461):

14-20-16-10-X-X-X-15-13-12-12-30 -- 9

от которого все 37 гаплотипов имеют 49 мутаций. Константа скорости мутации для указанных 10-маркерных гаплотипов равна 0.018 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет) (Klyosov, 2009a). Таким образом общий предок всех 37 гаплотипов жил $49/37/0.018 = 74 \rightarrow 80$ поколений то есть 2000 ± 350 лет назад.

На дереве – 8 базовых гаплотипов (на вершине дерева). Это дает $[\ln(37/8)]/0.018 = 85 \rightarrow 93$ поколения, то есть 2325 лет. Это – в пределах

погрешности расчетов. На самом деле разница в 16% между логарифмическим и линейным методами может означать небольшую примесь потомков еще одного общего предка в серии, но погрешность от этого, как мы видели, невелика.

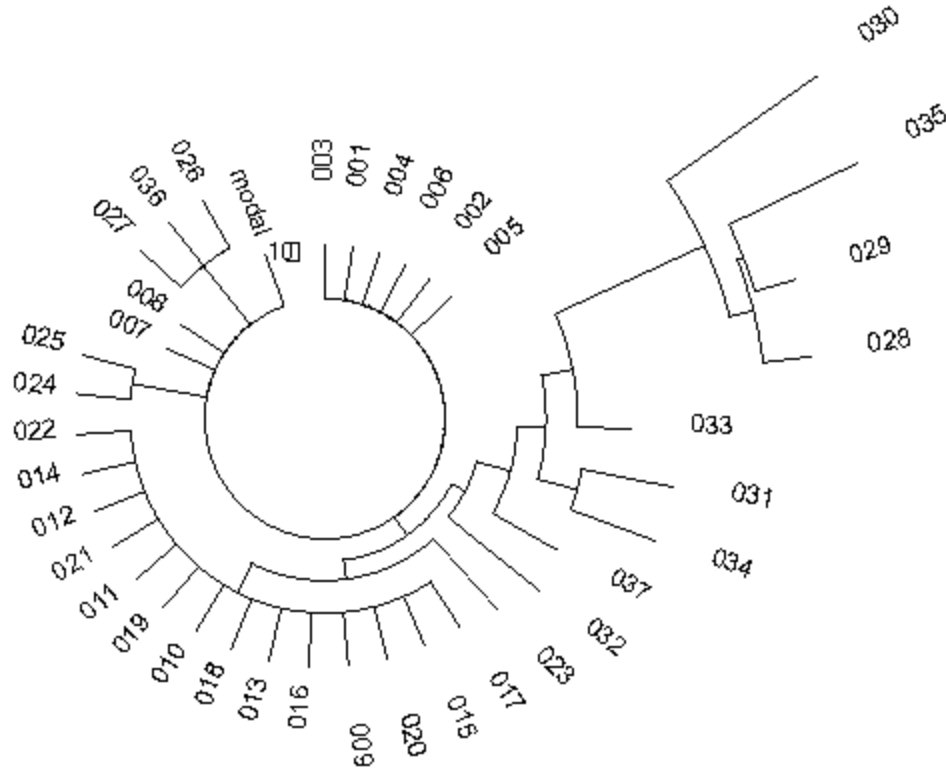


Рис. 13. Дерево 10-маркерных гаплотипов полинезийцев гаплогруппы С2. В выборке - 37 гаплотипов. Источник гаплотипов - статья (Zhivotovsky et al, 2004).

Если же попытаться использовать «скорости Животовского» 0.00069 мутаций на маркер на поколение, то получится $49/37/10/0.00069 = 192$ поколения до общего предка, то есть 4800 лет до общего предка рассматриваемой группы гаплотипов. Напомним, что авторы цитируемой статьи использовали время прибытия 800 лет назад. Потому и получили до смешного малую среднюю скорость мутации. Более того, авторы не понимают простого положения, что прибыть полинезийцы могли 800 лет назад, но это вовсе не означает, что это есть начало ДНК-генеалогической линии. Если они прибыли группой, то «принесли» общего предка популяции с собой. Иначе в США гаплотипы группы R1b все имели бы общего предка в 1620 году. Вот этот примитивизм мышления и

интерпретации данных тоже несколько удивляет. Но удивляет не сильно, глядя на примеры, приведенные ранее в этой статье.

Вот такая цена «калибровки» Л. Животовским. Им была взята неверная величина, и по неверной «откалибровано».

Болгарские цыгане

Гаплотипы цыган были определены у 179 человек из двенадцати болгарских таборов (Zhivotovsky et al, 2004). На удивление, у всех гаплотипы похожи, явно от общего предка. Напрашивается объяснение, что в средние века в Болгарию пришел очень ограниченный контингент цыган, может, всего один табор. Остальные, видимо, не прошли «бутылочное горлышко» популяции, и всего один патриарх дал выжившее потомство. Или патриархами были близкие родственники.

Рассмотрим гаплотипы цыган как в 6-маркерном, так и в 8-маркерном вариантах, чтобы сделать пример еще более наглядным, и проверить воспроизводимость нашего подхода. В цитированной статье были приведены 8-маркерные гаплотипы, но с произвольными удалениями, как показано выше.

6-маркерные гаплотипы

В наиболее многочисленном таборе «Рудары» 62 человека из тестированных 67 имели следующий гаплотип:

15-12-22-10-11-12

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

Всего на 179 гаплотипов тестированных цыган пришлось 34 мутации, что дает $34/179/0.0088 = 22 \pm 4$ поколений до общего предка, то есть 550 ± 100 лет назад. Действительно, средние века.

Сравним с расчетом по остаточным базовым гаплотипам. Их – 146 из всех 179. Это соответствует 23 ± 3 поколению до общего предка ($\ln 179/146$, деленное на 0.0088), или 575 ± 75 лет назад. Практически то же самое время.

Итак, и у цыган нормальная ДНК-генеалогия, при которой имеется весьма жесткое соответствие между числом убывающих базовыми гаплотипов и накоплением мутаций в их производных. Не нужно было манипулировать с гаплотипами и удалять неудобные. Все гаплотипы там были на своих местах.

Из независимых источников, присутствие цыган в Болгарии было отмечено 700 лет назад (Zhivotovsky et al, 2004). Однако, эти сведения не обязательно точны, они могут относиться к другим цыганам, не обязательно гаплогруппы H1, потомство у первых цыган могло не выжить, и так далее. Тем не менее, 550-575 лет назад – это вполне удовлетворительное совпадение.

8-маркерные гаплотипы

При переходе к 8-маркерным гаплотипам базовым гаплотипов стал следующий:

15-12-22-10-11-12 -- 14-16

где последние два – маркеры DYS389-1 и 389-2. Они добавили во всех 179 гаплотипах 25 мутаций, то есть стало 59 мутаций. Это дает $59/179/0.013 = 25 \pm 4$ поколений до общего предка, то есть 625 \pm 100 лет назад. Практически то же самое, что и для 6-маркерных гаплотипов ($34/179/0.0088 = 22 \pm 4$ поколений до общего предка, то есть 550 \pm 100 лет назад).

В 8-маркерной серии – на 20 базовых гаплотипов меньше, чем в 6-маркерной серии, то есть 126. Получаем $[\ln(179/126)]/0.013 = 27 \pm 4$ поколений до общего предка. Практически та же самая величина, 675 \pm 100 лет до общего предка.

Остается только гадать, как Л. Животовский получил примерно такую же величину (700 лет) при величине средней скорости мутации 0.000454, которая после некоторых манипуляций превратилась в 0.000725, а потом и в 0.00069.

Вот такая цена его «калибровка».

Заключительные слова

Осталось с интересом перечитать слова Хаммера и самого Животовского в их последней статье (октябрь 2009): «При изучении вариаций в гаплотипах ...в популяциях с документированными непродолжительными

хронологиями, они пришли к выводу об эволюционных эффективных скоростях мутации 0.00069 за 25 лет... (Zhivotovsky et al, 2004). ... (то есть эти эффективные скорости были калиброваны за период времени примерно 1000 лет). С 2004 года этот подход был применен исследователями и критически рассмотрен в научной литературе» (например, Arredi et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004; Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005).

Посмотрим, как, например, первый автор в этом списке «критически» рассматривал «метод Животовского». Она рассматривали популяции в Северной Африке, и решили рассчитать время до общего предка. Опять повторив мантру про "effective mutation rate calibrated by historical events (Zhivotovsky et al, 2004)" (мы сейчас знаем, что это была за «калибровка по историческим событиям»), они получили для гаплогруппы E3b2 величину 6900 лет до общего предка. Видимо, «критическое рассмотрение» состояло в том, что, не доверяя «методу Животовского», они пересчитали эти данные с помощью метода Кайзера для пар отец-сын, но, чтобы подтянуть данные к «методу Животовского», взяли для результатов «по Кайзеру» уже 30 лет на поколение. Получили 4200 лет до общего предка. Взяли бы 25 лет на поколение, как у Л. Животовского, получили бы 3500 лет для гаплогруппы E3b2, а не 6900 лет. В итоге авторы составили таблицу, в которой дали две колонки цифр – одну «по Животовскому», с поколением в 25 лет, другую «по Кайзеру», с поколением в 30 лет. «По-Животовскому» везде было в два раза выше. Так параллельно и обсуждали, не имея понятия, какие цифры им стоит обсуждать. К заключению о том, какие времена правильнее, так и не пришли. Видимо, это и есть «критическое рассмотрение».

Вот так рождаются басни про «калибровку» и «критическое рассмотрение». Хороший пример манипуляций и подтасовок в академической науке. Хороший пример того, чего нужно сторониться.

В итоге в этой части «академической науки» создалась некая эшелонированная оборона, в которой действует «циклический аргумент» о том, что якобы метод проверен и «калиброван», критически рассмотрен в литературе и таким образом доказан. Поскольку в этой «академической науке» задействованы авторитеты, то мало что понимающие в расчетах, «популяционные генетики» бездумно цитируют дефектный подход, что в свою очередь подается авторитетами как «критическое рассмотрение» и дополнительное обоснование метода. На самом деле не было ни калибровки, ни обоснования, ни критического разбора. Точнее, критический разбор был, и не один (см., например, Klyosov, 2008b, Клёсов, 2009e, Dienekes, 2008). Последний был озаглавлен «How Y-STR variance accumulates: a comment on Zhivotovsky, Underhill and Feldman (2006)»

<http://dienekes.blogspot.com/2008/07/how-y-str-variance-accumulates-comment.html>

Более того, этот подход уже давно служит предметом насмешек среди людей, понимающих в расчетах, например, на Форуме RootsWeb, но «авторитеты» эти обсуждения игнорируют, продолжая говорить о «калибровке» и «критическом разборе». Мотив простой – эта критика не была опубликована в «академической печати».

Наконец, критика опубликована (Klyosov, 2009a). Ответ авторов «подхода» и тех, кто его применяет, последовал (Hammer et al, 2009b).

Что же в ответе? Восемь положений. Что же посчитали главным авторы ответа?

- 1) Оппонент (то есть я) выступил с критикой слишком быстро, что «не есть в интересах основательного научного процесса».
- 2) В своей критике я ссылаюсь на недоступные и неопубликованные работы (в печати в JoGG)
- 3) Использую нестандартную терминологию, как, например, «логарифмический» и «линейный» методы.
- 4) Я сделал неверный вывод, что гаплотипы образуют «генеалогию» и к ним могут применяться «генеалогические» подходы (то есть не «популяционные».
- 5) Я не учитывал «генетический дрейф» или «никакие другие особенности мутаций в микросателлитах».
- 6) Авторы не знают, насколько мой метод применим к их системе.
- 7) Применяемый метод Животовского правильный, откалиброван и критически рассмотрен в научной печати.
- 8) Применяемые мной «деревья гаплотипов» являются интересными и могут быть в высшей степени полезными, но к ним нужно относиться с «большой осторожностью».

Положение (1), конечно, вызывает смех. Авторы, видимо, не в курсе, что «метод Животовского» уже давно вызывает насмешки, что я его давно и детально разобрал, и на это описание не нужно времени.

Положение (2) можно было бы принять, если бы не русскоязычные Л. Животовский и Т. Карафет в авторах. Один вопрос мне в частной переписке, если они не умеют пользоваться Интернетом, и я бы дал им ссылки на работы, на которые они легко могли бы взглянуть. Мог бы и выслать. Если бы они хотели. Но желания, явно, не было.

Положение (3) – авторы просто не владеют предметом. Логарифмический метод в химической кинетике существует уже десятки лет. Он подробно и в азбучном варианте изложен в учебнике И.В. Березина и А.А. Клёсова «Практический курс химической и ферментативной кинетики», который уже более 30 лет служит основным учебником по данному предмету для университетов. Опять – короткий вопрос со стороны ЛЖ или ТК, и они узнали бы для себя много нового. Но не захотели.

Положение (4) – авторы просто не поняли, о чем речь. А речь о том, что дерево гаплотипов можно разложить по ветвям, и к каждой ветви приложить «генеалогический подход» и «генеалогическую скорость мутаций». А вот обрабатывать все дерево чохом, как делают авторы, в общем случае неверно.

Положение (5) – авторы опять не поняли, что разложение дерева по ветвям – это и есть учет «генетического дрейфа».

Положение (6) – в моем «Комментарии» всё описано. Авторы просто не захотели, или не смогли разобраться.

Положение (7) – неверно и подтасовочно. В настоящей статье я это еще более подробно описал.

Положение (8) – наконец-то разумные слова. Следует, правда отметить, что к «методу Животовского» слова про «осторожность», по мнению авторов, видимо, неприменимы. Там осторожность не нужна. Это только к другим авторам относится.

Воистину, двойной стандарт еще и забавен.

Хочу еще раз подчеркнуть, что вклад авторов в биологическую сторону вопроса сомнению не подлежит. Но когда авторы полагают, что они владеют истиной и в отношении количественных методов обработки мутаций в гаплотипах, что определенно НЕ их сильная сторона, когда занимаются подтасовками, искажениями и преувеличениями, то мое уважение к ним сильно падает. Хотя авторам есть оправдание – их фактически ввел в заблуждение метод Л. Животовского, которому они просто доверились. Вред, который последний нанес ДНК-генеалогии свои «методом», еще будет оценен, и будет определенно оценен как вред немалый.

История с «мутациями в парах отец-сын».

В рассматриваемой работе автор, Е.Я. Тетушкин, сетует, что калибровка скоростей мутаций, основанная на археологических «и прочих непрямым свидетельствах» часто «очень неточна и ненадежна», а вот прямые результаты скоростей мутаций по парам отец-сын якобы намного точнее, если только убедиться, что нет проблемы с отцовством. Тогда можно просто разделить число наблюдаемых мутаций на число мейозов. И в качестве примера автор приводит недавнюю работу Ballantyne et al (2010) по установлению скоростей мутаций для 186 маркеров почти в 2000 парах отец-сын.

Этим «теоретикам» в популяционной генетике, которые сами не считают, но думают, что все так просто и надежно, можно только порекомендовать опробовать свои рекомендации самим. На самом деле то, что приводится в статье Ballantyne et al (2010) и других подобных статьях, совершенно неприменимо для реальных расчетов в ДНК-генеалогии. Может в судебной практике это и полезно, но не при расчетах времен жизни общих предков.

На первый взгляд кажется, что в статье Ballantyne et al - замечательная статистика, и вот наконец-то получены данные, которые позволят откорректировать скорости мутаций для протяженных гаплотипов и вывести ДНК-генеалогию на новый количественный уровень. Закончились споры и дискуссии, какие величины скоростей мутации самые правильные, и осталось только щелкать древние (и современные) гаплотипы как орехи. Видимо, этой эйфорией прониклись и сами авторы, поскольку в Абстракте статьи написано черным по белому, после фразы, что теперь можно анализировать как близких, так и удаленных родственников “This finding is expected to revolutionize Y-chromosomal applications...”

Увы, не тут-то было.

Во-первых, поскольку мутации в гаплотипах обычно редки, то этих почти двух тысяч пар отец-сын явно недостаточно для хорошей статистики. Во многих маркерах мутаций не было вообще, в большинстве маркеров по одной-две-три мутации на все две тысячи пар, что вовсе немного для статистики. Понятно, что если мутаций в маркере вообще нет, то он остается неохарактеризованным. Одна мутация означает статистическую погрешность плюс-минус 100%, поскольку где одна мутация, то там легко могло быть две или ни одной. Это можно показать и количественно, в терминах математической статистики. Две мутации – это погрешность примерно плюс-минус 70%. Ясно, что о расчетах на основе отдельных маркеров здесь не может быть и речи. Не случайно в предыдущих статьях

на эту тему в Вестнике я писал, что для статистически надежных данных нужны серии из сотен тысяч, а то и миллионов пар отец-сын, что практически нереально, пока, во всяком случае.

Во-вторых, для каждого маркера изучалось разное количество пар отец-сын. Это почти неизбежная проблема в таких массовых исследованиях, поскольку часто имеют место сбои, аллели не определяются, лаборанты ошибаются, а переделывать – дорого и неохота. Скорее второе, чем первое. В итоге итоговая таблица данных выглядит как лоскутное одеяло, с массой прорех. Но это самая незначительная проблема, поскольку данные можно пересчитать на некую «нормированную» величину, что мы ниже и сделаем двумя способами.

В-третьих, авторы не ориентировались на ДНК-генеалогию, а преследовали свои цели. В итоге ряд важных маркеров определены вообще не были, а именно из 37- и 67-маркерной панелей. Поэтому для этих расчетов, с использованием наиболее ценных, протяженных гаплотипов, данные обсуждаемой статьи вообще непригодны.

В четвертых, и это очень важно, данные в парах отец-сын имеют принципиальный, системный недостаток в рамках понятий ДНК-генеалоги. Они позволяют рассчитать скорости мутации только НА ПОКОЛЕНИЕ, просто по определению. А исторические расчеты, понятия, исследования ведутся в годах. Переход же от числа поколений к числу лет принципиально невозможен со сколько-нибудь приемлемой точностью. Этот «коэффициент» - величина плавающая, и меняется от эпохи к эпохе, от культуры к культуре, и вообще зависит от массы факторов. В разных работах популяционных генетиков он варьируется от 18 до 35 (как минимум) лет. Соответственно, при этих величинах число лет будет варьироваться почти в два раза, и вся точность определения скоростей мутаций в парах отец-сын сводится на нет. Один выход из ситуации – калибровать полученные данные по историческим и генеалогическим данным, что мы и так делаем без тех хлопот.

Это – к «революционированию» науки, о чем в состоянии эйфории воскликнули авторы статьи. Как видно, революционирования особого не видно, хотя исследование полезное, как мы ниже покажем. Вся его полезность в основном сводится к тому, что показывает, что наши значения скоростей мутации, определенные эмпирически, вполне согласуются – по порядку (!) - с расчетами по парам отец-сын.

Напомним сначала основные положения нашего эмпирического подхода и соответствующие величины констант скоростей мутации для разных

протяженных гаплотипов, а потом посмотрим, что в этом отношении дают результаты рассматриваемой статьи.

Принципиальная методология нашего подхода описана в статьях (Klyosov, 2009b,c; Rozhanskii and Klyosov, 2011), и во многих статьях данного Вестника. Число мутаций в сериях гаплотипов может рассматриваться с применением любого из четырех основных методов – «линейный», «логарифмический», «квадратичный» и «пермутационный». Самый простой – логарифмический, в котором и мутации считать не нужно, считаются только немутированные гаплотипы, и берется логарифм отношения числа всех гаплотипов в серии к числу немутированных гаплотипов и далее к средней скорости мутации маркеров в гаплотипе. Но перед этим необходимо убедиться, что вся рассматриваемая серия гаплотипов происходит от одного общего предка. Это, впрочем, неперемutable требование ко всем четырем методам расчетов. На это есть критерии, которые применяются к дереву гаплотипов рассматриваемой серии. Для линейного метода необходимо определить среднее число мутаций на маркер в данном гаплотипе, разделить на среднюю скорость мутаций и сделать поправку на возвратные мутации. Такую поправку необходимо делать и в логарифмическом методе. В квадратичном и пермутационном методах поправки на возвратные мутации делать не нужно, но эти два метода особенно чувствительны к примесям гаплотипов от других общих предков.

В любом методе необходимо использовать среднюю скорость мутации – на маркер или на гаплотип (Klyosov, 2009c):

Для 12-маркерных гаплотипов – 0.020 мутаций на гаплотип, или 0.00167 мутаций на маркер,

Для 25-маркерных гаплотипов – 0.046 мутаций на гаплотип, или 0.00183 мутаций на маркер,

Для 37-маркерных гаплотипов – 0.090 мутаций на гаплотип, или 0.00243 мутаций на маркер,

Для 67-маркерных гаплотипов – 0.12 мутаций на гаплотип, или 0.00179 мутаций на маркер,

Для 111-маркерных гаплотипов – 0.198 мутаций на гаплотип, или 0.00178 мутаций на маркер.

