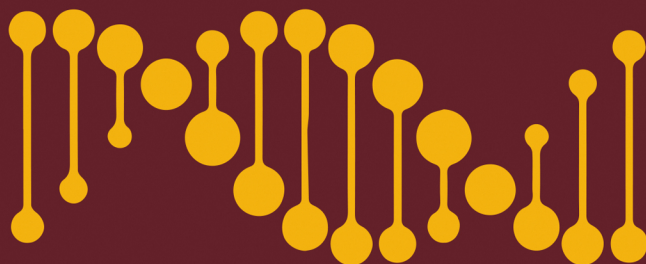


Анатолий Клёсов

# Народы России



## ДНК-генеалогия

Детальное исследование  
190 народов



Анатолий Клёсов

# Народы России ДНК-генеалогия

Детальное исследование  
190 народов



Санкт-Петербург • Москва • Минск

2021

ББК 28.74  
УДК 575+572.9  
К48

**Клёсов Анатолий**

К48 Народы России. ДНК-генеалогия. — СПб.: Питер, 2021. — 784 с.: ил.  
ISBN 978-5-00116-595-8

Каждый народ имеет право знать свою историю — не по лекалам, порой навязанным политически ангажированными учеными, а по объективным данным. Такими являются результаты исследования автора книги — президента Академии ДНК-генеалогии, профессора Гарвардского и Московского государственных университетов и профессора АН СССР Анатолия Клёсова.

Каждый народ рассматривается в этой книге как сплав родов, которые образовали историческое единство, и представлен в порядке своей численности в составе Российской Федерации. Автор исследует, как складывался во времени родовой состав, когда жили общие предки каждого рода в составе современного народа, откуда и когда они пришли на данную территорию, по возможности — какие археологические культуры были созданы предками этого народа.

**16+** (В соответствии с Федеральным законом от 29 декабря 2010 г. № 436-ФЗ.)

ББК 28.74  
УДК 575+572.9

Все права защищены. Никакая часть данной книги не может быть воспроизведена в какой бы то ни было форме без письменного разрешения владельцев авторских прав.

# Содержание

---

## Часть I. Народы России, их родовая структура и история миграций родов .....7

### Введение ..... 8

#### А. Определение понятий.....8

#### Б. Народы России, родственные по основным (по численности) родам ..... 13

Преимущественная гаплогруппа R1a-Z280 (род Русской равнины) .....	14
Антинаучные высказывания о том, что «русские — это финно-угры» .....	15
Преимущественная гаплогруппа R1a-Z93 (южноарийский род) .....	25
Преимущественная гаплогруппа J2 .....	35
Преимущественная гаплогруппа G2a .....	39
Преимущественная гаплогруппа R1b-Z2103 .....	42
Преимущественная гаплогруппа R1b-P312 .....	44
Преимущественная гаплогруппа J1 .....	48
Преимущественная гаплогруппа N1a .....	54
Преимущественная гаплогруппа I2a-Y3120 .....	61
Преимущественная гаплогруппа C2-M217 .....	63
Преимущественная гаплогруппа Q .....	67
Преимущественная гаплогруппа O .....	68
Преимущественная гаплогруппа E1b .....	70
Преимущественные гаплогруппы E1b, J1, J2, R1b .....	71

Преимущественная гаплогруппа H1.....72

Преимущественная гаплогруппа D.....73

## Часть II. Основы ДНК-генеалогии .....75

### Глава 1. Мутации, гаплогруппы, субклады и гаплотипы ..... 76

1. Немного расчетов. Кто расчеты не любит, можно не читать .....	76
2. Мутации в наследственных ДНК-генеалогических линиях .....	77
3. Гаплотипы. ....	80
4. Гаплогруппы и субклады .....	85

### Глава 2. ДНК-генеалогия как новое направление науки..... 87

1. Пример дерева гаплотипов .....	88
2. Достоверность данных при малых выборках. ....	89
3. Возвращаемся к дереву гаплотипов и расчетам .....	91
4. ДНК-генеалогия как молекулярная история .....	93
5. Логарифмический метод обработки гаплотипов — когда не нужно считать мутации. ....	94
6. Мутации в Y-хромосоме как «молекулярные часы» .....	95
7. 18 правил ДНК-генеалогии. ....	97
8. Опять деревья гаплотипов. ....	105
9. Датировки образования гаплогрупп и субкладов .....	112



<b>Глава 3. Глоссарий терминов</b>	
<b>ДНК-генеалогии .....</b>	<b>114</b>

### **Часть III. ДНК-генеалогия и древняя история ..... 125**

<b>Глава 1. Миграции племен по Евразии</b>	
<b>в последние 60 тыс. лет .....</b>	<b>126</b>

<b>Глава 2. Формирование народов России</b>	
<b>в последние 5 тыс. лет.....</b>	<b>135</b>

### **Часть IV. Народы России..... 155**

<b>Родовая структура (основные гаплогруппы)</b>	
<b>190 народов России в порядке</b>	
<b>их численности .....</b>	<b>156</b>

1. Русские .....	156
2. Татары .....	226
3. Украинцы .....	245
4. Башкиры .....	269
5. Чувашы .....	281
6. Чеченцы .....	283
7. Армяне .....	298
8. Аварцы .....	320
9–10. Мордва (эрзя и мокша) .....	323
11. Казахи .....	330
12. Азербайджанцы .....	347
13. Даргинцы .....	356
14. Удмурты .....	360
15–16. Марийцы (горные марийцы,	
лугово-восточные марийцы) .....	362
17–18. Осетины (дигорцы и иронцы) .....	364
19. Белорусы .....	372
20–23. Кабардинцы, черкесы,	
адыгейцы и шапсуги. ....	383
24. Кумыки .....	388
25. Якуты .....	389
26. Лезгины .....	393
27. Буряты .....	395
28. Ингуши .....	396

29. Немцы .....	402
30. Узбеки .....	417
31–32. Тувинцы и тувинцы-тоджинцы ....	418
33–35. Коми-зыряне, коми-пермяки	
и коми-ижемцы .....	420
36–37. Карачаевцы и балкарцы .....	422
38. Цыгане .....	434
39. Таджики .....	442
40. Калмыки .....	446
41. Лакцы (лаки, леки) .....	451
42. Грузины .....	452
43. Евреи .....	464
44. Молдаване .....	491
45. Корейцы .....	497
46. Табасараны .....	501
47. Турки .....	502
48. Ногайцы .....	508
49. Киргизы .....	509
50. Греки .....	512
51–56. Алтайцы (алтай-кижи, теленгиты,	
тубалары, челканцы, телеуты,	
кумандинцы) .....	513
57. Хакасы .....	516
58. Русские казаки .....	518
59. Карелы .....	518
60. Поляки .....	521
61. Ненцы (устар. самоеды) .....	529
62. Абазины .....	529
63. Езиды .....	529
64. Эвенки (устар. тунгусы) .....	537
65. Туркмены .....	539
66–67. Рутульцы, агулы .....	543
68. Кряшены .....	543
69. Литовцы .....	544
70. Ханты .....	548
71. Китайцы .....	549
72. Болгары .....	551
73. Курды .....	555
74. Эвены .....	559
75. Финны .....	561

76. Латыши .....	572	119. Бесермяне .....	683
77. Эстонцы .....	574	120. Хемшилы .....	683
78. Чукчи .....	579	121. Камчадалы .....	683
79. Вьетнамцы .....	579	122–123. Чехи, словаки .....	683
80. Гагаузы .....	580	124. Саамы .....	696
81. Шорцы .....	582	125. Эскимосы (за пределами России — инуиты) .....	697
82. Цахуры .....	583	126. Дунгане .....	697
83. Манси (устар. вогулы) .....	584	127. Юкагиры .....	698
84. Нанайцы .....	585	128. Таты (кавказские персы) .....	699
85–86. Андийцы, ахвахцы .....	586	129. Американцы (афроамериканцы) ....	699
87–90. Цезы (дидойцы), бежтинцы, гинухцы, гунзибцы .....	586	130. Удэгейцы .....	699
91. Абхазы .....	587	131. Французы .....	699
92. Ассирийцы .....	589	132. Каракалпаки .....	705
93. Арабы .....	594	133. Итальянцы .....	709
94. Нагайбаки (устар. уфимские новокрещены) .....	622	134. Кеты (остяки) .....	721
95. Коряки .....	623	135. Испанцы .....	722
96. Долганы .....	623	136. Латгальцы (латгалы) .....	732
97. Сибирские татары .....	623	137. Словенцы .....	732
98. Вепсы .....	626	138. Чуванцы .....	736
99. Афганцы (пуштуны) .....	626	139. Британцы .....	736
100. Турки-месхетинцы .....	628	140. Японцы .....	739
101–102. Каратинцы и ботлихцы .....	629	141. Нганасаны .....	754
103. Нивхи .....	629	142. Татары-мишари .....	754
104. Удины .....	629	143. Горские евреи (дагестанские евреи, таты-иудаисты) .....	755
105. Индийцы .....	630	144. Тофалары .....	756
106. Персы (иранцы) .....	641	145. Кубинцы .....	757
107. Уйгуры .....	647	146–150. Тиндалы, хваршины, годоберинцы, арчинцы, багулалы .....	757
108. Селькупы .....	651	151. Мегрелы (субэтнос грузин) .....	758
109. Сойоты .....	653	152–153. Орочи и негидальцы .....	759
110. Сербы .....	653	154. Пакистанцы .....	760
111. Румыны .....	658	155. Алеуты .....	762
112. Ительмены .....	665	156. Финны-ингерманландцы .....	762
113. Русские поморы .....	666	157. Памирцы (помири, памирские таджики) .....	762
114. Монголы (халха-монголы) .....	668	158. Чулымцы .....	763
115. Венгры .....	669	159. Македонцы .....	763
116. Ульчи .....	680	160. Хорваты .....	764
117. Талыши .....	681		
118. Крымские татары .....	681		

161. Ульта (уйльта, ороки) .....	765	177. Среднеазиатские цыгане (люли) .....	774
162. Тазы (удэ) .....	765	178. Сваны (субэтнос грузин) .....	774
163. Ижорцы .....	765	179. Курманч (курмандж) .....	777
164. Боснийцы (босанцы, бошняки) .....	765	180. Бухарские евреи (среднеазиатские евреи, яхуди) .....	777
165. Энцы (енисейские самоеды) .....	768	181. Чамалинцы (чамалалы) .....	777
166. Русины (карпатские русины, закарпатские русины, гуцулы, буковинцы) .....	768	182. Карагаши (карагаши-ногайлары) ....	777
167. Сету (православные эстонцы) .....	768	183. Кайтагцы .....	777
168. Аджарцы (субэтнос грузин) .....	769	184. Астраханские татары .....	779
169. Караимы .....	769	185. Черкесогай (закубанские армяне) ...	779
170. Черногорцы .....	770	186. Керечи .....	779
171. Лазы .....	772	187. Меннониты (немцы-меннониты) .....	779
172. Кубачинцы .....	772	188. Греки-урумы (греко-татары) .....	779
173. Крымчаки (крымские евреи) .....	774	189. Юги (устар. остяки) .....	779
174. Грузинские евреи .....	774	190. Айны .....	779
175. Чеченцы-аккинцы .....	774	<b>Заключение.....</b>	<b>781</b>
176. Водь .....	774		

Часть I

**НАРОДЫ РОССИИ,  
ИХ РОДОВАЯ СТРУКТУРА  
И ИСТОРИЯ МИГРАЦИЙ  
РОДОВ**

# Введение

---

## А. ОПРЕДЕЛЕНИЕ ПОНЯТИЙ

В этой книге рассмотрена ДНК-генеалогия народов России, а именно тех народов, для многочисленных представителей которых известны результаты тестов на гаплогруппы, субклады и/или гаплотипы Y-хромосомы. Эти тесты выполняются специализированными лабораториями, в России — Академией ДНК-генеалогии (г. Москва), президентом которой является автор данной книги. Это — единственная организация в мире, которая не только предоставляет результаты тестов, но и проводит соответствующую персональную интерпретацию результатов и заносит их в базу данных Академии. Интерпретация результатов показывает место Y-хромосомы (гаплотипа, субклада и гаплогруппы) каждого конкретного человека в системе ДНК всего мира, выявляет, к какой ДНК-наследственной ветви он относится, — тем самым выявляются его возможные родственные связи с другими людьми (при условии, конечно, что они тоже прошли ДНК-тесты и их гаплотипы и субклады имеются в открытых базах данных), а также в ряде случаев — с древними археологическими культурами, для которых уже есть более тысячи результатов по ископаемым ДНК.

Наличие этих данных, которые собираются и накапливаются в течение последних 10–15 лет (до этого была скорее подготовка к созданию такой системы исследований), и послужило основой для настоящей книги. Это — без преувеличений — уникальное издание. Это — торжество ДНК-генеалогии, пусть в самом начале экспоненциального развития данного нового направления науки. Читатели сами увидят, что это не пафос, это — реальное отражение действительности. Поэтому пересказывать содержание книги смысла не имеет, ее надо хотя бы перелистать, чтобы понять, в чем ее новизна.

Каждый народ рассматривается в этой книге как сплав родов (гаплогрупп) по мужской линии, которые образовали историческое единство, и каждая глава описывает в своей очередности (в порядке численности в составе Российской Федерации) отдельный народ, то, как складывался во времени его родовой состав, когда жили общие предки каждого рода в составе современного народа, откуда и когда они пришли на данную территорию, по возможности — какие археологические культуры были созданы предками данного народа. Каждый народ имеет право знать свою историю — не по лекалам, порой навязанным политически ангажированными «учеными», а по объективным данным. Таковыми являются Y-хромосомы и их количественные и конкретные характеристики, которые передаются по наследству — по отцовской линии — десятками, сотнями и тысячами поколений, и вместе с ними передаются в неизменном или почти неизменном виде мутации в Y-хромосоме. Эти мутации и являются теми самыми показателями, которые однозначно задают наследственные структурные признаки в ДНК, которые в свою очередь можно проследивать через тысячелетия и десятки, а то и сотни тысяч лет.

«Передаются в неизменном или почти неизменном виде» — это не оговорка, не уклончивость, не дань дипломатичности высказываний. Это корректный факт. Дело в том, что одни показатели Y-хромосомы передаются десятками, сотнями и тысячами поколений в неизменном виде, — это относится к гаплогруппам и субкладам, определяемым практически необратимыми мутациями, так называемыми снп-мутациями (от англоязычного сокращения SNP, Single Nucleotide Polymorphism). Это или сбои при биологическом копировании ДНК в клеточном ядре, когда вместо одного нуклеотида в Y-хромосоме

(в данном случае) биологическая система копирования случайно вставляет другой нуклеотид из трех остальных возможных вариантов (всего копируются четыре нуклеотида — аденин, тимин, гуанин и цитозин, и биологическая система «знает», какой из четырех когда скопировать, поскольку следует биологической «матрице» в виде последовательности Y-хромосомы ДНК), или сбой происходит по другим причинам, пока нам непонятным. В ряде случаев организм опознает, что произошел сбой, и «чужака» удаляет или заменяет на правильный нуклеотид. Это происходит не всегда, система неидеальна. Но если ошибка не замечена и не исправлена, то ошибочный нуклеотид продолжает копироваться дальше в каждом поколении, биологическая система уже «заточена» на копирование и не рассуждает. И вот такие ошибки, или снип-мутации, сохраняются порой миллионами лет, после сотен тысяч и миллионов актов копирования. Мы видим одни и те же мутации в ДНК человека, шимпанзе, гориллы, орангутана, макаки, а значит, они унаследованы от далекого общего предка макаки и будущего человека, то есть как минимум 25 млн лет назад. Поэтому «мутации передаются в неизменном виде» — это в данном случае корректное положение. Это позволяет помещать носителя данной мутации в Y-хромосоме в определенный род, который уже измениться не может.

Слово «почти» во фразе «передача мутаций почти в неизменном виде» имеет отношение к мутациям другого типа, не снип-, а стир-мутациям (от англоязычного сокращения STR, Short Tandem Repeat), когда той же биологической системой копируется не один нуклеотид, а целый протяженный блок, из десятков и сотен нуклеотидов, который состоит из многих (от 5 до 45) повторяющихся фрагментов Y-хромосомы. Когда биологическая система копирует эти блоки, повторяя фрагмент за фрагментом, она тоже порой ошибается, и либо пристраивает лишний фрагмент, либо, напротив, пропуская фрагмент, который «завещали» предки. Это происходит раз в 500–600 поколений, то есть раз в 12,5 тыс. — 15 тыс. лет, если считать по всем фрагментам в среднем. Но биологическая система в среднем не считает, это мы для простоты усредняем, а вероятность (или частота) такого сбоя зависит от того, какой фрагмент копируется. Есть «бы-

стрые» по скорости копирования фрагменты, там сбой происходит в среднем раз в 14 поколений, то есть раз в 350 лет, а есть «медленные», при копировании которых сбой происходит раз в 125 тыс. поколений, то есть раз в 3 млн лет с небольшим. Все это с примерами и расчетами обсуждается в учебнике автора «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (М.: «Концептуал», 2018). Здесь, в предисловии, мы приводим это для того, чтобы ввести читателя в суть основных понятий ДНК-генеалогии, для большей доступности материала книги.

