

ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ



АНАТОЛИЙ КЛЁСОВ



ДНК- ГЕНЕАЛОГИЯ



ОТ А ДО Т

ДНК-генеалогия

Анатолий Клёсов

ДНК-генеалогия от А до Т

«Лаборатория ДНК-генеалогии»

2016

Клёсов А. А.

ДНК-генеалогия от А до Т / А. А. Клёсов — «Лаборатория ДНК-генеалогии», 2016 — (ДНК-генеалогия)

ISBN 978-5-8041-0873-2

В новой книге по ДНК-генеалогии показана картина мутаций в Y-хромосоме древних предков человека на протяжении сотен тысяч лет, и показана связь этой картины мутаций с историей человечества. Показано, как эти картины мутаций можно превратить в хронологические показатели, и датировать древние и относительно недавние исторические события в годах, столетиях, тысячелетиях. При этом хронометр, позволяющий проводить датировки, не является «внешним», он встроен в наши ДНК. Поэтому расчеты в ДНК-генеалогии принципиально защищены от манипуляций «со стороны», как, например, защищены времена полупревращений радиоактивных элементов в физике и химии. Что ни делать, а радиоактивный распад «тикает» во времени, как ему положено по физическим законам. То же и в ДНК-генеалогии — мутации «тикают» по тем же законам, принципиальные закономерности те же. Это законы — методологическая основа ДНК-генеалогии, и она, эта основа, позволяет выстроить историю развития человечества на всех континентах. Итак, в книге показана ДНК-генеалогия в гаплогруппах от А до Т. Иначе говоря, описана ДНК-генеалогия каждого читателя-мужчины без исключения, у кого почти буквально, у кого — с высоты «птичьего полета», и чтобы она оказалась буквальной — надо просто сделать тест на гаплогруппы-субклады и гаплотипы. Для кого эта книга? Для тех, кто хочет понять историю свою и своих предков, и как эта личная история встроена в историю своего этноса, страны, всего человечества.

ISBN 978-5-8041-0873-2

© Клёсов А. А., 2016

© Лаборатория ДНК-генеалогии, 2016

Содержание

Предисловие	6
Введение	8
Древнее ДНК- (Y-хромосомное) генеалогическое дерево человечества	15
Глава 1	21
Глава 2	27
Глава 3	28
Глава 4	29
Конец ознакомительного фрагмента.	30

Анатолий Клёсов

ДНК-генеалогия от А до Т

Предисловие

Приветствую вас, уважаемый читатель. Книга, которую вы держите в руках – расширенное, черно-белое издание многоцветной иллюстративной книги «Ваша ДНК-генеалогия», вышедшей в этом же, 2016 году. Но в «Вашей ДНК-генеалогии» упор делался на сжатый текст, цветные иллюстрации, минимум деталей расчетного характера, и значительную часть книги занимали сведения о ранних предках человека, которые жили сотни тысяч и миллионы лет назад, об общих предках человека и шимпанзе, гориллой, орангутаном, макакой, о неандертальцах, денисовцах, то в этой книге подаваемый материал уже не так скован «телеграфной» подачей интересных сведений об истории человека и его предшественниках. Он – шире, более информативный, насыщен тем, что было осознанно опущено в «Вашей ДНК-генеалогии».

В книге последовательно рассматриваются все основные гаплогруппы человека, начиная с серии гаплогрупп А, примерно с 220 тысяч лет назад, разделение эволюционного пути *Homo sapiens* на африканскую и неафриканскую линии примерно 160 тысяч лет назад, заселение евразийского, африканского, американского и австралийского континентов, основные древние миграции человечества, приведшие к формированию современного населения западной, центральной и восточной Европы, формированию этнических русских, украинцев, белорусов, поляков, литовцев, латышей, балканских и других славянских народов, финно-угорского населения, кавказцев, народов Средней Азии, евреев, арабов, басков и многих других народов и народностей. Описаны древние арийские миграции, потомками которых являются часть современных славянских народов, населения Передней, Средней и Центральной Азии, Кавказа, Ближнего Востока, Ирана, Индии, Южной Сибири, Юго-Восточной Азии.

В книге показана связь многих древних археологических культур друг с другом и с их потомками, современным населением Западной и Восточной Европы, показана прямая связь древних культур Русской равнины с современными европейцами, как западноевропейцами, так и этническими русскими, кавказцами, таджиками, киргизами, пуштунами и другими народами и этносами. Показано также, что прямая ДНК-генеалогическая связь с древними людьми выявляется не только на уровне популяций, этносов, народов, но и на персональном, неклассифицированном уровне. В книге приводятся многочисленные примеры персональных ДНК-генеалогий, уходящих вглубь времен на многие века и тысячелетия.

Я не знаю, какой в итоге будет сформулирована русская (или российская) национальная идея, но то, что она не может быть адекватно сформулирована без учета и без знания истории наших предков, это совершенно определено. А без знания своих предков патриотизм – просто пустое слово.

У него тогда нет основы. То, что хлётко называют «последним прибежищем негодяя» – это и есть патриотизм без основы. Только эта хлёткость не про патриотизм, она – про негодяя. Характерная особенность русофобов в том, что они не там в этой фразе ударение ставят. Надо на негодяе, а они – на патриотизме. Впрочем, на то они и русофобы.

Надо подчеркнуть, что эта книга – не справочник по гаплогруппам. Справочников много – это и энциклопедии, и проекты по гаплогруппам, охватывающие сотни и тысячи представителей разных народов и регионов, и множество справочных сайтов по этой тематике в сети. Цель этой книги – не гнаться за исчерпывающими сведениями, а дать много наглядных примеров по всем основным гаплогруппам эволюции человечества, от времен их образования до наших современников, живущих на всех материках и континентах, где вообще живут люди. И

не только дать много наглядных примеров, но дать их так, чтобы каждый читатель книги мог примерить их на себя.

Об этом – книга, которая перед вами, дорогие читатели.

Введение

О мировоззрении и желании изучать историю мира, историю своего народа, историю своего рода и своей ДНК-линии

Огромное количество людей хотят изучать историю мира, народа, рода, свою родословную. Когда-то я имел отношение к проведению опроса людей, которые прошли тест на ДНК, и узнали свои гаплотип и гаплогруппу. Основной вопрос был такой – изменило ли это вашу жизнь? Из многих десятков людей ни один не ответил, что остался безразличным к результатам тестирования. Все ответили, что в определенной степени (иногда в большой) это их жизнь изменило. Большинство продолжили анализ своей ДНК на более глубоком уровне, и расширили изучение истории мира, своего народа, своей родословной.

Результаты ДНК-тестирования мужчин в рамках ДНК-генеалогии сводятся к двум основным показателям. Это – гаплотип и гаплогруппа. **Гаплотип** – это набор чисел, который является «личным номером ДНК-паспорта» любого мужчины, без исключения. А **гаплогруппа**, фигурально говоря, это обложка паспорта. Это – не индивидуальная, а групповая характеристика. Гаплогруппа определяет носителя гаплотипа в определенный род, или историческое племя. У любой гаплогруппы, как у любого рода или племени, был один общий предок, патриарх. Поэтому как номер паспорта при наличии обложки является уникальным «определителем» человека, так и гаплотип в совокупности с гаплогруппой являются не менее уникальным определителем человека, при условии, что номер (гаплотип) является достаточно протяженным. Примеры даны ниже в этой книге.

Если у человека такого номера и паспорта нет, то это не мужчина, а женщина. Именно к такой методологии сейчас нередко приходят археологи, которые именно так наиболее надежно определяют пол скелетного остатка в древнем захоронении. Нет в ДНК Y-хромосомы, нет мужского гаплотипа и мужской гаплогруппы – значит, женщина. У последних – свой ДНК-паспорт, под названием «митохондриальная ДНК», который они передают своим детям, как девочкам, так и мальчикам. А отец передает исключительно Y-хромосому, и только, разумеется, сыновьям.

У каждого мужчины в Y-хромосоме своя картина мутаций. У близких родственников картина мутаций похожа, потому что они, родственники, сравнительно недавно произошли от одного общего предка, и дополнительные мутации в их Y-хромосомах еще не успели образоваться. Если общий предок жил тысячелетия назад, то картина мутаций у разных потомков разная. Как эту картину отображают?

Отображают картину мутаций в виде так называемых гаплотипов, упомянутых выше как «личный номер паспорта» каждого мужчины, а именно в виде определенных последовательностей чисел, характерных для каждого человека. Чем эта последовательность длиннее, тем уникальнее гаплотип. Например, у автора этих строк гаплотип Y-хромосомы, состоящий из 111 чисел, записывается в следующем виде:

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

19 11 15 179 11 11

Это – так называемый 111 – маркерный гаплотип. Здесь первое число показывает, что в одном из маркеров, или локусов Y-хромосомы определенная последовательность нуклеотидов (в данном случае квадруплет AGAT, то есть аденин-гуанин-аденин-тимин) повторяется 13 раз. В другом маркере, который здесь показан как следующий, блок нуклеотидов (TCTG, то есть тимин-цитозин-тимин-гуанин) повторяется 24 раза, и так далее. У каждого маркера – своя комбинация нуклеотидов.