Эти скорости мутаций откалиброваны при величине 25 лет на поколение. Последнее – фиксированная математическая величина, а не какое-либо иное соображение. Дело в том, что при расчетах в ДНК-генеалогии, исходя из числа мутаций или числа немутированных гаплотипов в серии, всегда получается величина $\langle kt \rangle$, где k – это средняя скорость мутаций (или константа скорости мутаций), и t – число поколений до общего предка серии гаплотипов. Например, ранняя серия данных для Клана Доналдов гаплогруппы R1a1 (“Красная подгруппа” в номенклатуре Клана) содержала 44 мутации в 68 12-маркерных гаплотипах, и в последнем варианте (сентябрь 2011 года) было 81 мутации в 143 12-маркерных гаплотипах. Поскольку мы знаем, что общий предок всей группы, Джон, Лорд Островов, жил (в контексте данного исследования) 650 лет назад (он умер в 1386 году, то есть 624 года назад), то мы считаем это как 26 поколений по 25 лет каждое. Иначе говоря, мы калибруем константы скорости мутаций при заданной математической величине в 25 лет на поколение. Мы могли бы положить это как 13 поколений при 50 годах на поколение, и получили бы тот же результат, а именно 650 лет до общего предка. Просто скорость мутации стала бы вдвое выше.

Давайте посмотрим, что получается. Задавая 26 поколений до общего предка (при 25 годах на поколение) получаем:

12-маркерные гаплотипы, для ранней и последней серий гаплотипов:

$$44/68/26 = 0.025 \pm 0.004 \text{ мутаций на гаплотип на поколение}$$

$$81/143/26 = 0.022 \pm 0.002 \text{ мут/гаплотип/поколение}$$

Из 143 гаплотипов 86 были одинаковыми, то есть базовыми. Применяя логарифмический метод, получаем: $[\ln(143/86)]/26 = 0.020 \pm 0.002$ мут/гаплотип/поколение.

Видно, что эти величины равны в пределах погрешности. Более детальные последующие исследования со многими сериями гаплотипов позволили уточнить константу скорости мутации как 0.020 ± 0.001 мут/гапл/поколение

Таким же образом калибруются и более протяженные панели гаплотипов, и не только по Клану МакДоналдов, а по многим документальным генеалогиям. Это детально описано в недавней статье (Rozhanskii and Klyosov, 2011).

Переходим к обсуждаемой статье Ballantyne et al (2010). Как уже упоминалось, она содержит данные для 12- и 25-маркерных гаплотипов, но

не для 37- и 67-маркерных. Там – пробелы в маркерах, которые не типировались в парах отец-сын. Пропущенные маркеры – YCAIIa,b и CDAa,b в 37-маркерной панели, 395S1a,b и 413a,b в 67-маркерной панели. Большая часть из изучавшихся в работе 186 маркеров в современной ДНК-генеалогии не применяется.

Посмотрим на полученные данные внимательнее. В первых 12 маркерах (в формате FTDNA) в маркере DYS393 имеются 3 мутации на 1750 пар отец-сын, в маркере DYS390 – 2 мутации на 1758 пар... мало того, что статистика крайне мала, но вызывает удивление, что маркер 393 оказался более быстрый, чем 390, хотя любой, работавший с мутациями в гаплотипах, знает, что это не так, и что 390-й примерно в четыре раза быстрее, чем 393-й.

Продолжим рассмотрение.

Для следующих десяти маркеров число мутаций следующее: 7, 5, 3, 6, 0, 0, 6, 9, 1, 6. Таким образом, во всех 12 маркерах во всех 1727 ± 49 парах отец-сын произошло 48 мутаций, то есть в среднем 4 мутации на маркер. Это число, 1727 ± 49 пар, возникло потому, что для каждого маркера число пар отец-сын было различным – для ряда мутаций были сбои, в ряде были допущены ошибки, которые затем были удалены из общего списка, и так далее. В итоге это дало $4/1727 = 0.00232 \pm 0.00033$ мутаций на маркер на поколение для 12-маркерных гаплотипов, то есть 0.028 ± 0.004 мутаций на гаплотип на поколение (погрешность определяется тем, сколько мутаций было зафиксировано). Как приведено выше, «мои» скорости мутаций для 12-маркерных гаплотипов (как и скорости мутаций по данным Чандлера, Chandler, 2006) равны 0.00183 ± 0.00009 и 0.020 ± 0.001 на маркер и на гаплотип на поколение, соответственно. «Мои» данные были калиброваны для 25 лет на поколение, Чандлер свои данные не калибровал (но они соответствуют моим данным для 25 лет на поколение), а данные Ballantyne в точности совпадут с моими данными для 35 лет на поколение ($0.028 \times 25/35 = 0.022$).

Как видно, системная, принципиальная проблема с данными по парам отец-сын состоит в том, что они рассчитываются только на поколение, и чтобы перевести их на год нужно знать (или постулировать) число лет в поколении. Или пересчитывать их на определенный стандарт, как показано выше, беря за стандарт мои данные, определенные независимо. А тогда какой смысл подгонять под мои данные, если я их уже рассчитал без использования пар отец-сын?

Другой вариант пересчета данных по парам отец-сын – это не использовать усредненное число пар 1727 ± 49 , а число мутаций по каждому маркеру

нормировать на, скажем, 10,000 пар отец-сын. В таком случае для 12-маркерных гаплотипов получится 277.157 мутаций на (теоретические) 10,000 пар отец-сын, то есть скорость мутации будет равна 0.0277 ± 0.0040 на гаплотип, что практически равно 0.028 ± 0.004 , полученным выше.

Если перейти к 25-маркерным гаплотипам, то добавится число мутаций 14, 4, 0, 0, 3, 2, 0, 19, 12 (в цитируемой работе мутации для DYS459a,b были суммированы, как и для DYS464a,b,c,d). Таким образом, добавятся 54 мутации, и число мутаций для 25-маркерных гаплотипов во всех парах отец-сын будет $48+54 = 102$, на 1704 ± 86 пар. Это даст $102/1704 = 0.0600 \pm 0.0059$ мутаций на гаплотип, или 0.0024 ± 0.0002 мутаций на маркер.

Если рассчитать данные более аккуратно, с помощью нормирования, то окажется 594.915 мутаций на (теоретические) 10,000 пар отец-сын, то есть скорость мутации будет равна 0.0595 на гаплотип, что опять практически равно 0.0600 ± 0.0059 , полученным выше. Опять эти величины выше, чем «мои» 0.046 мутаций на гаплотип на поколение, и теперь они сравниваются с моими при 32 годах на поколение по данным Ballantyne et al, $0.0595 \times 25/32 = 0.046$.

В заключение – данные Ballantyne et al по 17-маркерным гаплотипам. В своих расчетах я использовал величину 0.002 мутаций на маркер, или 0.034 мутаций на 17-маркерный гаплотип при 25 годах на поколение (Klyosov, 2009c). В работе Ballantyne et al все 17 маркеров претерпели 84 мутации на всех 1742 ± 34 парах отец-сын, то есть средняя скорость мутации была равна 0.0482 ± 0.0053 на маркер на поколение. Если опять провести нормирование мутаций на 10 тысяч пар отец-сын, то получится 482.623 мутаций, то есть средняя скорость мутации равна 0.0483, практически та же самая величина. При 35 годах на поколение, вычисленных выше, она будет соответствовать величине 0.0345 ± 0.0038 мутаций на гаплотип на поколение в 25 лет. Это в пределах погрешности совпадает с применяемой мной величиной 0.0034.

Итак, вывод: скорости мутаций по данным Ballantyne et al (0.0280, 0.0483 и 0.0595 на гаплотип на поколение для 12-, 17-, и 25-маркерных гаплотипов соответствуют 32-35 годам на поколение, и они – с некоторыми отклонениями – почти идентичны скоростям мутаций 0.020, 0.034, и 0.046 на гаплотип на поколение для тех же гаплотипов при 25 годам на поколение.

К сожалению, данные Ballantyne не применимы для 37- и 67-маркерных гаплотипов. Но и для 12, 17 и 25 маркерных гаплотипов они не дают ничего нового по сравнению с тем, что уже есть в арсенале ДНК-генеалогии,

потому что их нужно подгонять к уже существующим константам. Времени (в годах) на поколение скорости мутаций по парам отец-сын не дают.

В то же время данные Ballantyne et al для индивидуальных маркеров не могут быть использованы для расчетов, поскольку статистики там практически нет. Так, для числа мутаций по почти 2000 пар отец-сын для первых 12 маркеров, а именно 3, 2, 7, 5, 3, 6, 0, 0, 6, 9, 1, 6, статистические погрешности, или доверительные интервалы соответственно равны (при 95% надежности) соответственно плюс-минус 115%, 141%, 76%, 89%, 115%, 82%, данных нет, данных нет, 82%, 67%, 200%, 82%. Ясно, что с такими погрешностями в расчетах делать нечего.

Расчеты показывают, что для того, чтобы пары отец-сын дали статистически значимые константы скорости мутации для индивидуальных маркеров, должно наблюдаться не менее 400 мутаций в каждом локусе (это даст погрешность $\pm 10\%$ при 95%-ной надежности расчетов). Это условие будет выполняться для минимум 800 тысяч (!) пар отец-сын, и даже при этом наиболее медленные маркеры дадут всего одну или несколько мутаций на локус. Но даже и в этом случае полученные константы скорости мутации будут относиться всего к одному поколению, и не будут применимы для расчетов TMRCA в годах, а в исторических науках в поколениях не считают. Так что опять придется подгонять к уже известным величинам констант скоростей мутаций. Круг замкнулся.

Вот такая популяционная генетика с ее надеждами, что пары отец-сын – это то, что нужно для повышения надежности расчетов. «Страшно далеки они от народа», эти популяционные генетики.

Литература

Клёсов, А.А. (2008) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, No. 4, 568-630.

Клёсов, А.А. (2009a) Ещк раз о «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, № 7, 1162-1182.

Клёсов, А.А. (2009b) Гаплотипы восточных славян: девять племен? Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №2, 232-251.

Клёсов, А.А. (2009с) Гаплотипы угро-финских русских (северных) славян: семь племен? Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №3, 370-389.

Клёсов, А.А. (2009d) Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племен? Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №5, 801-815.

Клёсов, А.А. (2009е) О «множественных и уникальных генеалогических линиях коэнов» (альтернативный анализ данных, приведенных в публикации Hammer, Behar, Karafet, Mendez, Hallmark, Erez, Zhivotovsky, Rosset, Skorecki, в Hum. Genet. , август 2009). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, № 6, 1100-1116.

Клёсов, А.А. (2010а) Основная загадка во взаимоотношениях индоевропейской и тюркской языковых семей и попытка ее решения с помощью ДНК-генеалогии: соображения нелинивиста. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, №1, 2-57.

Клёсов, А.А. (2010b) Экзерсизы от Петра Золина в ДНК-генеалогии, или с каким другом и недругов этой науке не нужно. Раздел «Почему мы значительно меньше внимания уделяем мтДНК в расчетах времен до общих предков, и при рассмотрении миграций в целом». Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, №12, 2245-2267.

Клёсов, А.А. (2011а) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и рождение «молекулярной истории». Биохимия, 76, 634-651.

Клёсов, А.А. (2011b) «Угро-финская» и «южно-балтийская» ветви гаплогруппы N1c1 и их гаплотипы. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №8, 1604-1626.

Клёсов, А.А. (2011с) История гаплогрупп R1a и R1b в Иране и Ливане. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №1, 20-32.

Клёсов, А.А. (2011d) Исследования мтДНК. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №11, 2088-2092.

Клёсов, А.А. (2011е) Происхождение древних субкладов гаплогруппы R1b – территории и времена. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №12, 2227-2245.

Клёсов, А.А. (2011f) Гаплогруппы и гаплотипы Армении (гаплогруппы J2, R1b-L23, R1b-M269 и T-M184). Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №10, 1985-1993.

Лабай, А.А. (2011) Армянские гаплотипы гаплогруппы T-M184 из Закавказья. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №11, 2073-2079.

Рожанский, И.Л. (2011) О литовских и польско-словацких гаплотипах. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №12, 2323-2325.

Рожанский, И., Клёсов А. (2009) Гаплогруппа R1a1: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 2, № 6, 974 – 1099.

Тетушкин, Е.Я. (2011) Генетическая генеалогия: история и методология. Генетика, 47, 597-609.

Arredi, B., Poloni, E.S., Paracchini, S., Zerjal, T., Fathallah, D.M., Makrelouf, M., Pascali, V.L., Noveletto, A., Tyler-Smith, C. (2004) A predominantly Neolithic origin for Y-chromosomal DNA variation in North Africa. *Am. J. Hum. Genet.*, 75, 338-345.

Athey, W. (2009) Introduction to a special section on alternative methods of analysis for Y-STR clusters and the determination of the time to the most recent common ancestor. *J. Genet. Geneal.* 5, 131-136.

Balanovsky, O. P. (2009) Human genetics and Neolithic dispersal. The East European Plain on the Eve of Agriculture. (ed. P.M. Dolukhanov, G.R. Sarson and A.M. Shukurov). *British Archaeological Reports International Series 1964*, Oxford: Aechaeopress, p. 235-246.

Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. *Am. J. Human Genet.* 7, 341-353.

Behar, D.M., Thomas, M.G., Skorecki, K., Hammer, M.F., Bulygina, E., Rosengarten, D., Jones, A.L., Held, K., Moses, V., Goldstein, D., Bradman, N., Weale, M.E. (2003) Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y chromosome

evidence for both Near Eastern and European ancestries. *Am. Hum. Genet.* 73, 768 - 779.

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

Behar, D.M., Yunusbayev, B., Metspalu, M., Metspalu, E., Rosset, S., Parik, J., Rootsi, S., Chaubey, G., Kutuev, I., Yudkovsky, G., Khusnutdinova, E.K., Balanovsky, O., Semino, O., Pereira, L., Comas, D., Gurwitz, D., Bonne-Tamir, B., Parfitt, T., Hammer, M.F., Skorecki, K., VILLEMS, R. (2010) The genome-wide structure of the Jewish people. *Nature*, doi:10.1038/nature09103, published online June 9, 2010.

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

Haber, M., Platt, D.E., Badro, D.A., Xue, Y., El-Sibai, M., Bonab, M.A., Youhanna, S.C., Saade, S., Soria-Hernanz, D.F., Royyuru, A., Wells, R.S., Tyler-Smith, C., Zalloua, P.A. (2010) Influences of history, geography, and religion on genetic structure: the Maronites in Lebanon. *Eur. J. Hum. Genet.*, December 2010, doi: 10.1038/ejhg.2010.177

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009a) Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. *Hum. Genet.* , 126, No. 5, 707-717.

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009b) Response. *Hum. Genet.* , 126, No. 5, 725-726.

Kasperavičiūtė, D., Kučinskas, V., Stoneking, M. (2004) Y Chromosome and mitochondrial DNA variation in Lithuanians. *Ann. Hum. Genetics*, 68, 438-452.

Klyosov, A.A. (2008a). Origin of the Jews via DNA genealogy. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 1, 54-232.

Klyosov, A.A. (2008b) Basic rules of DNA Genealogy (Y chromosome). Mutation rates and their calibration. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 1, 3-53.

Klyosov, A.A. (2009a) A comment on the paper: "Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood by M.F. Hammer, D.M. Behar, T.M. Karafet, F.L. Mendez, B. Hallmark, T. Erez, L.A. Zhivotovsky, S. Rosset, K. Skorecki, *Hum. Genet.*, 126, No. 5, 719-724.

Klyosov, A.A. (2009b) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. *J. Genetic Genealogy*, 5, 217 - 256.

Klyosov, A.A. (2009c) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidence written in the Y-chromosome: I. Basic principles and the method. *J. Genet. Geneal.*, 5, 186-216.

Malyarchuk, B., Derenko, M., Denisova, G., Maksimov, A., Wozniak, M., Grzybowski, T., Dambueva, I., Zakharov, I. (2011) Ancient links between Siberians and native Americans revealed by subtyping the Y chromosome haplogroup Q1a. *J. Hum. Genet.*, doi:10.1038/jhg.2011.64

Morozova, I., Evsyukov, A., Kon'kov, A., Grosheva, A., Zhukova, O., Rychkov, S. (2011) Russian ethnic history inferred from mitochondrial DNA diversity. *Am. J. Phys. Anthropol.*, DOI 10.1002/ajpa.21649, prepublication online.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome) *Advances in Anthropology*, 1, No. 2, 26-34.

Skorecki, K., Selig, S., Blazer, S., Bradman, R., Bradman, N., Warburton, P.J., Ismajlowicz, M., Hammer, M.F. (1997) Y cromosomes of Jewish Priests. *Nature* 285, 32.

Thomas, M.G., Skorecki, K., Ben-Ami, H., Parfitt T., Bradman N., Goldstein D.B. (1998) Origins of Old Testament priests. *Nature*, 394, 138 - 140.

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J. et al (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Eur. J. Human. Genet.*, advance online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194

Zhivotovsky, L.A., Underhill, P.A., Cinnoglu, C., Kayser, M., Morar, B., Kivisild, T., Scozzari, R., Cruciani, F., Destro-Bisol, G., Spedini, G., et al. (2004). The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time. *Am. J. Human Genet.* 74, 50-61.

Любопытный поворот истории про гаплотип фараона Тутанхамона и его происхождение

(Продолжение, начало в Вестнике 2011,
ноябрь, т. 4, №11, стр. 2063-2069)

Анатолий А. Клёсов
<http://aklyosov.home.comcast.net>

ПРЕДИСЛОВИЕ

Напомню, что центральным положением истории про гаплотип фараона, который относят к гаплогруппе R1b, является то, что обнаруженный гаплотип относится – с наибольшей вероятностью – к субкладу R1b1a2-M269*, с общим предком 6000-8000 лет назад. Это – не европейский гаплотип, где общие предки в подавляющем большинстве имеют «возраст» 4200-4500 лет для самых древних европейских субкладов гаплогруппы R1b. Это положение полностью вписывается в гипотезу, согласно которой носители гаплогруппы R1b мигрировали (или шли военной экспедицией) со стороны Ближнего Востока за запад вдоль африканского средиземноморского побережья примерно 5500-5000 лет назад, прибыли к Гибралтару и пересекли пролив, высадившись на Пиренеях примерно 4800 лет назад. Естественно, на этом пути они прошли через Египет, и не просто прошли, а насадили своего властителя, фараона, основав таким образом династию. Действительно, родоначальник всей линии фараонов, Нармер, фараон Раннего царства, нулевая династия, жил в 32-м веке до нашей эры, то есть 5200 лет назад. Примечательно, что его имя отсутствует в царских списках, то есть он появился неизвестно откуда, но он был победителем Нижнего Египта и объединил его с Верхним Египтом. Поскольку сам Нармер не был документированным царем, то основателем Древнего Египта исторические источники считают его сына Менеса, который уже имел официальный царский титул. Началась новая эра в истории Египта и новая царская линия, линия фараонов. Как вытекает из вышесказанного, линия гаплогруппы R1b1a2.

Здесь надо понимать, что высказанная выше гипотеза пока является лишь гипотезой, призванной объединить ряд данных и наблюдений, а именно то, что гаплогруппа R1b зафиксирована в Анатолии 6000 лет назад, в Леванте 5500 лет назад, и на Пиренеях 4800 лет назад, что от Леванта к Пиренеям гаплогруппа R1b идет на понижение субкладов и датировок, что

с Пиреней примерно 4800 лет назад началось движение археологической культуры колоколовидных кубков, культуры R1b, что гаплотип фараона оказался R1b, причем его доевропейского вида и, следовательно, датировки.

Естественно, как и для любой гипотезы, здесь можно придумать множество других вариантов, что, например, гаплогруппу R1b могли в Египет принести гиксосы, или что ее принесли библейский Иаков с семейством, которые (например) имели гаплогруппу R1b, или еще до них ее принес Иосиф из того же семейства, которого купил «египтянин Потифар, царедворец фараонов, начальник телохранителей» (Бытие 39:1), и который стал советником фараона – «И сказал фараон Иосифу... Ты будешь над домом моим, и твоего слова держаться будет весь народ мой; только престолом я буду больше тебя... и поставил его над всею землею Египетской» (Бытие 41: 39-43). Тем более что Иосиф служил во дворце фараона примерно 3800 лет назад, а фараон Тутанхамон родился 3333 лет назад. Много можно придумать вариантов, но наука продвигается не отдельными вариантами, какие бы замысловатые они ни были, а их оптимизацией. Но мой взгляд, оптимизация и приводит к гипотезе, изложенной в предыдущем параграфе, во всей совокупности ее составляющих.

При этом гипотезу не следует понимать буквально во всех ее положениях. Например, движение носителей R1b вдоль Средиземного моря из Египта на запад могло быть и на лодках и на судах. Линии фараонов могли пресекаться другими гаплогруппами на протяжении династий, но если у Тутанхамона была гаплогруппа R1b, то она могла в династии возвращаться, и так далее. Ни одна из подобных частных гипотез не отменяет. Так вот, если из Египта на запад носители R1b двигались на судах, то как это называлось бы? Правильно, египетский флот.

Переходим к основной части нашего повествования.