Эти числа — раз в 14 поколений или раз в 125 тыс. поколений, имеют для многих читателей довольно абстрактный вид, пока они не осознают, что это на самом деле одна мутация на 14 рождений мальчиков или одна мутация на 125 тыс. рождений мальчиков. Иначе говоря, есть относительно «быстрые» мутации, а есть очень «медленные» мутации. Взглянем на конкретный пример — в России на 147 млн человек населения (неофициальные данные на 2018 г.) рождается примерно 1,5 млн детей в год, это 4121 ребенок в день, и на Москву, с ее 12,4 млн человек, приходится в среднем 348 рождений в сутки, или примерно 174 рождения мальчиков (принимая вероятность рождений мальчика и девочки одинаковой, что не совсем так). По другому источнику (Википедия) в Москве в 2018 г. родилось 132 тыс. человек, или 363 рождения в сутки, или примерно 181 рождение мальчиков. Как видим, это примерно одинаковые числа, и для наших целей это приемлемый статистический показатель. Напомним, что нам нужна просто условная иллюстрация того, что «быстрая» мутация происходит один раз на 14 рождений мальчиков. Другими словами, за одни сутки у родившихся в Москве мальчиков происходит 12–13 мутаций, которые появляются в их Y-хромосомах. Иначе говоря, из 174–181 родившегося мальчика (в Москве за одни сутки) у 12–13 в их Y-хромосомах появляются мутации, которых нет у их отцов. Но это — редкие, единичные мутации, которые никак не нарушают идентичность Y-хромосомы, в которой 58 млн нуклеотидов, или идентичность гаплотипа, состоящего обычно из десятков маркеров (стиров), в котором неупорядоченным образом изменится один показатель из десятков, да еще к тому же с малой вероятностью.

Чтобы не ограничиваться одной Москвой, повторим, что сейчас в среднем в России рождаются примерно 1,5 млн детей за год, или примерно 750 тыс. мальчиков. Это приводит к образованию в их Y-хромосомах более 50 тыс. «быстрых» стир-мутаций и 6 «медленных» стир-мутаций. Это на всю страну за год! Это на самом деле в составе целой галереи стир-мутаций, которых больше ста наименований, и здесь показаны крайние значения скоростей, остальные заполняют по скорости весь этот диапазон.

Часто задают вопрос: но это мужчины, а почему же игнорируются женщины? Разве они не оставляют вклада в ДНК? Разве они не участвуют в формировании народа, как профессионально, так и путем рождения и воспитания детей, колоссального вклада в культуру народа, его здравоохранения, лечения, преподавания, в рядах вооруженных сил, наконец? Мой ответ — конечно, в таком ключе вклад женщин в становление и упрочение народов России неизмеримо велик, и порой (а то и всегда) превышает вклад мужчин, в зависимости от системы оценок, особенно оценок личностных, на индивидуальном уровне. Но автор оставляет эти оценки другим исследователям и статистикам. Культура, здравоохранение, воспитание детей, любовь и забота не записаны в Y-хромосоме, более того, у женщин этой хромосомы просто нет, по определению. Иначе она была бы мужчиной.

Приведем следующую аналогию — для выявления путей миграций птиц их кольцуют и тем самым получают важную информацию о том, куда птицы летят, где они зимуют, или, наоборот, куда летят в тепло. Дает ли нам кольцевание полную информацию о птицах? О том, как и зачем они чирикают, как выют гнезда, об их «социальном» общении, об инстинктах и поведении, заданном наследственно или приобретенном? Нет, не дает. Этим занимаются другие науки. Так же и ДНК-генеалогия — она не ставит своей целью подменять другие науки, другие методологии исследования, она не изучает культуру общества, не изучает классовые различия, для ДНК-генеалогии богатые и бедные, короли и нищие совершенно равноправны в отношении их гаплогрупп, субкладов, гаплотипов. Но она рассматривает общество с другой стороны — какова родовая структура

общества, откуда и когда члены разных родов пришли на данную территорию, какова была их история, в том числе история древняя и древнейшая, практически недоступная для изучения в рамках других наук, например, лингвистики, социологии, культурологии. А вот как ДНК-генеалогия это рассматривает и к каким выводам приходит — описано в этой книге.

Что касается женщин — у них есть своя система мутаций в их митохондриальной ДНК (мтДНК), которая передается всем детям — как девочкам, так и мальчикам. Но от мальчиков и выросших из них мужчин мтДНК дальше их детям не передается, она на мужчинах терминируется с их смертью. Дело в том, что сперматозоиды мтДНК не несут, точнее, несут, чтобы придать импульс движения их жгутикам, а потом митохондрии отпадают, когда задача сперматозоида выполнена. А мтДНК передает детям мать, которая детей вынашивает. Поэтому у мужских поколений мтДНК с каждым поколением меняется, поскольку каждый раз меняется мать. Если мать случайно из того же женского рода (с той же мтДНК), то мтДНК у сына и внука одна и та же, но это все дело случая. Поэтому мужскую ДНК-генеалогия по мтДНК не проследить. Можно проследить женскую ДНК-генеалогия, поскольку одна и та же мтДНК передается по женской линии на протяжении тоже десятков и сотен тысяч лет и далее, но исторически сложилось так, что женщина покидает свою семью и переходит в селение мужа. Поэтому если у мужчин в селении одна и та же Y-ДНК сохраняется сотнями лет, если, конечно, они селение все не покидали, или если покидали, то возвращались, или если не возвращались, то оставались их сыновья, то женская мтДНК каждое поколение передвигается на новое место. В итоге женские мтДНК расходятся по большим территориям, порой по всей Евразии — за сотни и тысячи поколений, причем неупорядоченным образом, в то время как мужские Y-ДНК намного более «локальны», или образуют шлейфы потомков при упорядоченных передвижениях, как, например, во время дальних миграций или военных экспедиций. Еще пример — из гарема, особенно когда он большой, выходит только одна Y-ДНК, но множество самых разных мтДНК, отражая женский состав гарема, порой совсем международный.



Все это приводит к тому, что мтДНК почти не используются в ДНК-генеалогии или используются в ограниченных, конкретных случаях, отвечая на конкретные задачи, как правило, общего характера. Например, это «азиатская» мтДНК, или «африканская», или «европейская», хотя и этом случае часты пересечения.

Так что автор совсем не недооценивает роль женщин в исторических процессах, в развитии семьи и общества. Просто в науке есть реалии, которые обычно завязаны на постановку научной задачи. Физику и химию тоже нельзя упрекать, что в их законах и химических формулах и уравнениях недооценена роль женщины. Все опять определяется постановкой научной задачи. Так и в ДНК-генеалогии — нельзя упрекать исследователей, что они недооценивают культурные особенности общества или роль женщин в тех или иных исторических процессах. Просто в ДНК это не записано, а если и записано, то мы тех языков пока не знаем или слабо освоили. Пусть критики помогут.

Таким образом, говоря о гаплогруппах, все время подчеркивается: это мужские гаплогруппы; что они определяются мутациями в Y-хромосоме, которой у женщин нет, вовсе не означает, что эта книга только о мужчинах в истории народов России. Истории мужчин без женщин быть не может. Неслучайно Библия почти в самом начале (Быт.2:23-24) провозглашает:

«...она будет называться женою, ибо взята от мужа. Потому оставит человек отца своего и мать свою и прилепится к жене своей; и будут одна плоть». И далее, по всем Святым Писаниям рассыпана важность женщины в единении с мужем, в создании семьи: «Она, как купеческие корабли, издалека добывает хлеб свой», «Она встает еще ночью и раздает пищу в доме своем...», «Она чувствует, что занятие ее хорошо, и светильник ее не гаснет и ночью», «Она наблюдает за хозяйством в доме своем и не ест хлеба праздности» и многие другие. Любые археологические культуры создавали вместе мужчины и женщины, и мы, характеризуя те культуры и их происхождение, и их место в истории народов, используем мужскую гаплогруппу только как информационную метку. Наподобие кольцевания.

Сообщим некоторые вводные сведения об общем составе Российской Федерации и о динамике

ее населения. Согласно данным последней переписи населения России (2010 г.), численность населения страны составила 143 млн человек (в 2018 г. — по неофициальным данным, около 147 млн человек), из которых свою национальность указали 137 млн, то есть 96 % населения. Из них русских — 111 млн, то есть 81 %. На втором месте по численности — татары, их 5,3 млн человек (все приводимые здесь числа округлены до указанных последних цифр; желающих видеть точные цифры переписи отошлем к соответствующим опубликованным документам), следующие места по численности занимают украинцы, проживающие в Российской Федерации (1,9 млн), башкиры (1,6 млн), чуваша (1,4 млн), чеченцы (1,4 млн), армяне (1,2 млн). На этом заканчивается список из семи народов — «миллионников» в РФ, в сумме, вместе с русскими, они составляют 124 млн человек, или 91 % от населения, указавшего свою национальность. Остальные 9 % относятся к оставшимся 184 народам Российской Федерации, в сумме — 190 народов.

Все они рассмотрены в этой книге, хотя на самом деле рассмотрены те народы, для представителей которых известны показатели Y-хромосомы — гаплогруппы, субклады и/или гаплотипы. К сожалению, для многих малых народов такие показатели неизвестны, хотя все эти народы перечислены, что отмечено в соответствующих разделах последней части данной книги. Автор надеется, что это послужит сигналом для людей, относящимся к этим, «пропущенным» в этой книге народам, что надо соответствующий пробел заполнять. Или этот сигнал может быть правильно воспринят руководителями соответствующих регионов, что целесообразно выделить небольшие финансовые средства, хотя бы на уровне миллиона рублей, на которые можно провести ДНК-тестирование нескольких десятков представителей малых или «средних» народов. У некоторых малых народов и такой численности не наберется, как описано в настоящей книге.

Надо сказать, что приведенные выше числа неточны, да и точными они никак быть не могут. Например, в 2014 г., уже после всенародной переписи населения, в состав России вернулся Крым с его многонациональным населением в 2,3 млн человек. После 2014 г. в Россию переехали более 3 млн украинцев, большинство вре-

менно, но многие стали гражданами России. Так что численность народов России со временем меняется, одних — увеличивается, других — уменьшается. Особенно это заметно для малых народов, многие из которых записывают себя русскими, или, напротив, возвращаются к своим корням и переходят из русских или других народов в свое историческое лоно. Но не только среди малых народов — численность русских (или тех, которые записали себя русскими) уменьшилась с 116 млн человек при переписи 2002 г. до 111 млн человек в 2010 г. — уменьшение на 5 млн человек. Надо сказать, что из семи народов-«миллионников» в России четыре народа уменьшили свою численность с 2002 по 2010 г. — это русские, татары, башкиры и чуваш, первые три на 4–5 %, последние — на 12 %. Два народа-«миллионника» свою численность увеличили — это чеченцы и армяне в составе России, оба народа выросли на 5 %.

Примеры народов, численность которых (по самоидентификации) уменьшилась с 2002 по 2010 г. (по официальным данным переписи населения):

юги	с 19 человек до 1
меннониты	с 39 до 4
арчинцы	с 89 до 12
лазы	с 221 до 160
среднеазиатские цыгане	с 486 до 49
астраханские татары	с 2003 до 7
горские евреи	с 3394 до 762
поморы	с 6571 до 3113
мордва-мокша	с 49 624 до 4 767
луговосточные марийцы	с 56 119 до 218
евреи	с 229 938 до 156 801

Здесь и далее термин «народы» относится не только к коренному населению РФ, но и к мигрантам, которые стали гражданами России. Понятно, что их народ, который исторически проживает на своей территории с установленными политическими границами, имеет больше оснований называться народом, чем относительно небольшая группа мигрантов с той территории, которая стала гражданами России. Но если мы начнем вносить свои критерии, кто там народ,

а кто нет и по каким причинам, мы гарантированно погрузимся в путаницу во многих случаях. И главное — это не послужит целям настоящей книги. Поэтому мы будем рассматривать все национальные «формации» в пределах Российской Федерации как народы и будем их рассматривать как равноправные народы, во всяком случае с точки зрения ДНК-генеалогии.

Примеры народов, численность которых в составе РФ увеличилась за тот же период, с 2002 по 2010 г.:

боснийцы	с 0 до 256
македонцы	с 0 до 325
курманч	с 1 до 42
грузинские евреи	с 53 до 78
кубачинцы	с 88 до 120
русины	с 97 до 225
мегрелы	с 433 до 600
уйгуры	с 2867 до 3696
горные марийцы	с 18 515 до 23 559
цыгане	с 182 766 до 204 958

Но эти флуктуации опять не имеют отношения к вопросам ДНК-генеалогии данных народов и не меняют содержание и выводы настоящей книги. Родовое происхождение народов имеет определенные исторические корни, и именно они рассматриваются в настоящей книге.

Автор — сам русский по происхождению, русский по самоидентификации, по языку, по культуре, по 14 предшествующим поколениям русского военно-боевого состава, начиная с курских детей боярских XVI–XVII вв., не мог пройти мимо возможности составить антологию народов современной России. Антология, как многим известно, это по-гречески «собрание цветов», *ανθολογία*, обычно это понятие используют для собрания литературных произведений, но не только, антология — это и свод данных. В этом случае — свод цветов в виде народов России.

Настоящая книга состоит из четырех частей. В части первой рассматриваются народы Российской Федерации, объединенные по признакам их общего происхождения. Так, русские, русские казаки, украинцы и белорусы представляют, по сути, один народ. У них практически одинаковая родовая структура. В случае русских, украинцев и белорусов их разделение произошло по сугубо

политическим мотивам, невзирая на то, что народ это один и тот же. Об этом повествует первый раздел части I книги. Следующий раздел той же части объединяет словаков, венгров и словенцев и так далее. В каждом разделе в этой, первой части книги рассматривается общее родовое происхождение и по возможности история возникновения этого народа, часто разъединенного по политическим и историческим мотивам. Эта часть написана без привлечения расчетного аппарата ДНК-генеалогии, без детальных сведений о соответствующих гаплогруппах, субкладах, сніпах, гаплотипах. Основная задача данной части была представить простой для чтения текст, для которого не нужно иметь специальной подготовки. Фактически, это резюме всей книги. Но сам материал этого резюме строится на детальном рассмотрении вопроса, изложенного в последующих частях.

Желающие разобраться, на каком основании было проведено объединение народов по их происхождению, должны будут обратиться к последующим частям, а именно части II — «Основы ДНК-генеалогии», части III — «ДНК-генеалогия и древняя история», и части IV — «Народы России». Народы в этой, последней части рассматриваются по убыванию численности народов от русских до айнов, и по каждому народу приведено современное состояние их родовой структуры с привлечением гаплогрупп, сніпов, субкладов, гаплотипов. Эта часть представляет фундаментальную основу всей книги.

Автор хотел бы выразить благодарность членам Академии ДНК-генеалогии, кандидату химических наук И. Л. Рожанскому, за проведение анализа многих экспериментальных данных и их осмысление, что указано в соответствующих разделах книги, и кандидату исторических наук В. И. Меркулову, за организационную работу по проведению ДНК-тестирования более тысячи человек, соответствующие результаты которого обобщены в настоящей книге. Автор также благодарит коллектив YFull, участники которого провели тысячи расчетов по приведению сніпов Y-хромосомы в систему и анализу динамики их образования за последние 200–250 тыс. лет. В книге даны многочисленные ссылки на результаты их исследований.

## **Б. НАРОДЫ РОССИИ, РОДСТВЕННЫЕ ПО ОСНОВНЫМ (ПО ЧИСЛЕННОСТИ) РОДАМ**

В этом разделе надо подчеркнуть, что понятие «народы России» здесь не означает, что эти народы живут только в России. Такое в мире бывает крайне редко. Русские, например, живут в любой европейской стране, в США и Канаде, в любой стране Южной Америки, в Австралии, Зеландии, на Ближнем Востоке, практически в любой стране азиатского континента, как и во многих странах Африки. Так и в России — представители многих народов мира живут в нашей стране, и не только живут, но многие имеют российское гражданство и заполняют опросные листы во Всероссийской переписи населения, обычно указывая, из каких стран они сюда переехали. Они представляют свой народ, и таким образом в России живут 190 народов, которые и представлены в настоящей книге.

Эти народы могут быть с той или иной степенью близости «сгруппированы» по определенным категориям, например, по языку, культурным особенностям, территориям, и тогда эти группы называются этносами, субэтносами, «этнически близкими» или «этнически родственными». Это — относительно субъективные критерии «группирования» — языки часто различаются по диалектам, «близость по культурным признакам» вообще трудно оценить, тем более при различных уровнях образования членов общества. Но есть и объективные признаки, которые рассматриваются в настоящей книге — это мутации в Y-хромосоме, которые передаются по наследству десятками, сотнями и тысячами поколений по мужской линии. Повторим, почему в качестве таких признаков выбрана именно наследственность по мужской линии — хотя бы потому, что жена обычно приходит в селение к мужу, и поэтому женские линии в итоге распределяются по регионам, странам, континентам значительно более равномерно, чем мужские линии. На этот счет можно теоретизировать, но рассмотрение кон-

кретных экспериментальных данных приводит именно к такому выводу, что попытки построения генеалогий по женским линиям обычно оказываются неработающими. Так что примем как есть, и, если кто надумает написать подобную книгу на основе анализа женских ДНК-линий или, более того, на основании данных «широкогеномного» анализа, и материал окажется осмысленным и информативным, это будет замечательно.