В академических публикациях по популяционной генетике, впрочем, пока продолжают использовать гаплотипы от 8- до 17-маркерных. В ДНК-генеалогии обычным является использование 67-и 111-маркерных гаплотипов.

В итоге многолетних наблюдений я пришел к выводу, что изучение своей родословной, особенно с привлечением ДНК-генеалогии, безусловно, влияет на наш современный уровень жизни, благосостояние, самооценку, достоинство. Более того, знание и ощущение своего прошлого и прошлого страны, прошлого своего народа каким-то удивительным образом связано с личным миропониманием и мироощущением, и через него – с уровнем личного достоинства и уровнем жизни семьи и всего сообщества.

Откуда подучают те числа, которые показаны в гаплотипах? Всё это на самом деле четко определено и зафиксировано. В первом маркере (под названием DYS393) повторяется четверка нуклеотидов AGAT, то есть аденин-гуанин-аденин-тимин

**GTGGTCTTCTACTTGTGTCAATAC/AGAT/
AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/
AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/
AGAT/AGAT/ATGTATGTCTTTTCT
ATGAGACATACCTCATTTTTTGGACTTGAGT
TC,**

и повторы обрамляются уже неупорядоченными последовательностями нуклеотидов в ДНК, так называемыми фланкирующими, как показано выше. Этот участок в ДНК и есть локус, он же маркер DYS393. Во втором маркере, под названием DYS390, повторяется уже другая четверка – TCTG, то есть тимин-цитозин-тимин-гуанин, которая переходит в четверку TCTA, то есть тимин-цитозин-тимин-аденин, и число повторов складывается:

**TATATTTTACACATTTTTTGGGCCCTGCATTT
TGGTACCCCATATAATATTTCTATCTA/
TCTG/TCTG/TCTG/TCTG/TCTG/TCTG/
TCTG/TCTA/TCTA/TCTA/TCTA/TCTA/TCTA/
TCTA/TCTA/TCTA/TCTA/TCTA/TCTA/TCTG/
TCTA/TCTA/TCTA/TCTATCTATCTATCTTT
CCTTGTCTGAGTATACACATTGCAATGTT
TTCATTTTACTGTCAC.**

Перечисленные четыре нуклеотида – это язык ДНК, который состоит из четырех букв при сокращенной записи. Эти нуклеотиды комбинируются парами, их так и называют – «пары оснований». Они фактически держат двойную спираль ДНК. Нам эти четверки (а также тройки нуклеотидов, и другие типы повторов) в маркерах ДНК в дальнейшем не понадобятся, это опи-

сание мы даем только для того, чтобы показать, что за числами в гаплотипах стоят масштабные исследования, которыми занимаются в мире сотни и тысячи человек.

Приведу свой личный пример. Полтора десятка лет назад я довольно случайно узнал о возможности определить свои гаплогрупп и гаплогруппу. Причем узнал от весьма малоаппетитной личности, с которым имел немало коллизий в сетевых дискуссиях, узнал, когда тот похвалялся, что анализ ДНК показал, что он – «чистый русский». Меня заинтересовало, как ДНК это может показать, и что такое «чистый русский». Как и оказалось, та похвальба была, как обычно у него, пустой. Никакой гаплотип или гаплогруппа не показывают, что некто есть «чистый русский», «чистый украинец», или «чистый еврей». Это вообще «перпендикулярные» понятия, так сказать. Но гаплотип и гаплогруппа показывают род, показывают (в совокупности с другими гаплотипами или гаплогруппами), откуда род ведет свои корни, когда и где (при наличии дополнительных исследований) жили предки рода, пути и времена древних миграций, связь с древними археологическими культурами.

Естественно, чем протяженнее гаплотип, тем выше вероятность того, что в нем произойдет мутация. Мутация в гаплотипах – это результат ошибки в копировании блоков нуклеотидов, тех самых «коротких tandemных повторов», биологической системой копирования ДНК в клетке. Каждый нуклеотид мутирует, то есть копирующая система ошибается при копировании протяженных гаплотипов, со средней частотой примерно 0.00178 раз в поколение при протяженности поколения 25 лет, то есть раз в 560 поколений, или раз в 14 тысяч лет. Величина поколения в 25 лет в ДНК-генеалогии называется условным поколением, она – сугубо математическая величина. Если кому-то больше нравится брать 30 лет за поколение, то вероятность мутации за 30 лет составит примерно 0.00214, или раз в 468 поколений (по 30 лет), или раз в 14 тысяч лет. Как видим, конечный результат получается точно такой же.

Итак, у любого человека можно выявлять гаплотип с разным разрешением, это будет один и тот же «ДНК-генеалогический паспорт», только разрешение, естественно, тем больше, чем более протяженный гаплотип. Надо сказать, что наука не остановилась на 111-маркерном гаплотипе, и, например, у того же автора определен уже 431 – маркерный гаплотип:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24
 14 20 34 15 15 16 16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41
 12 11 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12
 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13–31 15 9 15
 12 25 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30 12 14
 25 13 9 10 18 15 20 12 24 15 12 15 24 12 23 19 11 15
 17 9 11 11–10 12 15 15 10 10 8 8 9 13 7 8 10 10 13
 14 14 15 31 32 11 10 9 9 8 24 8 8 8 16 22 22 24 21 23
 14 16 25 28 15 15 6 11 14 15 8 14 11 12 10 11 10 10
 11 11 18 10 12 10 7 10 5 8 9 5 5 11 15 8 29 6 7 10 13
 11 6 7 7 7 16 10 11 16 22 23 11 12 12 10 7 12 12 13 7
 3 20 18 11 11 8 9 13 13 10 11 22 12 16 13 14 11 11 12
 10 12 9 13 9 12 11 12 16 7 14 12 10 9 10 4 7 7 13 13
 12 11 9 11 10 11 14 8 4 8 6 11 11 16 9 11 13 19 12 12
 9 10 9 9 11 11 9 9 14 14 15 9 7 10 12 14 13 14 14 12
 6 32 10 11 16 8 7 17 17 11 11 6 13 12 13 11 10 7 13
 12 7 – 12 12 7 14 17 17 11 25 8 8 12 8 8 11 13 11 12
 10 8 13 8 13 14 10 11 9 20 17 15 36 9 13 14 39 33 36
 9 10 10 12 18 19 13 9 14 44 10 8 14 9 8 20 11 11 11

11 10 9 9 9 8 8 8 8 9 11 9 23 11 9 16 31 8 20 8 13 12 8
 16 10 9 33 27 23 22 10 8 12 10 8 14 8 8 32 55 7 7 5 9
 6 11 11 11 13 9 39 33 7 8 27 7 5 13 7 15 28 25 60 42
 12 31 22 20 12 3 4

Таких гаплотипов в мире определено пока всего несколько десятков, так что практическая польза от них пока невелика, за исключением нескольких специальных случаев, которые будут пояснены ниже.

Поскольку «коротких tandemных повторов» в Y-хромосоме многие тысячи (выше показано 431 таких повторов, и это только среди 10 миллионов нуклеотидов Y-хромосомы, этот размер определяется методологией исследования; всего же в Y-хромосоме примерно 58 миллионов нуклеотидов, или, точнее, нуклеотидных пар, но не будем здесь вдаваться в излишние подробности). Отсюда можно заключить, что таких «tandemных повторов» в Y-хромосоме может быть примерно 2500, и это, видимо, максимально возможный размер гаплотипа.

Как читатель видит, я не делаю из своего гаплотипа (см. врезку) какой-то секрет, и другим не советую. В нашем мире глобальной информации, где о каждом из нас в сети имеется масса сведений, значительно более потенциально вредоносных, раскрытие гаплотипа вообще никакой опасности не представляет. Гены не имеют к нему никакого отношения, никаких сведений о здоровье или медицинской диагностики в гаплотипе нет, именно потому, что там нет генов. Байки о том, что якобы на гаплотип можно нацелить некое биологическое оружие, не только безосновательны, но и глупы. Такое «биологическое оружие» нацеленное, например, на гаплотип группы R1a, которая есть у половины русских, положило бы почти половину литовцев и латышей, половину украинцев и поляков, треть немцев и шведов с норвежцами, и не менее 20 % жителей США и Канады. Поэтому уже сотни тысяч человек, в основном из стран Запада, заносят свои гаплотипы в общедоступные базы данных, и никаких опасений по этому поводу не испытывают.

Гаплотипы выбирают так, чтобы в них маркеров было как можно больше (но все-таки чтобы оставаться в рамках практичности), и в ранних академических работах использовались 6-маркерные гаплотипы, затем 12-маркерные, 17-и 19-маркерные, затем 25- и 37-маркерные, а сейчас работа рутинно ведется с 67- и 111 – маркерными гаплотипами (правда, в академических публикациях это обычно от 8 до 17 маркерных гаплотипов). В 111-маркерных гаплотипах одна мутация происходит в среднем за 5 поколений, поэтому у 111 – маркерных гаплотипов разрешение лучше других. Но их определять дороже, чем более короткие, поэтому в академических исследованиях, при постоянной нехватке денежных средств, приходится работать с более короткими гаплотипами. Протяженные гаплотипы определяют в коммерческих компаниях, обычно персонально, по индивидуальному заказу, и передают в общественные базы данных, если носитель гаплотипа не возражает. Правда, у возражений практически никогда нет оснований, это всегда «нутряное» «как бы чего не вышло». Сейчас в общественных базах данных – сотни тысяч гаплотипов, и базы прирастают многими гаплотипами ежедневно.