Египетский флот на Пиренеях 5000 лет назад

То, что изложено ниже, имеет смутный исторический статус. Факты вроде бы есть, но современная историческая наука их не узаконивает. Мотив один – с какой это стати египетскому флоту оказаться в Иберии 5 тысяч лет назад? А про R1b в Иберии около 5 тысяч лет назад историческая наука не знает. Знали бы – отнеслись повнимательнее.

Ниже – пересказ материала под названием «La tumba egipcia hallada en Tarragona y la legendaria Tartessos», присланного мне из Испании

знакомыми испанцами же. La tumba egipcia – это «египетская мумия», hallada – это «найденная».

Дело в том, что еще в 1850 году в каменоломном карьере морского порта Таррагона нашли фрагменты египетской усыпальницы, и через пять лет там же нашли египетскую мумию. Фрагменты усыпальницы и сейчас находятся в Королевской Академии истории в Мадриде, и в 1991 году выставлялись в городском музее Таррагона. Там же в экспозиции выставлены три египетских скарабея. Мумия пропала, и официальные историки ее находку отмечают за неимением самого предмета. Все, что осталось, это описание археолога Буэнавентуры Хернандеса Санагуя, который мумию нашел, в материале под названием *«Историческое описание города Таррагона от его основания до римского периода, с описаниями фрагментов египетского мавзолея, обнаруженного в марте 1850 года»*. Там детально описаны более 40 найденных фрагментов. Более ста лет назад Берлинская академия отказалась признать египетское происхождение мавзолея, предположив, что кто-то просто решил воссоздать вариант мавзолея «более-менее искусственно», и заявив, что «никаких египетских колоний в Испании неизвестно».



Здесь стоит упомянуть записки столетней давности, оставленные заместителем музея Таррагоны Carles Vabot Voixeda, который написал: «В октябре 1911 года меня посетили два джентльмена, один знаменитый египтолог и один доктор наук, которые сообщили, что Санагуя был прав в своих описаниях».

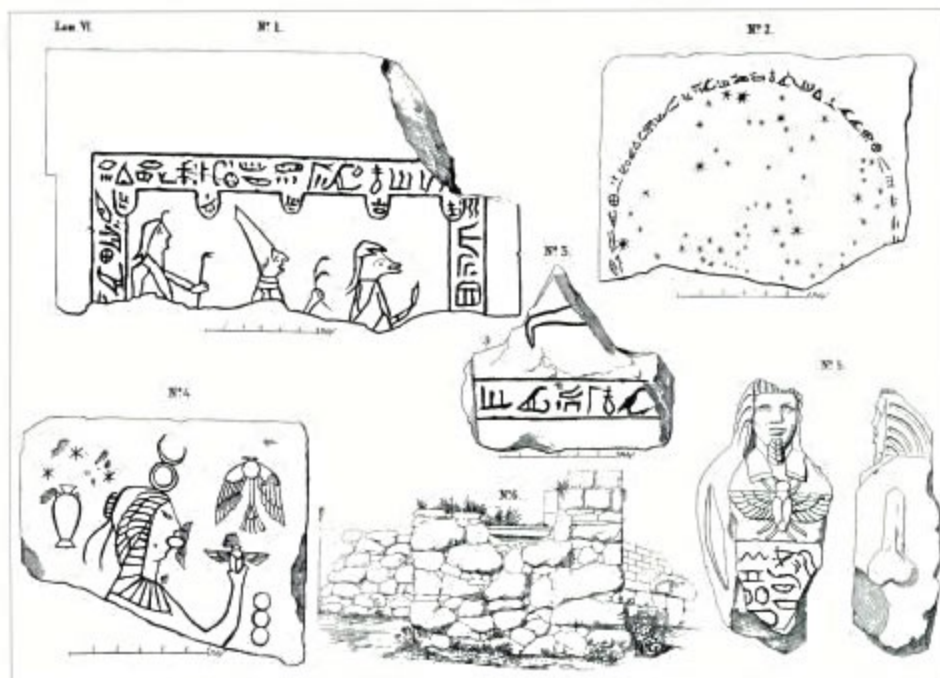


FIGURA 30.—Lámina de los supuestos objetos egipcios hallados en Tarragona, 1853.

Здесь мы оставим на время археологов и перейдем к книге под названием LOS BERE, видимо, книге старинной, написанной на языке, близком современному языку басков (или содержащей старинные тексты, из описания неясно – АК). В книге есть глава под названием TARTEOSE. Глава описывает, как пять тысяч египетских войск прибыли на Иберийский полуостров и в ходе военной кампании заняли территории. Как пишет автор – «В июне-июле 3513 года (до н.э.?) большой военный флот под командованием фараона Тео II (TEOTZAR, или Tsar Teo) внезапно появился в устье реки río Ebro, и вступил в бой с несколькими кораблями защитников Арагона. После первого дня боев военная сила берега была практически уничтожена и город был занят египтянами. Фараон Тео II основал город Tarteose, который стал резиденцией египетского наместника в Иберии. Сейчас город называется Tortosa. Египетский наместник правил относительно немного (по мнению автора), около 300 лет. Оттуда проводились военные экспедиции вглубь полуострова. Репродукции из книги и прочие репродукции, скопированные Санагуя, даны на сайте <http://iberialdea.es/blog/?p=269>, и воспроизводятся здесь.



Эти рисунки можно долго комментировать, но не в этом цель моего изложения здесь. Можно упомянуть, что крокодил (слева на рисунках) – древний символ Египта, но вряд ли это будет убедительным при таком изложении. Пусть читатели сами дают свои интерпретации.





В заключение можно сказать следующее: если приведенные выше описания верны, и примерно 5 тысяч лет назад (мы не знаем, насколько точны даваемые в материале датировки) «египетский» флот прибыл с боями в Иберию и после этого сотни лет «египтяне» пребывали на Пиренеях, то это и могло быть то самое прибытие носителей гаплогруппы R1b в Иберию. Естественно, это всего лишь гипотеза, точнее, продолжение общей гипотезы, приведенной выше, но она вполне правдоподобна. Не высказать ее было бы упущением. Будущие исследования покажут, будут ли еще данные в ее поддержку. Данные опровергающие трудно себе представить.

ДНК-генеалогия, археология и лингвистика: трудности коммуникации

(Часть 1)

Анатолий А. Клёсов

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

Эти заметки навеяны чтением двух статей – одна пятилетней давности, под названием «Столкновение культур? Археология и генетика» (Pluciennik, 2006) в сборнике «Documenta Praehistorica XXXIII», и вторая, почти 80-летней давности, «Мысли об индоевропейской проблеме» (Трубецкой, напечатана в журнале «Вопросы языкознания» в 1958 году, через 20 лет после ее написания за рубежом, в Вене, за год до смерти автора, князя Н.С. Трубецкого).

Обе статьи актуальны и сейчас, но по разным причинам. Первая статья говорит о том, как трудно продуктивно взаимодействовать археологам и генетикам, которые друг друга не только не понимают, но и не хотят понимать. Вторая статья намного опередила свое время, и, видимо, продолжает опережать его и сейчас, во всяком случае в лингвистике. Я, правда, не знаю, мне так представляется. Лингвисты наверняка будут недовольны, и либо скажут, что ничего приемлемого в статье Н. Трубецкого не было и нет, либо, напротив, скажут, что она давно находится в золотом фонде лингвистики, и нечего тут рассуждать. Но если так, тогда непонятно, почему они не направляются бегом к ДНК-генеалогии, которая так перекликается со статьей Трубецкого по ряду «моментов».

Действительно, почему историки, археологи, лингвисты не бегут к ДНК-генеалогии? Почему дискуссии с ними, как правило, проваливаются, поскольку ведут к взаимным раздражениям и ничем конструктивным не заканчиваются? Одно простое соображение высказал недавно в беседе со мной российский антрополог – что антропологи с подозрением относятся к ДНК-генеалогии, так как опасаются, что их вытеснят с их же поля: в отличие от их медленной, обстоятельной, трудозатратной науки, ДНК-генеалогия исключительно мобильна, продуктивна, быстро развивается, и с ней трудно спорить, поскольку антропологи не понимают ее методологии. Это типа палица против пулемета. Баскетбол с его дриблингом против шахмат.

Этот фактор, конечно, может иметь место, но, полагаю, он далеко не самый главный. Важнее то, что ДНК-генеалоги и не знают, что на самом деле нужно археологам-лингвистам, и искренне верят, что тем нужно именно то, что ДНК-генеалогия и генерирует. А именно, сведения о миграциях родов-гаплогрупп с соответствующими датировками.

На самом деле, как выясняется во многих частных беседах, археологи-лингвисты это и не просят, им это не нужно, и навязывание им этой не запрашиваемой ими информации их только раздражает. Вспоминаю мой разговор с одним из наиболее крупных российских археологов-сарматоведов. После развертывания перед ним полотна методологии ДНК-генеалогии и ее настоящих и потенциальных достижений, он ответил мне, что ему это и не нужно. Как? – спросил я, – вы не хотите узнать какие рода-гаплогруппы были среди сарматов? – Нет, ответил он. – Понимаете, когда мы находим при раскопках, скажем, копье, то это материальный признак. Он несет нужную нам информацию. А рода – это информация нематериальная, она нам ничего не даст.

Я утешил себя тем, что он так ничего и не понял, видимо, потому что старенький, и поделился с ним интересными – как мне казалось – сведениями, что при раскопках в Баварии (Германия) нашли захоронения воинов в тяжелом боевом вооружении (мечи, копья, щиты), у шести провели анализ ДНК, у четырех оказалась гаплогруппа R1b1a2, и у двух – G2a, с гаплотипом, типичным для этнических русских гаплогруппы G2a и совершенно далеким от кавказцев. Вот, говорю, не исключено, что это сарматы или их потомки из южно-русских степей.

Он заинтересованно спросил, какая датировка. Я говорю – 670-й год нашей эры. Он потух и сказал, что это не сарматы, те жили многими столетиями раньше, и это ему тоже неинтересно.

Представляете? Вот что называется «специализация узкая». А мы им про устройство мира, про древние миграции, про глобальную историю... Ничего это им, как правило, неинтересно и не нужно. У них узкая специализация, а остального – «нэ трэба».

Подобный разговор был со специалистом по славянам. Все, что ниже середины 1-го тыс нашей эры, его совершенно не интересовало. Праславяне, жившие 5 тысяч лет назад на Русской равнине, ему были и даром не нужны. «Вы бы славян еще в каменный век поместили», сказал он мне. – Но это же их предки, не так ли? – спросил я. – *Не интересуется*, был его ответ. – *Я этим не занимаюсь*.

Тем же обычно заканчивались и разговоры с лингвистами. Все как один требовали, чтобы я строго придерживался их терминологии, суть вопроса никого не интересовала. Только правильная терминология. – Господа хорошие, - говорил я, - вот в моей науке биокатализатор хоть ферментом называйте, хоть энзимом, хоть горшком, но если он ускоряет скорость реакции в миллион раз, меня это в любом случае заинтересует. Меня интересует явление, а не то, как его называть.

Но они были непреклонны. У меня было ощущение, видимо, неверное, что явления их не интересуют. Интересуют устоявшиеся парадигмы и отработанная терминология. Шаг в сторону – побег. Думаю, что я неправ, иначе это более чем печально.

И вот возникает вопрос – а, собственно, зачем им ДНК-генеалогия? Точнее, при каких условиях эта новая наука их может заинтересовать? Почему не интересует в том виде, в котором мы работаем? Что их там не устраивает?

Ясно, что короткого и ясного ответа здесь быть не может. Видимо, имеет место фундаментальная нестыковка в постановке задач с той и другой стороны, в способах их решения и виде, характере получаемых результатов.

Начнем с того, что археологов обычно интересуют социально-культурные явления в древнем обществе. Но это – не поле деятельности ДНК-генеалогии, не ее терминология, не ее методология. Это неважно, что социально-культурные отношения никак не являются первичным материалом раскопок или прочих реконструкций материальных признаков древнего общества. Это все – интерпретации фантазийного характера, но так надо. Это – их словарь, они к нему привыкли. Такой же словарь, как постоянно употребляемые термины «охотники-собиратели», и «фермеры». Они имеют определенный смысл в исторической парадигме, хотя не несут никакого смысла в ДНК-генеалогии, кроме того, что, скажем, 20 тысяч лет назад никаких фермеров быть просто не могло, поэтому датировка уже определяет, охотники-собиратели они были или фермеры.

Но эти понятия уже начинают переходить в популяционную генетику, хотя и там они являются, на мой взгляд, чисто спекулятивными понятиями. Как-то в одной дискуссии с «популяционным генетиком» в ответ на его высказывание про «фермеров» я спросил, откуда он знает, что те были именно фермерами, поскольку из популяционных корреляций это совершенно не следует. На что он ответил, что они были скорее всего фермерами, поскольку их популяция выжила (их потомков мы сейчас и изучаем), а для выживания их популяции нужно было иметь много детей, и

чтобы их прокормить нужно было быть фермерами. Эвона как. Военными они, выходит, быть не могли, как и стеклодувами, например. Так или иначе, ДНК-генеалогия на такой уровень спекуляции, надеюсь, скатываться не будет, и в парадигму «охотников-собираателей и фермеров» не попадает. Большой минус.

Но этот разнобой в коммуникации характерен не только между историками и ДНК-генеалогами, но и между историками и лингвистами. У последних тоже нет «охотников-собираателей и фермеров», как и многих других важных особенностей парадигмы. У них, правда, есть грамматические и словарные элементы и закономерности звуковых соответствий, но это не нужно археологам. Впрочем, археологи направо и налево употребляют понятие «индоевропейцы», которое, как известно, является понятием чисто лингвистическим, и при раскопках не выявляется. Это – кодовое слово, связанное у археологов с признаками материальными, и давно у них принятое вовсе не как языковая характеристика, а связанная, например, с формой посуды и узоров на ней.

Археолог хочет, чтобы ДНК-генеалогия давала ему сведения о распространении в Европе сельского хозяйства и связанные с этим социально-экономические особенности общества. А ДНК-генеалогия дает сведения о распространении в Европе гаплотипов и гаплогрупп.

В этом, пожалуй, и главная загвоздка взаимного непонимания и раздражения. Продуктивное сотрудничество возможно тогда, когда стороны выполняют взаимный «заказ». Археологу неинтересны гаплогруппы и гаплотипы, они – не материальные, не социальные, и не экономические признаки. В рамках настоящей парадигмы они археологу ничего не дают. ДНК-генеалог, со своей стороны, интересно, чтобы археолог грамотно и детально совместил археологические культуры – в пространстве и во времени – с расселением гаплогрупп, с их миграционными путями. И он, ДНК-генеалог, тут же понимает, что археолог это грамотно и детально сделать не может, поскольку с археологическими культурами серьезные противоречия в отношении преемственности гаплогрупп.

Например, ямная культура, она же древняя (не «культура», а «культурно-историческая общность», раздраженно поправляет археолог) образовалась 5200-4300 лет назад, по другим данным 5600-4300 лет назад. Это – «поздние протоиндоевропейцы». Она предшествовала культурам абашевской, раннесрубной, она же срубная, полтавкинской, андроновской, синташтинской, в части – катакомбной. – Так это гаплогруппа R1a1, объявляет ДНК-генеалог, – хотя 5600 лет назад для R1a1 вроде рановато,

хотя с 5200 лет назад для R1a1 еще можно смириться. – А ямная культура образовалась из хвалынской, она же протокурганная культура, это V-IV тыс до н.э., 7-6 тысяч лет назад, оказала большое влияние на ботайскую культуру в Казахстане. А хвалынская культура (извините, культурно-историческая общность) произошла – из самарской, 7 тыс лет назад, а та – из средневожской, 8 тыс лет назад...

Стоп, стоп, говорит ДНК-генеалог, что-то здесь явно не то. Вы гаплогруппы перемешали, рода разные. 8 тысяч лет назад никаких R1a1, то есть никаких «протоиндоевропейцев» на Средней Волге быть не могло, средневожская культура - это скорее всего гаплогруппа R1b, как и образовавшаяся из нее самарская культура 7 тысяч лет назад, как и хвалынская 7-6 тысяч лет назад, как и попавшая под влияние последней ботайская культура в Казахстане 6 тысяч лет назад, R1a1 там в то время не было, тем более в качестве «индоевропейцев», пусть и «прото». Так что не могла хвалынская культура перейти в ямную в рамках одного рода, потомков своих предков, это получается переход гаплогруппы R1b в гаплогруппу R1a. В этом место явный сбой в преемственности культур, если культура передается родом своим потомкам. R1b ни в какие ямники не переходили, они на юг, на Кавказ ушли, и возможно, стали катакомбниками, и там они явно наложились с гаплогруппой R1a1, которая прошла по тем же местам на тысячелетие позже. А потом R1b частью прошли далее на юг, в Анатолию и на Ближний Восток. Остальные R1b из Причерномор-ских степей, из катакомбной культуры – на запад, на Балканы, как раз примерно 4500 лет назад. Все сходится, там, на Балканах, датировки R1b как раз те самые 4500 лет назад. Как и далее по Европе.

Вот и конфликт. Потому что археологу не гаплогруппы нужны, а материальные признаки. Для него хвалынская культура переходит в ямную, это в любом учебнике написано. Не будет же он учебник менять, за это уволят без выходного пособия. А ДНК-генеалог не может вытерпеть, что из R1b «индоевропейцев» делают, переводя их в R1a1, чего быть просто не может. Он видит, что по Русской равнине прошли и R1b, и R1a, просто в разные времена, первые на тысячу лет раньше вторых, причем прошли во встречных направлениях, первые с востока на запад и далее, от катакомбной культуры, на запад и на юг, а вторые, R1a1, из Европы на восток, через ямную культуру до Южного Урала и далее, а также с Русской равнины как арии на юг, до Анатолии, Митанни, Аравийского полуострова, на юго-восток, до Средней Азии и далее на Иранское плато, и на юг же, в Индию, как легендарные арии.

Но, с другой стороны, археологи мучаются, пытаются совместить несовместимое, а именно разные гаплогруппы, их культурные признаки.

Л.С. Клейн в своей книге «Древние миграции и происхождение индоевропейских народов» (так пока и не опубликованной) изрядную часть посвятил катакомбной культуре, которая явно не укладывается в одну культуру, и ее корни уходят в разные стороны. Мы-то в ДНК-генеалогии, знаем, почему – это наложение гаплогрупп-родов R1b и R1a. А Л. Клейн пишет:

Ситуация классическая: корни ... уходят в разные стороны, и нет надежного критерия определить, с которой из них связана языковая преемственность.... Дальнейшее продвижение чисто археологическими средствами вглубь веков невозможно: корни катакомбной общности расходятся еще больше, чем корни срубной и андроновских культур, и гипотезы тут тоже разные (Кривцова-Гракова 1938; Попова 1955; Клейн 1962; Фисенко 1966; Николаева и Сафронов 1979; 1981).

И далее:

... есть одно существенное обстоятельство, которое представляется очень обескураживающим. Как можно было видеть, для этого времени мы находим не одну ираноязычную культуру, а несколько претендующих на ираноязычие – срубную, алакульскую, федоровскую (обе называют андроновскими), были и еще некоторые (в это же время существовала схожая с ними абашевская), у каждой из них несколько подкультур. Между тем иранские языки раннеисторического времени достаточно близки друг другу, чтобы можно было предполагать где-то в ближайшем прошлом единый иранский праязык (или язык-основу), по канонической глоттохронологии он должен был существовать от силы во втором тыс. до н. э., а ему должна соответствовать какая-то одна культура. В позднем и среднем бронзовом веке этого нет. То есть ситуация такая же, как в скифское время.

Значит,

либо к историческому времени языки разошлись дальше, чем оценивалось;

либо они развивались медленнее, чем предполагалось;

либо предковым для всех иранцев является только язык одной из этих ираноязычных культур, а остальные не дали прямого лингвистического потомства;

либо одному языку может соответствовать несколько археологических культур (то есть, на базе одного языка произошло образование нескольких культур, поскольку они образуются быстрее, чем делится язык).

Вопрос дискуссионный...

На самом деле обстоятельство, которое представляется «очень обескураживающим» состоит в том, что не учитываются рода-гаплогруппы, к тому же расходящиеся на субклады и мигрирующие раздельно. По Л. Клейну должна быть одна «ираноязычная культура», а мы видим, что в составе гаплогруппы R1a1 были разные потоки, разные ветви-субклады, и их на Русской равнине было не менее десятка. К тому же, как указывалось выше, там же долгое время пребывала другая гаплогруппа, R1b, которая, видимо, и начинала катакомбную культуру, потом продолженную ариями, гаплогруппой R1a. Неудивительно, что корни расходятся в разные стороны. «Обескураживающее обстоятельство» состоит в том, что Л.С. Клейн напрочь отказался рассматривать и обсуждать данные и подходы ДНК-генеалогии, как будет рассказано ниже. Почему? А потому, что ничего не захотел в своих представлениях менять. Не захотел даже рассматривать терминологию и подходы ДНК-генеалогии.

Никакого продуктивного сотрудничества в таком варианте не получается, потому что у кого-то картину надо принципиально менять. Но у ДНК-генеалoga гаплотипы-гаплогруппы, их менять не получится. А у археолога – материальные признаки, и учебник на столе. Тоже менять не получится.