Итак, в последующих полутора десятках разделов этой части книги описана «группировка» народов России по их гаплогруппам, наиболее представленным в численном отношении. Фактически, здесь описаны основные родовые структуры (по мужской линии), которые складывались в основе этногенеза соответствующих народов России.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА R1a-Z280 (РОД РУССКОЙ РАВНИНЫ)

Прежде чем мы перейдем к рассмотрению других гаплогрупп, поясним, откуда у перечисленных ниже народов гаплогруппа R1a. Территория происхождения этой гаплогруппы до сих пор неизвестна хотя бы потому, что этот вопрос практически неразрешим в более-менее четком ответе. Действительно, гаплогруппа R, вышестоящая по отношению к R1a, была обнаружена в ископаемых костных остатках у побережья Байкала, в Южной Сибири, с археологической датировкой 24 тыс. лет назад. Там же, у Байкала, была найдена ископаемая гаплогруппа R1a, с датировкой 8 тыс. лет назад. Ископаемые гаплогруппы R1a были найдены в Архангельской области, с датировкой 10,7 тыс. лет назад; у Днепра, с датировкой 10,6 тыс. лет назад; в Карелии, с датировкой 7250–8375 лет назад (по разным данным), другие датировки уже идут на понижение.

Какой вывод делать, если учесть, что гаплогруппа R1a образовалась 166 сний-мутаций (одна сний-мутация возникает в среднем раз в 144 года в «стандартном» фрагменте Y-хромосомы), или примерно 24 тыс. лет, назад? Понятно, что датировки ископаемых R1a в Архангельской области и на Украине на 14 тыс. лет «моложе» времени образования исходной R1a и не могут служить ориентиром для места образования этой гаплогруппы. Подсказкой могут служить данные, что в северном Китае, не так далеко от Алтая, живут

носители гаплогруппы R1a в количестве многих тысяч человек, у которых очень древние (судя по мутациям) гаплотипы, и их расчетный (по мутациям) общий предок жил примерно 20 тыс. лет назад. Поэтому было сделано условное заключение, что гаплогруппа R1a образовалась в Южной Сибири, в Алтайском регионе. Для нашего вопроса в этом разделе это не имеет никакого значения, но надо было обозначить, где и когда гаплогруппа R1a могла образоваться.

У гаплогруппы R1a образовались несколько нижестоящих субкладов, или ветвей. К основным по численности относятся Z280, M458, Z93, L644, Z284. Все они образовались в диапазоне нескольких веков, между 5 тыс. и 4,5 тыс. лет назад. Последние два субклада среди славянских народов практически не встречаются, они характерны для северо-западной Европы. Крайне редко среди славян встречается и субклад Z93, он характерен среди народов, говорящих на тюркских языках, и среди народов Центральной Азии.

При изучении обстоятельств появления общих предков современных русских, а также украинцев, белорусов, поляков и других основных носителей гаплогруппы R1a на Русской равнине картина вырисовывается следующая. Около 6 тыс. лет назад один из носителей гаплогруппы R1a приобрел в своей Y-хромосоме сний R1a-Z645, который в наше время получил наименование «арийский». Прошло несколько десятков поколений, около тысячи лет, и большинство мужчин, членов племени, уже имели этот сний в своих Y-хромосомах. Дело было вовсе не в том, что этот сний давал какие-то преимущества в выживании и развитии, это была обычная лотерея, в которую природа играет миллионы лет. У остальных членов племени рождались девочки, или мальчики рано погибали, или детей вообще не было. Простые расчеты показывают, что через 15 поколений мальчик, дающий в будущем продолжение рода, выживает в одной семье из десяти (Клёсов А. А. Практическая ДНК-генеалогия для всех. 2018). На Русскую равнину носители R1a-Z645 прибыли около 5 тыс. лет назад, и сразу после этого или незадолго перед прибытием в их среде образовались новые снии Z280, M458 и Z93, во временном интервале 5 тыс. — 4,6 тыс. лет назад. Арии Средней полосы Русской равнины, со сниями Z280 и M458 остались на Рус-



ской равнине, а южные арии, они же арии степной и лесостепной полосы, со снипом Z93 через несколько столетий в своей части отправились в дальние миграции на восток, юго-восток и на юг, а именно в сторону Южного Урала, Иранского плато и — через Кавказ — в Месопотамию. Южные арии прошли за две тысячи лет по Русской равнине, основали немало археологических культур, среди них срубная, потаповская, синташтинская, андроновская, прошли до Южного Урала и дальше, вплоть до Алтая и Китая, и примерно 3,5 тыс. лет назад перенесли свои гаплогруппы в Индию. Ныне 16 % индийцев, примерно 100 млн человек, имеют те самые гаплогруппы R1a, в основном субклады Z645-Z93-Z2123 и Z645-Z93-L657, лишь незначительно мутированные за последние три с половиной тысячелетия. Они — не славяне и не предки славян.

Часть южных ариев, носители субклада R1a-Z93, а также арии Средней полосы, носители субкладов R1a-Z645-Z280 и R1a-Z645-M458, остались на Среднерусской равнине, после 4,9 тыс. лет назад сформировали то, что в наше время получило название фатьяновской археологической культуры, которая в течение последующих 1,4 тыс. лет, примерно до 3,5 тыс. лет назад (середина II тыс. до н. э.) простиралась от территории современной Смоленской области до Урала. Уже через триста лет, примерно 3,2 тыс. лет назад, в результате миграций из фатьяновской культуры на запад появилась ранняя славянская, лужицкая культура, на территории современной Германии, затем поморская культура, на территории современной Польши, и далее на протяжении I тыс. до н. э. одна за другой на Русской равнине появлялись славянские культуры с тем, чтобы через тысячу — полторы тысячи лет войти в летописи под именами полян, древлян, кривичей и других, перечисленных выше.

## АНТИНАУЧНЫЕ ВЫСКАЗЫВАНИЯ О ТОМ, ЧТО «РУССКИЕ — ЭТО ФИННО-УГРЫ»

В последние десять лет в некоторых украинских, белорусских, татарских источниках участились совершенно ненаучные, откровенно безумные и политически заряженные высказывания, что «молекулярно-генетические результаты пока-

зали, что русские — это не восточные славяне, а в основном сменившие язык финно-угры». Если под «финно-уграми» авторы понимают гаплогруппу N (варианты N1a, N1a1), то это ложь, поскольку у этнических русских доля гаплогруппы N составляет 15–16 % (см. ниже более подробные описания). Далее, «финно-угры, сменившие язык» и перешедшие на славянский, особенно во многих предшествующих поколениях, это уже не финно-угры, а славяне. Родной язык у них славянский. Так что и те 15–16 % носителей гаплогруппы N1a у этнических русских — славяне, а не «финно-угры». «Финно-угры» — это лингвистическое, языковое понятие, это люди, чей родной язык относится к финно-угорской группе. У этнических русских родной язык — русский, славянский, просто по определению. Так что авторы этих невразумительных «акробатик» несут, говоря изящным академическим языком, окошечко.

Какая у них задача — понятно, если читать дальше цитату из «опуса» белорусского автора:

*«Эти исследования разрушили миф о “восточных славянах” — о том, что якобы белорусы, украинцы и русские “составляют группу восточных славян”. Единственными славянами в физическом плане из этих трех народов оказались только белорусы, но при этом выяснилось, что белорусы — это не “восточные славяне”, а западные — ибо они генетически не отличаются от поляков. Так что миф о “родственной крови белорусов и русских” разрушен: белорусы оказались фактически идентичны полякам; белорусы генетически очень далеки от русских, но зато очень близки к чехам и словакам. А вот финны Финляндии оказались для русских генетически ближе, чем белорусы».*

Вот это и есть окошечко. Автор передергивает, не зная или не понимая, что «восточные славяне» — это тоже языковое понятие, и никакого «разрушения мифа» здесь нет и быть не может. Поэтому этому автору приходится вводить искусственное понятие «славяне в физическом плане», которого в науке просто нет. Но если под этим подразумевать гаплогруппы, субклады и гаплогруппы, то есть картину мутаций в Y-хромосоме, то у всех перечисленных народов доминирует одна и та же гаплогруппа R1a, как было показано выше в этой книге. Как, кстати, и у поляков. Но в лингвистическом отношении поляки — запад-

ные славяне, а русские, украинцы и белорусы — восточные славяне.

Если же автор имеет в виду геномные данные, то придется напомнить, что все соответствующие недоразумения, которые уже разрешены, были вызваны тем, что «референсный геном русских» брался российскими популяционными генетиками на границе с Финляндией, и он оказался практически идентичным с «референсным геномом финнов». Эти недоразумения были созданы российскими генетиками или по глупости, или по непрофессионализму, или сознательно, идя на фактическую политическую провокацию.

Поэтому цитировать далее подобные русофобские произведения нет никакого смысла.

### 1. Русские, украинцы, белорусы, русские казаки

По своим родовым линиям эти народы являются родственными, близкими, почти идентичными. Разница между ними фактически такая же, как между рязанцами, тверичами, ростовчанами, тамбовчанами, вологодцами, архангелогородцами, брянчанами, липчанам, орловчанами, пензенцами, смолянами, краснодарцами, ивановцами и жителями других русских городов. Основной по численности род у русских, украинцев, белорусов и русских казаков — R1a, его доля составляет соответственно 51 %, 40–44 %, 51 %, 42–48 % (по разным выборкам).

Русские казаки вошли в этот ряд только потому, что в литературе часто вбрасываются (другого слова не подобрать) «сведения», что казаки — «не русские», что они «себя к русским не относят». Хотя ясно, что если они говорят на русском языке, православные, то как же они могут быть не «русскими»? И вот данные ДНК-генеалогии ясно показывают, что основная по численности их гаплогруппа — R1a, как обычно у русских. Поэтому русские казаки — это не отдельный народ, это часть русского народа, хотя в Российской переписи населения казаки, или русские казаки, идут отдельной строкой, в общей категории «Русские».

Для нашего вопроса имеет важное значение то, что русские, украинцы и белорусы имеют в своих предках археологическую культуру шнуровой керамики и фатьяновскую культуру, которые фактически образовывали культурно-историче-

скую общность 5,2 тыс. — 4 тыс. лет назад. Эта общность охватывала значительные по величине территории, от Восточной Германии на западе до Урала на Востоке, до Кировской и Вологодской областей на севере и Причерноморья на юге. Картина мутаций в гаплотипах показывает, что общие предки русских, украинцев и белорусов гаплогруппы R1a жили примерно 5 тыс. лет назад.

Надо сказать, что гаплогруппа R1a у всех трех народов (казаков мы уже отнесли к русским, и нет нужды их гаплогруппы рассматривать отдельно, тем более что данных по ним все равно недостаточно) состоит в основном из двух субкладов — Z280 и M458, это соответственно субклад Русской равнины, или восточные славяне, и центрально-европейский субклад и западные славяне. Где именно эти два субклада образовались, мы точно не знаем, но данные сводятся к тому, что R1a-Z280 образовались в Восточной Германии, а R1a-M458 — в Польше или Белоруссии. Это данные, конечно, предварительные. У русских субклада Z280 наблюдается 40 %, M458 — 10 %. У украинцев — 25 % и 17 % соответственно. У белорусов — 37 % и 13 %. Остальное составляет субклад Z93, на уровне 1–2 %. Субклада R1a-Z284, так называемого скандинавского, ни в России, ни в Белоруссии, ни на Украине нет. Это полностью опровергает так называемую «норманскую теорию», согласно которой русские произошли от скандинавов, по версии Иоганна Шумахера, секретаря Петербургской Академии наук (с 1724 г.): *«Я же, основываясь на свидетельствах, сохраненных шведскими писателями, представляю себе, что русская нация ведет свое начало от скандинавских народов»*. Он «представляет»! Какие писатели, какие «сохраненные» свидетельства — ничего здесь не указано, есть исключительно его «мнение», и на основании его мнения делается вывод, который норманнисты мусолят уже 270 лет. Мы уже показали, что версия Шумахера неверна, у русских другие субклады, нежели у скандинавов. Второе «положение» норманнистов сводится к тому, что скандинавов на Руси было «видимо-невидимо», что у норманнистов начала XX в. подхватил Л. С. Клейн. Как показано во многих наших работах, а также в последующих частях настоящей книги, в России практически нет потомков скандинавов, основной субклад гаплогруппы R1a которых был Z284.

Повторяем, что ни в России, ни в Белоруссии, ни на Украине такого субклада нет.

Перейдем к двум другим основным (по численности) гаплогруппам русских, украинцев и белорусов. Остальные гаплогруппы мы здесь не будем рассматривать, они будут подробно рассмотрены ниже, особенно в части IV — «Народы России». Эти две гаплогруппы — I2a и N1a1, южнославянская и уральская гаплогруппы соответственно. Они на Русской равнине значительно моложе гаплогруппы R1a. Если последняя прибыла на Русскую равнину примерно 5 тыс. лет назад и стала предковой для половины современных русских, украинцев и белорусов, не считая древних субкладов той же гаплогруппы, представители которых жили на Русской равнине 11 тыс. — 7 тыс. лет назад и оставили потомство в количестве долей процента от современных славян, то у гаплогрупп I2a и N1a1 совершенно другая история. Первая — одна из старейших, если не старейшая гаплогруппа в Европе (наряду с вышестоящей гаплогруппой I, которая образовалась 264 снип-мутации, или примерно 38 тыс. лет, назад, как раз во времена начала кроманьонцев). Гаплогруппа I2a образовалась 146 снип-мутаций, или 21 тыс. лет, назад, и была почти полностью уничтожена в Европе во времена заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, которые начали заселять Европу 4,8 тыс. — 4,5 тыс. лет назад. Часть уцелевших носителей I2a бежала на Британские острова, общий предок которых жил около 5 тыс. лет назад. Остальная часть выживших бежала на Балканы, на Дунай и вышла из бутылочного горлышка выживания в виде южнославянского субклада I2a-Y3120, который образовался всего 17 снип-мутаций, или примерно 2,4 тыс. лет, назад. От него пошли четыре основные южнославянские ветви, которые образовались между 16 и 15 снип-мутаций, или 2,3 тыс. и 2,2 тыс. лет, назад, и они охватывают практически всех носителей субклада I2a в России, на Украине, в Белоруссии.

Это, как мы видим, весьма молодые ветви конца прошлой эры. Они одинаковы в России, Белоруссии, на Украине, и в этом отношении происхождение русских, украинцев и белорусов гаплогруппы I2a-Y3120 одно и то же. Они составляют в России примерно 8–10 % от всего мужского населения, на Украине 16–20 %, в Белоруссии

18 %. Но их происхождение, повторяем, одно и то же. Подобные масштабы различий показаны и между городами центральной части России. Большого значения этим различиям придавать не следует. Например, в четырех частях Белоруссии: юго-западной, северо-западной, центральной/северной и южной/юго-восточной — доля гаплогруппы I2a составляет соответственно 17 %, 8 %, 16 % и 23 %. У русских казаков доля гаплогруппы I2a составляет 20 % (кубанские казаки) и 15–20 % (терские казаки). Максимальное различие между последними двумя группами наблюдается в гаплогруппе G2a, доля которой у кубанских казаков составляет 1 %, у терских казаков — 11 %.

Подобные же естественные вариации наблюдаются для гаплогруппы N1a1, но они еще подкрепляются тем, что это уральская гаплогруппа, носители которой провели несколько тысячелетий на Урале, между 8 тыс. и 3,5 тыс. лет назад. Перед тем носители N1a1 продвигались со стороны Алтая по Сибири до Среднего Урала. Поскольку Урал граничит с Русской равниной, по которой мигранты двигались с востока на запад, то понятно, что в России потомков тех мигрантов больше, чем в Белоруссии и на Украине. Это — нормальное географическое распределение. Действительно, если в европейской части России доля гаплогруппы N1a1 составляет в среднем 15–16 % (по разным выборкам) и сдвигается от 5 % в Курской области до 40 % в Архангельской области, то в Белоруссии доля N1a1 составляет от 10 до 15 % (по разным выборкам) и на Украине — 6–11 %. У кубанских казаков доля гаплогруппы N1a1 составляет 7 %, столько же у терских казаков.

Надо подчеркнуть, что у белорусов представлены те же самые Y-хромосомные линии, что и у русских, с теми же самыми общими древними предками. Следовательно, оба этих восточнославянских народа близки по своему происхождению, восходят к одним и тем же группам древних этносов. Различия касаются в основном процентного соотношения этих линий, а также географического распределения для некоторых из них. Следует понимать, что хотя выявленные в генетической структуре этнических белорусов и русских гаплотипы сводятся во времени к общим древним предкам, однако это не означает, что данные предки проживали на территориях, занимаемых современными этносами. Вопрос,



какие конкретно из потомков древних генеалогических линий в конце концов осели на той или иной территории, более сложный. Анализ географического распределения Y-хромосомных линий, проведенный в последней части настоящей книги, более четко иллюстрирует данную проблему.

Белорусы занимают «стратегически» важный регион между балтами на севере и украинцами на юге, между поляками и русскими на западе и востоке соответственно и к северу от Карпат, по которым в древности проходили многочисленные миграции славянских племен. Совместный анализ датировок и распределения генеалогических линий у белорусов и соседних народов дает возможность очертить несколько волн заселения, которые внесли свой вклад в этногенез современных белорусов. Самые ранние датировки прослеживаются примерно с 4,3 тыс. лет назад, когда начался рост балто-карпатской ветви R1a, а также родительских ветвей западной и центральной евразийской ветвей того же субклада. К той же волне, скорее всего, относится и большинство носителей гаплогруппы I1 у белорусов и русских. Эту волну можно условно назвать автохтонной, поскольку генеалогические линии тех, кто ранее жил на этой территории до того, пресеклись и их Y-хромосомные гаплогруппы нам неизвестны.