Как мы покажем ниже, эти гаплотипы, а именно числа в них, напрямую связаны с хронологией древних миграций людей, переходами людей на новые места, событиями прошлого – войнами, климатическими катаклизмами, эпидемиями, в общем, со всем тем, что так или иначе влияло на численность популяций человека в определенные времена и на определенных территориях. Например, расчеты могут показать когда носители гаплогруппы N были на Урале, когда они появились в Прибалтике, когда древние арии появились на Русской равнине, когда они появились в Индии, Иране, на Ближнем Востоке – потому что эти события приводили к появлению на этих территориях и в те времена общих предков популяций, потомки которых

увеличивались в числе вплоть до нашего времени, образуя «кусты» гаплотипов со всеми мутациями в них, то есть изменениями чисел в маркерах.

Я заказал определение своих гаплотипа и гаплогруппы в соответствующей компании, и вскоре получил ответ. Ответ меня заинтриговал, и я отправился в архивы, военные и региональные, искать своих предков. Пошла обильная информация, о которой я не имел ранее никакого понятия. Оказалось, что мои прямые предки – из детей боярских, древнего военное дворянского сословия, что десятки моих прямых и близких родственников охраняли границы Руси, что мой предок ходил с Петром Первым брать Азов, и оттуда участвовал в Казикерменском походе, о котором я ничего не знал, а сейчас знаю много, и оказалось, что у нас в Курской области есть фамильная деревня, земля для которой была выделена моему прямому предку Ивану Клёсову в 1639 году царским указом за боевую службу.

Я отправился в ту деревню Клёсово, взял у жителей той деревни образцы ДНК, отправил на анализ, и увидел, что это на самом деле мои гаплотип и гаплогруппа, и всего несколько мутаций в гаплотипах показали, что наш общий предок жил в конце 16-го века, о чем и рассказали до того архивы. Дальнейшие исследования, еще более глубокие, показали, что мой гаплотип и субклад – выходцы из восточнокарпатской ветви гаплогруппы R1a, общий предок которой жил в I тыс до н. э., во времена зарождения славянства в том виде, в каком его понимают историки. Но анализ моей Y-хромосомы прошел дальше – мои предки жили в археологической фатьяновской культуре, которая располагалась в центральном европейском регионе современной Российской Федерации примерно 4500–3500 лет назад, и вполне может быть названа древнерусской археологической культурой. В свою очередь ее предки – археологическая культура боевых топоров, начиная примерно с 5200 лет назад. Ископаемые ДНК последней, с археологической датировкой 4600 лет назад – имеют гаплотип, практически такой же, какой у меня. Мои корни, как и корни любого мужчины на планете, описаны в этой книге, в ее разных главах, только я могу примерить всю эту информацию на себя, а те, кто не знают своих гаплотипа-гаплогруппы, не могут. В этом – большая разница в мироощущении между нами.

Обратимся к гаплогруппам, тем самым «обложкам паспорта», групповым характеристикам. Большое число мутаций и, соответственно, большое временное расстояние между гаплотипами разных гаплогрупп (десяtkи тысячелетий) вызвано тем, что они относятся к разным родам человека, а относительно умеренное расстояние между двумя гаплотипами одной гаплогруппы (и к тому же одного субклада), часто всего несколько тысяч лет, и вызвано тем, что они фактически родственники, в рамках понятий ДНК-генеалогии. В целом понятия гаплогруппы и субклада часто взаимозаменяемы, и определяются контекстом изложения. И гаплогруппы, и субклады определяются необратимыми мутациями в Y-хромосоме, снип-мутациями, в отличие от обратимых мутаций, стир-мутаций, в гаплотипах (тех самых повторов, что описаны выше, которые в научной литературе называют STR, от Short Tandem Repeats). Эти снип-мутации (от сокращения SNP, Single Nucleotide Polymorphism), стараются подобрать такие (для идентификации гаплогрупп и субкладов), которые были бы стабильными за все время существования человечества. Поэтому гаплогруппы и субклады стабильны, не меняются во времени.

Всего в мире насчитывают 20 основных гаплогрупп, которые обозначают буквами латинского алфавита, от А до Т, хотя систему порой нарушают. В последнее время в классификацию добавили гаплогруппы А0 и А00, хотя их носителей обнаружили считанные единицы, все они живут в Африке. Но они настолько отстоят по снип-мутациям от всех остальных людей на Земле (тестированных на мутации в ДНК), что их пришлось выделить в отдельный род-гаплогруппу. Помимо этого, были идентифицированы промежуточные, сводные гаплогруппы, такие, как СТ, DE, GHIJK и другие (см. диаграмму ниже), так что минимальный состав генеа-

логического дерева мужской половины человечества включает уже 39 основных гаплогрупп, то есть главных уровней Y-хромосомного генеалогического строения. С подгруппами это составляет уже много сотен.

Поскольку мы все еще во Введении, то расскажем об основных родах, или гаплогруппах, мужчин планеты. Хотя мы в этой книге время от времени обращаемся к женским линиям, мтДНК, но речь далее пойдет в основном о мужских линиях. И к этому есть серьезные причины. Женские линии митохондриальной ДНК передаются от матери к дочери непрерывной цепочкой на протяжении всего времени существования человечества и его предков миллионы лет назад, а также боковых ДНК-линий человеческой эволюции. мтДНК также передаются от матери сыну, но на последнем обрываются, потому что со сперматозоидами мтДНК от отца к матери не передаются, а если в редких случаях передаются, то это вызывает острые патологии и нередко смерть плода или ребенка. Но не в этом причина, почему в ДНК-генеалогии мужские линии, передаваемые с Y-хромосомой, обычно более предпочтительны для рассмотрения. мтДНК дают картину гораздо более «крупными мазками», опуская множество важных деталей, на которых зачастую строится ДНК-генеалогия. Эти «крупные мазки» порой дают исключительно ценную информацию, но, как показывает опыт, только в отдельных случаях, намного удаленных во времени.

Например, в книге «Ваша ДНК-генеалогия» мы видели, как по «разнообразию» мтДНК оказалось возможным оценить, какая популяция древнее – денисовца, неандертальца или предков современного человечества, выяснить, что неандертальцы и денисовцы весьма удалены от современных людей, чтобы считать их одним видом с человеком разумным. Вот это и есть «крупные мазки», при всей их важности.

Но чем ближе к нашему времени, тем более хаотичной становится информация, полученная из мтДНК. «Грубые мазки» начинают накладываться, пересекаться, разрешение картины падает. Если мужские роды зачастую показывают, и довольно четко, направления и времена древних миграций, особенно при сочетании данных по ископаемым и современным Y-хромосомам, то женские роды часто «размазываются» по материкам и континентам, и максимум, что можно из такой информации извлечь – это записать и свести в таблицы, где какие мтДНК обнаружены. Собственно, такими описаниями и занимается популяционная генетика.

Приведу простой, но показательный пример. В нашей семейной деревне Клёсово, о которой уже сообщалось выше, в Курской области, доля R1a составляет практически 100 %, а мтДНК – самые разнообразные. Объяснение здесь совсем простое. В 1639 году земля царским указом была выдана сыну боярскому Ивану Клёсову за воинскую службу, и не просто кусочек земли, а размером в 180 футбольных полей – это для тех, кто в делах землемерных не слишком ориентируется. Деревня была основана, и основатель ее имел гаплогруппу R1a. А всё остальное определил социальный, сословный статус основателя и патриархальный уклад того времени. Деревня была сословным статусом замкнута, изолирована, земля была выслужена, предками завещана, и чужих (в том числе с другими гаплогруппами, о чем, конечно, тогда не знали) туда не пускали. А мужские потомки имели, разумеется, только гаплогруппу R1a. В деревню приходили только женщины «со стороны», как невесты и жены, и из деревни уходили в окружающие деревни только невесты и жены. Так что мтДНК крутили свою карусель через деревню столетиями, а Y-ДНК (то есть Y-хромосома, а с ними соответствующие гаплотип и гаплогруппа) оставалась той же, исходной. Вот так и имеем в деревне 100 % R1a, и множество разных мтДНК, и всё это в одной деревне, в одном регионе.

Еще пример – из гарема выходила одна Y-хромосомная гаплогруппа, и множество разных мтДНК. Чем больше гарем, тем больше разных мтДНК выходило. В других случаях, жена традиционно уходила в селение к мужу, и тем самым мтДНК опять расходились по большим

территориям, жен и наложниц привозили из дальних походов («Дывысь, Мыкола, сосед турчанку из похода привез»).