Попросту говоря, археологу дают то, что он не запрашивал и знать не хочет. В этом и проблема.

Приведу пример из близкой мне химии. Допустим, я хочу узнать механизм некой химической реакции. «Механизм реакции» в химии – это обычно порядок, последовательность взаимодействия (успешного соударения) молекул, идентификация промежуточных продуктов реакции и скоростей этих процессов, как промежуточных, так и суммарной скорости, из исходных веществ в конечные. О моем желании узнал физик, и приносит мне десяток страниц математических формул и квантово-механических расчетов, и говорит – вот здесь все, что вы хотели узнать. Я ему – но ведь это вовсе не то, что я хотел узнать, и совсем не в том виде, как я привык и в каком ожидаю ответ на свой вопрос. А он мне – ваши представления давно устарели, как и ваши способы изложения, надо вот так, и будьте благодарны, что вам это объяснили. Спросите – расскажу как и что.

Я, честно говоря, и спрашивать не буду. Потому что вся моя система знаний построена по-другому, и она завязана на другие системы, на работы коллег, на то, что от меня ожидают на научных симпозиумах, и никто в таком виде «ответы на вопросы» от меня не примет. Их просто некуда встроить в нашем научном сообществе.

Возможно, именно в этом проблема в коммуникациях между ДНК-генеалогией, с одной стороны, и археологией и лингвистикой, с другой. Правда, и между археологией и лингвистикой во многом тоже.

Но этого объяснения не достаточно. Давайте в качестве очередного примера взглянем на диалог известного историка, Л.С. Клейна, уже упомянутого выше, и автора настоящей статьи. Диалог наш был в объеме 45 писем, более полутора ста страниц журнального текста (опубликован в февральском Вестнике 2011 г, том 4, №2, стр. 246-402). К 19-му письму стало ясно, что мы оба уперлись в определения, дефиниции, и так и не доберемся до сути дискуссии о связи ДНК-генеалогии и истории-археологии-лингвистики.

Например, у меня арии – это носители гаплогруппы R1a1 в III-II тыс до н.э. (с расширением на несколько тысячелетий в древность и на тысячелетие «вверх», до начала нашей эры, хотя эти границы условны), которые продвинулись с Русской равнины в Индостан, на Иранское плато, и через Кавказ в Анатолию, Митанни и на Аравийский полуостров, пронеся по всем этим направлениям и регионам свою гаплогруппу R1a1. Именно эта гаплогруппа в виде совершенно определенной метки в Y-хромосоме ДНК и передающаяся по наследству вплоть до настоящего времени, является идентификатором ариев – и в Индии, и в Иране, и в Месопотамии, и на Ближнем Востоке, и вообще везде, куда они ни прибывали.

Иначе говоря, арии – это род R1a1, представители которого в ходе миграций (и военных экспедиций) разнесли свои Y-хромосомы по миру, но наибольшую известность как арии получили по переходам на перечисленные выше территории. Поскольку и название гаплогруппы – R1a1 – созвучно слову «арии», ситуация становится совершенно определенной и легко идентифицируемой – как исторически по пребыванию легендарных ариев, так и по их гаплогруппе. Более того, мы уже знаем, что арии во всех перечисленных выше регионах принадлежали субкладу L342 гаплогруппы R1a1, который образовался в Восточной Европе примерно 4825 лет назад, прошел по Русской равнине, и перед расхождением по перечисленным регионам – и Индии, и Ирану, и Ближнему Востоку – дополнился нисходящим далее субкладом L657. То есть мы ясно видим направления передвижения ариев.

При этом становится безотносительным, самоназвание ли имя «арии» или название «со стороны», «ираноарии» они или «иранцы», или «митаннийцы» или жители Русской равнины в те времена, и какой язык у них был – «индоарийский» или «иранский» или какой другой. Это все они

и были, арии, гаплогруппы R1a1, и язык у них был арийский. Естественно, этот язык можно далее подразделять на диалекты, гаплогруппу – на субклады, но это уже вторичные элементы, не нарушающие целостности концепции.

Вот это рассмотрение «арийского вопроса», который не могли в подобном (или даже в отдаленном) виде решить более двухсот лет, стало возможным только в результате привлечения ДНК-генеалогии, и перевода вопроса в плоскость происхождения ариев, понятия того, что арии – это род (а вовсе не «раса»), со своим языком, географией миграций, предками и потомками, во всяком случае по мужской линии.

Поскольку мы с Л.С. Клейном уперлись в традиционные (с его стороны) определения и дефиниции ариев, которые и не позволяли решить «арийский вопрос» столетиями, и он совершенно не признавал подход к ариям по линии происхождения и рода, уже потому это подход не традиционный (я уже упоминал, что этих специалистов интересует не суть, а определения, и страсть держаться за традиционные подходы любой ценой), то я после 19 писем задал ему давно назревший вопрос:

-- Просьба: дайте, пожалуйста, определения «индоариям» и «ираноариям» - кто такие, происхождение, отношение к тем, кто прибыли в Индию и Иран в середине II тыс до н.э. На каком языке разговаривали. Я тогда попытаюсь показать, что у них общего и какие различия с древними носителями R1a1, включая времена IV-I тыс до н.э.

Получаю ответ:

В составе индоевропейской семьи языков выделяется как подразделение меньшее семейство арийских языков, а на взгляд многих, и несколько более крупное семейство грекоарийских – сюда входят еще армянский, фригийский и некоторые «малые» языки.

Арийские языки (другое название, чаще употребляемое – индоиранские) по всем данным степные. Очень четко отличаются от других индоевропейских семейств – германцев, кельтов, славян и т. д., которые арийскими не являются. Они (арийские языки) распадаются на две большие группы – индоарийские и иранские, а была еще и третья, или даже несколько арийских групп, от которых осталось несколько мелких языков на Памире. Индоарийские – это санскрит, хинди, бенгали и много других. Иранские – это персидский, мидийский, таджикский, пуштунский и др., древние скифские и сарматские языки, аланский, и осетинский.

Осетинский – это самый чистый остаток от аланского, а аланский – видимо, от сарматских.

Когда произошло разделение арийского языка на две-три группы, вопрос спорный. Одни утверждают, что незадолго до вторжения в Индию и Иран (основания чисто лингвистические), другие – что уже задолго до него индоарии и иранцы существовали отдельно - по меньшей мере тысячу лет (основания археологические). К названию их это не имеет никакого отношения, тем более, что имена Индия и Иран они-то в эти регионы и принесли.

Я отвечаю:

- Я надеялся на четкое определение в нескольких строках, тем более после нашей с Вами дискуссии. А именно – «индоарии» и «ираноарии», кто такие, происхождение, язык, отношение к тем ариям, кто вошли в Индию и Иран в середине II тыс до н.э. (Однако), происхождение носителей арийских (индоиранских) языков так и осталось неясным. Откуда они в степях появились? А вот если мы перейдем на гаплогруппу R1a1, всё сразу проясняется. Но об этом ниже.

Последнее положение (когда произошло разделение арийского языка на две-три группы) для меня совершенно понятно, и в рамках ДНК-генеалогии никакого противоречия между лингвистическими и археологическими основаниями нет. Дело в том, что носители гаплогруппы R1a1 появились на Русской равнине примерно 4800 лет назад (прямой расчет дает 4600 лет назад, но есть некоторые ветви, добавляющие 200-300 лет), и они разделились на три (по меньшей мере) миграционных потока восточного и южного направления – один на Южный Урал (прибыл туда примерно 4000 лет назад, в самом начале II тыс. до н.э.), другой – на Кавказ и в Закавказье (Анатолия, Митанни), в интервале 4200-3600 лет назад, третий – в Среднюю Азию, и стал авестийскими ариями, тоже, примерно, 4000 лет назад. Здесь археологические датировки важны, и я им отдаю предпочтение, оставив за ДНК-генеалогией общую картину миграций рода R1a1, которые и есть род ариев, в итоге прибывших в Индию и Иран в середине II тыс до н.э.

Как видите, они в самом деле существовали отдельно примерно тысячу лет, с середины III до середины II тыс. до н.э. А лингвистически продолжали быть одними и теми же, естественно, в языковой динамике, которая относительно консервативна. Так что здесь противоречия не вижу. И к названию их «иранские» и «индийские», конечно, тоже не имеет

никакого отношения, если только не задним числом. Типа английский язык на Британских островах называть «новозеландским», тоже задним числом.

Как видно читателю, в этом случае и вопрос у историка есть, на который исторические и лингвистические науки ответа дать не могут. Вопрос, напоминаю, такой (Л.С. Клейн) – «*Когда произошло разделение арийского языка на две-три группы, вопрос спорный. Одни утверждают, что незадолго до вторжения в Индию и Иран (основания чисто лингвистические), другие – что уже задолго до него индоарии и иранцы существовали раздельно – по меньшей мере тысячу лет (основания археологические).*» Так что здесь и вопрос есть, и ответ на него дан (см. выше), и в простой и понятной форме. Но ответ не был воспринят, более того, Л.С. Клейн обошел его глухим молчанием, и больше к нему не возвращался.

Так что, получается, что упрощал я выше, размышляя – «*Простому говоря, археологу дают то, что он не запрашивал и знать не хочет. В этом и проблема... Возможно, именно в этом проблема в коммуникациях между ДНК-генеалогией, с одной стороны, и археологией и лингвистикой, с другой*». Но здесь-то было не так. Археолог вроде как сам запрашивал, говорил, что вопрос спорный, что лингвисты утверждают одно, археологи – другое. Получил ответ, примиряющий археологов с лингвистами. И все равно нет так, судя по отсутствию реакции. Так что здесь, в неприятии, что-то более глубинное. Неужели банальная ревность, что как же так, мы, профессионалы, ответить не могли, а тут пришел некто и ответил. Непорядок. Принять такое никак не можно.

Неужели так? Тогда совсем плохо.

Возвращается к дискуссии.

Я пишу:

Вызывает у меня возражение и следующее Ваше положение:

>Арийские языки... очень четко отличаются от других индоевропейских семейств... славян... которые арийскими не являются.

Сейчас – нет, согласно современной лингвистической классификации. А в динамике – конечно, славянские языки являются прямыми потомками арийских (здесь я, естественно, определяю арийские языки как идущие из

Европы вместе с носителями гаплогруппы R1a1 – АК). Я, надеюсь, не ошибаюсь, что современный русский язык имеет историческое отношение и к санскриту, и к персидскому языку. Даже тот факт, что гаплотипы русских, индийцев и иранцев (R1a1) – одни и те же (при кардинальном отличии от западно- и центрально-европейцев, финно-угров, они же уральцы, от большинства скандинавов, турков, китайцев, африканцев и т.д.) – уже это показывает (вкуче с тем, что общий предок был одним и тем же), что язык у них был 4500-3500 лет назад в общем один и тот же (с учетом той самой динамики, о чем я упомянул выше).

А вот и данные С.А. Старостина («Сравнительно-историческое языкознание и лексикостатика»), доля совпадений по парам языков в списке Сводеша. Русский и персидский – 28%. По его же формуле (только немного переделанной мной, эти формулы – уже моя прямая специальность, «химическая кинетика» и «физическая кинетика», то есть наука о временных процессах) – (кв. корень $[\ln(100/28)]^2 \times 0.05$) = 3600 лет от расхождения пра-русского и пра-персидского языка. Понятно, что это грубое приближение, но по сути те же времена. Это и есть время арийских языков. Самому Старостину эта величина 3600 лет не понравилась, он почему-то хотел видеть 6000 лет, но, полагаю, ошибался. Это не время распада ИЕ языков, это время локального процесса – расхождения арийских языков с Русской равнины.

А по тому же С.А. Старостину доля совпадений русского и древнеиндийского языка – вообще 54%. Это, конечно, не вяжется с предыдущей цифрой, и дает всего 2500 лет от расхождения. Возможно, действительно сравнивали с санскритом Панини, тогда сходится. Опять, это не точная математика, но концептуально все к тому, что русский язык – это именно потомок арийских языков, называть их индоарийский или ираноарийский – это только наслаивать лишнее. Русская равнина там в любом случае первична (в данном контексте).

Поэтому название «индоиранские языки» является производными арийских, или общеарийских языков. То, что арийские языки относят больше к «степным», объясняется просто географией археологических находок.

Это и есть арийские языки, которые в своей динамике, изменившись за тысячу лет после выхода на Русскую равнину, и были принесены носителями R1a1 в Индию и Иран. Они же в своей естественной языковой динамике были принесены в Митанни примерно в те же времена, и этим объясняются сходства (но и некоторые различия) в пантеоне богов, коневодческих терминах, и других культурных и языковых особенностях

«митаннийских ариев», «индоариев» и «ираноариев». Это – исходно один и тот же род, R1a1, со своим языком, разошедшимся по диалектам в соответствии с картиной миграций с Русской равнины. Отсюда и (глотохронологическое) сходство арийских языков с современным русским, санскритом, персидским и другими иранскими и индоиранскими языками. Это – одна лингвистическая категория, подразделенная лингвистами на разные «семейства».

Как мы с Вами понимаем, уважаемый Лев Самуилович, в том, что я описал выше, могут быть как принципиальные ошибки, так и просто непривычные формулировки, базирующиеся, тем не менее, на тех же исторических фактах и находках. Я бы хотел узнать, что из сказанного выше является именно ПРИНЦИПИАЛЬНЫМИ ОШИБКАМИ. Если Вы скажете, что это все и так давно известно, я улыбнусь, но спорить не буду. Это просто будет означать, что ДНК-генеалогия всё делает правильно.

Последующая переписка показала, в чем причина того, что наша дискуссия дальше так и не пошла. Но показала мне, видимо, потому что я не лингвист-историк, и не нахожусь в жестком плену устоявшихся формулировок. Стало окончательно очевидно, что если для меня арии – это носители гаплогруппы R1a1 на Русской равнине, а также их предки западнее (в Европе) и потомки (и братья) – восточнее, до Индии-Ирана (и Месопотамии - Ближнего Востока), то для Л.С. Клейна – это только те, кто в Индии-Иране и на подходе к тем регионам. Ясно, что в этом случае славяне никак не могли от них, в Индии-Иране, произойти. От ариев на Русской равнине – могли, и произошли, и гаплогруппу R1a1 сохранили, пронесли до настоящего времени, ее имеют половина этнических русских в среднем, и до двух третей на юге России, в Курской, Орловской, Белгородской областях. И славянский язык произошел от арийского, на котором разговаривали 5000-3000 лет назад на Русской равнине, но он, понятно, не произошел от того уже измененного арийского, на котором разговаривали в Индии и Иране. Языка «индоариев» и «иранцев». А именно тот язык понимает под «арийским» мой собеседник. Потому и пишет – *«Арийские языки (другое название, чаще употребляемое – индоиранские) ... очень четко отличаются от других индоевропейских семейств – ... славян и т.д., которые арийскими не являются».*

И далее – о том же: *«Языки славянские имеют одно происхождение, арийские (индоиранские) – другое, обе группы – из праиндоевропейских, но совершенно в разные стороны, по разным путям, развивались в разных направлениях, всё более расходясь. И если Вы упорствуете в своем*

наложении биологических линий на лингвистические, в отождествлении ариев с праиндоевропейцами, в прямом выведении славян из ариев, то нам спорить не о чем...

Система славянских языков и система арийских обе выросли из праиндоевропейской, но не одна из другой. Родство их – только через праиндоевропейский. А взаимодействия – да, были. Заимствования, вклады. Не отменяющие основы».

Вся загвоздка у Л.С. Клейна в том, что для него «праиндоевропейский» и «арийский» - совершенно разные понятия. Потому что первые в Европе, вторые – в Индии-Иране. Для Л.С. Клейна между ними полный разрыв, во времени и в пространстве. Он так и не захотел принять (и понять, наверное), что это на самом деле – одно и то же. В Европе по языку – «праиндоевропейские», а по происхождению – арии, род R1a1. В Индии и Иране по языку – «индоиранские», а по происхождению – арии, род R1a1. Один и тот же род, один и тот же народ, один и тот же язык, но и народ, и язык – в динамике своего развития.

Я пишу в ответ Л.С.Клейну:

-- Судя по Вашим репликам, Вам дополнительные, независимые аргументы неинтересны, Вы уже истину для себя усвоили. Я же – нет, я открыт для разных интерпретаций, но на основе ДАННЫХ, а не мнений. Терминология не может быть равным по рангу фактором с ДАННЫМИ

Например, Вы пишете:

>Языки славянские имеют одно происхождение, арийские (индоиранские) – другое, обе группы – из праиндоевропейских, но совершенно в разные стороны, по разным путям, развивались в разных направлениях, всё более расходясь.

Вы в пылу отрицания даже не замечаете, что сами пишете, что языки славянские и арийские (индоиранские по Вашей терминологии) происходят из одних и тех же – праиндоевропейских. Это в моей системе координат и есть «одно происхождение». Для меня происхождение – это исходная точка, общий предок. Но Вы не принимаете других углов зрения, у Вас есть только один, истинный, и это Ваш. Но в науке так не бывает.

Например, мой предок, Иван Клёсов, 1575 года рождения, является общим предком нескольких сотен, если не тысяч, моих современников. Каждый из нас шел по своей генеалогической линии, *«но совершенно в разные стороны, по разным путям, развивались в разных направлениях, всё более*

расходясь». А происхождение – одно. У всех нас, потомков (у мужчин) – снип-мутации именно Ивана Клёсова, у нас один и тот же гаплотип, с очень редкими мутациями, гаплотип, моментально узнаваемый среди тысяч других. Вот что я называю происхождением. Более того, ПРЯМЫМ происхождением. Наше расхождение по всему миру, наши миграции легко проследить, даже если часть из нас уже говорит на других языках. А Вы мне говорите – какое общее происхождение, вот Клёсов, который говорит с рождения на суахили, и отец его говорил на суахили. А я показываю гаплотип и говорю – вот оно общее происхождение. Потому что пути развития языков могут уходить в сторону, а гаплогруппа-гаплотип держатся. Вот это и есть мой основной критерий анализа, а Вы все время сворачиваете на языки. Это – значительно более шаткий критерий. Только в совокупности с анализом гаплогрупп-гаплотипов, понимаете – В СОВОКУПНОСТИ, можно проследить истинную историю археологических культур, языков, популяций. Да, кто-то будет уходить в сторону, терминироваться, менять язык, но стержень, как правило, остается. «Гаплогруппы-гаплотипы не горят». Даже из лохмотьев популяций можно выстраивать реконструкции на тысячелетия вглубь. Очень жаль, что Вы это не увидели, а если и увидели – то не оценили.

Вы пишете:

>И если Вы упорствуете в своем наложении биологических линий на лингвистические, в отождествлении ариев с праиндоевропейцами, в прямом выведении славян из ариев, то нам спорить не о чем.

Видимо, так. Потому что – см. выше. Вы, к сожалению, намеренно или нет, искажаете мои слова. Я много раз объяснял, что славяне – разных гаплогрупп, и славяне гаплогрупп N1c, I1, I2, G, R1b, J1, J2, E1b и других из ариев не «выводятся». А Вы продолжаете упорно писать «выведение славян из ариев». Вы разве не видите искажения в ваших словах того, что я столько много раз объяснял? Если Вы будете продолжать искажать мои основные положения, то, действительно, толку не будет. У Вас «славяне» – лингвистическая категория, а у меня «арии», а также «славяне» – наследственная, родовая. Как же их можно уравнивать, а потом с этим же, незаконно уравненным, сражаться?

А то, что часть славян выводятся из ариев – я ведь показывал Вам 67-маркерные гаплотипы, которые совершенно родственны у славян гаплогруппы R1a1, и у индийцев, потомков ариев. А общий предок – на рубеже III и II тыс до н.э. Как же не выводятся? В моей системе понятий арии – это род, прибывший в Индию во II тыс. до н.э. Значительная часть славян – прямые потомки ВОТ ТЕХ ариев, того рода R1a1. Как же не

прямые, когда гаплотипы одинаковые?

>Система славянских языков и система арийских обе выросли из праиндоевропейской, но не одна из другой. Родство их – только через праиндоевропейский. А взаимодействия – да, были. Заимствования, вклады. Не отменяющие основы.

Вы опять про языки, а я – про прямую наследственность по мужской линии. Вы не видите разницы? Здесь, повторяю, могут быть параллели и даже наложения, а могут не быть. Это определяется историческими обстоятельствами.

>Вы построили целую концепцию, где действует некий народ ариев, он же индоевропейцы...

Опять неверно. Нет народа «индоевропейцы», и я этого никак сказать не мог. Опять Вы искажаете, возможно, неумышленно, автоматически, но от этого не легче. Нет гаплогруппы «индоевропейцев», но можно сказать, какой гаплогруппе в древности более присущи языки, впоследствии получившие (в результате политических маневров) название «индоевропейские».

>Об истории языков и этносов Вы судите по истории «родов», каждый из которых Вы можете возвести к общему предку, но время его существования Вы можете установить с гораздо большей приближенностью, чем наши источники и радиоуглерод, и совершенно не можете установить маршруты и исходные очаги миграций.