Следующая по счету волна связана с ростом представительства южно-балтийской ветви N1a1, начавшимся 2700 ± 300 лет назад. В настоящее время пик распространенности этой ветви приходится на Литву и Латвию, но это необязательно означает, что ее предок жил именно там. Гаплогруппа N1a1 имеет алтайское, сибирское и уральское происхождение (в этом порядке), а потому не менее вероятно, что ее южно-балтийская ветвь сформировалась где-то восточнее, и на берега Балтийского моря ее носители пришли несколько позже. Поскольку пути и датировки миграции соответствующих этносов пока неизвестны, эту волну затруднительно со всей определенностью соотнести с какой-либо из современных ей археологических культур.

Наконец, третья ключевая датировка попадает на середину — конец I тыс. до н. э. Она соответствует быстрому росту южнославянской ветви I2a-Y3120 (2200 ± 250 лет назад), северной евразийской ветви R1a (2350 ± 250 лет назад), а также нескольких дочерних ветвей субклада Z280, что

подробно описано в заключительной части данной книги. Судя по географическому распределению этих линий, их рост шел из разных центров. Скорее, это были встречные миграции с юга или юго-запада (I2a и часть ветвей Z280) и со стороны Балтики (северная евразийская ветвь R1a). Очень возможно, что последняя зародилась на территории будущей Белоруссии.

Не совсем ясна картина с западнославянским субкладом гаплогруппы R1a-M458, ветви которого начали выделяться раньше (3 тыс. — 2,7 тыс. лет назад), но, судя по пику в Чехии и Польше, а затем спаду их численности в восточном направлении, носители этого заметно отстоящего от субклада Русской равнины R1a-Z280 могли появиться на территории будущей Белоруссии позже. Возможно, с той же волной расселения, что и упоминавшиеся выше ветви. Представители этих генеалогических линий составляют сейчас основу всех без исключения славянских народов: как современных, так и подвергшихся ассимиляции и влившихся в состав немцев, венгров, румын, греков, турок. Есть все основания связать эту цепь демографических событий с миграциями славян и распространением славянских языков.

Показательно, что носители гаплогруппы N1a1 как у литовцев, так и у белорусов представлены исключительно южно-балтийской ветвью (L550), в то время как у русских, в состав которых входят потомки уральских народов, эта ветвь составляет не более 40–50 % от всех носителей N1a1. Эти данные позволяют предположить, что вклад уральских народов Русской равнины в этногенез белорусов был минимальным, если был вообще.

Как видно из анализа датировок и географии, сомнительно, чтобы все эти родственные, но все же разные народы подпадали под одну и ту же археологическую культуру. Этим, видимо, и объясняются безуспешные попытки привязать прародину славян к какому-то конкретному месту и дате. Их формирование было растянуто во времени и пространстве, как можно судить по сумме доказательств. Детали этого процесса еще предстоит выяснить, но несомненно, что территория Белоруссии играла в нем одну из ключевых ролей. В любом случае, Белоруссия составляет единую славянскую зону со славянами Восточной Европы по данным ДНК-генеалогии с точки

зрения истории миграций и времен жизни общих предков ДНК-генеалогических линий.

Изучение ископаемых гаплотипов на территориях ранних славян позволило выяснить их драматическую историю, уходящую вглубь на 3,2 тыс. лет, во времена Троянских войн в Малой Азии. Но здесь война была намного севернее, на территории будущей Восточной Германии, которая после тех событий более двух тысячелетий оставалась славянской. События произошли, повторяем, 3,2 тыс. лет назад на реке Толлензе, на полпути между будущим Берлином и Балтийским морем. Случайные раскопки открыли огромное количество человеческих костей на относительно небольшой территории, и изучение места показало, что там была масштабная битва, в которой или приняли участие не менее тысячи бойцов, или погибло не менее тысячи человек. Бились конные и пешие, бились палицами, множество черепов показали повреждения, несовместимые с жизнью. Находка была сделана несколько лет назад, и все эти годы оставался вопрос: кто были сражающиеся, к каким гаплогруппам они относились?

В своей книге «История ариев и эрбинов» (М.: Концептуал, 2017) я выдвинул вполне обоснованное предположение, что это было сражение ранних славян, носителей гаплогруппы R1a, и эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, они же носители археологической культуры колоколовидных кубков. Дело в том, что именно 3,2 тыс. лет назад и на том месте началась раннеславянская лужицкая культура, которая положила начало цепи славянских археологических культур — поморской, подклешевых погребений, зарубинецкой, пражской и так далее, уже в нашей эре. Если бы ранние славяне потерпели поражение в той битве, то лужицкой культуры и последующих уже бы не было. А те, кто им противостоял, безусловно были эрбины, других там в те времена практически не было, эрбины к концу II тыс. до н. э., то есть 3,2 тыс. лет назад, уже завершали геноцид коренного европейского мужского населения, включая территорию будущей Германии.

И вот совсем недавно была опубликована долгожданная статья под названием (в переводе) «Геномные данные с поля битвы Древней Европы...» (Burger и др., *Current Biology*, 2020, <https://indo-european.eu/2020/07/local-tollense->

[valley-battlefield-warriors-rich-in-haplogroups-r1b-and-i2a/](https://indo-european.eu/2020/07/local-tollense-valley-battlefield-warriors-rich-in-haplogroups-r1b-and-i2a/)). Как и предсказывалось, проигравшие в битве (чьи тела были сброшены в болото без какого-либо похоронного обряда) относились к гаплогруппе R1b-P312, это были 7 образцов из рассмотренных 14, и остальные 9 образцов относились к гаплогруппе I2a-M223, типичной для Западной и Центральной Европы. Для Восточной Европы характерен совсем другой субклад, южнославянский I2a-Y3120, которого 3,2 тыс. лет назад практически не было, он вышел из бутылочного горлышка выживания только через тысячелетие, 2,2 тыс. лет назад. Видимо, носители гаплогруппы I2a-M223 или ассистировали эрбином (например, были пехотой), или входили с ними в союз племен. И потерпели поражение в сражении. Судя по данным, эта битва имела исключительно важное историческое значение и дала толчок к развитию славянства в Восточной Европе.

Возвращаемся к русским казакам. Поскольку происхождение казаков, повторяем, вызывает большой интерес, добавим еще информацию, чтобы читателю не показалось, что исчерпывающий ответ на вопрос получен. Надо сказать, что есть много казачьих формирований — донские казаки, кубанские, хоперские, хлыновские, мещерские (мишари), северские (севрюки), волжские, сибирские, уральские (яицкие), астраханские, белорусские, азовские, таганрогские, кавказские, линейные, чугуевские, бахмутские, терские, калмыцкие, бурятские, тунгусские, исетские, оренбургские, херсонские, башкирские, крымско-татарские, забайкальские, семиреченские, амурские, уссурийские, енисейские, закаспийские, алтайские, запорожские и другие, не считая казаков с территорий украинских, польских, литовских, германских, шведских, персидских и многих других. Эти названия происходят, как правило, от названий казачьих полков и других воинских формирований, называемых казачьими войсками.

Задача выяснить точное происхождение казаков в рамках подходов ДНК-генеалогии является практически неразрешимой. Казачьи войска часто составлялись из служилых людей самого разного происхождения. В качестве примера можно привести Оренбургское казачье войско, в состав которого были приписаны несколько тысяч французских пленных после Отечественной

войны 1812 г. и их потомков, после принятия их в российское подданство. Следовательно, можно ожидать среди оренбургских казаков значительную долю гаплогруппы R1b, которая в современной Франции составляет 60 %, а ранее — еще больше. Здесь можно упомянуть наказного атамана Уральского казачьего войска генерала от инфантерии Виктора Дандевилля, родившегося в Оренбурге в 1826 г. Аналогично в сибирские казаки были зачислены многие поляки, служившие в армии Наполеона и попавшие в плен, а также их потомки. Еще одна сложность выявления именно казаков и определения их родового происхождения (то есть по гаплогруппам) состоит в том, что тысячи казаков были в советский период репрессированы и выселены из своих традиционных мест проживания, и позже они ассимилировались на других территориях России (в контексте нашего исследования).

## 2. Словаки, венгры, словенцы

Эти три народности объединены здесь в одну группу из-за значительной общности в происхождении по основным гаплогруппам. Здесь опять основная гаплогруппа R1a-Z280, как и в предыдущем разделе. Казалось бы, логично объединить в одну группу словаков и чехов, но это география, а не логика и не история, в которой будущие чехи и словаки до 1918 г. никогда не создавали единого политического объединения. В древней истории фигурировали славянские племена к северу от Дуная, и до начала XIX в. слово «словак» обычно заменялось словом «славянин». Будущие чехи и словаки были частью княжества Само (623–658 гг.), через два века — Богемского княжества (874–1198 гг.), частью Венгерского королевства (после 1018 г.), королевства Богемии (1198–1348 гг.), позже — монархии Габсбургов (1526–1804 гг.), Австрии (1804–1867 гг.), затем Австро-Венгрии (1867–1918 гг.), затем на карте появилась Чехословакия (1918–1993 гг.). Как мы видим, венгры имели отношение к будущим словакам отнюдь не меньше, чем чехи. Это нашло отражение и в родовой структуре современных венгров и чехов.

Словения тоже до относительно недавнего времени не была отдельной политической структурой. На ее истории отразились взаимоотношения с Австрией и Венгрией, с современными

государствами которых Словения граничит и сейчас (наряду с Италией и Хорватией). Будущие словенцы тоже были под властью монархии Габсбургов, как и будущие венгры и словаки, и далее вошли в состав Австро-Венгрии. В 1929 г. словенцы вошли в состав королевства Югославия.

В итоге современные словаки, венгры и словенцы имеют относительно сходные родовые структуры, то есть состав основных гаплогрупп, которые позволяют выделить их в отдельную группу по сходству родового происхождения. Это сходство базируется на превалировании гаплогруппы R1a-Z280 (гаплогруппы Русской равнины) при умеренном содержании южнославянского субклада (R1a-M458), но меньшем, чем у русских, украинцев, белорусов и поляков; повышенном содержании гаплогруппы R1b, и относительно высоком содержании гаплогруппы I2a-Y3120, то есть южнославянской ветви. Иначе говоря, у словаков, венгров и словенцев в значительной степени близкое родовое происхождение, которое заметно отличается от чехов, у которых почти треть гаплогруппы R1b и относительно малая доля западнославянского субклада R1a-L260 при четырехкратном превышении центрально-европейского субклада L1029, чем у словаков. Иначе говоря, являясь славянами по языку, чехи заметно сдвигаются на запад, к немцам, по своей родовой структуре. Впрочем, мы знаем, что Восточная Германия исторически являлась славянской, но была по языку и в значительной степени по ДНК онемечена. Чехи идут по тому же пути, пока сохраняя язык, но ускоряясь в отношении ДНК.

Итак, бегло рассмотрим структуру основных по численности гаплогрупп, более подробное рассмотрение дано в последующих частях книги. У словаков, венгров и словенцев доля гаплогруппы R1a составляет 39–42 %, 25–30 % и 37–38 % соответственно. Во всех случаях преобладает субклад Z280, примерно вдвое по отношению к M458, но в последнем случае преобладает западнославянская ветвь L260. Это похоже на русских, украинцев и белорусов, но у тех гаплогруппы R1a заметно больше, особенно у русских и белорусов (51 %).

Отличительная особенность у словаков, венгров и словенцев от восточных соседей в том,

что у первых относительно много гаплогруппы R1b — 12–15 %, 19 % и 18–23 % соответственно (у более восточных соседей гаплогруппы R1b 5–6 % у русских и белорусов, 7–8 % у украинцев). У поляков, например, этой гаплогруппы 12–13 %, у чехов — 28–29 %. Это сближает их со словенцами (18–23 %).

Третья из основных по численности гаплогрупп словаков, венгров и словенцев — гаплогруппа I2a, у словаков ее 13–16 % (почти все I2a-Y3120, южнославянская ветвь), у венгров 18 % (практически все Y3120), у словенцев 22 % (почти все Y3120).

Надо отметить, что почти все словацкие и чешские гаплотипы группы I2a относятся к южнославянскому субкладу Y3120 и расходятся по четырем линиям (нижестоящим сникам). После своего прохождения «бутылочного горлышка» выживания в конце прошлой эры их носители проявили определенную пассионарность и в середине первого тысячелетия уже образовали первое славянское государство. Собственно, славянским его называли, конечно, позже, но активность на восточноевропейской арене была вскоре замечена летописцами, и появилась легенда, что славяне пошли с Дуная, что Дунай — «прародина» славян. На самом деле носители гаплогруппы I2a объединили свои силы с восточными славянами, носителями гаплогруппы R1a-Z280 и R1a-M458, и так появилось их общее славянство.

Уральской гаплогруппы N1a1 у всех трех перечисленных народов практически нет — у словенцев в выборках не обнаружено, у словаков и венгров — на уровне единиц или долей процента. Видимо, мигранты N1a1 туда со стороны Урала не продвинулись.

### 3. Молдаване

Вопрос об историческом происхождении молдаван вызывал и продолжает вызывать не только споры и дискуссии в научной среде и среди общественности в Молдавии и Румынии, но используется и в политических целях. В определенной степени основой конфликта стала «римская теория» о происхождении Румынии и Молдавии как частей Большой Румынии, и здесь можно провести аналогию с «норманнской теорией» о происхождении русских от скандинавов, как это было сформулировано еще в первой полови-

не XVIII в. Иоганном Шумахером, секретарем Петербургской Академии наук: *«Русская нация ведет свое происхождение от скандинавских народов»*. Потребовались данные ДНК-генеалогии, чтобы окончательно низвергнуть этот миф, который поддерживался русофобами на протяжении последних почти 300 лет. Оказалось, что гаплогруппа R1a у скандинавов имеет практически исключительно сноп Z284, которого у русских нет. Напротив, у скандинавов практически нет снопов Z280 и M458, характерных для русских. Вопрос закрылся.

Согласно господствующей сегодня в Румынии гипотезе о происхождении восточных романцев, что есть часть «римской теории», после истребления жителей древней Дакии (греки называли даков гетами), государство, которое занимало территорию современных Румынии и части Молдавии и которое пало в результате римского завоевания в 106 г. н. э., на их территории переселились колонисты из Римской империи. Таким образом, по этой теории, новое государство Романия ведет свою историю от Рима, точнее, от тех колонистов, а также даков, оставшихся после войны с римлянами, и от них ведут свое происхождение современные румыны и молдаване, причем последних сторонники упомянутой выше гипотезы также считают румынами.

Поэтому необходимо сравнить родовую структуру молдаван и румын, то есть состав их гаплогрупп, чтобы понять, насколько это может объяснить их общее или различное происхождение.

У молдаван на первом месте по численности стоит гаплогруппа R1a (30–37 %), в которой от трети до половины приходится на ветвь M458. На следующем месте — гаплогруппа I2a — 24 %, по другим выборкам от 21 % до 28 %. Почти все ветви этой гаплогруппы относятся к южнославянскому субкладу Y3120 и очень мало (2–3 %) — к западноевропейскому субкладу M223. Как видим, пока ничего «римского» в ДНК-генеалогии молдаван не обнаруживается, там преобладает (или полностью доминирует) славянское происхождение.

На третьем месте по численности стоит гаплогруппа E1b (13 %), в которой преобладает общеевропейский субклад V13, достаточно распространенной в Европе, носители которого были почти полностью истреблены в III тыс. до н. э. в ходе



расселения эрбинов (носителей гаплогруппы R1b) и который прошел «бутылочное горлышко» выживания примерно 3450 лет назад, в середине II тыс. до н. э. Остальные гаплогруппы являются минорными по численности — I1, J1, J2, все на уровне 2–5 %.

Румыны характеризуются другим порядком основных гаплогрупп — с преобладанием I2a и значительно меньшей долей гаплогруппы R1a и будут рассмотрены в отдельном разделе. Объединения их с молдаванами в одном разделе не получается.

#### 4. Поляки, чехи, восточные немцы

В этой группе поляки имеют значительно более высокое содержание гаплогруппы R1a (58–61 %), чем у чехов (33 %) и восточных немцев (24 %), по причине более восточного расположения поляков и исторических причин более активного расселения носителей гаплогруппы R1a-Z280 на территории современной Польши с древнейших времен, в археологических культурах шнуровой керамики (5,2 тыс. — 4,5 тыс. лет назад) с переходом на восток в фатьяновскую культуру (4,9 тыс. — 4 тыс. лет назад). Последующие миграции носителей гаплогруппы R1a-Z280 с территорий этих культур на запад, северо-запад и юго-запад приводили к расселению их по Восточной Европе. По многим признакам территория Восточной Германии тоже была праславянской и далее славянской, с вероятным преобладанием гаплогруппы R1a-Z280, но последующее насильственное онемечивание привело к падению доли гаплогруппы R1a в Восточной Германии. Рядом, в Польше, высокая доля R1a сохранилась.

Содержание гаплогруппы R1a у поляков составляет в среднем около 60 % (разные выборки дают от 57,5 % до 50,5 %), у чехов — 33 %, у восточных немцев — 24 % (до 49 % по регионам, например, на Восточной Балтике, в Силезии и Померании), у немцев в целом — 16 %. У поляков половина R1a приходится на Z280, другая половина — на M458, причем в последней вклад западославянской ветви (L260) составляет 79 %, остальные 21 % — центрально-европейская ветвь (L1029). У чехов основная доля гаплогруппы R1a приходится, напротив, на центрально-европейскую ветвь, субклад L1029, которая по численности в 4 раза больше, чем западославянская ветвь

L260 (79 % и 21 % от содержания гаплогруппы R1a соответственно). Содержание ветви Русской равнины Z280 у чехов заметно меньше. Это наглядно показывает отдаление чехов от славянских ветвей гаплогруппы R1a (главным образом Z280 и L260), что еще больше подчеркивает высокая доля гаплогруппы R1b, 28–29 %, намного выше, чем у русских, украинцев, белорусов (5–8 %). У поляков доля гаплогруппы R1b (12–13 %), что тоже показывает смещение ее количества от восточных славян к чехам и немцам. У восточных немцев доля R1b составляет 18 %, у немцев в целом — 44,5 %.