Еще пример – в ямной археологической культуре с датировками 4700–5300 лет назад все найденные двенадцать ископаемых мужских костных остатков^{1,2} имели одну и ту же гаплогруппу R1b, все четырнадцать (с добавлением двух женских образцов) только в четырех случаях имели одинаковые гаплогруппы (U5a), но с тремя разными более глубокими субкладами, остальные были H2b, H6a, H13a, T2c, две T2a, U4, U4a, W6, W3a. Понятно, что никакого вопроса о выявлении направлений и времен древних миграций мтДНК в такой ситуации просто не стоит. Более того, миграции с мтДНК не связывают, за исключением разве что наличия относительно обособленных мтДНК в Америке, Евразии и Юго-Восточной Азии.

Это вовсе не означает, что мтДНК не дают никакой информации, и их измерять и изучать бесполезно. Это не так, просто надо четко формулировать вопросы, на которые могут быть получены ответы с помощью мтДНК, и надо понимать, какого характера будут эти ответы. Обычно вопросы такие – какие мтДНК есть в таком-то регионе? И ответ, например, такой: «В деревне Сараево Переславского района Ярославской области выявлены следующие гаплогруппы: H, W, I, H, V2, H, H, U, X, T*, T*, W, H, H, W, T1». Понятно, что никакой ДНК-генеалогии здесь нет, и самой постановкой эксперимента не ожидалось.

¹ Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S., Llamas, B., Brandt, G., Nordenfelt, S., Harney, E., Stewardson, K., Fu, Q., Mittnik, A., Banffy, E., Economou, C., Francken, M., Friederich, S., Pena, R.G., Hallgren, F., Khartanovich, V., Khokhlov, A., Kunst, M., Kuznetsov, P., Meller, H., Mochalov, O., Moiseyev, V., Nicklisch, N., Pichler, S.L., Risch, R., Guerra, M.A.R., Roth, C., Szecsenyi-Nagy, A., Wahl, J., Meyer, M., Krause, J., Brown, D., Anthony, D., Cooper, A., Alt, K.W., Reich, D. (2015) Massive migration from the steppe is a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522, 207–211.

² Allentoft, M.E., Sikora, M., Sjogren, K.G., Rasmussen, S., Rasmussen, M., Stenderup, J., Damgaard, P.B., Schroeder, H., Ahlstrom, T., Vinner, L., Malaspinas, A.S., Margaryan, A., Higham, T., Chivall, D., Lynnerup, N., Harvig, L., Baron, J., Della Casa, P., Dąbrowski, P., Duffy, P.R., Ebel, A.V., Epimakhov, A., Frei, K., Furmanek, M., Gralak, T., et. al. (2015) Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522(7555), 167–72. doi: 10.1038/nature14507.

Древнее ДНК- (Y-хромосомное) генеалогическое дерево человечества

ДНК-генеалогия выстраивает четкую генеалогическую линию предков и потомков, как людей, принадлежащих к определенному роду. Поскольку гаплогруппа – это совокупность родственных субкладов, происходящих по цепочке от еще более древних общих предков, а субклад – это совокупность носителей одних и тех же сний, то ясно, что все их носители, то есть в данном случае мужчины, произошли от одного общего предка, патриарха, в ДНК которого этот сний впервые образовался. Фактически это есть общепринятое определение рода, что есть совокупность всех поколений людей, происходящих от одного предка.

Можно сказать и по-другому: гаплогруппа – совокупность гаплотипов, объединённая «групповой» необратимой мутацией, присущей определённому человеческому роду, то есть потомкам одного «патриарха», как правило, тысячелетия назад. Понятие «гаплогруппа» эквивалентно понятию «род» в ДНК-генеалогии. Эти мутации («снии») выбирают по определённым критериям. Гаплогруппой также называют сам род в таких выражениях, как «гаплогруппа мигрировала шесть тысяч лет назад на восток», понимая, естественно, что мигрировали носители данной гаплогруппы. В настоящее время классификация включает 20 основных гаплогрупп (плюс A0 и A00), от А до Т в алфавитном порядке, и тысячи «нисходящих» гаплогрупп и субкладов.

Гаплогруппы не просто соответствуют своим родам, но образуют определённую последовательность, лестницу гаплогрупп³, показывающих их иерархию – последовательный, ступенчатый переход от точки расхождения африканских и неафриканских популяций (примерно 160 тыс. лет назад) до самой недавней гаплогруппы R, образовавшейся примерно 30 тыс. лет назад. Эта лестница называется филогенетическим деревом гаплогрупп и их сний. Все гаплогруппы и субклады на дереве должны включать снии «вышестоящих» гаплогрупп и субкладов. То есть принцип «лесенки» должен выполняться. Преемственность узловых родов человечества должна соблюдаться.

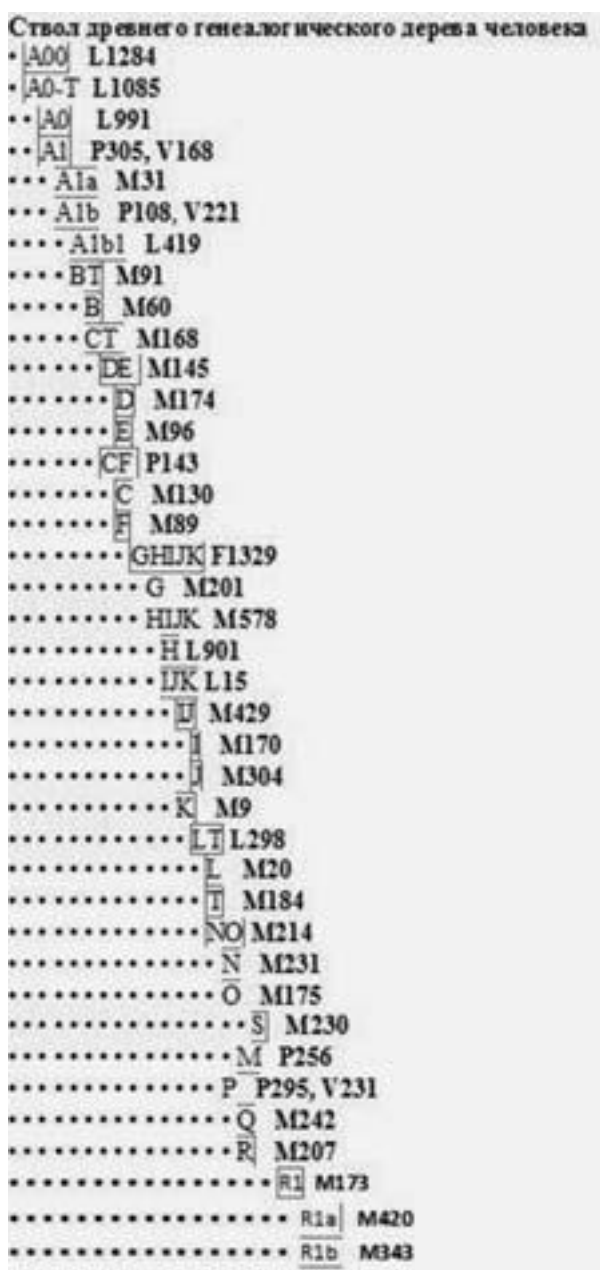
На рисунке приведено дерево всех гаплогрупп человечества. Первый индекс – это индекс гаплогруппы или субклада, эти понятия применяются довольно произвольно, в зависимости от смысла, который в это вкладывается. Например, потомки Ивана Клесова, который родился в 1575 году, они же мои предки – это наш род. В то же время, наш род – это гаплогруппа R1a, которая образовалась (путем соответствующей мутации в Y-хромосоме) примерно 20 тысяч лет назад. Наш род – это также субклад R1a-Y2902, он же восточно-карпатская ветвь гаплогруппы R1a, этот субклад образовался примерно 4300 лет назад. Как видим, понятия рода и субклада не являются жесткими по смыслу, более того, гаплогруппа R1a является субкладом гаплогруппы R1, а R1 является субкладом гаплогруппы R. По аналогии – все матрешки, вложенные одна в другую, являются матрешками, хотя и различаются размерами.

Всего в мире насчитывают 20 основных гаплогрупп, которые обозначают буквами латинского алфавита, от А до Т, хотя систему порой нарушают. В последнее время в классификацию добавили гаплогруппы A0 и A00, хотя их носителей обнаружили в количестве считанных единиц, все они живут в Африке. Но они настолько отстоят по сний-мутациям от всех остальных людей на Земле (тестированных на мутации в ДНК), что их пришлось выделить в отдельный род-гаплогруппу. Помимо этого, были идентифицированы промежуточные, сводные гаплогруппы, такие, как CT, DE, GHIJK и другие, так что минимальный состав генеалогического дерева мужской половины человечества включает уже 39 основных гаплогрупп, то есть глав-

³ http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html / Интернет-сайт «International Society of Genetic Genealogy».

ных уровней Y-хромосомной генеалогической структуры. С подгруппами это составляет уже много сотен.