Занятно. Это я слышу от представителя науки, которая уже 200 лет не может определиться с «прародиной индоевропейцев». А ДНК-генеалогия за три года нашла ответ.

>А мне нужны препарированные материалы, строго ограниченные выводы, надежная методика интерпретации.

Все это в определенной степени есть, но я рассчитывал на содействие, или на содружество специалиста-историка, в более корректной интерпретации. К сожалению, похоже, что не получается. А основная ирония в том, что те же вопросы Ваша наука сама не решила, и решит ли – неизвестно. Про «прародину» «индоевропейцев» я уже писал, и Вы сами знаете. Да и почти по любой археологической культуре то же самое. А уж по направлению миграций – это в археологии вообще больной вопрос, как Вы знаете лучше меня. Я Вам столько раз объяснял, что направления миграций определяются по наличию шлейфа той же гаплогруппы, по аллелям в

гаплогруппах, по датировкам – по градиенту времени до общих предков. Если я вижу, что одна и та же гаплогруппа образует шлейф из одного конца Евразии в другой, и время систематически идет на понижение от 21 тысячи лет до 12000, 10000-9000, 5500, 4900, 4200, 3600 лет, то какое направление миграции?

В общем, продуктивной дискуссии не получилось, сотрудничества тоже. Причины – см. выше, какие-то я наверняка угадал. В частности, нежелание понять, что переход от языков, на которых говорят, к «физическому» происхождению популяций, по наследственной линии, переход к родам, опять же по «наследственной вертикали» неизбежно ведет к новой терминологии, или к терминам старым, но в которые вкладывается новый смысл, которого не хватало в археологии или лингвистике. Их, лингвистов, раздражает, что мы "праиндоевропейские" называем "арийскими", потому что у них, лингвистов, "арийские" – это степные языки, индоиранские, которые и распались в Индии и Иране (точнее, в Индостане и на Иранском плато). В их классификации славянские языки произошли от праиндоевропейских языков, которые остались далеко позади "индоиранских", то есть арийских. И поэтому в их системе славяне от ариев никак не могли произойти.

Говоря это, лингвисты делают подмену, потому что они фактически говорят, что славяне не могли произойти от индусов и иранцев. И это сущая правда. То, что мы говорим, что арии – наши предки, приводит их в крайнее раздражение, потому что в их устоявшейся парадигме это звучит так, что мы якобы утверждаем, что славяне произошли от индусов, живущих в Индии.

В этом отношении лингвисты проявляют крайнюю нетолерантность (впрочем, присущую гуманитариям в целом) и откровенное нежелание понять СУТЬ вопроса. Более того, Л.С. Клейн вообще отмахивался от гаплогрупп и гаплогрупп, и не желал на них даже взглянуть. Ни разу за всю переписку. Это следствие все той же нетолерантности (агрессивной нетолерантности, я бы сказал), потому что если взглянешь и согласишься, то обратно хода уже нет, надо что-то менять в системе представлений. А это – табу. В науках естественных табу нет, в гуманитарных – есть, и много. Потому что количественного описания, как правило, нет, есть только качественные, поэтому табу неизбежны. Мышление ограничивается установленными вехами-запретами. Для «естественника» это сразу заметно, для гуманитария – нет, это для него само собой разумеется. Типа – «партия – наш рулевой». Поди поспорь.

На самом деле вот это разночтение в терминах - неизбежное следствие появление новых направлений наук "на стыках". Там термины ВСЕГДА приобретают новое значение, потому что если не приобретают, то и нового направления нет, нет причины отпочковываться. Например, в микробиологии "фермент" - это микроорганизм, закваска, брожение. А в химии и биохимии фермент - это белок, биокатализатор, в конечном итоге чистое химическое соединение с четкой химической формулой из немногих (трех-четырёх) элементов, хотя и со многими цифрами. Микробиологи тоже поначалу возмущались, зачем брать уже устоявшийся термин и придавать ему другой смысл (как и со словом "арии"), но ничего, привыкли. Потому что наука новая. Никто у них в микробиологии ничего менять не собирался.

Так и здесь - историки-лингвисты-попгенетики возмущаются, потому что не могут понять, что новая наука у них ничего менять не собирается. Это НАШИ термины, и у них есть определенный смысл, которого нехватает в их науках. Термины просто так не появляются, они заполняют вакуум, они отвечают на потребности новой науки. Кстати, слово "вакуум" здесь имеет другой смысл, чем в физике. Но физики не возмущаются. Они понимают, как и мы, что применение термина зависит от контекста, и оправдано, если не приводит к ошибочным выводам и заключениям.

После этого понятнее становятся слова автора статьи «Столкновение культур? Археология и генетика» (Pluciennik, 2006), на которую я ссылался в самом начале статьи: *«Renfrew (2000) объявил о начале новой дисциплины под названием археогенетика, которая будет заниматься изучением истории человечества с использованием методов молекулярной генетики, но этот взгляд очень условный. Как продолжил Renfrew, на практике эта новая наука приведет к сотрудничеству молекулярных генетиков с археологами, антропологами, лингвистами и климатологами. Но на самом деле ... это сотрудничество не состоялось, во всяком случае не привело к совместным публикациям, за крайне редкими исключениями. Даже в вышедшем (после того) томе «Археогенетика» разделение статей археологов и генетиков было такое же, как и всегда».*

Действительно, после объявления Ренфрю о новой науке археогенетике прошло 11 лет, и о такой науке не слышно. После статьи Плученника прошло шесть лет, а его слова актуальны, как и тогда – сотрудничество пока не состоялось. Остаются, видимо, актуальными и следующие слова (Pinhasi, 2000, цит по статье Pluciennik, 2006) – *«Вместо того, чтобы генерировать исторические гипотезы по данным генетики и далее пытаться натягивать на них археологические данные, было бы полезнее делать наоборот – строить гипотезы на основе фактических (археологических) данных в пространстве и во*

времени, и затем поверять их данными генетики». Совет, безусловно, хороший, и именно так мы зачастую и делаем; например, в археологии существуют две основные концепции по направлению движения культуры колоколовидных кубков примерно от 4800 лет назад и далее к нашему времени – одни считают, что движение было из Пиреней на север Европы, другие – что наоборот, с севера на юг, и данные ДНК-генеалогии показывают, что намного более вероятно это было из Иберии на север. Более того, и датировка появления носителей гаплогруппы R1b2 в Иберии – 4800 лет назад. Но археологи, видимо, по указанным выше причинам, на эти данные не обращают внимание. Наверное, не читают наши журналы.

Но чаще дело более неважно со стороны археологов, и *«гипотезы не основании фактических данных»* не выдерживают проверки ДНК-генеалогией. «Курганная культура» и предшествующие ей с 9-8-7 тысяч лет назад на Средней Волге и в Казахстане объявляются «индоевропейскими», причем «индоевропейцы» почему-то направляются в Европу с востока на запад, когда они двигались намного позже и в противоположную сторону, что, впрочем, я уже описал выше в этой статье. Современное человечество объявляется «вышедшим из Африки», хотя метки в Y-хромосомах европейцев (да и всех неафриканцев) этому кардинально противоречат, и так далее. Так что данными ДНК-генеалогии мы тоже археологию поверяем, тем более что у последних важнее интерпретации, чем «данные». А с интерпретациями они часто ошибаются.

Так что будем все-таки надеяться на сотрудничество.

ДНК-генеалогия, археология и лингвистика: трудности коммуникации

(Часть 2)

Анатолий А. Клёсов
<http://aklyosov.home.comcast.net>

Переходим к статье князя Н.С. Трубецкого «Мысли об индоевропейской проблеме». Статья написана незадолго до смерти Н. Трубецкого в 1938 году, и остается только восхищаться смелости полета его мысли в то время, что сделало его работу далеко обошедшей не только свое время, но и, видимо, время настоящее. Интересно, что Т.В. Гамкрелидзе и В.В. Иванов в своем труде «Индоевропейский язык и индоевропейцы» (1984) на эту статью не сослались, хотя она была напечатана на русском языке еще в 1958 году, в журнале «Вопросы языкознания» (№1, стр. 65-77).

Впрочем, «остается только восхищаться» - это здесь фигура речи. Мы не только будем восхищаться, но и разберем некоторые положения статьи Н. Трубецкого. Поскольку в те времена понятия о гаплогруппах и родах человечества, классификация которых основана на Y-хромосоме, не было, то некоторые представления Н. Трубецкого интересно и познавательно рассмотреть под углом ДНК-генеалогии. Хотя ДНК-генеалогия всего лишь приблизительно оценивает миграции родов человеческих в далекие времена зарождения основных языковых семей, миграции в пространстве и во времени, но и этого порой достаточно, чтобы хотя бы в первом приближении взвесить и оценить «мысли об индоевропейской проблеме» Н. Трубецкого, придать им дополнительный вес, или внести определенные корректировки, хотя бы в дискуссионном ключе.

Сначала – совершенно очевидное определение, но которое часто забывают люди, говоря о «индоевропейцах» как о неких этносах:

Индоевропейцы - это люди, родной язык которых принадлежит к индоевропейской семье языков... понятие "индоевропейцы" является чисто лингвистическим, - в такой же мере, как понятия "синтаксис", "родительный падеж" или "ударение". Существуют индоевропейские языки и существуют народы, говорящие на этих языках. Единственным признаком, общим всем этим народам, является принадлежность их языков к индоевропейской семье языков.

Действительно, нет рода «индоевропейцы», нет таких гаплогрупп и гаплотипов, нет соответствующих записей в Y-хромосомах. Но в некоторых случаях можно выявить соответствующие корреляции с гаплогруппами, с миграциями, в тех случаях, когда эти миграции проходили в составе довольно замкнутой популяции, принадлежащей в основном (или исключительно) к одному роду, к одной гаплогруппе, и, естественно, говорили на своем родном языке. Вот в тех случаях, видимо, нередких в древности, миграции переносили один язык, в его динамике, и когда миграции в таком довольно замкнутом составе продолжались тысячелетиями, то и язык, меняясь в своей динамике, передвигался тысячелетиями. Так, например, испанский язык мигрировал - в части своих носителей - в Латинскую и Южную Америку, португальский - в Бразилию, французский - в часть Полинезии, часть Африки, в канадский Квебек, в элиту России 18-го - 19-го века, английский - в США, Австралию и Новую Зеландию, Индию, русский язык - в Сибирь, на Аляску...

Но в приведенных примерах почти всегда язык выходил далеко за пределы замкнутого состава первоначальных мигрантов, и перенимался другими родами, другими гаплогруппами, причем это размытие быстро прогрессировало со временем. Первые поколения американских колонистов в США были почти исключительно англичанами, как и в Австралии, Новой Зеландии, Индии, и по ряду причин, в первую очередь экономических, местное население довольно вскоре переходило на язык колонизаторов. То же было и с другими языками в примерах, перечисленных выше. Но в древности по разным причинам ситуация была в ряде случаев другой. Например, гаплогруппа R1a прошла в ходе миграции огромный путь из Южной Сибири (или, более широко, из Центральной Азии), сохранив гаплогруппу и язык, видимо, тот, что стал пра-индоевропейским языком (и далее - семейством индоевропейских языков, начиная с арийского языка). Из данных ДНК-генеалогии мы видим, что носители гаплогруппы R1a прошли из Европы через Русскую равнину, разошлись примерно 4500 лет назад на три основные ветви (получившие название - по языку - митаннийских ариев, авестийских ариев и индоариев), и везде пронесли свой арийский язык, ставший ветвями и диалектами на местах прибытия миграций (и в ходе самих миграций). Наиболее характерное название одна из ветвей получила в виде «индоевропейский язык», который и стал названием целой сети языков.

Этими рассуждениями я веду к тому, что в некоторых случаях один род, одна гаплогруппа может пронести язык в продолжении тысячелетий, и язык в этих случаях может быть в основном привязан к «титульной» гаплогруппе. Естественно, он переходил к аборигенам по ходу миграции, и

либо удерживался либо не удерживался в зависимости опять от конкретной ситуации. В итоге мы имеем палитру языков по всему миру, которая и отражает эти разные случаи.

Другой пример – язык гаплогруппы R1b, для которого нет одного названия, которые было бы предложено в лингвистике. В ходе многотысячелетней миграции язык R1b, который можно назвать «эрбином», оставлял по регионам и популяциям разные диалекты, которые со временем трансформировались в разные языки, которые и изучают лингвисты, зачастую не понимая их связи друг с другом. На самом деле это определенно должна быть цепь языков, переходящих – в древности – один в другой, и связанных гаплогруппой, родом R1b. Это, возможно, начиналось 16 тысяч лет назад как сибирские языки, которые можно, наверное, назвать прототюркскими, совершенно неузнаваемые в те времена и давно утерявшие связь с современными молодыми тюркскими языками, или сино-кавказскими, или дене-кавказскими, языками ботайской археологической культуры, самарской культуры, средневожской культуры, протокурганной культуры (рода R1b), катакомбной культуры, далее северокавказские языки, анатолийские (рода R1b, 6 тысяч лет назад, в отличие от анатолийских языков рода R1a1 10-9 тысяч лет назад), шумерский язык, баскский язык, и серия доиндоевропейских языков в Европе времен 5000-3000 лет назад, а местами и позже. Это все составные части эрбина, языка рода R1b. Но языка определенно неиндоевропейского, доиндоевропейского. Почему язык R1b стал прототюркским, а братской группы R1a – протоиндоевропейским, я не знаю, но вполне возможно, что под влиянием прототюркских языков в Центральной Азии, на родине гаплогруппы R1b. Возможно, что первый из выживших носителей гаплогруппы R1b по какой-то причине говорил на прототюркском языке, как и его потомство, так и пошло. Это же все может зависеть от совершенно случайных факторов, которые можно предполагать десятками.

Н. Трубецкой рассматривает два варианта – существовал ли в прошлом, *«в какие-то чрезвычайно отдаленные времена», «один-единственный индоевропейский язык, так называемый индоевропейский праязык, из которого будто бы развились все исторически засвидетельствованные индоевропейские языки. Предположение это противоречит тому факту, что, насколько мы можем проникнуть в глубь веков, мы всегда находим в древности множество индоевропейских языков. Правда, предположение о едином индоевропейском языке нельзя признать совсем невозможным. Однако оно отнюдь не является безусловно необходимым, и без него прекрасно можно обойтись».*

ДНК-генеалогия может помочь сопоставить эти два варианта. Если допустить, что гаплогруппа R1a имела ИЕ язык (в том отдаленном древнем варианте) с момента ее образования, то надо согласиться, что тот же язык имела и гаплогруппа R1, у одного из носителей которой произошла соответствующая мутация, давшая начало гаплогруппе R1a примерно 20 тысяч лет назад, при условии что потомки того человека выжили до настоящего времени. То есть первые носители гаплогруппы R1a скорее всего переняли ИЕ язык от рода R1, в котором жили. И если носители новой гаплогруппы R1a со временем мигрировали от рода R1, а это непременно произошло рано или поздно, то ИЕ язык уже разошелся на ветви в то время.

По той же логике образование мутации гаплогруппы R1 в составе популяции гаплогруппы R, которое произошло примерно 25 тысяч лет назад, привело к передаче ИЕ языка того времени – который, конечно, совершенно отличался от современных ИЕ языков – от носителей гаплогруппы R носителям гаплогруппы R1. Те, в свою очередь, получили язык от гаплогруппы P, которая разошлась на гаплогруппы R и Q примерно 30 тыс лет назад. Поскольку современные носители гаплогруппы Q говорят на монгольских, енисейских, кетских языках и родственных им, можно полагать, что носители гаплогруппы P в те времена, 30 тыс лет и до примерно 45 тыс лет назад говорили на некоем протоязыке, из которого и эволюционировали перечисленные языки. Отсюда и ожидаемое родство между ними в глубокой древности. Язык P можно условно назвать южно-сибирским.

При такой схеме ясно, что единого прото-ИЕ языка просто не могло быть. Он постепенно, ветвясь, вышел из «южно-сибирского», какой бы язык это ни был, и продолжал ветвиться, сохраняя и теряя элементы «южно-сибирского» и меняясь во времени при каждом ветвлении. Ясно, что подавляющая часть этих ответвившихся ИЕ языков древности безвозвратно потеряны, и сохранился некий вариант, который прошел калейдоскоп массы стохастических языковых преобразований. При этом он передвигался в ходе миграций от Центральной Азии на запад через Индостан, Иран, Анатолию и остальную Малую Азию, и выйдя в Европу 11-10-9 тысяч лет назад. В Анатолии его современные лингвисты и зафиксировали, приписав ему «анатолийскую прародину» давностью примерно 9800-7800 лет (Gray and Atkinson, 2003).

Для дальнейшего рассмотрения положений Н. Трубецкого с точки зрения современной ДНК-генеалогии, рассмотрим сначала предварительные выводы ДНК-генеалогии. Начнем с «ностратической семьи языков», которую Н. Трубецкой, конечно, не рассматривает, но во многом подразумевает, критически говоря о «едином языке прошлого».

То, что в лингвистике описывают как ностратическую семью языков, можно сопоставить с языком исходного европеоидного «куста» гаплогрупп, который образовался примерно 58 тысяч лет назад (Клёсов, Вестник, 2011, Октябрь, т.4, №10, 1908-1977). Далее можно выделять разные временные уровни, или «слои» «ностратического языка», проходя через язык сводной гаплогруппы NOP (до 50 тысяч лет назад), отдельных гаплогрупп NO и P (23 и 36 тысяч лет назад), отдельных гаплогрупп Q и R (между 36 и 30 тыс лет назад), и вплоть до расхождения европеоидных гаплогрупп R1a и R1b примерно 15 тысяч лет назад, которые обе мигрировали в Европу по «южной дуге» и «северной дуге», соответственно. Последний период и принимается обычно лингвистами, которые разделяют «ностратическую теорию», за ее времена, 15-13 тыс лет назад. На самом деле это просто последний этап расхождения крупных языковых семей, прото-индоевропейской (R1a) и «эрбина» (R1b, см. выше).

Носители «ностратических языков» на предыдущих уровнях развития включали гаплогруппу N, которая повела алтайскую группу языков, и затем уральскую и финно-угорскую; гаплогруппу O, которая создала сино-тибетскую языковую суперсемью, и гаплогруппу P, которая в свою очередь разошлась на гаплогруппу Q, которую сейчас имеют многие тюркоязычные народы, а также большая группа американских индейцев, и гаплогруппу R, которая в значительной степени охватывает современных носителей индоевропейской языковой семьи (в значительной степени восточно-европейская гаплогруппа R1a1 и центрально- и западноевропейская гаплогруппа R1b1). Все эти языки, как известно, находят свое отражение в ностратической семье языков. Удивительно, насколько долго смогли удержаться наиболее устойчивые фрагменты лексики этих древних языков, которые в итоге вошли в столь разнообразные современные языковые семьи, и их «перекличка» прослеживается и сейчас, между уральскими, тюркскими, индоевропейскими, сино-кавказскими, сино-тибетскими, надене языками.

Поскольку гаплогруппы N, O, R1a, R1b начали активные и продолжительные миграции по Евразии в разных направлениях, как представляется, в основном из Южной Сибири - на север и далее на восток, в Америку (Q), на север и далее на запад, через Урал до Балтики (N), на юг и юго-восток (O), на запад по северной азиатской дуге, через Среднюю Азию, Южный Урал, среднюю Волгу, Кавказ, Малую Азию, Ближний Восток и до Европы (R1b1), на запад по южной азиатской дуге, через Тибет, северный Индостан, Афганистан, Иран, Анатолию и остальную Малую Азию и до Европы (R1a1), то именно тогда, 15-10 тысяч лет назад происходило формирование основных языковых макросемей. Но это ни в коей мере не означает, что до

этого был некий единый «ностратический язык». Динамика этих миграций, выявляемая ДНК-генеалогией, позволяет лучше представить динамику формирования языковых семей и групп, начиная с первых ностратических языков, предположительно сводных «европеоидных» гаплогрупп 58-50 тысяч лет назад, и до времени ее распада на макросемьи 15-10 тысяч лет назад.

В этом отношении следует подчеркнуть, что африканские языки, начиная с щелкающих, не имеют зон соприкосновения с евроазиатскими языками, то есть не имеют общего происхождения. Это тоже соответствует динамике эволюции гаплогрупп, начиная с «протоальфа-гаплогруппы» более 160 тысяч лет назад, «альфа-гаплогруппы» 160 тысяч, гаплогруппы А 140-85 тысяч лет назад, и неафриканских гаплогрупп, начиная с «бета-гаплогруппы» 64 тысячи лет назад. Сам этот факт в значительной степени исключает переселение носителей африканских языков на территории Евразии.

Итак, картина представляется следующей. Анатомически современный человек сформировался на европейском поле (Центральная Европа и Русская равнина, возможно, северная Месопотамия-Левант) примерно 65-50 тыс. лет назад, оставил после себя верхнепалеолитические культуры, которые несколькими потоками распространились в Европу (с 45-42 тыс лет назад), оттуда, предположительно, в сторону Африки, через Испанию; на Ближний Восток (с 40 тысяч лет назад) и в Прибайкалье (с 25 тысяч лет назад). Вторая волна расселения современного человека, из Центральной Азии в Европу состоялась в интервале 20-11 тыс. лет назад (R1a1) и 16 – 4 тыс лет назад (R1b1).