Характерно, что происхождение гаплогруппы R1b тоже меняется при переходе от (географически) восточных славян к полякам, чехам и немцам. Если у русских, украинцев, белорусов почти все R1b вышли из ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад, в частности, из Приволжских степей, субклад R1a-Z2103), то у поляков 84 % R1b приходится на западно- и центрально-европейские субклады P312 и U106, от предков L51, пришедших в Европу с Пиренейского полуострова (после продолжительной миграции через Малую Азию, Северную Африку, острова Средиземного моря), и только 12 % приходится на Z2103, причем с относительно недавними общими предками, которые жили тысячелетиями после ямной культуры. Подобная картина и у чехов, 89 % которых в гаплогруппе R1b представлена субкладами P312 и U106, и у немцев, у которых 88 % тоже приходится на субклады P312 и U106. У немцев эти два субклада представлены практически поровну (например, из 142 представителей Германии в списке YFull 65 приходится на P312 и 60 — на U106), но в Польше и Чехии субклада P312 — большинство по сравнению с U106.

Иначе говоря, в России, на Украине и в Белоруссии гаплогруппа R1b исторически «местная», с Русской равнины, носители которой остались на равнине и в итоге влились в славянское население, став сами славянами, пусть в количествах 5–6 %. До территорий современных Польши и Чехии дошли лишь немногие потомки выходцев из ямной культуры, большинство их было далекими потомками, спустя тысячелетия после исходных ямников. До Германии и они практически не дошли. В этих относительно западных странах носители R1b пришли в основном с за-

пада, как насельники культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 3,8 тыс. лет назад), субклада R1b-P312, наряду с относительно немногими представителями северного и северо-западного субклада R1b-U106.

Третья важная гаплогруппа среди поляков, чехов, немцев — это I2a, которая у них начинается расходиться на южнославянскую ветвь Y3120 и западноевропейскую ветвь M223. Но доля этой гаплогруппы у чехов и немцев уже заметно меньше, чем у соседей с востока и юга, как мы увидим позже, и особенно в заключительной части настоящей книги. У поляков доля I2a составляет 6–9 %, причем почти две трети их относятся к южнославянской ветви Y3120 и только 8 % — к ветви M223. У чехов доля I2a составляет 9–11 %, причем доля Y3120 и M223 практически одинаковая. Опять, как мы видим, у чехов вклад западноевропейской наследственности становится заметнее, уменьшая долю «славянской» (по происхождению). Наконец, у восточных немцев доля I2a равна 5 %, как и у балтийских немцев, у немцев в целом она составляет всего 1,5 %. Но у немцев доля южнославянской ветви Y3120 составляет 13 %, доля западноевропейской ветви 49 %. Так что дальнейшее продвижение на запад приводит, по понятным причинам, к заметному уменьшению славянских ветвей, во всяком случае в гаплогруппе I2a. Это, наверное, потому, что ветвь Y3120 моложе других, образовалась только во второй половине I тыс. до н. э.

Доля уральской гаплогруппы N1a1 среди поляков, чехов, немцев почти отсутствует — у поляков всего 4 % (все — субклад L1025), у чехов — 2,5 %, у немцев — 1 %.

Отделить «немецкие» гаплогруппы, субклады, гаплотипы от «русских» почти невозможно, за исключением только гаплогруппы R1b и I1 у немцев и гаплогруппы N1a1 у русских, но это обычно минорные в численном отношении гаплогруппы. В остальном ДНК-линии немцев и русских повсеместно пересекаются. И это неудивительно — Восточная Германия еще тысячелетие назад была в основном славянской, но славянские племена там были уничтожены или онемечены, за малыми исключениями, как, например, лужицкие славяне, которые все еще отчасти сохраняют славянские культурные особенности. Поэтому анализ гаплотипов, гаплогрупп и субкладов немцев, которые

в свое время переехали в Россию или остались в Германии, приводит часто к тем же результатам в отношении наследственных ДНК-линий и цепочек снипов, что и анализ ДНК этнических русских. Это показано в заключительной части настоящей книги.

Исторически гаплогруппа R1b доминировала на территории, занимаемой современной Германией, особенно в ее западной части, с середины III тыс. до н. э. В те времена волна мигрантов, исходящая с Пиренейского полуострова, как описано выше, прошла по Европе как носители культуры колоколовидных кубков. Путь их предков на Пиренеи остается невыясненным, но определенно не со стороны ямной культуры, в которой был почти исключительно субклад R1b-Z2103. На Пиренеях такого нет. Уже 4,5 тыс. лет назад эти мигранты были в Германии, что и показывает анализ ископаемых ДНК. На протяжении полутора тысячелетий носители R1b полностью господствовали в Западной и Центральной Европе, истребив, по-видимому, значительную часть коренного населения Европы.

Начиная с 3,2 тыс. лет назад (датировка возникновения раннеславянской лужицкой культуры) в Европу стали возвращаться носители гаплогруппы R1a и в значительной степени заняли территорию Восточной Германии, создав там целый ряд славянских археологических культур. Наряду с ними, на территорию, которую занимает современная Германия, продвинулись также носители гаплогруппы I1, которые до того были почти полностью уничтожены 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад, и начали возрождаться примерно 3,7 тыс. лет назад, пройдя «бутылочное горлышко» выживания. По-видимому, выживание их произошло на севере Европы, возможно, в Скандинавии, поскольку современное распределение носителей этой гаплогруппы в Европе максимально на севере Германии (18,5 % от всех немцев), далее идет Восточная Германия (16,5 %), Западная Германия (12,5 %) и Южная Германия (10,5 %). У русских этой гаплогруппы 5–7 %.

Таким образом, мы видим, что основная территория славянского населения северной, западной и восточной части Восточной Европы (не считая Балкан) довольно разнородна по происхождению, хотя они составлены в основном из всего нескольких родов — R1a, I2a, N1a1, с добавлением R1b,

и доля этих составляющих варьируется в довольно широких пределах. Тем не менее язык у них остается славянским. Определенно, главенствующую роль в принятии и сохранении славянского языка имели восточные славяне. Характерно, что доля базовой лексики в современном русском (и других славянских языках) и древнеиндийском языке совпадает на 54 % (данные известного лингвиста С. А. Старостина). Это означает, что базовая лексика у славян изменилась всего наполовину на протяжении последних нескольких тысяч лет. Понятно, что все досужие «научные» разговоры о том, что славянские языки «появились всего 1,5 тыс. лет назад, в середине I тыс. н. э.» на самом деле научными не являются. Эти языки достаточно плавно менялись на протяжении последних 5 тыс. лет, и никакого «скачка» в середине I тыс. н. э. не было. Это ошибочные подсчеты лингвистов, или злонамеренные, или по недостаточной квалификации, неважной научной школы.

## 5. Мордва — эрзя

Это в своем роде уникальная народность, у которой наблюдается необычная комбинация основных по численности гаплогрупп — доля R1a составляет 54 % и выше, то есть на уровне самых высоких, но следующей по численности идет гаплогруппа J2 (13 %) и далее гаплогруппа I1 (11 %). Это — сочетание трех разных миграционных потоков с разных территорий. Гаплогруппа R1a у эрзя включает три основные ветви, характерные для Русской равнины в древности — Z280 (субклад Русской равнины), M458 (западнославянский и центральноевропейский субклады) и Z93 (южноарийский субклад). Это наиболее вероятно потомки фатьяновской археологической культуры (4,9 тыс. — 4 тыс. лет назад), которая простиралась от территории современной Смоленской области до Мордовии, Татарстана и Чувашии, и как недавно было показано, ее насельники имели субклад R1a-Z93 и должны были иметь субклад Z280, хотя это напрямую не было показано, но положение костяков об этом определенно свидетельствует. Поскольку субклад M458 образовался в те же времена, что и субклады Z280 и Z93 (соответственно 35, 34 и 32 снип-мутации, или примерно 5 тыс., 4,9 тыс. и 4,6 тыс.

лет, назад), то в фатьяновской культуре ожидается и субклад M458. Найти их все — дело ближайшего будущего.

Итак, с наибольшей вероятностью, мордва-эрзя — это в основном потомки фатьяновской археологической культуры, и соответствующая гаплогруппа R1a выражена у них в наибольшей степени.

Гаплогруппа J2 по происхождению, видимо, средиземноморская, кавказская, ближневосточная или бактрийская, более определенного ответа наука не имеет. Снипы этой гаплогруппы имеют типичную средиземноморскую картину, и можно предположить, что они были принесены из Греции армией Александра Македонского, которая проходила через Бактрию, на стыке Афганистана и Средней Азии. На это указывают подобные снипы у таджиков, узбеков и индийцев. 13 % этой гаплогруппы у эрзи — это довольно высокий показатель, в совокупности с R1a это уже две трети от всех мужчин эрзи. Похожая картина наблюдается по снипам гаплогруппы J2 для мордвин в целом, как описано в последней части настоящей книги, без разделения на эрзя и мокшу. Оказалось, что все 8 представителей мордвы в выборке имеют снипы, которые расходятся от общего предка, который жил примерно 2,2 тыс. лет назад, в конце прошлой эры. Это как минимум на два тысячелетия позже времен фатьяновской культуры, которая, видимо, принесла гаплогруппу R1a в состав современных мордвин, но близко по времени к походу Александра Македонского. Иначе говоря, гаплогруппа J2 у мордвин, вероятно, пришлая и относительно недавняя.

Наконец, третья по численности гаплогруппа у эрзи — это I1 (11 % от всех), самый высокий показатель этой гаплогруппы среди народов России и несколько выше, чем в целом по мордве (8 %). Это — тоже необычная ситуация. Дело в том, что I, как указано выше, одна из старейших, если не старейшая гаплогруппа в Европе (образовалась 264 снип-мутации, или примерно 38 тыс. лет, назад, как раз во времена начала кроманьонцев), ее последующая гаплогруппа I1 образовалась 189 снип-мутаций, или примерно 27 тыс. лет, назад и, как и родственная гаплогруппа I2a, была практически полностью уничтожена в ходе заселения Европы эрбинами (носителями гаплогруппы R1b) между 4,8 тыс. и 4 тыс. лет назад. Уцелевшие



носители гаплогруппы I1 прошли «бутылочное горлышко» выживания примерно 3,7 тыс. лет назад и начали расселяться по Европе. Судя по немногим известным сницам этой гаплогруппы у эрзи, носители I1 прибыли на территорию будущей Мордовии уже после прохождения бутылочного горлышка выживания и влились в состав будущих мордвин, в частности, народности эрзя.

Гаплогруппа R1b, которая также наблюдается у эрзи, происходит из ямной археологической культуры, с ее характерным сницом Z2103, который есть у эрзи.

## **6. Русины (карпатские русины, закарпатские русины, гуцулы, буковинцы)**

У русинов преобладает гаплогруппа R1a (30–44 %), но необычная в такой комбинации вторая по численности гаплогруппа, E1b (25–35 %), не позволяет объединить русинов с другими носителями основной гаплогруппы R1a. На третьем месте по численности — гаплогруппа I2a (13–20 %). К сожалению, данных по русинам мало и они варьируются в довольно широких пределах, как показано выше, что неудивительно, когда они получены в разных регионах (как подробно показано в последней части настоящей книги), но в целом тенденция ясна — первые три места по численности занимают гаплогруппы R1a, E1b и I2a. Это — типичная картина для Карпат и Балкан, что не раз показано выше в настоящей книге. R1a здесь обычно субклады Z280 (восточнославянские) и/или M458 (западнославянские и центральноевропейские), E1b обычно субклад V13, и I2a — обычно субклад Y3120 (южнославянский). Гаплогруппа R1b (7–15 %) несколько неожиданно выражена у ужгородских русин, что, впрочем, сближает их с поляками и чехами, и гаплогруппа N1a выражена у сербских русин (9 %), что редко для Балкан, но обычно показывает тульский вклад.

## **ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА R1A-Z93 (ЮЖНОАРИЙСКИЙ РОД)**

Как было отмечено выше, субклад Z93 гаплогруппы R1a обычно встречается среди народов, говорящих на тюркских языках, а также современных арийских языках и производных от них,

и тех народов, которые (или верхушка которых) в прошлом говорили на арийских языках, впоследствии вытесненных арабскими языками. Тюркоязычные народности с преобладанием или заметным содержанием гаплогруппы R1a-Z93 проживают сейчас в Поволжье, на Кавказе, в Средней Азии, в алтайском регионе, арийские народы — в Индостане, Иране, Афганистане (в частности, пуштуны), арабские народы с заметным содержанием гаплогруппы R1a-Z93 — на Ближнем Востоке, в Саудовской Аравии, странах Персидского залива. Гаплогруппа R1a-Z93 у них осталась или напрямую от древних ариев, как, например, с прибытием ариев на Ближний Восток около 4 тыс. лет назад, и на пути ариев с Русской равнины через Среднюю Азию на Южный Урал около 4 тыс. лет назад, и далее с Южного Урала — в Индостан, на Алтай, в Монголию и Китай или от потомков ариев — скифов, которые многими столетиями (в основном с начала I тыс. до н. э.) кочевали по Евразии, от Алтая и остальной Южной Сибири (енисейские киргизы входили в их состав) до Карпат, и современными потомками их являются тюркоязычные карачаевцы, киргизы, татары, чуваш и другие народности. У этих народов преобладает гаплогруппа R1a-Z93.

Хотя сейчас понятие «арии» — в приложении к современным народам — не используется, эпоха ариев давно прошла, и ее можно определить как существовавшая, строго говоря, между 5,9 тыс. и 2,5 тыс. лет назад, субклад Z93 (образовался 32 сниц-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад) является прямым и «одношаговым» потомком арийского субклада R1a-Z645 (образовался 41 сниц-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад). Именно субклад Z645 положил начало арийскому периоду, тогда же арийские (индоевропейские или праиндоевропейские) языки начали расходиться на языковые ветви, как известно в лингвистике. Это расхождение согласуется с расхождением носителей субклада Z645 на пять основных нижестоящих субкладов — M458, Z280, Z93, L644, Z284. Нижняя датировка конца арийской эпохи относится к последнему известному упоминанию ариев в арийском государстве — арийском по языку, этносу, государственному образованию. Дарий I, ахеменидский царь, написал на барельефе в Накш-и-Рустаме «Я, Дарий, великий царь,

царь царей... арий, сын ария». Было это в середине I тыс. до н. э., 2,5 тыс. лет назад.

Благодаря активности ариев, Н. С. Гумилев сказал бы — пассионарности, их гаплогруппа R1a-Z93 была разнесена по всей Евразии, как описано выше.

### 1. Татары, кряшены, башкиры, чуваш

Начнем с татар, которые в Российской Федерации стоят на втором месте по численности после русских. Содержание у них гаплогруппы R1a меньше, чем у русских, — примерно 30 % (у русских — 51 %), по разным выборкам  $30 \pm 4$  %. Из этого количества доля R1a-Z93 составляет примерно половину, остальные — R1a-Z280 и R1a-M458. Выше мы обсуждали причину такого соотношения — значительная часть современного Татарстана располагается на территории древней фатьяновской культуры, в которой нашли ископаемых носителей гаплогруппы R1a-Z93, и без сомнения найдут R1a-Z280, и, возможно, R1a-M458. В любом случае, поговорка «Поскреби русского — найдешь татарина» является лживой или, мягко говоря, совершенно научно необоснованной. Впрочем, и обратное: поскреби татарина — найдешь русского, тоже не является достоверным. Если гаплогруппа R1a-Z280 у татар пришла из фатьяновской культуры, то она не была русской. Русских в нынешнем понимании этого слова тогда, 4,9 тыс. — 4 тыс. лет назад, не было.

У татар довольно необычное сочетание основных (по численности) гаплогрупп — R1a (30 %), которую мы уже описали, далее идет гаплогруппа N1a, по разным выборкам от 16 до 26 %, и далее J2, от 10 до 16 % по разным выборкам. Как видно, у татар нет абсолютно преобладающей по численности гаплогруппы, как это есть у русских, украинцев, белорусов, поляков, все три гаплогруппы у татар численно относительно близки, как и близки у них по численности субклада R1a-Z93 и R1a-Z280. Иначе говоря, татары относительно поровну сбалансированы по основным гаплогруппам, хотя их происхождение совершенно различное. Есть основания считать, что R1a (оба основных субклада) — из фатьяновской культуры 4,9 тыс. — 4 тыс. лет назад, N1a (как N1a1, так и «северный субклад» N1a2b-P43) — прибыли из Сибири на Урал и после многих тысячелетий

пребывания на Урале вышли на Русскую равнину примерно 3,5 тыс. лет назад.

Происхождение гаплогруппы J2 у татар пока неясно, эта гаплогруппа сходна с таковой у мордвы и русских и довольно далеко отстоит по снипам от кавказских носителей гаплогруппы J2, наиболее представленных чеченцами. Но доля этой гаплогруппы у татар (10–16 %) намного превышает ее долю у русских (3 %), поэтому русские вряд ли могли быть ее источником. Возможно, как обсуждалось выше, гаплогруппа J2 прибыла на Волгу из Средней Азии и Бактрии.