Если же считать все уровни генеалогического дерева (уровень в этом случае – это субклад), то гаплогруппа R1a, основная гаплогруппа (род) этнических русских, уже насчитывает 74 субкладов, гаплогруппа R1b – 871 субкладов, и это при том, что на диаграмме ниже они обе входят в сводную гаплогруппу R, которой примерно 30 тысяч лет со времени образования. Образовалась гаплогруппа R при появлении необратимой мутации в виде спонтанного превращения одного нуклеотида в другой в ДНК (Y-хромосоме) патриарха, или его выжившего потомка, в свою очередь потомки которого дожили до настоящего времени в количестве более миллиарда человек. Если точнее, то у него, патриарха гаплогруппы R, по сравнению с ДНК его отца (относящегося к гаплогруппе P) произошло спонтанное превращение аденина в гуанин, и это произошло в участке Y-хромосомы под номером 15 миллионов 581 тысяч 983. Всего же в Y-хромосоме мужчин насчитывается, как сообщалось выше, примерно 58 миллионов нуклеотидов.



Y-хромосомное дерево человечества, показывающее основные гаплогруппы

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

Результаты недавних исследований о происхождении человечества методами ДНК-генеалогии представлены на следующем рисунке, на котором также показаны времена появления основных Y-хромосомных ветвей человечества.

Естественно, эволюционное дерево уходит от альфа-гаплогруппы вниз, где расхождение гаплогруппы А0-Т на А0 и А1 и соответствует, видимо, расхождению двух ветвей, африканской (не по происхождению, которое неизвестно, а по факту прибытия в Африку) А0 и неафриканской А1. Датировка этого расхождения по гаплотипам дает примерно 160 тысяч лет назад.

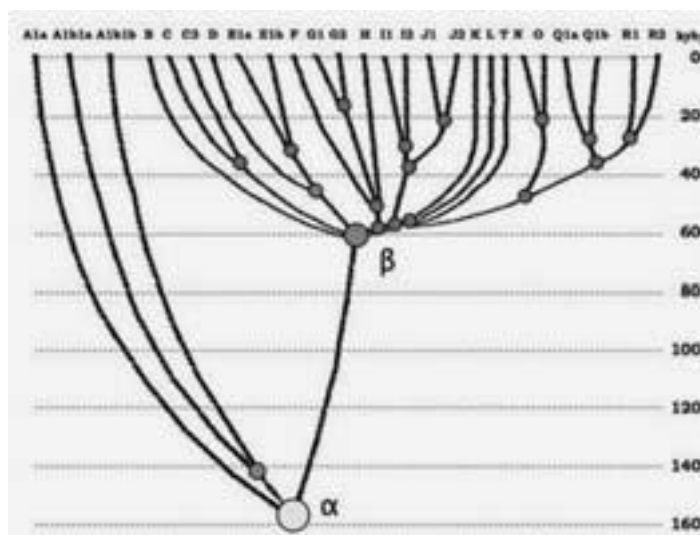


Диаграмма эволюции гаплогрупп современного человечества. На горизонтальной оси – основные гаплогруппы Y-хромосомы человечества, на вертикальной – абсолютная шкала времени. Общий предок альфа-гаплогруппы жил примерно 160 тысяч лет назад, общий предок бета-гаплогруппы (или гаплогрупп от В до Т) – 64 ± 6 тысяч лет назад⁴.

Примерно 64 тысячи лет назад предки современных неафриканцев прошли «бутылочное горлышко популяции», и именно к этому времени сходятся все изученные до настоящего времени ДНК-линии гаплогрупп от В до Т. Видимо, наиболее обоснованной гипотезой об основной причине обрыва генетических линий неафриканцев 64 тыс лет назад является катаклизм планетарного масштаба, вызванной падением метеора в Тихий океан в указанное время⁵. Он привел к тому, что древние африканские гаплогруппы тоже вымерли и сейчас не обнаруживаются. Поэтому ровно никаких генетических оснований для утверждения, что современное человечество вышло из Африки нет, это просто фантазийная (а скорее, совершенно натяну-

⁴ Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. *Advances in Anthropology*, 2, No. 2, 80–86.

⁵ <http://pereformat.ru/2015/10/africa-dna-vol2/>

тая) схема. Фактически, она полностью строится на положении, что «африканцы более разнообразны» по Y-хромосомам, чем неафриканцы, но диаграмма выше показывает причины этого более высокого разнообразия. Вторая причина более высокого разнообразия в Африке – что в течение десятков тысяч лет в Африку мигрировали носители практически всех гаплогрупп человечества (например, в Камеруне и Чаде сейчас живут многие носители гаплогруппы R1b, пришедшие туда тысячелетия назад), которые, естественно, увеличивали «разнообразие», смешиваясь с африканцами. В южной Африке, среди местного населения, говорящего на консайнских языках и банту, были найдены самые разные гаплогруппы – A1b1, B2a, B2b, G, I, O, R1, T⁶. Подобные же диаграммы построены и для митохондриальных ДНК, присущих в первую очередь женщинам. Вывод один – предки современных не-африканцев из Африки не выходили, напротив, они прибывали в Африку и увеличивали африканское генетическое разнообразие.

Мутации в гаплотипах потомков расходятся от предкового гаплотипа как круги по воде, число мутаций легко рассчитывается, и они подчиняются довольно простым количественным закономерностям. Для кругов на воде, расходящихся от места, куда был брошен камень, легко рассчитать, когда был брошен камень, если знать скорость распространения волны и место нахождения круговой волны в данный момент времени. Чем больше прошло времени – тем дальше круги ушли, тем больше они разошлись. Так и в гаплотипах – чем больше время, прошедшее от общего предка, тем больше мутаций накопилось в гаплотипах его потомков. Число этих мутаций связано с временем, прошедшим от общего предка, с числом гаплотипов в серии, и с константой скорости мутации в гаплотипах, и выражается простой формулой: $n/N = kt$, где n – число мутаций в серии из N гаплотипов, k – константа скорости мутации (в числе мутаций на гаплотип за условное поколение, равное 25 лет), t – число условных поколений, с табличной поправкой на возвратные мутации.

На многих тысячах примеров показано, что эта формула работает при любом числе гаплотипов и мутаций в них, и при любом времени, прошедшем от общего предка рассматриваемых гаплотипов. Однако при очень больших временах, более 10–20 тысяч лет, и особенно более 100 тысяч лет, нужно использовать гаплотипы с «медленными» маркерами, то есть с малыми константами скоростей мутаций, и тем самым снижать число мутаций и число возвратных мутаций. По аналогии, вряд ли целесообразно изучать скорости радиоактивного распада элементов со временами полураспада в тысячелетия, используя секундомер. Или пытаться изучать круги на воде за километры от места, куда был брошен камень, для этого нужно значительно более мощное воздействие. Как всегда, нужен конкретный анализ в конкретной ситуации, единых подходов на все случаи жизни не бывает. Варианты конкретного анализа в конкретных ситуациях и рассматривает ДНК-генеалогия. Некоторые ситуации и расчеты мы рассмотрим ниже.

Мутации в ДНК-генеалогии – это не только единичные необратимые снип-мутации, описанные выше, которые определяют гаплогруппы и субклады, но и обратимые мутации, меняющие числа повторов, или аллели, в гаплотипах. В русскоязычной литературе их называют просто «мутации», с пониманием, что это не те мутации (в генах), которые обычно возникают под действием радиации. Переход числа повторов в маркере Y-хромосомы от 25 к 24 или 26 (или наоборот) имеет совершенно другую природу, чем «поломка» гена. Такой переход является следствием спонтанной, случайной ошибки ДНК-копирующей «биологической машины», это процесс первого порядка с точки зрения физико-химической или биологической кинетики, он не зависит от внешних воздействий.

⁶ Barbieri, C., H ± 1bner, A., Macholdt, E., Ni, S., Lippold, S., Schröder, R., Mpoloka, S.W., Purps, J., Roewer, L., Stoneking, M., Pakendorf, B. (2015) Refining the Y chromosome phylogeny with southern African sequences. bioRxiv, doi: <http://dx.doi.org/10.1101/034983>.

Что важно отметить – в большинстве случаев результаты расчетов почти не зависят от размера выборки (при числе гаплотипов больше двух-трех десятков), то есть они достаточно устойчивы к статистическим вариациям. Размер выборки увеличивает точность, и то только до определенных пределов. Это относится к довольно большим популяциям, которые перемешались за тысячелетия, но именно с такими обычно и работают.

Снип-мутации в Y-хромосоме

Снип-мутации – это практически необратимые мутации в ДНК (от английского сокращения SNP, что означает «однонуклеотидные вариации»). Однажды образовавшись, они «застревают» в ДНК навсегда, за крайне редким исключением, когда в том же нуклеотиде, который ранее мутировал, прошла еще одна мутация – либо в другой нуклеотид, либо возвращение в исходный. В книге «Ваша ДНК-генеалогия» был приведен пример, что один определенный нуклеотид Y-хромосомы у всех современных гоминидов (кроме макаки, которая относится к семейству мартишковых, хотя отряд тот же – приматы), выбранный для той иллюстрации, является тиминном, и только у орангутана там цитозин. Иначе говоря, у большинства этих особей тимин сидит в том месте Y-хромосомы не менее 15–20 миллионов лет, и за это время из пяти «образцов» изменился лишь однажды. Скептик скажет, что он мог измениться в орангутанге за это время и сотню раз, и цитозин – просто последний в той серии изменений, но так не бывает. Уже накоплен большой массив экспериментальных данных, что мутации в ДНК происходят неупорядоченно, статистически, равновероятно по всем последовательностям, за исключением крайне редких случаев, когда отпадают или перестраиваются большие фрагменты ДНК, но здесь явно не тот случай.