Возвращаемся к статье Н.С. Трубецкого.

История языков знает и дивергентное и конвергентное развитие. Порою бывает даже трудно провести грань между этими двумя видами развития. Романские языки, несомненно, все восходят к одному латинскому (вульгарнолатинскому) языку. Но эпохе усвоения вульгарнолатинского языка иберами, галлами, лигурами, этрусками, венетами, даками и т.д., несомненно, предшествовал период приспособления языков всех этих племен к латинскому языку, период, когда все эти языки насыщались словарными заимствованиями из латинского и видоизменяли свою грамматику и синтаксис в направлении, сходном с латинским. И не подлежит сомнению, что и сам латинский язык именно в этот же период переживал сильнейшие изменения, вызванные процессом встречного приспособления к варварской речи. А в результате, когда варварские языки в разных частях бывшей Римской Империи исчезли, уступив место

латинскому, этот латинский язык в каждой провинции оказался несколько иным, так что полного языкового единства, собственно, так и не получилось.

Оттолкнемся от этой цитаты и попытаемся воссоздать картину перехода от доиндоевропейских языков в Европе к индоевропейским. Данные ДНК-генеалогии показывают, что гаплогруппа R1b, ныне представляющая примерно 60% европейского населения, прибыла в Европу 4800 лет назад через Пиренеи долгим маршрутом из Центральной Азии через Казахстан, Среднюю Волгу, Кавказ, Анатолию, Ближний Восток, североафриканское побережье, Средиземное море (Клёсов, 2010), а также через Малую Азию и Средиземноморье – Балканы, примерно 4500-4800 лет назад. Носители этой гаплогруппы, R1b, в III-II тыс до н.э. говорили на доиндоевропейских языках, и, возможно, только баски сохранили этот язык (эрбин) в динамике его развития до настоящего времени. Сейчас, как известно, носители R1b, как и подавляющее большинство европейцев, говорят на индоевропейских языках, и переход на ИЕ языки произошел, видимо, в конце II - начале I тыс до н.э., и жители Апеннин и затем древние римляне уже говорили на языке индоевропейской семьи, сначала на вульгарнолатинском языке, затем архаической латыни (VI-II вв до н.э.), затем – элита Империи – на классической латыни (с конца II в до н.э.).

Вопрос – когда и каким образом произошел переход от доиндоевропейского языка гаплогруппы R1b (и доИЕ языков других европейских гаплогрупп – в первую очередь G, I, J) на индоевропейский язык гаплогруппы R1a1? То, что у последней был индоевропейский язык мы знаем по факту переноса его ариями (гаплогруппа R1a1) в Индию и Иран. У гаплогруппы R1b такие факты отсутствуют. По непонятной (мне) причине лингвисты этот вопрос не адресовали, или я таких адресовок не знаю, пропустил в литературе. У меня сложилось впечатление, что лингвисты по умолчанию принимают, что носители гаплогруппы R1b в Европе говорили на индоевропейских языках ВСЕГДА, или с самого начала прибытия в Европу в начале 3-го тыс до н.э. Это, конечно, те лингвисты, кто имеют понятие о гаплогруппе R1b, другие так вопрос и формулировать не могут. Но известно, что в Европе в те времена, включающие III-I тыс до н.э., было много доиндоевропейских языков. Какие рода-гаплогруппы на них говорили – неизвестно.

Н.С. Трубецкой этого вопроса тоже не касался, и говоря, что эпохе усвоения вульгарнолатинского языка иберами, галлами, лигурами, этрусками, венетами, даками и т.д., несомненно, предшествовал период приспособления языков всех этих племен к латинскому языку, он в неявном виде имел в виду, что перечисленные языки не были индоевропейскими. С этим нельзя согласиться в отношении венетов, которые с хорошей вероятностью были

носителями гаплогруппы R1a1 и говорили на ИЕ языке, который я называю арийским, понимая, что именно на этом языке (в соответствующей динамике) говорили арии, прибывшие в Индию и Иран.

Так когда же лингвисты датируют ранние ИЕ языки гаплогруппы R1b, или языки тех народов, которые можно было бы отнести хотя бы отчасти к гаплогруппе R1b? Один ранний ИЕ язык, фиксируемый лингвистами – кельтский, язык ранних кельтов в Центральной Европе, другой – вульгарнолатинский, с народами Апеннинского полуострова. Начнем со второго, поскольку его упомянул Н.С. Трубецкой. Итак, вульгарная латынь, вместе с окским и умбрийским языком – италийская ветвь ИЕ языков, одни из наиболее древних ИЕ языков. Названа по имени небольшого италийского племени латинов, живших в средней части Апеннинского полуострова, где по преданию в середине 8-го века до н.э. был основан Рим. Но это, конечно, еще не датировка языка. Как пишет Теодор Моммзен в своей «Истории Рима», за которую он получил Нобелевскую премию в начале 20-го века, *«италийцы пришли на полуостров сухим путем, с севера»*. Появление самого языка, *lingua Latina*, относят к середине II тыс до н.э., примерно 3500 лет назад. Но ведь до того R1b были в Европе полтора тысячелетия. На каком же языке они говорили? Да на тех доиндоевропейских языках, которые были в ходу в Европе в те времена. Наиболее ранние письменные памятники латинского языка – конец VI – начало V веков до н. э., и то «предположительно».

Для справки – середина-конец II тыс до н.э. началось переселение в Европу носителей гаплогруппы R1a1, в первую очередь Центрально-европейской ветви R1a1, субклад M458, время жизни общего предка современных носителей M458 - 3425 лет назад. Есть две подветви этой Центрально-европейской ветви, которые различаются на четыре мутации на 67 маркерах, что разводит эти подветви на 850 лет, при датировке каждой ветви 3000±400 лет назад. Далее, западнославянская ветвь с датировкой предка современных носителей 2600±300 лет назад, балто-карпатская ветвь с датировкой 4000±500 лет назад. Последняя вряд ли оказала влияние на италийские языки, но вторая и особенно первая – могли. Другой вопрос – а как они могли не только составить конкуренцию доИЕ языкам гаплогруппы R1b, но перевести их языки на себя? Это уже вопрос к специалистам по культурно-социальным аспектам археологии и истории, но у меня на это есть один ответ – это по какой-то причине стало привлекательно и экономически выгодно для элиты (в первую очередь) R1b на Апеннинах. Возможно, преимущества изготовления товаров (военных и товаров роскоши) носителями R1a1, возможно, «модные», «престижные» для того времени особенности быта, одежды, еды.

Переходим к кельтам.

С кельтскими языками подобная история – они индоевропейские, но отнюдь не древние сравнительно с временами прибытия гаплогруппы R1b в Европу. В трансформированном, осовремененном виде они близки к италийским и германским языкам, но это опять не та древность. Первоначально предполагаемой их единство с италийскими языками было позже отвергнуто. Иначе говоря, кельтские и италийские языки образуют два разных очага появления ИЕ языков в Европе. Кельтские языки как индоевропейские датируют серединой 1-го тыс до н.э. - гальштаттская (VI–V вв. до н. э.), а затем латенская (2-я половина I тысячелетия до н. э.) археологические культуры. «Прародину» кельтов помещают в Центральной Европе, между Рейном и Дунаем, и это опять первая половина I-го тыс до н.э., времена и регионы расселения носителей гаплогруппы R1a1, см. выше. Они же носители ИЕ языка. А иначе откуда ИЕ языку вдруг взяться в центре Европы? Только с мигрантами из зоны распространения ИЕ языка, то есть с востока, с Русской равнины, с регионов R1a1, носителей ИЕ языков.

Вот мы опять пришли к тому же выводу – продвижение носителей R1a1 с Русской равнины на запад привело к переносу в Европу ИЕ языков, несколькими очагами по местам прибытия R1a1, и продвижение языков в среду R1b. А те уже расселяются, неся с собой технологию выплавки железа и приобретенные ИЕ языки. Как говорят учебники, они интенсивно распространяются по Европе – на Британские острова, в Галлию, Иберию, Италию... Эти все регионы, да и вся Европа к I тыс до н.э. – обитание рода R1b, так что распространение не меняло зоны расселения R1b, они и сейчас там остались – и на Пиренеях, и в Италии, и во Франции, и на Британских островах. Потому, как отмечают учебники, *«о древних стадиях развития кельтских языков нам известно сравнительно немного: памятники той эпохи весьма скудны и не всегда легко поддаются интерпретации»*. Потому, наверное, и нелегко поддаются, что на деле в Европе была смена и носителей ИЕ языка от R1a1 к R1b, и смена самого языка – конвергенция принесенного ИЕ языка с доИЕ языками гаплогруппы R1b с образованием нового языка, проходя, как пишет Н.Трубевцкой, *«сильнейшие изменения, вызванные процессом встречного приспособления к варварской речи»*.

Вообще археологи и лингвисты обычно весьма неохотно говорят про «кельтов». К ним не привязывается некая единая культура, профессиональные навыки, предметы и средства производства, предметы искусства – все распространилось по Европе, размазалось по территориям, народам, этносам. Ничего нет по-настоящему «кельтского», кроме как придуманных в недавнее время мифов. Юлий Цезарь, упоминая про

кельтов в своей «Истории гальских войн», на самом деле сослался на одно малое племя на юге Галлии, которое называло себя «кельты», и это, вероятно, единственное упоминание в античных текстах. Как пишет о кельтах Моммзен – «земли они, можно сказать, не ценили, и, потрясши много государств, сами не образовали могущественного и прочного государственного тела». Вот, собственно, и все про историю кельтов у Моммзена, которых он в остальном называет галлами. В объемном труде «История цивилизации» Г. Дюкудрэ (более 700 стр), изданном на русском языке в 1895 году, про кельтов вообще ничего нет. Лингвистически термин «Кельты» должен определяться как «индоевропейский язык центральной (или северо-западной) Европы времен железного века, название которого было предложено лордом Лайдом в начале 18-го века для объединения языков уэльсцев, корнишей, бретонцев, манксов, ирландцев, шотландских галлов и древних галльских языков».

Но это не снимает вопроса, как ИЕ языки проникли в среду доИЕ языков, на которых разговаривали носители гаплогруппы R1b в Европе на протяжении двух тысячелетий. Мой ответ – ИЕ языки были принесены носителями гаплогруппы R1a1 в ходе переселения ими Европы между 3500 и 2500 лет назад (середина II – середина I тыс до н.э.), причем принесены – как результат независимых миграций племен гаплогруппы R1a1 – с образованием нескольких очагов ИЕ языка, один из них – «кельты» Центральной Европы, и последующем распространении ИЕ языков по Европе вместе с передовыми технологиями и социально-культурными признаками.

Поговорим теперь о роде-носителе индоевропейского языка в древнейшие времена. Как уже обсуждалось выше, «пра-носителя» в буквальном смысле быть не могло, потому что язык не появляется с нуля и в пределах одного народа. В случае пра-ИЕ языка он унаследовал сложную динамику ветвлений гаплогрупп от появления европеоидов и ранее, и по цепи гаплогрупп передавался десятками тысячелетий до гаплогруппы R1 (и это, естественно, не было дискретным процессом ни до, ни после образования этой гаплогруппы) с ответвлениями того же языка, в своей динамике трансформирующегося в другие языковые группы и семейства по прошествии тысячелетий и десятков тысяч лет. В ходе этого пути гаплогруппа R разошлась на гаплогруппы R1 и R2 примерно 25 тысяч лет назад, и обе должны были нести в себе признаки пра-индоевропейского языка, который, конечно, практически ничем не напоминал современные ИЕ языки, кроме некоторых элементов. Носители гаплогруппы R2 сейчас живут в основном в Индии, и о их языке у меня сведений нет. Если их язык несет элементы ИЕ языков, то это будет серьезным аргументом в отношении древнего места и времени развития протоИЕ языка. Далее, по

какой-то причине гаплогруппы R1a (время образования примерно 20 тыс лет назад, место образования – Центральная Азия) и R1b (время образования примерно 16 тыс лет назад, место образования – Центральная Азия) разошлись по разным направлениям миграции и понесли с собой разные языки. R1a понесли, по всем соображениям, прото-ИЕ языки, R1b – как отмечалось выше, эрбин, язык, для которого в целом нет другого единого названия. С этой точки зрения род R1a и стал принципиальным носителем прото-ИЕ языка. Он не был «прародителем» ИЕ языка, но получил права его принципиального хранителя, опять же в языковой динамике на протяжении как минимум 15 тысяч лет.

Посмотрим, что в этом отношении говорит Н.С. Трубецкой, который о гаплогруппах в те времена не знал.

Между тем до сих пор при обсуждении "индоевропейской проблемы" учитывается только предположение чисто дивергентного развития из единого индоевропейского праязыка. Благодаря этому одностороннему подходу все обсуждение проблемы попало на совершенно ложный путь. Подлинное, чисто лингвистическое существо индо-европейской проблемы было позабыто. Многие индоевропеисты совершенно необосновательно привлекли к участию в обсуждении "индоевропейской проблемы" доисторическую археологию, антропологию и этнологию. Стали рассуждать о местожительстве, культуре и расе индоевропейского "пранарода", между тем как этот пранарод, может быть, никогда и не существовал. Для современных немецких (да и не только немецких!) языковедов "индоевропейская проблема" получает приблизительно следующую формулировку: "какой тип доисторической керамики должен быть приписан индоевропейскому пранароду?" Но этот вопрос (точно так же, как и ряд подобных ему вопросов) с научной точки зрения разрешен быть не может и поэтому является праздным. Вся дискуссия вертится в заколдованном кругу, так как само существование индоевропейского пранарода доказано быть не может, точно так же, как не может быть доказана и связь определенных типов материальной культуры с определенным типом языка. Таким образом, создается мнимое понятие, романтический призрак "пранарода", и в погоне за этим призраком забывается та основная научная истина, за которую следовало бы держаться, - именно, что понятие "индоевропейцы" является исключительно лингвистическим.

В принципе, с основными приведениями положениями можно согласиться, но с некоторыми дополнениями. Во-первых, разветвление гаплогрупп в ходе их динамики было именно дивергентным, и оно влекло за собой именно дивергентное расхождение языка по гаплогруппам и субкладам. Это не исключает конвергенцию, по при сохранении основного состава

гаплогруппы R1a в течение 15 тысяч лет, до ее прибытия в Индию, вместе со своим языком, как-то нет большого места для конвергенции. На местах это, безусловно, было, но ядро гаплогруппы продолжало продвигаться по своему случайному (в деталях) маршруту с вектором сначала на запад, в Европу, потом на восток, через Русскую равнину, и потом опять на Запад, с Русской равнины. И каждый раз это были носители гаплогруппы R1a, в составе своих ветвей, субкладов, и со своим языком. Только затем, в Европе II-I тыс до н.э. ИЕ язык распространился путем как дивергенции, так и конвергенции, что и привело в итоге к распространению ИЕ языка по всем европейским народам, этносам, гаплогруппам. Почему этого не произошло ранее – или потому, что плотность населения аборигенов по маршруту продвижения была совершенно минимальной, не с кем было языку конвергировать, либо аборигенов уничтожали, сказать трудно. Но, судя по всему, пра-ИЕ язык оказался чрезвычайно устойчивым в отношении сохранения **индоевропейского строя языка** на протяжении 20 тысяч лет, если считать до настоящего времени. Еще 10 тысяч лет назад, в Анатолии, строй прото-ИЕ языка был узнаваем современными лингвистами как прото-ИЕ язык, был опознан и зафиксирован.

Этот же вопрос адресует и Н. Трубецкой:

*Единственная научно допустимая постановка вопроса гласит: **как и где образовался индоевропейский строй языка?** И ответить на этот вопрос можно и должно, прибегая исключительно к лингвистическим понятиям и фактам.*

Чтобы ответить на вопрос о месте и способе возникновения индоевропейского строя, нужно, конечно, прежде всего выяснить, каковы особенности самого этого строя.

И далее Н. Трубецкой переходит к лингвистическим понятиям, которые я по понятным причинам здесь затрагивать не буду. Он перечисляет шесть структурных признаков индоевропейского строя, которые включают гласные и их чередование, согласные и их чередование, корни, и определенная морфологическая особенность, связанная с подлежащими. И далее он пишет:

Момент, когда все перечисленные шесть структурных признаков впервые сочетались друг с другом в одном языке..., - этот момент следует признать временем возникновения индоевропейского строя языка. Никакие данные доисторической археологии, разумеется, не могут дать указание на то, когда именно это произошло, ибо техника керамики или форма оружия не стоят ни в какой связи с перечисленными выше шестью структурными

признаками. Таким образом, время возникновения индоевропейского строя никогда не удастся выяснить.

Надо заметить, что исходя из принципов динамики возникновения гаплогрупп и их расхождения, описанного нами выше (конвергенции в гаплогруппах быть не может), этот вывод Н. Трубецкого (последняя фраза выше) остается верным и при добавлении ДНК-генеалогии к арсеналу исторической археологии.

Еще одно положение Н. Трубецкого удивительным образом напрямую пересекается с данными ДНК-генеалогии. Напомню, что я выше рассказывал об истории сводной гаплогруппы NOR, которая образовалась примерно через 8 тысяч лет после выделения европеоидов как расы, или как «куста» гаплогрупп СТ, которые далее разделились на 18 основных родов человечества в интервале между 58 и 20 тысяч лет назад. По недавним оценкам, гаплогруппа NOR, образовавшаяся примерно 50 тысяч лет назад, разделилась на гаплогруппы NO и P (23 и 36 тысяч лет назад), P разделилась на гаплогруппы Q и R (36 и 30 тыс лет назад, соответственно), гаплогруппа R дала R1 и затем европеоидные же гаплогруппы R1a и R1b примерно 20 и 16 тысяч лет назад, которые обе мигрировали в Европу по «южной дуге» и «северной дуге», соответственно, первая как носитель прото-индоевропейских языков, вторая – эрбина (см. выше). Гаплогруппа N повела алтайскую группу языков, в том числе сибирские (наряду с гаплогруппой Q), уральские и финно-угорские языки; гаплогруппа O – китайские, корейские, японские, то есть языки юго-восточной Азии, сино-тибетскую языковую суперсемью. Гаплогруппу Q сейчас имеют многие тюркоязычные народы, а также большая группа американских индейцев, в том числе подавляющее большинство индейцев Южной Америки. В итоге и в настоящее время гаплогруппа R (в основном R1) составляет до 70-80% европейского населения, N – до 70% Финляндии, а также значительную часть южной Балтики и район Белого моря (в целом к северу от Пскова), гаплогруппа O доминирует в Китае, Корее, Японии (в последнем случае совместно с гаплогруппой D).

Читаем у Н. Трубецкого:

В большинстве случаев языковое семейство представляет определенные особенности, из которых одни объединяют его с одним соседним семейством, а другие - с другим, тоже соседним. Таким образом, отдельные семейства образуют целые цепи. Так, угрофинские языки и тесно с ними связанные языки самодийские представляют целый ряд структурных особенностей, общих с языками "алтайскими" (т.е. тюркскими, монгольскими и маньчжуро-тунгусскими). Алтайские языки в свою очередь

некоторыми структурными особенностями напоминают языки корейский и японский, а этот последний, наряду с чертами, сближающими его с алтайскими языками, обладает и другими чертами, сближающими его с языками малайско-полинезийскими. С другой стороны, алтайские языки имеют общие черты и с так называемыми "палеоазиатскими" языками ("одульским" - юкагирским, "нивхским" - гилацким и камчатской группой, состоящей из "ительменского" - камчадалского, "нымыланского" - корякского и "луораветланского" - чукотского), а эти языки (в особенности их камчатская группа) по структуре явно напоминают язык эскимосский и через него соединяются с некоторыми другими североамериканскими языками.

Как мы видим, это именно языки сводной гаплогруппы NOR, как описано выше. Все описанное – итог миграции гаплогруппы NOR в Южную Сибирь и последующее расхождение и гаплогрупп, и языков. Говоря «расхождение» я вовсе не снимаю конвергенцию языков, о чем так много и убедительно писал Н. Трубецкой.

И еще у Н. Трубецкого:

Учитывая эту общую склонность к "цепному" географическому расположению языковых семейств, а также и то обстоятельство, что, как было уже указано выше, все структурные черты индоевропейского языкового строя порознь встречаются и в неиндоевропейских языках, можно с некоторой степенью вероятия определить приблизительное географическое место возникновения индоевропейского языкового строя. "Соседями" древнейшего языка (или языков) индоевропейско-го строя, могли быть только две большие группы языков (точнее, языковых семейств), из которых одну условно можно назвать "урало-алтайской", а другую - "средиземноморской". Урало-алтайская группа (включая в себя семейства угрофинское, самодийское, тюркское, монгольское и маньчжуротунгусское) объединяется с индоевропейским наличием номинативно-аккузативной (именительно-винительной) конструкции ("пункт 6" у Н. Трубецкого- АК), а сверх того, наиболее западный член этой группы, семейство угрофинское представляет свободное грамматическое чередование согласных ("пункт 5" - АК). Средиземноморская группа языковых семейств (представленная ныне языками северокавказскими, южнокавказскими, семитскими, баскским, может быть, также и берберскими языками, а в древности еще и вымершими языками Малой Азии) совпадает с индоевропейским строем в "пунктах" 1, 2, 3 и 4-м, но отличается от него неизменностью согласным и эргативной конструкцией (чуждой, впрочем, семитским языкам). Индоевропейский языковой строй является связующим звеном между строем урало-алтайским и средиземноморским, и потому возникновение индоевропейского строя

естественнее всего локализовать где-то между областью урало-алтайских языковых семейств, с одной стороны, и средиземноморских семейств - с другой.