Кряшены, или «крещеные татары», они же волжские и уральские православные татары, субэтническая группа татар, по оценкам имеют то же самое распределение гаплогрупп, что и татары в целом. Приходится писать «по оценкам», потому что их тестирование на ДНК было сделано популяционными генетиками (в 2016 г.) из рук вон плохо. Это была халтура, говоря изысканным академическим языком. Подробнее об этом — в заключительной части книги. Так вот, по оценкам у кряшен 25 % гаплогруппы R1a и столько же гаплогруппы N1a. У татар в целом, напомним, это 30 % и 16–26 % соответственно. Следующей гаплогруппой по численности выступает J2, у кряшен ее 8–10 %, у татар в целом — 10–16 %.

Башкиры довольно близки татарам по родовой структуре, то есть по составу гаплогрупп, следовательно, и по происхождению. У башкир гаплогруппы R1a между 26 % и 36 % (по разным выборкам), у татар в среднем — 30 %. При этом у башкир наблюдается превышение доли южноарийского субклада Z93 по сравнению с Z280, в соотношении от 54 % до 78 % (соответственно к 46 % и 22 %) по разным выборкам. Что характерно, общие предки носителей субклада Z93 у башкир жили более 4 тыс. лет назад (более точные расчеты приведены в главе «Башкиры» в последней части данной книги). По-видимому, башкиры — потомки срубной культуры или родственных археологических культур того времени. Фактически, это арийские времена, времена миграции на восток древних ариев, которые и стали предками многих башкир.

На втором месте по численности у башкир, как и у татар, идет гаплогруппа N1a, причем, как и у татар, она состоит из основных субкладов — древнего N1a1 и менее древнего N1a2b-P43, об-

щая доля которых составляет у башкир от 9 % до 17 % по разным выборкам (у татар от 16 % до 26 %). История этих субкладов уходит вглубь на 14,7 тыс. и 7,5 тыс. лет соответственно, это — датировки их образования, первого, видимо, в алтайском регионе, второго — в ходе миграции на север по Сибири, или уже на Урале. Далее они тысячелетиями жили на Урале и примерно 3,5 тыс. лет назад вышли с Урала и заселили территории до Волги.

Третье и несколько последующих мест по численности у башкир делят разные гаплогруппы, данные по которым значительно различаются. Это могут быть гаплогруппы I2, R1b, J2 и G2a. У татар, напомним, третье место занимала гаплогруппа J2a (от 10 % до 16 %), но у башкир ее доля составляет от 2,5 % до 6,6 %, последняя величина — по данным башкирской базы данных Сораман. Доля гаплогруппы I2 попадает в тот же диапазон, от 0,5 % до 7 %, среди них есть представители южнославянской линии I2a-Y3120-Y4460. Это — недавняя линия, снип Y4460 образовался примерно 2,1 тыс. лет назад. Похоже, что гаплогруппа I2 попала к башкирам относительно недавно. Доля гаплогруппы R1b у башкир тоже по разным оценкам варьируется в широких пределах: от 7 % до 48 %, оценка в 24 % принадлежит башкирской базе Сораман. Но данные показывают, что большая серия башкирских образцов ДНК, которая относится к субкладу R1a-Z2103, имеет общего предка всего  $508 \pm 214$  лет назад (без округления) и к ямной культуре прямого отношения не имеет. Или этот снип был занесен башкирам относительно недавно, или древние R1b-Z2103 в Средние века прошли «бутылочное горлышко» выживания. Показательно, что эти R1b относятся всего к одному башкирскому клану — клану Бурзян.

Гаплогруппа G2a у башкир является минорной по численности, ее доля меняется по выборкам от 0,5 до 4,8 %.

Данные, приведенные в разделе «Башкиры» в последней части данной книги, свидетельствуют о разнородной родовой структуре большинства башкирских кланов. Иначе говоря, в большинство кланов входят представители разных гаплогрупп. Наиболее часто встречающаяся доминирующая гаплогруппа — R1a-Z93, история которой связана в самые древние времена с ари-

ями, носителями гаплогруппы R1a-Z645, и эти времена относятся к периоду 5,9 тыс. — 3,6 тыс. лет назад. Первая датировка — это образование арийского снипа Z645, по совокупности данных — в Европе, следующая важная датировка — 5 тыс. лет назад, образование снипа южных ариев Z93 или на Русской равнине, или на подходе к ней носителей снипа Z645. Тогда же образовались снипы Z280 и M458, характерные для будущих восточных и западных славян соответственно. Примерно 4,6 тыс. лет назад южные арии направились в дальние миграции на восток, северо-восток и на юг, оставляя на своем миграционном пути срубную, потаповскую и синташтинскую культуру, о чем свидетельствуют ископаемые носители ДНК-линии R1a-Z645-Z93-Z2123. Часть из них вошли в состав гаплогрупп будущих башкир и их кланов. Их потомки составили племена скифов с датировками II—I тыс. до н. э. и I тыс. н. э. Они тоже вошли в состав будущих башкир. Хотя археологи датируют скифов начиная с VII в. и до III в. до н. э., эти датировки являются, конечно, условными, поскольку скифы не появились из ниоткуда и не ушли в никуда, у них были прямые предки до VII в. и потомки после III в., и все были гаплогруппы R1a-Z93. Назвать их можно по-другому, но суть не изменится, это просто будет игра в слова.

Башкирские кланы потому и называются родовыми объединениями, а не родами, что они зачастую были составными, как показывают данные ДНК-генеалогии. Поэтому реконструкции происхождения кланов на основании соответствующих этнонимов, чем занимается этнография, имеют определенный вспомогательный смысл, но, конечно, происхождение кланов не показывают. Как показывают данные, приведенные выше в настоящей главе, башкирские кланы составлялись из потомков ариев и скифов (гаплогруппа R1a), причем определено из разных кочевых племен той же гаплогруппы, а также уральских племен (гаплогруппа N1a), которые мигрировали с гор и предгорий Урала на запад и оседали в Предуралье и Поволжье. Времена этих миграций — не ранее 3,5 тыс. лет назад и во многом совпадали с временами скифов. Помимо этого, в состав башкирских кланов попадали представители минорных (в численном отношении) гаплогрупп, как R1b, G2a, E1b, J2, H, T и других, описанных выше,

но датировки их общих предков у башкир сравнительно недавние, зачастую в нашей эре, а то и несколько сотен лет назад. Это — не «исходные» древние родовые предки кланов, это скорее «визитеры», которые, конечно, стали равноправными членами кланов.

Вызывают некоторое недоумение оценки содержания гаплогруппы R1b у башкир, которые в литературе достигают величин 50–60 %, на сайте Eupedia — 47,5 %, то есть как минимум каждый второй тест у башкир должен показывать гаплогруппу R1b. Данные показывают, что это далеко не так. На самом деле гаплогруппа R1b у башкир является минорной по численности, причем в нее входят две исторически различающиеся компоненты — одна из ямной культуры Поволжья (и, возможно, Калмыкии), вторая — визитеры из Европы в относительно недавние времена. Времена прибытия на территорию современного Башкортостана могли быть разные — от времен сарматских племен до средневековых (и до XVI–XVIII вв. н. э.) прибытий европейцев как ремесленников, заводчиков и военспецов на службу русскому царю.

Относительно немногочисленные (во времена прибытия) носители гаплогрупп G1 и G2a могли прибывать с Кавказа, как и носители гаплогрупп J2a и J2b; носители гаплогруппы E1b могли прибывать с Балкан, где эта гаплогруппа выражена; носители гаплогруппы I1 прибывали с запада и совсем необязательно из Скандинавии, потому что эта гаплогруппа рассеяна по всей Европе, тем более что общий предок гаплотипов группы I1 у башкир датируется всего несколькими сотнями лет назад. Остальные гаплогруппы у башкир настолько малочисленны и нехарактерны, что обсуждать их происхождение здесь практически бесполезно.

Чуваши определенно относятся к той же группе по составу гаплогрупп и субкладов, значит — по происхождению. Доля гаплогруппы R1a у них от 23 % до 30 %, причем в их состав входят как Z280, так и Z93. Следующей идет гаплогруппа N1a1, 26–28 %, с той же историей, как у татар и башкир. Третье место по численности делят гаплогруппы J2 и E1b, обе от 13 % до 16–19 %. Среди гаплогруппы E1b встречается снип V13, тот, носители которого были коренными жителями Европы (ископаемые ДНК которых были

найжены в Испании и Франции с археологическими датировками 7 тыс. лет назад) и которые были почти полностью уничтожены в Европе в ходе расселения там эрбинов в период 4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад и прошли «бутылочное горлышко» выживания примерно 3450 лет назад. К настоящему времени носители E1b-V13 заселили Европу, хотя и в относительно небольших количествах, с максимумом плотности на Балканах. Группа татар субклада V13 имеет предковый гаплотип, практически идентичный общеевропейскому E1b-V13, и их общий предок жил  $3100 \pm 900$  лет назад, что не противоречит временам «бутылочного горлышка» выживания V13 в Европе. Наибольшее количество носителей субклада E1b-V13, как было сказано выше, живут на Балканах, и, возможно, оттуда этот субклад прибыл к татарам, башкирам, чувашам.

Хотя в данной книге мы избегаем ссылаться на исторические источники, которые часто (или практически всегда) противоречивы, чтобы не вставать на ту или иную сторону и поддаваться их влиянию, здесь заметим, что те историки, которые выводят чувашей из Шумера, не имеют к этому никаких оснований в отношении ДНК-генеалогии. Наиболее распространенные у чувашей гаплогруппы, R1a и N1a, не имеют к шумерам никакого отношения. Наоборот, те историки, которые выводят чувашей из Сибири, имеют к этому значительные основания, поскольку миграционный путь носителей гаплогруппы N1a проходил из Сибири через Средний Урал в Поволжье.

## 2. Крымские татары

Подчеркнем, что крымские татары — не субэтнос татар (например, поволжских, сибирских или других). По крымским татарам имеется немного данных, более того, они в основном противоречивы. Возможно, это объясняется тем, что крымские татары исторически подразделялись на три группы — степные (ногаи), горные (таты) и южнобережные, и их прямые потомки могли попадать в разные выборки в разной степени.

В целом, по разным выборкам, основная по численности гаплогруппа у крымских татар — это R1a (от 24 % до 32 %). На втором месте — гаплогруппа J2 (14–20 %). Далее следует большая



группа умеренно минорных по численности гаплогрупп — O, G2a, R1b, C, I1, E1b, которые по разным же выборкам содержат от 5 до 10 % каждая. Наконец, еще одна большая группа — G1, I2a, J2b, T, O, L, N1a1 — содержит от 1 до 5 % каждая гаплогруппа.

К сожалению, популяционные генетики, как обычно, неряшливы и небрежны в представлении своих данных. Они даже не определили, какой субклад гаплогруппы R1a характерен для крымских татар. Можно полагать, что это будет гаплогруппа R1a-Z93, как обычно у татар. Это — гаплогруппа степняков, включая найденные субклады у ископаемых костных останков хазар (Klyosov A. A., Faleeva T. G. *Excavated DNA from Two Khazar Burials* // *Advances in Anthropology*. 2017. V. 7. №1. P. 17–21). Еще вывод — у крымских татар имеется большое разнообразие гаплогрупп, указывающее на их различное происхождение. Обычно это наблюдается на «перекрестках цивилизаций». На втором месте по численности стоит гаплогруппа J2, что типично для южных территорий — Анатолия, Ближний Восток, Греция. Далее в сводной группе идет гаплогруппа R1b, и это наиболее вероятно не «европейская» R1b-P312 или R1b-U106, а древняя гаплогруппа Русской равнины R1b-Z2103 и нижестоящие ее ветви. Поскольку популяционные генетики субклады определяют редко и еще реже их рассматривают, то придется ждать грамотных исследований ДНК-генеалогии крымских татар.

Показательно, что у крымских татар почти отсутствует гаплогруппа N1a, что заметно отличает их от поволжских или сибирских татар. Это еще раз показывает, что основное происхождение крымских татар — степь, с впитыванием гаплогрупп, типичных для Кавказа, Анатолии, Ближнего Востока, возможно, Древнего (средневекового) Рима и Древней (средневековой) Греции.

### 3. Таджики, узбеки, индийцы

Эти три народа объединяет то, что носители гаплогруппы R1a у них — потомки древних ариев, которые прошли долгой миграцией с Русской равнины (возможно, из фатьяновской археологической культуры и Причерноморья) через Среднюю Азию и через Южный Урал в Индостан. Характерно, что гаплогруппа R1a у всех трех на-

родов имеет основной (или единственный) сний Z93, с нижестоящими субкладами, в первую очередь Z2123. У индийцев добавился в качестве основного сний R1a-L657, который, видимо, прибыл из стран Персидского залива более 3 тыс. лет назад, возможно, морскими путями.

Доля гаплогруппы R1a-Z93 у таджиков составляет от 26 до 36 %, в зависимости от выборок. Общий предок соответствующих гаплотипов жил примерно  $4650 \pm 545$  лет назад, это соответствует датировкам фатьяновской культуры. У узбеков доля той же гаплогруппы и нижестоящих субкладов составляет от 18 до 26 %, у индийцев — 40 %, включая дополнительный сний L657, датировки общих предков — такие же. Это все древнеарийское происхождение. Последующие (по численности) гаплогруппы отражают местную специфику. Так, у таджиков это гаплогруппы J2 (14–21 %), L (от 7 % до 17 %), R1b (от 4 до 9 %) и C (от 2 до 8 %). Последние три гаплогруппы уже минорные по численности (если 17 % гаплогруппы L завышены), и гаплогруппа R1b напоминает о древних миграциях ее из Южной Сибири до Русской равнины много тысячелетий назад, еще до прихода ариев. Другой источник гаплогруппы R1b в Средней Азии — сарматы этой гаплогруппы, но это уже конец прошлой — начало нашей эры.

Таким образом, среди таджиков преобладает, причем с большим отрывом, гаплогруппа R1a, за ней следует J2, и далее — целая галерея гаплогрупп в количестве менее 10 % от всех. Таким образом, таджики — один из наиболее «децентрализованных» этносов. Критики тут же начнут «доказывать», что таджики — «неоднородный этнос», что там таджики и узбеки переходили границу между этносами, если такая граница вообще была, цитировать многочисленные государственные документы и старинные легенды, но они забывают основополагающий принцип этой книги — автора не интересует, кто там куда переходил в древности или в недавнее время, все этносы и государства составные. Главный принцип — как именно люди себя называют, к какому этносу они сами себя относят. Этот же принцип является основополагающим при проведении переписи населения. Глава «Таджики» в последней части книги, как и любая другая глава книги, рассматривает состав по родам и происхождение

людей, которые называют себя таджиками. Рассмотрение, скажем, украинцев, проводится по такому же принципу. Другие варианты «сортровки» людей практически невозможны и нецелесообразны, а порой неэтичны и даже по сути преступны.

У узбеков в целом такие же гаплогруппы и такая же история, как и у таджиков. Гаплогруппы J2 у узбеков 13–15 % (у таджиков — 14–21 %), гаплогруппы L — 9 %, но может опускаться до 2,5–3,0 % по разным выборкам, гаплогруппы R1b — 9–12 %, гаплогруппы C — 9 %, но может доходить до 12–15 % по разным выборкам. Как мы видим, среднеазиатские народы показывают в значительной степени одинаковую историю формирования состава гаплогрупп.

В Индии картина сходная в отношении арийского наследия, все 40 % гаплогруппы R1a имеют сний Z93. Более того, на втором месте по численности находится гаплогруппа J2 (12 %), и довольно очевидно, что в Индию ее принесли солдаты армии Александра Македонского, а перед этим, с древних времен, примерно 7 тыс. — 8 тыс. лет назад, ее принесли мигранты из Средиземноморья, через Иранское плато в Индию. Так что источники этой гаплогруппы в Средней Азии и Бактрии, а оттуда к приволжским народам, могут быть смешанные. Это второе место делит также «местная специфика» — гаплогруппы H (13 %) и R2 (13 %), и далее идут местные же гаплогруппы Q (5 %) и C (4 %). Гаплогруппы R1b в Индии почти нет, выборки дают 1,5 % и ниже. При ДНК-тестировании 367 брахманов ни один не показал гаплогруппу R1b, практически все имели гаплогруппу R1a-Z93.

Все гаплотипы в ветви R1a индийского генеалогического дерева гаплотипов относятся к субкладу Z645-Z93 и нижестоящих сний, в первую очередь в линиях Z2123 и L657. Эти линии расходятся от общих сний Z93-Z94. В этой системе нового знания, привнесенного ДНК-генеалогией в сочетании с данными археологии, но во многом критически пересмотренными, есть пока нерешенные загадки. Например, происхождение субклада R1a-L657 в Индии. По миграционному пути ариев между Европой и бабинской-катакомбной-срубной-потаповской-синташтинской-андроновской-БМАК культурами субклад L657 пока не найден (небольшие

количества его есть у наших современников в Средней Азии, но пути и времена его прихода туда неизвестны), но в самой Индии его много, как много и на Ближнем Востоке. Ясно, что L657 образует связку Индии и Ближнего Востока, но в каком направлении L657 передавался — пока непонятно. Это — важное пропущенное (пока) звено в цепи арийских миграций.