Большая серия экспериментальных данных, полученная и перекрестно проверенная разными коллективами исследователей, привела к средней величине константы скорости мутации в Y-хромосоме $0.82 \cdot 10^{-9}$ на нуклеотид в год (более правильно – на пару нуклеотидных оснований в год). При такой скорости мутации за 5 миллионов лет, то есть до времени жизни общего предка шимпанзе и человека, в Y-хромосоме с ее 58 миллионов пар оснований набегит $0.82 \cdot 10^{-9} \times 10 \cdot 10^6 \times 58 \cdot 10^6 = 476$ тысяч мутаций, что составит всего 0.8 % от 58 миллионов нуклеотидов. Здесь в расчетах положено 10 миллионов лет, потому что 5 миллионов лет прошло от общего предка до современного человека, и столько же – до современного шимпанзе, то есть современники удалены друг от друга суммарно на 10 миллионов лет.

Используя эту константу скорости мутаций можно рассчитывать, сколько времени потребуется для прохождения определенного количества мутаций во фрагменте Y-хромосомы определенного размера. Например, мутация во фрагменте Y-хромосомы размером 8.47 миллионов нуклеотидов происходит в среднем раз в 144 года. Поскольку среднее число снип-мутаций в таком фрагменте Y-хромосомы от образования гаплогруппы R1a до настоящего времени равно 151, то R1a образовалась $151 \times 144 = 21744$ лет назад, или округленно 22 тысячи лет назад.

Эти расчеты здесь приведены, чтобы наглядно показать, насколько редки снип-мутации в Y-хромосоме, и как ведутся подобные расчеты. А такие расчеты – мощный современный инструмент ДНК-генеалогии, они позволяют выяснить, когда жили общие предки для популяций, очень удаленных во времени. Мы будем проводить подобные расчеты в настоящей книге довольно часто, и получать уникальную информацию об истории человечества.

Стир-мутации в гаплотипах Y-хромосомы

Помимо практически необратимых снип-мутаций, которые затрагивают, как правило, один нуклеотид (намного реже сразу два-три нуклеотида, блоком), в ДНК происходят более сложные и намного более частые мутации, которые мы будем называть стир-мутации (от английского сокращения STR, что означает «короткие tandemные повторы»), по аналогии со снип-мутациями. «Тандемные повторы» нуклеотидов называют так потому, что еще давно

было обнаружено, что в Y-хромосоме некоторые нуклеотидные блоки, состоящие обычно из трех или четырех нуклеотидов, многократно повторяются («тандемом»), обычно от 7 до 45 раз подряд. Эти блоки повторов, достигающие в длину многих десятков, а порой и сотен нуклеотидов, очень стабильны, и в точности копируются при передаче Y-хромосомы от отца сыну, хотя в них происходят редкие мутации, в среднем раз в 12 тысяч лет. Но это в среднем, а в отдельных случаях мутации, те самые стир-мутации, случаются или относительно часто, например, раз в 3400 лет (в сегменте Y-хромосомы под названием DYS710), или очень редко, например, раз в 3 миллиона лет (DYS472).

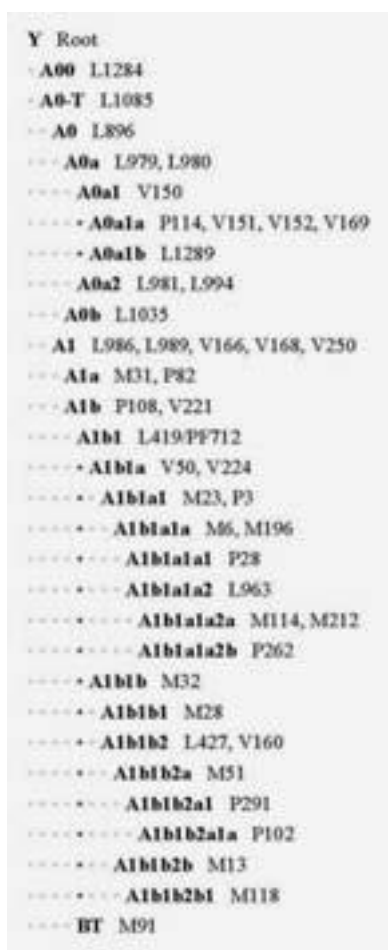
Глава 1

Адванули, древнейшие предки африканцев, 220 тысяч лет назад до настоящего времени

Адванули – это носители древнейшей гаплогруппы человечества, которой недавно присвоен индекс А00. Для этого индекса места в классификации уже не было, гаплогруппа А была уже занята, и после появления А00 гаплогруппа А распалась на отдельные субклады, без какого бы ни было «титulyного» – А00, А0-Т, А0 и А1.

Гаплогруппа ВТ – это бета-гаплогруппа. От нее образовались современные неафриканские (по основным регионам жительства) гаплогруппы, от СдоТ.

Переходим к Адванули, носителям гаплогруппы А00. Сама гаплогруппа образовалась более 200 тысяч лет назад, и никто про нее не знал до тех пор, пока несколько лет назад некто по фамилии Перри, проживающий в США, не прислал свою ДНК на анализ в коммерческую лабораторию. Про себя он сообщил, что его самый далекий прямой предок, о котором он слышал, афроамериканец Альберт Перри, родился между **1819** и **1827** гг., и жил в американском штате Южная Каролина.



Дерево гаплогрупп современного человечества от самых ранних гаплогрупп до гаплогруппы ВТ (В-гаплогруппы).

На дереве видны четыре вилки расхождения гаплогрупп на африканскую и неафриканскую ветви (по нынешнему месту проживания). Первая вилка – расхож-

дение более 200 тыс лет назад на гаплогруппы A00 (африканская) и A0-T (неафриканская); Вторая вилка – расхождение 180 тыс лет назад на гаплогруппы A0 (африканская) и A1 (неафриканская); Третья вилка – расхождение 160 тысяч лет назад на гаплогруппы A1a (африканская) и A1b (неафриканская); Четвертая вилка – расхождение 130 тысяч лет назад на гаплогруппы A1b1 (африканская) и BТ (неафриканская). Понятие «вилка» не стоит понимать буквально, расходящиеся гаплогруппы могли образоваться с разницей в десятки тысяч лет.

Когда результаты теста были готовы, исследователи ахнули. Этот Перри не подпадал ни под какую из 20 известных гаплогрупп, то есть ни один из известных многих тысяч снипов в его Y-хромосоме не присутствовал, и его гаплотип был в высшей степени необычным. Он имел вид⁷:

13 19 16 10 16 17 13 11 12 13 12 30–16 8 9 10 11 24
12 21 32 12 15 15 18–11 9 16 18 15 15 14 18 36 36 12
16 – 10 9 14 14 8 10 8 8 17 7 9 23 23 17 12 11 12 16
8 12 26 23 19 12 12 14 10 11 11 12–39 15 9 13 12 22
28 19 10 11 11 10 12 10 11 10 8 10 13 31 0 12 20 0 10
9 27 15 12 13 26 17 13 14 24 15 15 20 13 15 14 9 12 11
(A00 – Perry)

Это – так называемый 111-маркерный гаплотип, самый «продвинутый» в отношении числа определяемых маркеров. Чтобы показать, что в нем необычного, приведу для сравнения свой гаплотип:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30–16 9 10 11 11 24
14 20 34 15 15 16 16–11 11 19 23 15 16 17 21 36 41
12 11–11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12
13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13–31 15 9 15 12 25
27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30 12 14 25 13 9
10 18 15 20 12 24 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17 9 11 11
(R1a – мой гаплотип)

Между ними – 181 мутация (!). Для сравнения, между A00 и R1b-L21, одним из самых распространенных гаплотипов в Западной Европе – 175 мутаций, то есть близкое число.

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29–17 9 10 11 11 25
15 19 29 15 15 17 17–11 11 19 23 16 15 18 17 36 38 12
12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12–35 15 9 16 12
25 26 19 12 11 13 12 11 9 12 12 10 11 11 30 12 13 24 13
10 10 21 15 19 13 24 17 12 15 24 12 23 18 10 14 17 9
12 11 (R1b-L21)

Хорошо, сравним с гаплотипом гаплогруппы A1b-M13, то есть той же серии гаплогрупп А, в данном случае из Саудовской Аравии:

13 21 15 9 12 12 12 11 12 13 11 31–18 8 10 9 11 23

⁷ https://www.familytreedna.com/public/Haplogroup_A/default.aspx?section=yresults

16 19 35 11 11 14 15–11 11 21 21 15 14 17 15 30 35 12
 10 – 10 9 12 12 7 12 12 8 10 9 0 24 24 17 13 11 16 15
 9 11 25 23 17 14 9 14 9 11 11 11–33 15 8 14 10 21 28
 20 13 12 13 10 12 10 10 11 9 10 13 31 12 12 27 15 9
 12 19 15 20 15 24 16 12 15 27 13 19 18 9 15 19 9 13 11
(A1b-M13)

Между A00 и A1b – 177 мутаций. Иначе говоря, по структуре своего гаплотипа A00 равноудален и от R1a (Восточная Европа), и от R1b (Западная Европа), и от A1b (Ближний Восток). И неудивительно – расчеты с использованием самых «медленных» маркеров показали, что гаплогруппа A00 образовалась примерно 220 тысяч лет назад.