На самом деле то, что Н. Трубецкой называет «средиземноморской группой языков» (включающей северно-кавказские и баскский) – это вполне могут быть языки эрбин на разных стадиях, то есть языки гаплогруппы R1b, принесенные ее носителями опять из алтайского региона. Средиземное море – это заключительный этап миграции этих доиндоевропейских языков через всю Евразию, с востока на запад, от Сибири до Атлантики. Языки южнокавказские и семитские определенно испытали на себе влияние эрбина в интервале как минимум 6-3 тысяч лет назад, возможно и дольше. Естественно, было и обратное влияние.

Продолжаем:

В то же время следует заметить, что дравидские языки в Индии представляют с урало-алтайскими языками целый ряд общих черт языковой структуры, причем эти черты индоевропейским языкам чужды. Это делает невозможным локализацию возникновения индоевропейского строя в областях, расположенных между урало-алтайскими и дравидскими языками, то есть в Иране или в северной Индии. Еще менее вероятны более восточные локализации, при которых индоевропейский строй должен был бы играть роль промежуточного звена между урало-алтайским и китайским или между урало-алтайским и тибето-бирманским языковым строем. Таким образом, место возникновения индоевропейского строя определяется и положительно и отрицательно: это есть область, лежащая между областями урало-алтайской и средиземноморской групп языковых семейств и не вклинивающаяся между урало-алтайскими и дравидскими языками.

Гаплогрупп N и Q в Индии практически нет, но гаплогруппы O довольно много, именно у дравидов. Действительно, это не индоевропейские языки, присущие гаплогруппе R1a. Действительно, гаплогруппа R1a не образовалась ни в Индии, ни в Иране. Но носители гаплогруппы R1a там были в ходе древней миграции предположительно 15-10 тысяч лет назад, и в Индии многие осели, как видно сейчас из ландшафта древних гаплотипов группы R1a. Поэтому при очевидной правильности общего вывода Н. Трубецкого, что место возникновения индоевропейского строя находится вблизи урало-алтайской языковой группы (там же – и «средиземноморской» группы), в Индии остатки прото-ИЕ языков должны быть, просто найти, наверное, трудно. Но ДНК-генеалогия подскажет, где искать – в

племенах с высокой долей древних гаплотипов группы R1a. Возможно, и R2.

Н.С. Трубецкой:

*Разумеется, эти географические указания довольно неопределенны, тем более что мы совершенно не знаем, как далеко на север распространялась в отдаленном прошлом "средиземноморская" группа языковых семейств, представители которой в настоящее время удержались еще у Бискайского залива и на Северном Кавказе. Но более точно определить место возникновения индоевропейского строя **научными средствами** невозможно.*

Не на север, а на восток, или северо-восток, к Алтаю, Южной Сибири. Более того, более точно определить можно, так, как выше описано. Но это не в укор Н. Трубецкому, он не знал про ДНК-генеалогию, которая появится через 60-70 лет.

Во всяком случае, следует отказаться от предрассудка, будто "индоевропейский праязык" (или первый язык индоевропейской структуры) господствовал в узко ограниченном пространстве. При том неединообразном характере, который приходится приписывать "индоевропейскому праязыку"... признание единого центра или очага распространения индоевропейского языкового семейства очень маловероятно. Совместное же действие нескольких очагов распространения вполне мыслимо и на очень обширном географическом пространстве - скажем, от Северного моря до Каспийского моря.

Про единый центр – совершенно верно, не могло такого быть ни при возникновении ИЕ языка, ни при его миграциях. Да и само возникновение было растянуто на десятки тысячелетий и десятки тысяч километров, как пояснено нами выше. И «очага распространения» не было», и не от Северного до Каспийского морей, а от Алтая до Европы, и не очага или очагов, а миграция, продолжающаяся как минимум 10-15 тысяч лет. Как и пишет Н. Трубецкой -

Возникновение индоевропейского языкового строя, всей совокупности "материальных" и "формальных" признаков индоевропейских языков было плодом длительного исторического развития.

Еще одно исключительно интересное наблюдение (или описание) Н. С. Трубецким. Оно согласуется с тем положением, которое я пояснял выше, что язык индоевропейский (арийский в определенном контексте ДНК-генеалогии, что является расширительным по сравнению с терминологией

лингвистики, поскольку основывается на более консервативном происхождении родов-гаплогрупп) отличается от эрбина, который не являлся индоевропейским, и который характерен для языкового строя «средиземноморских» (прототюркских, дене-кавказских, сино-кавказских и пр.) языков. У арийских языков – два способа артикуляции взрывных согласных, у эрбина – три способа, как и у ИЕ языков, подверженных в прошлом влиянию эрбина – северно- и южно-кавказских, баскского, семитских языков. Наверняка и ряда других доИЕ языков Европы III-I тыс до н.э. Вот как об этом пишет Н. Трубецкой:

Для наиболее древних периодов развития индоевропейских языков приходится принимать не менее трех способов артикуляции взрывных согласных. В современных же индоевропейских языках число способов артикуляции взрывных обычно сводится к двум; только таких языках, как армянский, курдский, осетинский и некоторые новоиндийские, то есть в языках, окруженных неиндоевропейской языковой средой, удержались еще трех- и четырехчленные системы взрывных. Обращаясь к соседним языкам, замечаем, что системы с тремя способами артикуляции взрывных имеются во всех севернокавказских и южнокавказских языках, а также в баскском и (если считать так называемые "эмфатические" согласные особым способом артикуляции) в семитских языках; языки же угрофинские и алтайские представляют только два типа взрывных, точно так же, как огромное большинство современных индоевропейских.

Возвращаясь к исходной теме представленной серии из двух статей надо заметить, что союз ДНК-генеалогии с лингвистикой и историей-археологией мог бы быть, и непременно будет продуктивным. Представленный здесь разбор статьи Н.С. Трубецкого с позиций ДНК-генеалогии может, смею надеяться, представить несколько «вводных положений», а уж дальше все зависит от лингвистов – насколько они окажутся восприимчивыми к подобным положениям, насколько их терминология может быть приведена в разумный баланс с терминологией ДНК-генеалогии, во всяком случае в совместных работах, и насколько они открыты к новым идеям и гипотезам, к созданию более современной картины мира.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

LETTERS FROM THE READERS: PERSONAL CASES

Part 35

Anatole A. Klyosov

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

LETTER 116

My question is about R1a1 haplogroup. Where can I see a description of different branches of the haplogroup?

MY RESPONSE:

Here is the link to descriptions of 16 major R1a1 branches, with their datings and maps:

<http://r1a.org/3.htm>

Some of those branches are split into two or three sub-branches, so currently there are 22 European and Central Asian branches, identified and described thus far. Some of them have a distinct SNP, most do not as yet. For example, two VERY distinct branches, "Central European" and "Western Slavic" both fall under M458, however, it is clear that they are quite different ones. The both branches have their common ancestors around 3425 and 2600 ybp, respectively, but THEIR common ancestor (M458) arose around 4500 ybp.

Here is how it was determined. First, the Central European (CE) branch splits into two sub-branches on the R1a1 haplotype tree, and the sub-branches have the following base (aka deduced ancestral) haplotypes:

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

и

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 -- 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 **12** 15 **15** -- 11 11
19 23 17 16 18 19 34 **40** 14 11 -- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13 8
14 25 21 13 12 11 13 11 11 12 13

It was calculated from haplotypes of the respective branches on the haplotype tree, that common ancestors of each of the branches lived 3000 ± 400 years before present. Since the base haplotypes differ by 4 mutations, their common ancestors lived $4/0.12 = 33 \rightarrow 34$ conditional generations (25 years each) ago, that is only 850 years apart, and THEIR common ancestor lived $(3000+3000+850)/2 = 3425$ years ago. In fact, the first haplotype retained the basic features of the ancestral base haplotype, and it was the second one who mutated in the marked alleles from the first one.

Now, the Western Slavic (WS) base haplotype, which split from the same M458 common ancestor (since both Central European and Western Slavic branches have the same SNP, that is M458) looks as follows:

13 25 **17** 10 **10** 14 12 12 **10** 13 11 **30** -- 16 9 10 11 11 23 14 20 **31** 12 15 **16** 16 -- 11 11
19 23 **16** 16 18 19 34 **39 13** 11 -- 11 8 17 17 8 **12** 10 8 12 10 12 **22** 22 15 10 12 12 13 8
14 25 21 **12** 12 11 13 **12** 11 12 13

It deviates from the Central European base haplotypes by as many as 13 mutations (marked). Therefore, their common ancestors lived $13/0.12 = 108 \rightarrow 121$ generations, that is 3025 years apart. This time needs in order to accumulate on average 13 mutations in the 67 marker haplotypes. Since a total number of mutations in the Western Slavic branch indicates that its common ancestor lived 2600 ± 300 years ago, a common ancestor of both the Central European and the Western Slavic branches lived $(3025+3425+2600)/2 = 4525$ years ago. It might be an "age" of the R1a1-M458 subclade, if there are no other branches of the subclade which we have missed (it is unlikely).

It is of interest to compare the base haplotypes of the above branches with the most ancient single branch, that is the Central Eurasian (CEA) branch, which arose 4600 ± 500 years ago:

13 25 16 **11** 11 14 12 12 **10** 13 11 **31** -- **15** 9 10 11 11 **24** 14 20 32 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 **15** 16 **19** 19 **35** 38 **13** 11 -- 11 8 17 17 8 **12** 10 8 **11** 10 12 **21** 22 15 10 12 12 13 8
14 **23** 21 **12** 12 11 13 11 11 12 13

It differs by as many as 17 mutations from the Central European base haplotype (see above), that is by $17/0.12 = 142 \rightarrow 166$ generations, that is 4150 years, and THEIR common ancestor lived $(4150+3000+4600)/2 = 5875$ years ago. We do not see any R1a1 branch of that "age", it is probably extinct, however, we can recover the "age" of its common ancestor. He might have lived either in Eastern or Central Europe, and the current Central Eurasian branch was derived from his survived descendant. It seems that both the CE and WS branches were also derived from his survived descendants, and there are "brothers" within M458 subclade and "cousins" of the CEA

The same approach was employed to identify R1a1 branches and their "age".

CONTINUATION:

My question is how, given that I have someone's DNA results, do I know which group they fall into? In some cases, you say which marker values are indicative. But in other cases, there is no way to tell which group a person fits into.

Would it be possible to include that diagnostic criteria on the site?

MY RESPONSE:

As I have written earlier, there are currently 22 branches under R1a1a1 haplogroup, all of them actually form distinct branches in the R1a1 haplotype tree. Besides, there are a number of SNPs under R1a1, such as L874 and L664, L342.2, L657, Z283, M458, M334, L260, Z280, L399, P278.2, L365, L669, L670, L366, Z92, L235, Z284, L448, L176.1, L175.

What we currently do is sorting out which branch corresponds to which SNP. It is not an easy task since in some cases an SNP is ascribed to only one or two individuals, and some SNP turn out to be private SNPs.

Besides, many haplotypes hang between different branches because of some (random) mutations which make the assignment uncertain. In those cases only their SNP can assigned them to respective branches.

As a result, some haplotypes make their assignment easy and certain, but some make the assignment ambiguous. There are no clear receipts in many cases.

Furthermore, some SNPs embrace several branches of R1a1. Obviously, they must have some downstream SNP which have not been found as yet.

So, the whole field of assignments of haplotypes of R1a1 is currently more art than science. What complicates the assignment even more is when people have only 25 or 37 marker haplotypes (forget about 12 marker ones), and they want to know which branch they belong to. So I often have to discourage them and suggest them to turn for a deeper STR (and SNP) testing.

The "diagnostic criteria" at present is a combination of the most advanced R1a subclade tree (published in the Proceedings of DNA Genealogy, 2011 October, vol. 4, No. 10, p. 1995) which you can find in <http://aklyosov.home.comcast.net> (to the end of the site, a gallery of the Proceedings) and those 22 of 67 marker base haplotypes. It will be published soon. Then it will become "official".

ПИСЬМО 117

Проявляя интерес к ДНК-генеалогии, я решил провести свой маленький эксперимент и выяснить приблизительное время жизни общего предка определённой группы лиц - носителей гаплогруппы N1c1, к которой отношусь и я сам. Воспользовавшись информацией, размещенной на сайтах www.YSearch.org, www.familytreedna.com я выбрал 86 гаплотипов. Выбирал исключительно гаплотипы, в которых значения аллелей в маркерах 459a,b равны «10-10», маркерах 464a,b,c, d - «14-14-15-15», «15-15-15-15». Таким образом, выбирал гаплотипы «среднячки», которые и не балты (южно-балтийская ветвь) и не финны (финно-угорская ветвь), т.е. некая переходная (промежуточная) вариация. Вероятно, учитывая определённую медлительность маркера 459a,b, она образует наряду с упомянутыми двумя крупными ветвями N1c1 отдельную, весьма большую ветвь, в базовом (предковом) гаплотипе которой значение аллелей в маркере 459a,b равно «10-10», маркере 464a,b,c, d - «14-14-15-15».

При отборе гаплотипов для построения филогенетического древа я ограничился 37 маркерными гаплотипами. А для расчета времени жизни общего предка ветви из 6 человек, в которую попал мой гаплотип, использовал не 37, а лишь 25 маркеров. Помнится мне, что скорости первых 12 и 25 маркеров на сегодняшний день изучены более хорошо, чем последующих - 37 и 67 маркеров. В этой связи мой первый вопрос. А прав ли я, что использовал для построения древа 37-маркерные гаплотипы, а расчёт в данном случае вёл по 25-ти маркерам? Насколько точны в данном случае будут мои расчёты TMRCA? Ведь если считать по 25 маркерам, то

возраст получается один (меньше), а если считать по всем 37-ми маркерам, то возраст ветви существенно возрастает.

Рассчитал ТМРСА «своей» ветви из 6 гаплотипов (в которых 18 мутаций) следующим образом, используя предложенную Вами линейную модель расчёта (Вестник, 2008). Вот что получилось по 25 маркерам.

$$18/6/25 = 0,12*0,002/0,00184=0,130.$$

0,130= 1725 лет до общего предка (с поправкой на возвратные мутации).

Вопрос - обязательно ли использовать для построения древа 67-маркерные гаплотипы?

Как отразится на точности результата моего "эксперимента" использование 37-маркерных гаплотипов при построении филогенетического древа?

Заранее благодарю за помощь!

Отдельное Вам спасибо за интересные и очень увлекательные статьи по ДНК-генеалогии.

МОЙ ОТВЕТ:

То, что вы строили дерево не из 67-маркерных, а из 37-маркерных гаплотипов – беда небольшая, это просто некоторое размазывание ветви за счет потери важной информации по 30 аллелям (!) на каждый гаплотип. То, что при расчетах вы ограничились только 25-маркерными гаплотипами – в этом тоже никакой проблемы нет. Это просто заметная потеря точности в расчетах за счет того, что выбросили 42 маркера из каждых 67. То есть для 6 гаплотипов вы просто выбросили 252 цифровых значений маркеров, то есть две трети информации. Неужели только потому, что не хотелось считать? Если такой информации просто нет – дело одно, но если она доступна – то не очень толково от нее отказываться. Считали вы правильно, только неуклюже. Для 18 мутаций по шести 25-маркерным гаплотипам считают так: $18/6/0.046 = 65 \rightarrow 69$ условных поколений, то есть 1725 лет до общего предка, как правильно посчитано у вас. Только стоит указать погрешность, это 1725 ± 440 лет до общего предка. Как видите, за счет того, что выбросили две трети маркеров, погрешность высокая. Если бы не выбросили, могло не 18, а около 50 мутаций по всем 67-маркерным гаплотипам, и результат мог бы быть примерно таким: 1725 ± 305 лет. Как видите, точность заметно выше. И сама основная цифра могла бы быть точнее.

Но проблема ваша не в том, а значительно более принципиальна. Вы неправильно подошли к самой задаче, и потому те 1725 лет, что вы

получили, в принципе неверны. Должно быть раза в два выше, если навскидку. Дело в том, что вы вмешались в процесс отбора гаплотипов, и решили самому выбирать, что включить в расчет, и что не включать. Вы не имеете научного права решать, какие гаплотипы отбирать. Вот вы отобрали только двойки 10-10, а ведь многие из них – это мутированные 9-9, а многие, наоборот, стали 9-9. То же самое и с четверками. Это же ведь все облако мутаций, а вы из облака вырезали то, что вам понравилось. Это как вы бы бросали монету, а потом для расчетов выбрали только решки. Ну, и немного орлов для разнообразия. Получили бы вероятность выпадения решек 0.92. Ну, и какой толк? А ведь вы именно так и сделали. Срезали все края у облака мутаций, и тем самым резко омолодили возраст общего предка.

Так что ваши расчеты, увы, неверные.

LETTER 118

What can you say on the Pike Group 1 here:
http://www.math.mun.ca/~dapike/family_history/pike/DNA/index.php?content=results.html

Even within a relatively small tree, there are multiple occurrences of independent mutations in the same marker, and also the converse, multiple copies of mutations in the haplotype data which study of the tree collapses to single mutations. Does not this affect your TMCRA results, and disproportionately as trees become smaller?

Further, though less obvious, it seems not possible to establish an unambiguous base haplotype. A step in your methodology requires that a tree be generated to permit judgment and to validate that the data are not mixed clusters. Would/does this data set fail in that respect, absent the paper genealogy tree? Again, if there is a problem here, does it indicate increasing need for caution with data sets of similar and lesser size?

You treat a multicopy marker mutation as single, whether it appears on one or more values. In this tree, CDY mutated in both a and b (AD), and singly in b (JL). Clearly, these are different events, visible both structurally and by values, and two mutations rather than four. Does the clearly more discriminating paper genealogy offer opportunity to improve your method for this short time scale?

I took time out to study your Nov. 2011 paper, and noted that the mathematics

are for a closed data set of uniform characteristics. That's certainly very reasonable for haplotypes a hundred generations deep, fair to good for perhaps as little as 30, but is it for around ten?

Similarly, a glance at the (corrected) tree shows that this small data set spans from 9 through 12 generations generations from the same founder. That looks like a 25-33% or so range with estimated correction for the donor gap generations. Does that not reflect similar uncertainty into your TMCRA calculations for small trees?

You are commendably explicit that your methodology requires matched marker panels, and only the 12 marker set is common to all 15 haplotypes. Fewer again have all the 25 marker one, and fewer again 37 etc. In principle, it would appear that your approach could be successively applied for TMCRA estimation with progressive degrade as member numbers diminished, but what would be the effect of the taper of the tree and the variance of generation lengths down each leg?

Inverting this, obviously the unasked question is whether the tree is accurate, since most or all analysis depends on that. Interesting as TMCRA results might be, it's actually probably more valuable to a genealogist/admin to be able to assess the reliability of paper research. Do you think that your methods, or some modified derivative, could be used to rigorously assess that ?