Переход ариев в Индию (или их вторжение, что, впрочем, никогда не было показано) датируется примерно 3,5 тыс. лет назад. Это впервые было высказано, видимо, немецко-английским ученым-ориенталистом Максом Мюллером (1823–1900 гг.), и эта дата приводится в книге Гордона Чайлдса «Арии. Основатели европейской цивилизации» (1926 г.). Поскольку археологических данных, которые дали бы уточнение датировок, нет, то историческая наука так и осталась в отношении прихода ариев в Индию на том же уровне, что и 90 лет назад. Индийский эпос в основном иносказательный, из него для исторической науки много не получить. Древние названия местностей в Индии, как Арьяварта, датировкам не помогают. Но мы уже знаем, что общие предки индийских ветвей гаплогруппы R1a жили севернее и западнее, в идеале — в самом начале арийских миграций на восток. Но идеала в ДНК-генеалогии часто не бывает, общий предок современных гаплотипов обычно не тот, что был в «самом начале», а тот, прямые потомки которого выжили до настоящего времени. Потому и важно рассматривать данные ДНК-генеалогии в совокупности с данными археологии и лингвистики, причем именно данными, а не интерпретациями. В лингвистике с этим значительно менее определено, там сплошные интерпретации, начиная с выбора «структурных единиц» для последующего рассмотрения и последующих датировок, которые всегда условны и приблизительны. Поэтому лингвистика представляет определенную канву, которая всегда нуждается в перекрестной проверке, но полезна «концептуально».

#### 4. Пакистанцы

Исторически пакистанцы — часть индийцев, и можно было ожидать, что состав гаплогрупп у них будет сходным. Однако это не так, за исключением основной по численности гаплогрупп

пы R1a-Z93 (у индийцев 40 %, у пакистанцев 35 %). Повторяется ситуация с европейской гаплогруппой R1b, когда пришельцы, в том случае эрбины, носители гаплогруппы R1b, появившись в Европе около 5 тыс. лет назад, за тысячелетие или быстрее кардинально изменили «этнический» состав Европы и стали там основной по численности гаплогруппой. В Индии и Пакистане картина не была, видимо, столь драматической, но арии, прибыв в Индостан примерно 3,5 тыс. лет назад, тоже изменили «этнический» состав субконтинента, вытеснив в значительной части (на 35–40 %) родовые структуры коренного населения, в частности, носителей гаплогрупп H, R2, L.

В составе как Индии, так и Пакистана основным субкладом является R1a-Z93-L657, которому принадлежит две трети гаплогруппы, остальную треть занимают другие субклады, в основном Z2123 и нижестоящие. Общий предок субклада Z93 жил  $4580 \pm 600$  лет назад, что практически совпадает с датировкой общего предка Z93 у таджиков —  $4650 \pm 545$  лет назад (доля R1a-Z93 у таджиков равна 26–36 %, как и у пакистанцев). Вряд ли остаются сомнения в том, что носители гаплогруппы R1a-Z93 вышли с Русской равнины (сам субклад Z93 образовался примерно 4750 лет назад, во времена фатьяновской археологической культуры [4,9 тыс. — 4 тыс. лет назад], в которой и был найден), прошли с Восточно-Европейской равнины до Южного Урала (в синташтинской культуре найдены захоронения с датировкой субклада Z93-Z2123 4 тыс. — 4,1 тыс. лет назад), оставив по пути Z93 в срубной и потаповской культурах, и через несколько веков мы видим тот же субклад в Пакистане и в Индии.

Но состав «дополнительных» гаплогрупп несколько различается в Индии и Пакистане. Это, по сути, не «дополнительные» гаплогруппы, а коренные гаплогруппы Индостана, «потесненные» прибывшими ариями. На втором месте по численности в Индии стоит гаплогруппа J2 (12 %), в Пакистане ее только 7 %. Впрочем, это может зависеть от выборок, разница не столь драматическая. Но в Пакистане на втором месте по численности находится гаплогруппа Q (13 %), в Индии ее только 5 %. На третьем месте в Пакистане стоит гаплогруппа L (13 %), в Индии ее 7 %. За ней в Пакистане следует гаплогруппа H

(7 %), в Индии ее 13 %. Это все коренные гаплогруппы Индостана, так что можно заключить, что принципиально Индия и Пакистан сходны по структуре гаплогрупп с некоторыми вариациями, которые легко объяснить разными выборками.

## 5. Карачаевцы, балкарцы, киргизы, афганцы

На первый взгляд что может быть общего у кавказского народа карачаевцев-балкарцев, среднеазиатского народа киргизов и афганцев, тем более что последние говорят на индоевропейских языках, а карачаево-балкарцы и киргизы — на тюркских. Но общее между ними — происхождение от скифов гаплогруппы R1a-Z93. У всех трех народов выражена гаплогруппа R1a, почти все имеют субклад Z93, имеют общих предков, которые жили в I тыс. н. э. или несколько ранее. Так, у карачаево-балкарцев в гаплогруппе R1a есть два субклада — больший по численности R1a-Z2123, с общим предком  $2830 \pm 310$  лет назад, начало скифских времен, и меньший по численности R1a-Z2122, с общим предком  $3530 \pm 350$  лет назад.

У киргизов общий предок в гаплогруппе R1a жил  $1335 \pm 200$  лет назад, у афганцев (пуштунов) —  $1075 \pm 180$  лет назад. Хотя это намного позже того времени, которое историки отводят для скифов, но другого имени у этих племен нет. Пусть будут потомки скифов.

Состав гаплогрупп у этих трех народов следующий. У карачаевцев и балкарцев доля гаплогруппы R1a-Z93 была 28 % в обоих случаях, гаплогруппы G2a — 33–36 %, J2 — 12–19 %. С происхождением гаплогруппы R1a-Z93 у карачаево-балкарцев мы уже разобрались, это определено скифское происхождение, об этом косвенно говорит и их тюркская речь. С хорошей вероятностью карачаевцы гаплогруппы R1a произошли от аланов (часть скифов) той же гаплогруппы, хотя это нуждается в проверке по ископаемым ДНК аланов. Гаплогруппа G2a на Кавказ прибыла около 4 тыс. лет назад из Европы, через Малую Азию. В Европе это была одна из древнейших гаплогрупп, наряду с гаплогруппой I1, и они обе, как и ряд других древних гаплогрупп, были уничтожены в ходе заселения континента эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, в большой степени



населенниками культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 3,8 тыс. лет назад). Гаплогруппа J2 на Кавказе весьма широко распространена. У нее два альтернативных источника — или прибытие из Месопотамии в виде урукских миграций примерно 7 тыс. лет назад, или автохтонное происхождение там же, на Кавказе. Тогда урукские миграции были аналогом реконкисты, возвращения на свои территории.

Остальные гаплогруппы у карачаево-балкарцев являются относительно минорными по количеству. Среди них — гаплогруппа R1b (от 7 % у карачаевцев до 13 % у балкарцев), которая имеет два источника. Почти все карачаевцы гаплогруппы R1b имеют сний M269, причем происходят как от ямной культуры (сний Z2103, около половины от всех), так и от европейских носителей гаплогруппы R1b (вторая половина). У балкарцев гаплогруппа R1b имеет в основном европейское происхождение (субклад L51 и нижестоящие) и сарматское происхождение (субклад M73). Гаплогруппы I2a у карачаевцев и балкарцев мало (3–6 %), носители ее вряд ли имеют историческое отношение к Кавказу, потому что среди них представлены в основном южнославянские ветви I2a-Y3120-Y4460 и I2a-Y3120-S17250.

Важно отметить, что карачаевцев часто (неформально) объединяют с балкарцами, поскольку те и другие говорят на карачаево-балкарском языке, обнаруживают между собой несомненное антропологическое сходство и культурную близость, но разделены по административным образованиям — Карачаево-Черкессия у первых и Кабардино-Балкария у вторых. Тем не менее, хотя — на первый взгляд — административно-территориальное деление разделяет карачаевцев и балкарцев по преобладающей численности в соответствующих республиках, сами карачаевцы и балкарцы считают себя одним народом, карачаево-балкарцами. Это же показывают и данные ДНК-генеалогии.

Важность гаплогруппы R1a у карачаевцев определяется довольно распространенным ожиданием — как многих специалистов, так и многих неравнодушных к своей истории людей, — что гаплогруппа R1a «сигнализирует» об аланском происхождении значительной части карачаевцев. Надо сказать, что эти ожидания небезосновательны, несмотря на довольно интенсивную де-

зинформацию в «научных кругах» относительно как алан, так и карачаевцев. Эта дезинформация отражается в первых строках статьи про алан в Википедии: *«ираноязычные кочевые племена скифо-сарматского происхождения»*. Дезинформация здесь задается категоричностью. На самом деле правильнее было бы упомянуть, что язык алан для лингвистов остается неизвестным, но он, скорее всего, был тюркским. Далее, шаблонное выражение «скифо-сарматского происхождения» тоже никак не может быть столь определенным. Скифы и сарматы были разными племенами, у них были разные погребальные обряды (у сармат, как правило, захоронения на спине, у скифов часто [или всегда] захоронения на боку, в скорченном положении), хотя для более четкой классификации необходимо рассмотрение большого количества данных. Конечно, найдутся исключения, и важно будет понять, чем они вызваны.

Скифов и сарматов относят к разным временным периодам, и это — практически единственный критерий у историков-археологов. От VII до III в. до н. э. — это, стало быть, скифы; потом, до I в. до н. э., пошли ранние сарматы; потом, до I в. н. э., идут средние сарматы, потом, стало быть, поздние сарматы, — до IV в. н. э. В итоге потомки скифов часто у историков оказываются сарматами, а предки сарматов — скифами. А письменных источников, которые могут внести хоть какую-то ясность в этот вопрос, как правило, нет. ДНК-генеалогия — во всяком случае, по уже имеющимся данным — четко показывает: если в ископаемых костях гаплогруппа R1a-Z93 — скиф, если гаплогруппа R1b, да еще костяк лежит на спине, — сармат. Это, понятно, относится именно к временам I тыс. до н. э. — I тыс. н. э. Ранее этого времени носителей гаплогрупп R1a и R1b относят, как правило, к определенным археологическим культурам.

Как описано в этой книге, около трети карачаевцев относятся к гаплогруппе R1a-Z93, и это в совокупности с тюркским языком карачаевцев значительно повышает вероятность их аланского происхождения. Окончательную точку в этом вопросе поставит рассмотрение ДНК древних алан, но, к сожалению, руководство республики в этом не заинтересовано, как показывает развитие событий последних лет. Что касается осетин как возможных потомков алан, то это нужно не

декларировать на основе совершенно косвенных (а зачастую фактически фальсифицированных данных, как показано в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» [М.: «Концептуал», 2016]), а напрямую показывать опять же изучением древних ДНК. Для этого надо как минимум показать, что скифы имели гаплогруппу G2a и что предки современных осетин того времени, то есть конца прошлой — начала новой эры, тоже имели гаплогруппу G2a. Было бы замечательно, если окажется, что и карачаевцы, и осетины — прямые потомки алан, это значительно бы оздоровило обстановку вокруг этого давно больного вопроса. Имеющиеся в наличии данные по ископаемым гаплотипам (предполагаемых) алан показывают, что они имели гаплогруппы R1a и G2a, возможно, и гаплогруппу J2a. Первые две гаплогруппы здесь значительно более вероятны, и их подкрепляет тот факт, что у современных карачаевцев гаплогруппы R1a и G2a практически одинаковы по содержанию и являются основными по численности. Вполне возможно, что у древних алан были эти две гаплогруппы.

Как всегда, гипотезы о происхождении карачаевцев и балкарцев в исторических науках противоречивы. Здесь термин «происходят» нуждается в специальном определении. «Происходят» — это по каким-то причинам там осели мигранты и их потомки продолжают жить на той же территории? Или «происходят» — это на той территории произошло формирование определенных культурных признаков, которые в своей динамике свойственны тому или иному народу, в данном случае карачаевцам и балкарцам? Начал формироваться язык, на котором, опять же в своей динамике, говорят современные жители? Ясно, что ни на один из этих вопросов гуманитарные науки ответить с определенностью не могут, оттого и многочисленные противоречия в интерпретациях, гипотезах, предположениях. Археология выявляет определенные материальные признаки, которые приписывают, с той или иной степенью обоснования, данному народу в древности. Лингвисты спорят о том, был ли такой же (в своей динамике) язык в древности или он был позаимствован у других народов в значительно более поздние времена. О том, когда там осели мигранты, споры вообще практически безнадежны.

Некоторые специалисты предполагают, что карачаево-балкарцы произошли из кобанской культуры Северного Кавказа, которая датируется археологами от 3,3 тыс. — 3,2 тыс. до 2,4 тыс. лет назад (XIII–XII–IV вв. до н. э.). Здесь мы по понятным причинам не будем обсуждать основания, по которым ее относят к происхождению карачаевцев и балкарцев, тем более что эти отнесения, разумеется, многими оспариваются, консенсуса в исторических науках практически не бывает. Со своей стороны заметим, что ряд захоронений в кобанской культуре описаны в положении на боку: на правом боку для мужчин, на левом боку для женщин, голова на запад у мужчин и на восток у женщин, лицом те и другие на юг. Это — характерное положение костяков для носителей гаплогруппы R1a у мужчин (Клёсов А. А. Исторический формат, № 4, 2015).

Теперь посмотрим на датировки общих предков ветвей у карачаево-балкарцев. Гаплогруппа G2a —  $4700 \pm 500$  и  $3600 \pm 460$  лет назад, гаплогруппа R1a — 4800 и  $3500 \pm 540$  лет назад, гаплогруппа J2a —  $4200 \pm 500$ ,  $6200 \pm 870$  и 9500 лет назад, гаплогруппа J1 —  $5500 \pm 700$  лет назад (округленно). Это намного древнее кобанской культуры.

По сравнению с ними общие предки гаплогрупп R1b, I2a, Q1 жили относительно недавно, в диапазоне 1,3 тыс. — 500 лет назад. Это были или сарматы и прочие степняки (R1b, Q1), или недавно прибывшие «визитеры».

Эти выводы вовсе не означают, что ДНК-генеалогия подменяет исторические науки. Это означает, что историкам следует рассмотреть приведенные здесь данные и, возможно, пересмотреть свои гипотезы. Получается, что карачаево-балкарцы ведут свои родословные линии со времен, намного более древних, чем кобанская культура.

Как пояснялось выше, киргизская гаплогруппа R1a относится в основном (или полностью) к субкладу Z93 (50 % от всех гаплогрупп), который имеет скифское происхождение. Второй относительно крупной гаплогруппой у киргизов является гаплогруппа C (19–27 %), это уже составляет три четверти от всех киргизов. Последняя скорее имеет монгольское происхождение. Остальные гаплогруппы — минорные по численности, как, например, O (6–8 %), J2 (5–8 %), R1b (2–3 %), N (3–9 %), а также J1, которая в еди-

ничном количестве представлена в списке YFull. Эта последняя гаплогруппа не имеет отношения к евреям, так как Y-хромосомные линии этого единственного киргиза и евреев гаплогруппы J1 разошлись 5,6 тыс. лет назад, когда евреев еще не было.

Афганцы, которые в основном представлены пуштунами, тоже имеют гаплогруппу R1a-Z93 скифского происхождения. Ее доля среди пуштунов — 54 % от всех гаплогрупп. На втором месте по численности там гаплогруппа G (10 %) и L (9 %), последняя происходит или с Иранского плато, или из Индии, или с Ближнего Востока. На этот вопрос ответа пока нет. В ту же группу попадает гаплогруппа Q (8,5 %), видимо, сибирского происхождения и H (8 %), или с Иранского плато, или из Индостана. Но это относительно минорные по численности гаплогруппы.

## 6. Алтайцы (алтай-кижи, теленгиты, телеуты, кумандинцы)

У перечисленных сибирских народов основной гаплогруппой является R1a-Z93 (40–50 % от всех гаплогрупп). Это — наследие южных ариев с Русской равнины (фатьяновская культура или Причерноморье), которые прошли миграциями до Южного Урала и далее до алтайского региона, оставили археологические культуры: карасукскую (3,5 тыс. — 2,8 тыс. лет назад), тагарскую (2,8 тыс. — 2,2 тыс. лет назад), таштыкскую (2,2 тыс. — 1,5 тыс. лет назад), культуры скифского круга (I тыс. до н. э.), и их современными наследниками являются перечисленные выше народности.

Там носители гаплогруппы R1a встретились с носителями гаплогрупп N1a, C, Q, R1b (последняя, в частности, из афанасьевской археологической культуры), где носители C были по всем признакам древним автохтонным мужским населением, носители гаплогруппы N1a продвигались со стороны Китая через Алтай на север, примерно 20 тыс. лет назад и позже (гаплогруппа N1a1 образовалась примерно 16 тыс. лет назад и прошла в течение последующих 12,5 тыс. лет до Русской равнины со стороны Урала), гаплогруппа Q (у алтай-кижи 18–28 %) — автохтонная сибирская, носители которой жили там десятки тысяч лет. Это объясняет набор гаплогрупп у алтайцев, но не преобладание у них самой «молодой» гаплогруппы R1a. Это, видимо, было обусловлено или культурным влиянием, или насильственными действиями потомков ариев. Ответа на этот вопрос пока нет.

За гаплогруппой R1a по численности следует гаплогруппа Q (18–28 %) и C2-M217 (9–22 %). Гаплогруппа N является минорной по численности (от 3 до 10 %).

## 7. Шорцы

Шорцы — сибирский народ, как и алтайцы, и у них тоже с большим отрывом в качестве основной по численности наблюдается гаплогруппа R1a, причем ее субклад R1a-Z93 (45–71 %). Фактически, это скифская гаплогруппа, прибывшая в Южную Сибирь из серии археологических культур — синташтинской, андроновской, карасукской, тагарской, таштыкской, пазырыкской, которые сформировали культуры скифского круга. Но в отличие от алтайских народностей (предыдущий раздел), у которых вторая по численности гаплогруппа Q или C2-M217, у шорцев это гаплогруппа N1a, в которой поровну субкладов N1a1-M46 и N1a2b-P43. В сумме две первые по численности гаплогруппы составляют уже 75–94 %, и остальные две уже минорные — R1b-M73 (4 %) и Q1b (2 %). Надо отметить, что R1b-M73 — это сибирский по происхождению субклад, «параллельный» субкладу M269, и который в европейской части встречается редко. В одной выборке содержание гаплогруппы R1b показано 20 %, но в соответствующей статье использовали устаревшие данные и архаичная номенклатура гаплогрупп. Тем не менее нельзя исключить, что в этой выборке было действительно высокое число носителей гаплогруппы R1b. Это надо проверять.