Покажем, что по сути означают снипы в Y-хромосоме на примере гаплогруппы A00. Здесь даны несколько примеров снипов A00 – их индекс, присваиваемый каждому снипу, какой нуклеотид мутировал в какой, и порядковый номер данного нуклеотида в Y-хромосоме из примерно 58 миллионов нуклеотидов. За предковые (исходные) нуклеотиды принимали те, которые идентифицировали в Y-хромосомах мужчин планеты как неизменные (предковые), и подтвержденные по Y-хромосоме шимпанзе. Ни один из приведенных ниже снипов не найден в Y-хромосомах представителей других гаплогрупп. Этот факт показывает, что ДНК-генеалогическая линия гаплогруппы A00 является отдельной, независимой ветвью эволюционного (Y-хромосомы) дерева человечества.

L1284 (AF-6)	A > G	6877771
AF4	A > C	8852748
AF9	C > T	16193008
AF10	G > A	16351596
L1086	A > T	2826312
L1087	G > T	2875499
L1091	G > T	4870903
L1096	G > A	6835384
L1108	C > A	7716144
L1104	C > T	6895758
L1131	G > A	16699096
L1144	C > T	21717306
L1148	C > T	21869315
L1236	T > C	23251975

В связи с этим возникает вопрос – а когда жил общий предок *Homo sapiens*, общий предок современных людей? Тот, который на самом верху диаграммы обозначен как Y Root? Можно ли это время рассчитать? Ответ – можно, но с определенной степенью допущений. Первое и самое главное допущение – что общий предок сегодняшних людей на Земле на самом деле существовал. Естественно, речь не идет о том, что на Земле когда-то жил один мужчина, и с ним рядом была одна женщина, как повествует библейская притча. Такого никогда не было. Во все времена было множество мужчин и множество женщин, а до них было множество самцов и самок, предшественников тех самых мужчин и женщин, и переход одних в других занял миллионы лет, и никто не может дать четких определений, в чем выражался этот переход, это все вопросы определений, которых, в общем-то, нет. Да, наверное, никого это отсутствие четких определений особенно и не беспокоит.

Чисто концептуально, «общий предок» всех людей на сегодняшней планете – это тот, потомство которого выжило, в отличие от множества его современников, и продолжилось в потомках до настоящего времени. Помимо этого – это был тот человек, у которого было как минимум два сына, потомство которых выжило до настоящего времени. Как следствие пер-

вых двух условий, все потомки унаследовали снип-мутации своего «первопредка», и добавили снип-мутации в последующем. Поэтому есть еще одно условие, точнее, следствие – мутации в гаплотипах потомков при экстраполяции в прошлое сходятся к «первопредку». Таким образом, можно определить его гаплотип, независимо от того, как давно он жил.

В итоге вопрос про «общего предка человечества» несколько расплывается. В каждой прямой ДНК-линии её общий предок жил относительно недавно – где сотни лет назад, где тысячу-другую лет назад. Но совокупность ДНК-линий, даже только выживших, помещает общих предков на 20–60 тысяч лет назад в каждой гаплогруппе. Совокупность

ДНК-линий разных гаплогрупп помещает общего предка неафриканцев на 64 ± 6 тысяч лет назад (как будет дополнительно показано ниже), до наиболее отдаленного бутылочного горлышка популяции, а африканцев – примерно на 220 тысяч лет назад⁸, но это не потому, что африканские предки древнее, а потому что по какой-то причине совокупность африканских (по их нынешнему месту обитания) ДНК-линий прошла бутылочное горлышко популяции намного ранее.

Можно ли считать, что 220–240 тысяч лет назад жил общий предок современного человечества? Нет, нельзя. Потому что неафриканские и африканские ДНК-линии сходятся к общему предку примерно 160 тысяч лет назад (см. выше). Именно тогда разошлись африканские и неафриканские (по нынешнему месту обитания) ДНК-линии. Но глубже во времени уходит общий эволюционный ствол африканцев и неафриканцев, который расходится на гаплогруппы А00 и А0-Т примерно 220 тысяч лет назад. У нас нет оснований не считать носителей гаплогрупп А00 и А0-Т не членами вида *Homo sapiens*, так что общий предок современного человечества уходит глубже 220–240 тысяч лет назад. Но еще глубже, 300-400-500 тысяч лет назад, уже времена образования неандертальцев, которых вряд ли можно считать общими предками современного человечества. Вот и очерчены рамки времен возникновения общего предка современного человечества. Называть его «Адам», чем увлекаются некоторые, нет никаких оснований.

Возвращаемся к Адванули. Никто не знает, где именно образовалась гаплогруппа А00. Сейчас ее носители, Адванули, помимо тех, кто несколько веков назад попал в Америку, видимо, чернокожими рабами, живут в Камеруне, входят небольшой частью в племя Мбо, и говорят на языке мбо, который входит в языковую группу банту. В этом племени тест на гаплогруппы взяли у 174 человек, и у и из них (то есть у 6.3 %) оказалась гаплогруппа А00. Поскольку все племя Мбо по численности оценивается в 67 тысяч человек, то, если пропорция сохранится, всего насчитают примерно 4 тысячи Адванули, и это после двухсот с лишним тысяч лет существования гаплогруппы А00. Правда, недавно тест расширили, и проверили гаплогруппы у соседнего племени Бангва, и у них оказалось 35 носителей А00 из двухсот, то есть уже 17.5 %. У остальных были гаплогруппы Е1b1а, В2а1, А0 и другие, к тому же в Камеруне широко представлена гаплогруппа R1b.

Надо подчеркнуть, что приведенная датировка вовсе не означает, что общий предок современных Адванули жил несколько больше 200 тысяч лет назад, и все они ведут прямую родословную от него. Датировки ведь рассчитывали или по расхождению их гаплотипов, то есть по числу мутаций, от других популяций на планете, или по времени появления снип-мутации в Y-хромосоме Адванули. Для того, чтобы узнать, когда жил фактический общий предок выборки Адванули, были определены гаплотипы тех и человек, которых выявили при ДНК-тестировании. Правда, авторы статьи⁹, в которой это описано, не смогли посчитать, когда жил общий предок этой группы Адванули, но разумно предположили, что жил он относительно

⁸ Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

⁹ Mendez, F.L., Krahn, T., Schrack, B., Krahn, A.-M., Veeramah, K.R., Woerner, A.E., Fomine, F.L.M., Bradman, N., Thomas, M.G., Karafet, T.M., Hammer, M.F. (2013) An African American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human y chromosome phylogenetic tree. Am. J. Hum. Genet. 92,454–459.

недавно, поскольку гаплотипы тех 11 человек были почти одинаковыми. А посчитать не могли, потому что выбросили из тестирования ряд маркеров, с которыми не умели работать, вместо 111-маркерных гаплотипов в итоге получили 95-маркерные, но не знали величину константу скорости мутации.

Сделаем эту работу за авторов статьи. Константа скорости мутаций для 95-маркерных гаплотипов равна 0.161 мутаций на гаплотип за 25 лет, что называется в ДНК-генеалогии условным поколением. Все 11 гаплотипов содержали всего 29 мутаций, что дает $29/11/0.161 = 16$ условных поколений, но с учетом того, что 45 аллелей (из 1045 аллелей) авторы определить тоже не смогли, то до общего предка на самом деле 17 условных поколений, то есть 425 ± 90 лет.

Итак, сама гаплогруппа А00 образовалась более 200 тысяч лет назад, причем неизвестно где, а общий предок носителей А00 из Камеруна жил примерно 425 лет назад. Если добавить к серии из Камеруна еще гаплотип афроамериканца той же гаплогруппы (по фамилии Перри), который отличается от предкового гаплотипа камерунцев на и мутаций, то их общий предок, камерунцев и афроамериканца, жил примерно 1125 лет назад.

Такая картина весьма характерна для популяций Африки. Гаплогруппа образовалась десятки, а то и сотни тысяч лет назад, хотя мы и не знаем, где – в Африке или за ее пределами, и если второе – то не знаем, когда предки мигрировали в Африку. В Африке вообще обитают носители почти всех гаплогрупп мира, в большинстве своем прибывшие в Африку в ходе последних нескольких тысяч лет назад. Самая распространенная гаплогруппа в Африке – Е1b, тоже прибыла «со стороны», как и гаплогруппа R1b, которая сейчас в значительных количествах обитает в Камеруне и окружающих странах. Время от времени по разным причинам, в основном климатическим, а также голода, эпидемий, вражды с соседними племенами, популяция резко сокращается, и либо полностью вымирает, либо проходит «бутылочное горлышко популяции», оставаясь в минимальном количестве, и если повезет, то размер популяции через века более или менее восстанавливается. Это напоминает цепь сосисок с перетяжками. Так и Адванули – история рода насчитывает 200 тысяч лет, а выживших наших современников – всего несколько тысяч человек. Мы не знаем, в какой степени выборка с общим предком, жившим примерно 425 лет назад, отражает последний период истории всех несколько тысяч Адванули, но, скорее всего, в целом отражает.