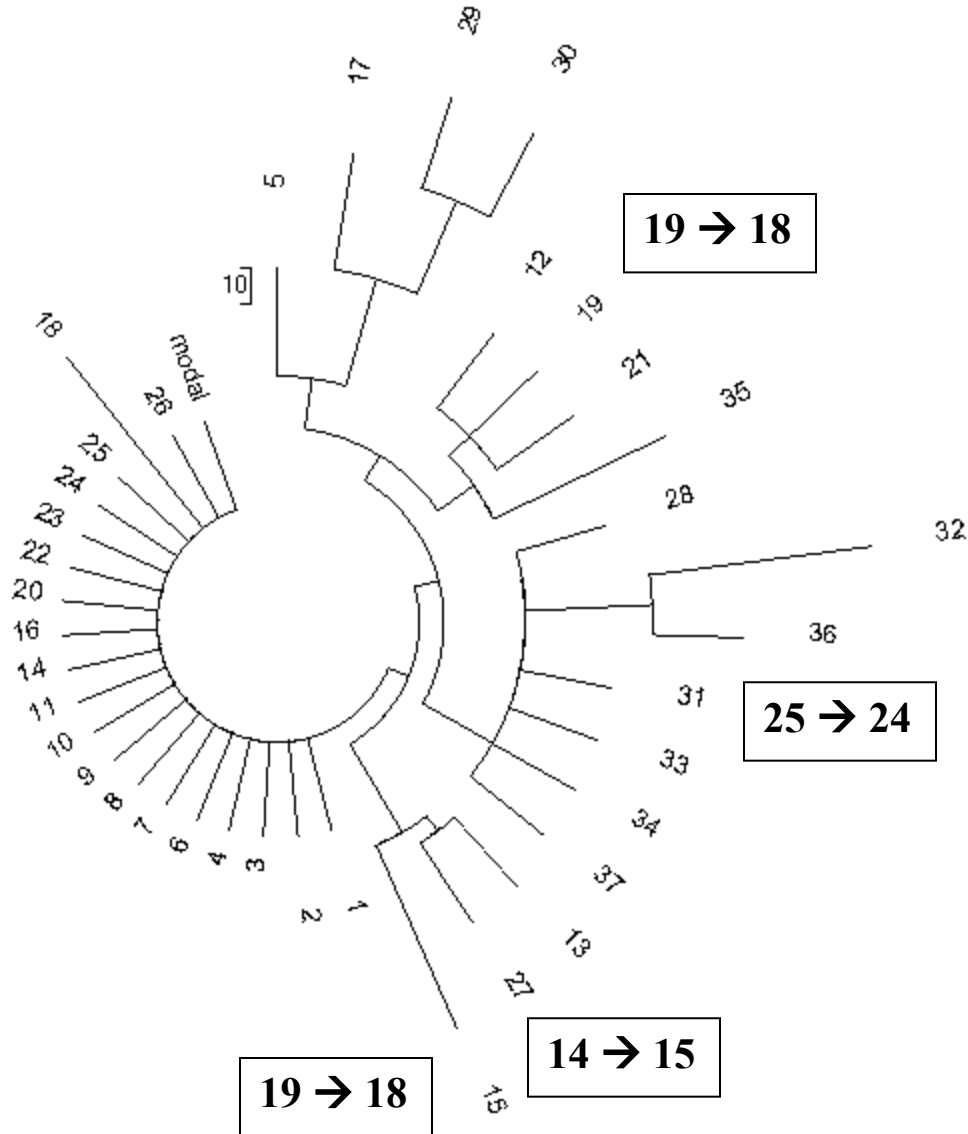
MY RESPONSE:

Practically all the questions you have addressed were answered in my papers a long time ago. However, it is of interest that folks ask the same questions again and again without even trying to take a haplotype dataset and to verify calculations THEMSELVES. Apparently, it is enjoyable to talk about how complicated life is without trying to resolve those complications, or at least to face them "eyes to eyes".

Yes, there are some "uncertain moments" particularly when a dataset is rather small. However, if you try to calculate data directly, you will see right away that all those "complications" are covered by a margin of error of the final result (a margin of error will be invariably large for small datasets). Furthermore, you will, most likely, obtain some important information from those calculations despite all those "complications", or, at least, you will get some food for thought. It is already a good thing itself, isn't it?

Having said that, let us take a look at you data.

The following figure shows a 37 haplotype tree composed of 12 marker haplotypes of Pike descendants.



The three contains 18 base haplotypes (sitting tightly around the trunk of the tree) which are as follows:

13 25 15 10 11 14 12 10 10 14 11 19

The whole tree contains 26 mutations from the base haplotype, which gives $26/37/0.02 = 35 \rightarrow 36$ generations, that is 900 ± 200 years to a common ancestor.

The logarithmic method gives $[\ln(37/18)]/0.02 = 36 \rightarrow 37$ generations, that is 925 years to a common ancestor. Since the fit is almost exact, we can conclude that the whole tree has only one common ancestor for all the branches.

However, there is one feature in the tree that tells us that the tree can consist of two principal branches descending from that common ancestor. In this case the dating of the common ancestor can be slightly distorted, since “weights” of the two branches can be different from each other. The thing is that the largest branch in the tree marked 25 \rightarrow 24 and containing 7 haplotypes looks like a separate one. The dataset contains only 25 \rightarrow 24 mutations and not a single 25 \rightarrow 26. All other branches are either contain other mutations, or produced two-way mutations.

Let us examine the dataset in its 25 marker format. The overall base haplotype is

13 25 15 10 11 14 12 10 10 14 11 19 - 15 9 10 11 11 25 14 19 33 12 14 14 17

and all 30 haplotypes in this format contain 31 mutations. It gives $31/30/0.046 = 22$ generations, that is 550 ± 110 years to a common ancestor, and 12 base haplotypes translates to $[\ln(30/12)]/0.046 = 20$ generations, that is 500 years to a common ancestor. Again, the fit between these figures shows that the tree has one common ancestor, however, “younger” compared to the that calculated using 12 marker haplotypes. Something is not right. However, if we consider the two branches (with DYS390 = 24 and 25) separately, we obtain two base haplotypes:

13 25 15 10 11 14 12 10 10 14 11 19 - 15 9 10 11 11 25 14 19 33 12 14 14 17
 13 **24** 15 10 11 14 12 10 10 14 11 19 - 15 9 10 11 11 25 14 19 33 12 14 14 **16**

It confirms that the tree indeed has two branches, which differ by two mutations in the 25 marker format. 24 haplotypes in the first one contain 19 mutations, 6 haplotypes in the second one contain 4 mutations. It gives $19/24/0.046 = 17$ generations, that is 425 ± 105 years to a common ancestor and $4/6/0.046 = 14$ generations, that is 350 ± 180 years to a common ancestor. Two mutations between them translate into $2/0.046 = 43 \rightarrow 45$ generations between their common ancestors, that is 1125 years, and place THEIR common ancestor at $(1125+425+350)/2 = 950$ years ago. It is practically the same figure which was obtained from the 12 marker haplotypes.

Let us continue with the 37 marker haplotypes. There are 24 of them, and they split to two branches (20 and 4 haplotypes, respectively) with the base haplotypes

13 25 15 10 11 14 12 10 10 14 11 19 - 15 9 10 11 11 25 14 19 33 12 14 14 17 -- 12 11 19
23 15 16 18 20 34 37 13 11

13 **24** 15 10 11 14 12 10 10 14 11 19 - 15 9 10 11 11 25 14 19 33 12 14 14 **16** - 12 11 19
23 15 16 18 **19** 34 37 13 11

We get three mutations between them, which places their common ancestors $3/0.09 = 33 \rightarrow 34$ generations, that is 850 years apart. The first branch has 53 mutations, that is $53/20/0.09 = 29 \rightarrow 30$ generations, that is 750 ± 130 years to a common ancestor, and the second branch has 5 mutations, $5/4/0.09 = 14$ generations, that is 350 years ago. THEIR common ancestor lived $(850+350+750)/2 = 975$ years ago.

There are only 13 haplotypes in 67 marker format, and 12 of them belong to the first branch, with the base haplotype

13 25 15 10 11 14 12 10 10 14 11 19 - 15 9 10 11 11 25 14 19 33 12 14 14 17 -- 12 11 19
23 15 16 18 20 34 37 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
22 12 12 11 13 11 11 14 13

They contain 40 mutations, which gives $40/12/0.12 = 28 \rightarrow 29$ generations, that is 750 ± 140 years to a common ancestor. The same as it was found above.

As a conclusion, a common ancestor of the whole tree lived ~ 975 years ago, around 1036 AD. It is likely that he was a participant of the Norman conquest of England and was a Viking or their descendant. Two lines of his descendants survived into the present time. A common ancestor of one branch lived 350 years ago, in the middle of 1600-s, and he might have been John Pike John Pike who arrived in Massachusetts on 03 June 1635. Another one lived ~ 750 years ago, around the middle of the 13th century.

Letter 119

I have been involved with the R1b-M222 Project for awhile. Primarily, I am interested in the Milligan/Milliken surnames and its origins in Scotland. Recently, I undertook a comparison between a cluster of DNA results in the Project that contain one of the earliest paper trails going back to about 1500 and the O'Doherty chief line in NW Ireland. The history of both surnames strongly indicates neither share a common ancestor before 1100 AD and therefore, the TMRCA lies sometime before 1100 AD but no later than 600-700 AD.

I recently used a few different TMRCA calculators but found that estimations that were far to low and inconsistent with the genealogy and history attached to

each surname. On reading your own paper, whilst I don't quite understand the maths fully, it appears to be a viable alternative to estimating TMRCAs.

Would you be interested in looking at this particular study? I have been researching the history of the Milligans and Millikens for years and in particular, the older clan name in the southwest of Scotland - Amuligane. This clan is distinct from the O'Mulligan clan in Ireland, which is mainly in Mid Ireland.

My interest lies in the R-M222 Milligan/Millikens who have a long history in Nithsdale, Dumfriesshire, in Scotland. I live in Scotland, and have been researching the origins of the surname that go right to c.1210 to man called Malegan, who witnessed a charter of Edgar son of Dovenald, lord of Nithsdale. To try and take the origins back even further, I decided to follow the Ua Dochertaigh line in NW Irish, where it is claimed the M-R222 mutation originated.

Please find attached the data-set of haplotypes, 19 O'Doherty and 19 Milligan/Millikens (not shown here - AK).

MY RESPONSE:

Shown below is your Dochartaigh-Amuligane (O'Doherty - Milligan/Milliken /Millican) 67 marker (30 haplotypes) and 37 marker (38 haplotypes) haplotype trees. 67 marker tree is more accurate, however, 37 marker tree contains more haplotypes. As you see, they have many differences, since the 37 marker tree missed 30 markers in each haplotypes, hence, the tree sorts out branches differently. Nevertheless, the principal features of the both trees are the same: (1) the both trees cleanly separate D from M populations. In the 67 marker tree the D part (14 haplotypes) contains one large branch (12 haplotypes, at the bottom of the tree) and two outliers (haplotypes number 18 and 19), and the M section (at the top of the tree) contains two double-branches.

Amuligan-Milligan-Milliken lineages, 20-38



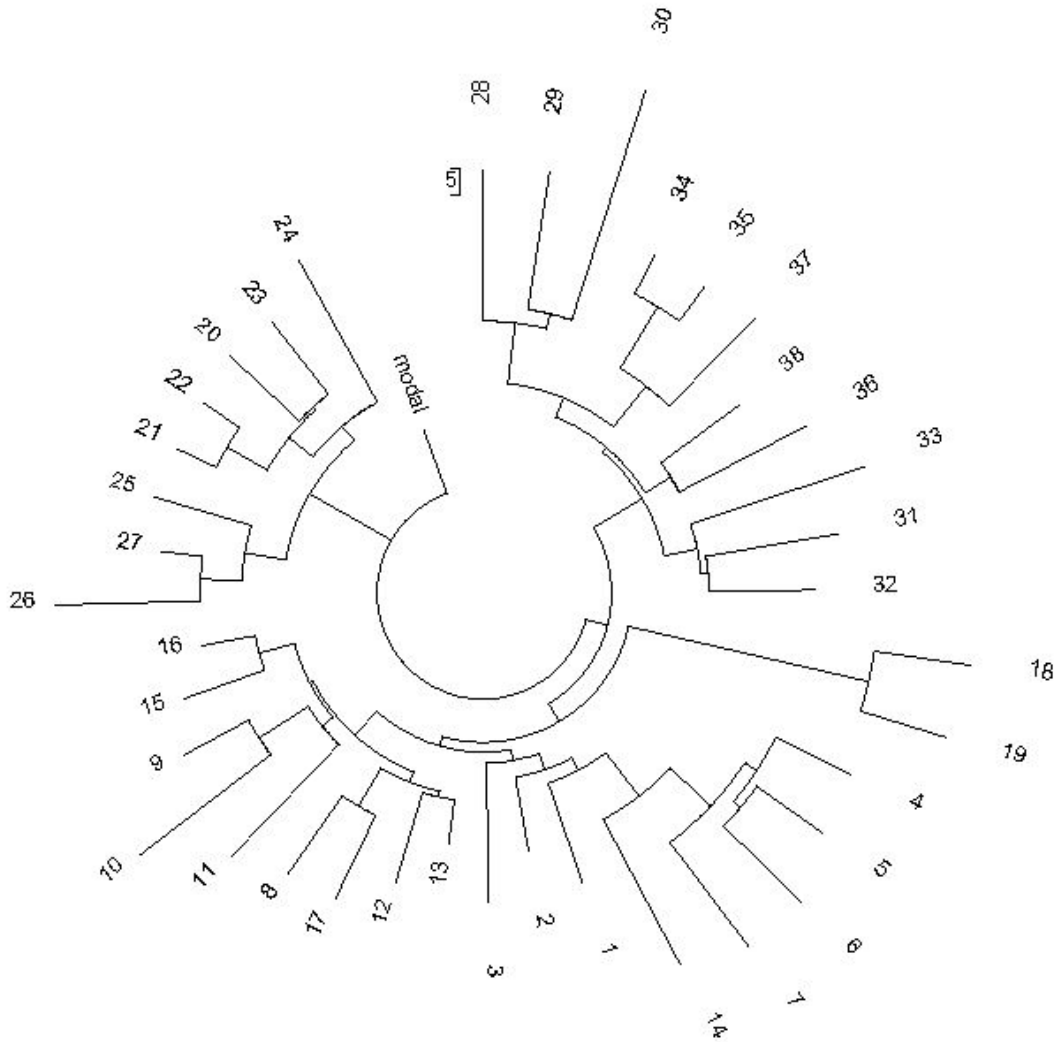
O'Dochartaigh-O'Dogherty-O'Doherty lineages, 1-19

Fig 1. The 67 marker haplotype tree, containing 30 haplotypes. Haplotypes numbered between 1-19 are of O'Dochartaigh/O'Dogherty/O'Doherty/Dogherty/Dougherty (the earliest documented ancestor is of 1640 AD), haplotypes 20-38 are of Amuligane/Milligan/Milliken/Millican (the earliest documented ancestor is of 1530 AD).

In the 37 marker format the large D section (at the bottom of the tree) splits into two branches (4 of 37-only marker haplotypes are added to it, which changed the

shape of the branch) and the same two outliers (18 and 19); and the A section (at the top of the tree) contains essentially two branches (the right-hand branch added 4 37-only marker haplotypes as well).

Amuligan-Milligan-Milliken lineages, 20-38



O'Dochartaigh-O'Dogherty-O'Doherty lineages, 1-19

Fig 2. The 37 marker haplotype tree, containing 38 haplotypes. Haplotypes numbered between 1-19 are of O'Dochartaigh/O'Dogherty/O'Doherty /Dogharty/Dougherty (the earliest documented ancestor is of 1640 AD), haplotypes 20-38 are of Amuligane/Milligan/Milliken/Millican (the earliest documented ancestor is of 1530 AD).

Let's start with the 67 marker tree, and with the 7-haplotype branch in the upper right "corner" (Milligan/Milliken family) . We see there three sub-branches, however, to analyze each of them separately would be a nit-picking, since all three are of about the same "weight". None of them overwhelms other sub-branches. The base haplotype of the whole branch is as follows:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - **18** 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 **17** 17 -
 11 11 19 23 17 16 **19** 17 38 **41** 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 21 23 16 10 12 12
 16 8 12 25 20 13 12 11 13 11 11 12 12

It differs by 5 mutations from the M222 base haplotype (mutated alleles are shown in red), which is rather close for 67 marker haplotypes. All seven haplotypes of the branch contain 33 mutations from the base haplotype, which gives $33/7/0.12 = 39 \rightarrow 41$ generations = 1025 years from the common ancestor (~ 990 AD). If we do the same calculation for the 37 marker tree, which contains 11 haplotypes in the same branch, all 11 contain 40 mutations, which gives $40/11/0.09 = 40$ (42 generations, that is 1050 years from the common ancestor. It is practically the same figure as the 1025 ybp (from the 67 marker series).

The second Milligan branch (top left) is a complicated one. It contains the three haplotype sub-branch (25, 26, 27), four haplotype sub-branch (21=22, 20 and 23) and an outlier 24. If to lump them together, their base haplotype would be as follows:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 30 - 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 -
 11 12 19 23 17 16 17 17 39 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 21 23 17 10 12 12
 15 8 12 25 20 13 12 11 13 11 11 12 12

It differs by 10 mutations from the first (top right) D base haplotype, and the all 8 haplotypes of the lumped branch contain 21 mutations. It gives $21/8/0.12 = 22$ generations, that is 550 ± 130 years from their common ancestor. The same branch can be analyzed in more detail, by considering three parts of it separately, and in that case haplotypes 25, 26, 27 would give 350 years from their common ancestor, haplotypes 20, 21, 22, 24 give 200 years from their common ancestor, and the whole branch gives 740 ± 200 years from its common ancestor, which is within margin of error with the preceding figure. 10 mutations between the two base haplotypes of the D family place THEIR common ancestors by $83(91)$ generations = 2275 years apart, and a common ancestor of the whole D family (two main branches) lived $(2275+1025+550)/2 = 1925$ years ago, at the beginning of AD. If we take not 550, but 740 years, we get practically the same figure, 2020 ybp, the very end of BC. The two figures are within margin of error.

Let's move to the Dochartaigh haplotypes, the lower part of the trees. In the 67 marker branch it is one wide branch of 12 haplotypes and two outliers (18 and 19). In the 37 marker branch we can see two sub-branches, each with its base haplotype and its common ancestor. The left sub-branch of 9 haplotypes (in the 37 marker format) has the following base haplotype:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11 11
19 22 17 16 18 17 38 39 12 12

with 25 mutations from the above base haplotype. It gives $25/9/0.09 = 31 \rightarrow 32$ generations = 800 ± 180 ybp.

The right sub-branch of 8 haplotypes has the following base haplotype:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 18 9 10 11 11 **24** 15 18 30/**31** 15 16 16 17 - **12**
10/11 19 22 17 16 **17** 17 38 39 12 12

with 23 mutations from the above base haplotype. It gives $23/8/0.09 = 32$ (33 generations = 825 ± 190 ybp.

As we see, the two sub-branches indeed split at the same time. Each sub-branch after the split has evolved as a close “family”, not necessarily literally, but actually.

Four mutations between the two base haplotypes give $4/0.09 = 44$ (46 generations = 1150 years between their ancestors, and THEIR common ancestor lived $(1150+800+825)/2 = 1390$ ybp, or ~ 620 AD.

However, if to consider two outliers into the calculations, their common ancestor (18,19) lived only 210 years ago, however, they are apart from the large branch by 11 mutations in 67 marker haplotypes, that is by $11/0.12 = 92$ (102 generations, that is by 2550 years, and a common ancestor of all Millikens lived 1890 ybp, around 120 AD.

In principle, a timespan to a common ancestor of both Dochartaigh and Millikens/Milligans can be calculated. For this we should line up all four main base haplotypes (I will do it here in the 37 marker format)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 17 17 - 11 11 19
23 17 16 19 17 38 41 12 12 (1025 ybp)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 **30** - 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11 **12** 19
23 17 16 **17** 17 **39** 39 12 12 (550 ybp)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11 11 19
22 17 16 18 17 38 39 12 12 (800 ybp)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 18 9 10 11 11 **24** 15 18 30/**31** 15 16 16 17 - **12**
10/11 19 22 17 16 **17** 17 38 39 12 12 (825 ybp)

and calculate mutations between them. They have 14 mutations (shown), which places THEIR common ancestor at $14/4/0.09 = 39 \rightarrow 41 = 1025$ years from their average TMRCA, which equals to 800 years. The overall TMRCA equals to 1825 ybp, around 190 AD, the beginning of AD.

If we add the fifth base haplotype, of the two outliers (18,19)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - **17** 9 **11** 11 11 25 15 18 **29 16** 16 16 17 - 11 11 19
 22 17 16 **17/18** 17 **36 40/41** 12 12 (210 ybp)

then we have 22 mutations, and $22/5/0.09 = 49 \rightarrow 52$ generations = 1300 years from their average TMRCA, which is now 680 ybp, and we have the overall TMRCA equal to 1980 ybp, the beginning of AD.

Conclusion: a common ancestor of both Dochartaigh and Amuligane families lived at the beginning of AD, and he gave rise to the both lineages. The Dochartaigh lineage split around 620 AD, and their current descendants have their common ancestors at 825 and 800 ybp (1190 and 1210 AD).

Here I should stop for a moment and quote my correspondent:

...the origins of the surname that go right to c.1210 to man called Malegan, who witnessed a charter of Edgar son of Dovenald, lord of Nithsdale.

Apparently, the two lineages went through severe bottlenecks and barely survived until ~ 1200 AD. After it they actively proliferated to the present time.

The Milligans have a similar story. Their lineage is traced down to the same beginning of AD, ~ 190 AD, when they split from the overall common ancestor, however, the present day Milligans have a common ancestor of only 1025 ybp, that is ~ 990 AD, and 550 years ago they split off another branch. The two outliers (haplotypes 18 and 19) have a common ancestor who lived only 210 years ago, however, they belong to a third principal lineage from the ~ 190 AD common ancestor.

This story has one more important aspect. Since the common ancestor of the R-M222 Dochartaigh and Millikens/Milligans lineages lived at the break of BC and AD, and his descendants all have the M222 subclade, it means that the subclade arose at least at that time, at the end of BC - beginning of AD. However, the most recent common ancestor of present day R-M222 bearers lived 1450 ± 160 years ago, as it was reproducibly determined from various datasets. It shows that the subclade M222 is at least 500 years older than the common ancestor of the present M222 population.