Порой перетяжки образуют такие сужения, что при расчетах они формально соответствуют одному человеку, патриарху после прохождения бутылочного горлышка. Таким образом, имеем последовательную цепь патриархов. Это легко представить на примере хрестоматийного «последнего из могикан» Фенимора Купера. Вспомним сюжет – от всего племени могикан остался один мужчина. Умрет он – и вся линия ДНК, идущая из глубин, возможно, 12–15 тысяч лет назад, оборвется. Для следующего поколения американских индейцев могикан как бы и не существовало, несмотря на их многотысячелетнюю историю. Но если «последний из могикан» выживет, женится, обзаведется сыновьями – он станет патриархом для последующих поколений его рода.

Подобных случаев в истории Земли было, видимо, неисчислимо количество.

Недавно картина с гаплогруппой А00 была дополнена, к ней добавлены исследования в племени Бангва, которые показали наличие носителей гаплогруппы А00 и там.



Получение образца ДНК в юго-западном Камеруне (предоставлено B. Schrack). Хотя фото представлено в связи с тестированиями гаплогруппы A00 в Камеруне, неизвестно, какую гаплогруппу выявит данный конкретный тест.

Но в этой ситуации очевиден вопрос – а как эти Адванули выглядят? Может, они пигмеи, или вообще явно отличаются по виду от остальных людей, как мы их знаем? Информацию об этом найти трудно, и вот, пожалуй, только то, что найти удалось^{10, 11}. Последнее – видео, в котором, как сообщают те, кто видео предоставили, показаны люди племени Бангва. На вид они совсем не отличаются от многих других африканцев. Более того, во всяком случае, некоторые говорят по английски, пользуются айфонами и айпадами. Хотя, впрочем, последние могут быть визитеры, прибывшие с кинооператорской командой.

¹⁰ <http://www.lebialem.info/>

¹¹ Одиноули – это носители гаплогруппы A0, африканской по нынешнему месту жительства. Где эта гаплогруппа образовалась – пока неизвестно. Датировка по гаплотипам дает ее «возраст» 180 тысяч лет, датировка по снипам не дана, видимо, потому, что данных пока мало. Мы приводим это здесь только для того, чтобы показать, насколько передним краем науки это сейчас является, и как много здесь пока неясностей. Но датировка по гаплотипам 180 тысяч лет для времени образования гаплогруппы A0 более надежна, во всяком случае пока. В любом случае, гаплогруппы A00 и A0 пока являются древнейшими, и образовались до расхождения эволюционного (Y-хромосома) дерева человечества на африканскую и неафриканскую ветви. Нам этого для концептуальных рассмотрений ДНК-генеалогии человечества пока достаточно. Одиноулей, то есть носителей гаплогруппы A0, найдено в мире всего полтора десятка человек. Они рассеяны парами и тройками по субкладам A0,

Глава 2

А0-Т, древнейшая гаплогруппа в Y-хромосоме современных людей, 220 тысяч лет назад

«Современных людей» в названии этого раздела означает – всех мужчин планеты, кроме адванулей, носителей гаплогруппы А00. Диаграмма, приведенная ранее, показывает, что гаплогруппы А00 и А0-Т являются «параллельными», они разошлись от эволюционного ствола Y-хромосомы человечества. Разница между ними, в частности, в том, что снипов гаплогруппы А00 в ДНК читателей этой книги нет, если только ее не читают члены племени Мбо из Камеруна, но вероятность этого весьма мала. Еще разница – в количестве снипов, имеющих в Y-хромосомах изученных людей, имеющих гаплогруппы А00 и А0-Т. Это можно перефразировать, как количество снипов, выстраивающихся в цепочку от снипа, характерного для гаплогруппы А00 или А0-Т, до настоящего времени, поскольку изучались ДНК наших современников. Носители гаплогруппы А00 есть в наличии, это потомки Альберта Перри в США, и члены племени Мбо в Камеруне. Носителей гаплогруппы А0-Т как таковой пока не нашли, но ее снипы есть в Y-хромосомах подавляющего количества мужчин на Земле, а именно имеющих гаплогруппы от В до Т.

Глава 3

Однонули, 180 тысяч лет назад до настоящего времени

Однонули – это носители гаплогруппы A0, африканской по нынешнему месту жительства. Где эта гаплогруппа образовалась – пока неизвестно. Датировка по гаплотипам дает ее «возраст» 180 тысяч лет, датировка по снипам не дана, видимо, потому, что данных пока мало. Мы приводим это здесь только для того, чтобы показать, насколько передним краем науки это сейчас является, и как много здесь пока неясностей. Но датировка по гаплотипам 180 тысяч лет для времени образования гаплогруппы A0 более надежна, во всяком случае пока.

В любом случае, гаплогруппы A00 и A0 пока являются древнейшими, и образовались до расхождения эволюционного (Y-хромосома) дерева человечества на африканскую и неафриканскую ветви. Нам этого для концептуальных рассматриваний ДНК-генеалогии человечества пока достаточно.

Однонулей, то есть носителей гаплогруппы A0, найдено в мире всего полтора десятка человек. Они рассеяны парами и тройками по субкладам A0, у всех происхождение, по их свидетельствам, неизвестно, что характерно для афроамериканцев. Несколько поколений в рабстве полностью утратили их память о родине – где она была и когда. К тому же рабам в США было запрещено заводить семьи, так что семейных преданий не было как таковых. Только один носитель субклада A0b сообщил, что его предки с острова Барбадос, но они тоже были вывезены туда из Африки. Все упомянутые пары и тройки однонулей в каждом субкладе имеют одинаковые или почти одинаковые гаплотипы, что означает, что они близкие родственники друг другу. Правда, данных мало и потому, что африканский континент изучался крайне незначительно на ДНК его обитателей, хотя картина в целом уже достаточно ясна и в целом воспроизводится при очередных сериях исследований. Картина такова, что подавляющее число африканцев – потомки не-африканцев, тех, кто прибыли в Африку несколько тысяч лет назад или уже в нашей эре.

Как правило, основные гаплогруппы, названные по буквам латинского алфавита, каждая охватывает десятки и сотни миллионов людей. Это – основные неафриканские гаплогруппы, неафриканские по их преобладающему месту жительства и по месту их образования. Но для однонулей и адванулей сделали исключение, и на их численность не ориентировались. Других вариантов не было – их действительно было не с кем объединить в одну гаплогруппу. Мало их потому, что либо они затерялись среди миллиарда человек африканского населения, то есть примерно 500 млн. мужчин, которые мало охвачены тестированием ДНК, либо, что намного более вероятно, уже около 200 тысяч лет находятся на грани исчезновения. Вспомним модель «цепи сосисок с перетяжками», описанную выше.

Глава 4

О «генетическом разнообразии в Африке», что это такое, и откуда оно взялось

Итак, подавляющее число африканцев – потомки неафриканцев, тех, кто прибыли в Африку несколько тысяч лет назад или уже в нашей эре. Больше всего в Африке гаплогруппы Е, опять исходно неафриканского происхождения. Немало там носителей гаплогруппы R1b, особенно в Камеруне и Чаде, это – потомки миграций из Азии несколько тысяч лет назад, причем шлейф этих миграций, образованный современными африканскими носителями гаплогруппы R1b, ясно прослеживается со стороны Средиземноморья и уходит сторону Камеруна. Само собой, много современных носителей гаплогруппы R1b живут в Южной Африке, в основном потомки буров, но не только. В итоге этих многотысячелетних миграций в Африку, плюс относительно небольшая доля «исконных» африканских гаплогрупп, если такие вообще есть, к тому же понятие «исконный» нуждается в определении, в Африке наблюдается огромное «генетическое разнообразие». Оно, конечно, имеет мало отношения к происхождению человечества, и никак не связано с тем, что Африка – «прародина человечества». Оно связано с «прародиной» настолько, насколько «генетическое разнообразие» жителей Нью-Йорка связано с тем, что Нью-Йорк – прародина человечества. Разнообразие в подобных случаях на самом деле связано с интенсивностью миграций в рассматриваемый регион, Африка это, Нью-Йорк или Москва. «Разнообразие» вообще может рассматриваться в научной точки зрения только в замкнутых, изолированных системах. А проходной двор всегда будет отличаться «разнообразием». Поразительно, но популяционные генетики уже тридцать лет продолжают утверждать, что «разнообразие» в Африке доказывает, что Африка является «прародиной современного человечества», и якобы подтверждает «теорию выхода анатомически человечества из Африки».

Конец ознакомительного фрагмента.

Текст предоставлен ООО «ЛитРес».

Прочитайте эту книгу целиком, [купив полную легальную версию](#) на ЛитРес.

Безопасно оплатить книгу можно банковской картой Visa, MasterCard, Maestro, со счета мобильного телефона, с платежного терминала, в салоне МТС или Связной, через PayPal, WebMoney, Яндекс.Деньги, QIWI Кошелек, бонусными картами или другим удобным Вам способом.