## 8. Уйгуры

Уйгуры — древняя народность, которая проживает в основном в провинции Синцзянь (северо-западный Китай), имеет основную по численности гаплогруппу R1a-Z93 (22 %). За ней, что довольно необычно, идет гаплогруппа O2 (15–16 %), но для территории Китая это типичная гаплогруппа. Понятно, что гаплогруппа R1a-Z93 — это наследие древних ариев, а гаплогруппа O2 — это «дополнительная» китайская, влияние, так сказать,

окружающей среды. Далее идут еще четыре гаплогруппы, которые трудно расположить в определенном порядке снижения численности. Это гаплогруппы J (14 %), R1b (6–11 %), C2 (10–17 %), R2 (9 %). Остальные — минорные по численности гаплогруппы, с представительством от 1 % до 5 %, это гаплогруппы N (не N1a1-M46), L, G2a, D, I.

У уйгуров очень необычны гаплотипы гаплогруппы R1a. К сожалению, типирование на глубокие снипы у уйгуров делают редко, поэтому происхождение значительной части гаплогруппы R1a остается неизвестным. На основании ряда признаков можно рассчитать, что уйгуры — автохтоны на своей территории со времен примерно 20 тыс. лет назад. Похоже, что определенная ветвь гаплогруппы R1a у уйгуров (с DYS392 = 7, в то время как у остальных носителей R1a это число обычно равно 11 и редко 13) и есть древнейшая ветвь гаплогруппы R1a в мире, и было бы крайне интересно определить снип и субклад носителей этих гаплотипов.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА J2

### 1. Нахские народы — чеченцы и ингуши

Для этих двух народов показательно значительное преобладание гаплогруппы J2 (47–57 % у чеченцев и 88 % у ингушей) в паре с гаплогруппой J1 (21–26 % у чеченцев и 2,5 % у ингушей). То, что у вторых меньше J1, чем у первых, неудивительно, потому что при 88 % J2 места для других гаплогрупп уже не остается. Источники этих двух гаплогрупп у нахских народов остаются неизвестными, хотя наиболее вероятными являются два — или урукские миграции из Месопотамии на Кавказ 8 тыс. — 7 тыс. лет назад, или автохтонная природа обеих гаплогрупп, которые могли образоваться на Кавказе или в соседних регионах. Например, ископаемая гаплогруппа J2 была найдена в Грузии с археологической датировкой 9940–9600 лет назад и в северном Иране с датировкой 11,1 тыс. — 10,6 тыс. лет назад. Но подсказку дает датировка общего предка гаплогруппы J1 у чеченцев —  $600 \pm 180$  лет назад. Получается, что гаплогруппа J2 действительно коренная у чеченцев, а носители гаплогруппы J1 присоединились к ним совсем недавно, по историческим меркам.

На третьем месте по численности у чеченцев гаплогруппа L (7–13 %), которой у ингушей только 3 % по причине, указанной выше. Остальные гаплогруппы у нахских народов минорные по численности, а именно гаплогруппы G2a, R1a и R1b (у чеченцев — 4–5 %, 4 % и 2 % соответственно, у ингушей — 2 %, 3,5 % при отсутствии гаплогруппы R1b).

Подобная комбинация основных гаплогрупп J2 и J1 на Кавказе и севернее является уникальной, отличает их от всех остальных народов, за исключением персов (см. ниже), а также евреев и арабов Ближнего Востока. Но надо подчеркнуть, что гаплогруппа J1 у нахских народов не имеет никакого отношения к евреям, эта гаплогруппа образовалась 223 снип-мутации, или примерно 32 тыс. лет, назад, когда евреев, разумеется, не было. Цепочка снипов, которые идут от исходной гаплогруппы J1 к чеченцам и ингушам, уходит в сторону от цепочки снипов, которые идут от той же гаплогруппы к евреям, задолго до образования евреев и арабов. Это в деталях описано и показано в соответствующих разделах про чеченцев и ингушей в последней части настоящей книги.

ДНК-генеалогия позволяет ответить на вопрос, важный для понимания истории чеченцев — действительно ли чеченские тайпы являются родовыми образованиями, то есть происходят от одного для тайпа патриарха, или за века и тысячелетия состав тайпов перемешался по гаплогруппам. В целом, ответ такой — для большинства тайпов родовой состав смешанный, но в некоторых тайпах преобладает или даже полностью представлена одна гаплогруппа. Данные приведены в последней части настоящей книги. Нижестоящие субклады, ясно, могут различаться, потому что они в своей динамике обновляются за счет новых снипов в среднем каждые 144 года. Но эти снипы в случае однородных (в отношении их гаплогрупп) тайпов сходятся к общему предку даже после тысячелетий. Это будет показано на нескольких примерах в части IV книги.

Разумеется, провести детальный анализ по всем чеченским тайпам (а их в наше время насчитывают более ста для горных и примерно 60–70 для равнинных тайпов) и по всем гаплогруппам и субкладам сейчас практически невозможно, имея в наличии всего тысячу образцов чеченцев,



для многих из которых сведения по тайпам неизвестны. Это по силам только крупной лаборатории или даже научному институту с большим финансированием. Более того, изучая ископаемые ДНК на территории Чеченской Республики, можно реконструировать историю тайпов на глубину в тысячелетия, в дополнение к картине, получаемой при изучении Y-хромосом наших современников. Но для этого нужно принципиальное решение руководства республики. В последней части настоящей книги будет только показан путь и приведены первые выводы, или, скорее, даны первые оценки.

Здесь надо дать пояснения. Тайпы — это родовые образования чеченцев. Но род здесь — не обязательно строго генеалогическое образование, как его понимают в ДНК-генеалогии. Тайп может быть и этно-социальной структурой. В этом отношении разногласия есть и среди специалистов. Двести лет назад чеченское общество состояло примерно из 135 тайпов. Понятно, что после жестоких войн и других бедствий, таких как высылка целого народа, некоторые тайпы были практически уничтожены или вымерли, некоторые тайпы перемешались. Но, как будет показано в последней части книги, некоторые тайпы сохранили свою родовую структуру, теперь уже в терминах ДНК-генеалогии. Далее, многие тайпы образовали территориальные и военно-политические союзы, получившие название тукхумов. Гары — это ветви тайпов, наряду с некъий. Примеры — в той же части книги. Наконец, есть тайпы, не входящие в тукхумы. Для русскоязычного читателя проблема может возникнуть и с написанием названий тукхумов, тайпов, гар и некъий, поскольку буквальный перевод с чеченского языка не всегда однозначный. Но, повторяю, мы здесь не представляем учебник или инструкцию по родовой структуре чеченского общества, это скорее надо рассматривать как введение в ДНК-генеалогии чеченцев.

## 2. Кумыки

У кумыков (подавляющее большинство которых проживают в Дагестане) наблюдается та же уникальная комбинация преобладающих по численности гаплогрупп J2 и J1, характерная для некоторых кавказских народов, в том числе чеченцев и ингушей, а также персов. Но есть разница —

если у чеченцев и ингушей гаплогруппа J2 намного опережает по численности последующую за ней гаплогруппу J1, то у кумыков они по численности почти одинаковы: 25 и 21 % соответственно. Сравним с ингушами — 88 и 2,5 % или с чеченцами — в среднем 52 и 24 %. Разумеется, освободившиеся «пустоты» у кумыков заполняются другими гаплогруппами — гаплогруппой R1b (20 %, у чеченцев и ингушей ее почти нет), R1a (11–15 %, у чеченцев и ингушей ее намного меньше), G2a (10–14 %, у чеченцев и ингушей ее намного меньше). Но поскольку данных по ДНК-анализу кумыков крайне мало, провести более детальный анализ их древних передвижений пока не представляется возможным.

В списке YFull снипы кумыков не представлены, там есть только снипы обобщенных «дагестанцев», которые в отношении гаплогруппы R1b показывают снипы ямной культуры и их потомков, например L584 → A12317, Z2108 → A12360. Это соответствует общей картине по Кавказу, согласно которой насельники ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), располагавшейся, в частности, на Волге и на территории современной Калмыкии, двинулись на Кавказ и заселили его по мере увеличения их численности. Это, как мы видим, относится и к территории современного Дагестана.

Гаплогруппа R1a у кумыков, которой относительно немало, тоже прибыла с севера, судя по снипам у дагестанцев, показанным тоже в списке YFull. Все показанные образцы ДНК дагестанцев нисходят по снипам от субклада R1a-Z2123, который образовался 27 снип-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад. Это или наследие древних ариев, которые шли через Кавказ в Месопотамию и на Ближний Восток около 4 тыс. лет назад, или наследие скифов и их потомков, которые прибыли на Кавказ через 1,3 тыс. — 2 тыс. лет, в I тыс. до н. э. и позже, в I тыс. н. э. Датировка снипов линии Z2123 у дагестанцев, возможно, включая кумыков, соответствует 25, 12 и 10 снип-мутациям, или примерно 3,6 тыс., 1,7 тыс. и 1,4 тыс. лет, назад, что может соответствовать той и другой «волне» южных ариев и их потомков, скифов.

## 3. Персы (иранцы)

У персов наблюдается комбинация гаплогрупп J2 и J1, близкая к таковой у кавказцев. Здесь трудно сказать, что было первичным — персы повлияли

на родовой состав у кавказцев или наоборот. В эту же группу попадают и азербайджанцы (см. ниже), хотя минорные по численности (менее 10 %) гаплогруппы у последних образуют другую мозаику. Но минорные гаплогруппы не показательны, они отражают вливание других родов в основной этнос (хотя понятие этноса вряд ли применимо к древним народам, это скорее «основное племя»).

У персов доля основной гаплогруппы J2 равна 29 %, на втором месте идет J1 — 16 %. Опять мы имеем комбинацию J2 и J1, характерную для кавказских народов, но которую уже можем расширить на народы Передней Азии. Следующей идет гаплогруппа G2a (13 %) и далее R1a (10 %). Показательно, что у персов далее идет европейская гаплогруппа E1b, но среди идентифицированных сипов нет ни одного E1b-V13, которые пережили геноцид в Европе и прошли «бутылочное горлышко» выживания примерно 3450 лет назад. Видимо, носители гаплогруппы E1b прибыли на Иранское плато до тех трагических событий в Европе. Действительно, общий предок гаплогрупп носителей гаплогруппы E1b в Иране жил  $4700 \pm 1400$  лет назад для «ядра» ветви и  $6900 \pm 1500$  для всех гаплогрупп ветви.

#### 4. Мордва — мокша

Хотя эрзя и мокша входят в состав мордвы, их родовая структура совершенно разная. Если у эрзей доля гаплогруппы R1a составляет 54 %, у мокшей ее всего 20 %. Гаплогруппа J2, которая у эрзей была по численности на втором месте (13 %), деля его с гаплогруппой I1 (11 %), то у мокшей гаплогруппа J2 на первом месте (45 %), а гаплогруппы I1 у них в изученных выборках практически нет. Гаплогруппа N1a1 тоже выражена по-разному: у эрзи ее почти нет (2 %), у мокшей — 10 %. Возможно, как следствие этих различий они говорят на разных языках — эрзянском и мокшанском, хотя оба относятся к одной языковой группе — мордовской подгруппе финно-угорских языков уральской семьи, есть и народные веры — эрзянская и вера мокшан. Несколько различается и территория проживания этих древних народов — субэтнос древних эрзян занимал северную часть территории Окско-Сурского междуречья, субэтнос древних мокшан — южную часть. Можно предполагать, что фатьяновская культура с ее

преобладанием гаплогруппы R1a охватывала территорию будущих эрзян, но не будущих мокшан.

#### 5. Азербайджанцы

Этот народ тоже показывает уникальную комбинацию основных по численности гаплогрупп — J2 (31 %, хотя по некоторым выборкам с малой статистикой наблюдается понижение до 18 %) и G2a (18 %, с понижением по некоторым другим малым выборкам до 8 %). Гаплогруппа J2 типична для восточного Кавказа, гаплогруппа G2a — для западного и центрального Кавказа, хотя это деление не абсолютно. Далее по численности идут гаплогруппы R1b и J1, хотя по своей доле они несколько пересекаются, первая занимает 11–19 % от всех гаплогрупп, вторая — 11–15 %. Гаплогруппа R1a (в основном субклад Z93) по численности минорная, всего 7–8 %.

Как часто на Кавказе, мы видим тот же набор из нескольких гаплогрупп, которые в данном случае составляют довольно необычную комбинацию. Гаплогруппа J2 (возможно, вместе с J1) пришла с хорошей вероятностью из Месопотамии, с урукскими миграциями 8 тыс. — 7 тыс. лет назад, G2a — из Европы, примерно 4 тыс. лет назад, R1b — преимущественно из ямной культуры, с севера, примерно 4 тыс. лет назад, R1a — или южные арии, с Русской равнины (из фатьяновской культуры или из Причерноморья, примерно 4 тыс. лет назад).

#### 6. Турки

Содержание гаплогруппы J2 у турок составляет 22–24 %, следующей идет гаплогруппа R1b (15–17 %). Эта комбинация обратна той, что наблюдается у армян (22 % и 25–30 % соответственно, то есть при том же количестве гаплогруппы J2 доля R1b у армян вдвое выше). Поскольку носители R1b-Z2103 передвигались с севера, возможно, что большее их количество осело на территории будущей Армении и до территории будущей Турции их дошло меньшее количество.

Далее у турок идут четыре гаплогруппы, примерно одинаковые по количеству: это G2a (9–11 %), E1b (8–11 %), R1a (8–12 %) и J1 (9–10 %). Ничего необычного в этой комбинации нет — гаплогруппы J2 и J1 отражают, видимо, урукские миграции из Месопотамии, R1b — миграции на



юг носителей ямной культуры, G2a и E1b — миграции на восток по Малой Азии беженцев из Европы, уходящих от геноцида коренных жителей Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, они же насельники археологической культуры колоколовидных кубков (в основном гаплогруппы R1b-P312), R1a — следствие мигрантов-ариев с Русской равнины в Закавказье и далее в Месопотамию и Ближний Восток, которые затем стали митаннийскими ариями в Сирии и хеттами в Малой Азии.

## 7. Езиды

Происхождение езидов противоречиво, одни относят их к курдам, другие — к арабам, и то и другое оспаривается. На самом деле по родовому составу, а именно по составу гаплогрупп, езиды очень близки к туркам и армянам. У езидов на первом месте по численности стоит гаплогруппа J2a (23 %), как и у турок (22–24 %), как, впрочем, такая же доля J2a и у армян (22 %), но у армян она стоит на втором месте, после R1b 25–30 %. Однако при такой количественной близости долей гаплогрупп, как у армян, и при обычных погрешностях определений это фактически одно и то же.

На втором месте у езидов стоит гаплогруппа R1b (21 %), но опять-таки это практически не разделяется с 23 % для их гаплогруппы J2. У турок гаплогруппы R1b 15–17 %.

Мы видим, что содержание основных по количеству гаплогрупп у езидов, турок и армян настолько близко, что разделять их большого смысла не имеет. К тому же и последующие, минорные по количеству гаплогруппы, у езидов и турок практически одинаковы: G2a — 11 % и 9–11 % соответственно; E1b — 11 % и 8–11 % соответственно; R1a — 9 % и 8–12 % соответственно; J1 — 10 % и 9–10 % соответственно. Одна небольшая разница — у езидов более заметна доля гаплогруппы L (12 %), у турок ее 5 %. Это, скорее всего, у обоих народов наследство Передней Азии, как и небольшая разница в доле гаплогруппы T: у езидов — 7 %, у турок — 2–3 %.

## 8. Курды

У курдов трудно ожидать единства по составу гаплогрупп, поскольку они значительно расходятся территориально и по родовым признакам. Тем

не менее основная по численности гаплогруппа по разным выборкам у них одна — J2 (от 20 % до 26 %). Это — типичная ближневосточная гаплогруппа, хотя и не единственная, она часто сопровождается гаплогруппами J1, E1b, R1a. Именно это наблюдается у курдов, причем все три последние гаплогруппы примерно одинаковые по численности — J1 (12–17 %), E1b (8–17 %), R1a (11–17 %). Только потом идет сброс к относительно минорным по численности гаплогруппам — R1b (4–11 %), G2a (2–8 %), L (2–5 %).

Обратим внимание на сходство состава гаплогрупп у курдов и езидов — то же преимущество гаплогруппы J2, причем практически одинаковая доля в обоих случаях; у езидов небольшое преимущество в гаплогруппе R1b (21 %) по сравнению с 4–11 % у курдов; близкое количество G2a: у езидов — 9–11 %, у курдов — 2–8 %; E1b: у езидов — 8–11 %, у курдов — 8–17 %; R1a: у езидов — 8–12 %, у курдов — 11–17 %; J1: у езидов — 9–10 %, у курдов — 12–17 %. Понятно, что различия всегда будут, но общая структура гаплогрупп, то есть родовая структура, весьма похожа.

## 9. Греки

У греков — типичная средиземноморская картина гаплогрупп: на первом месте по численности стоит гаплогруппа J2 (20–23 %), за ней следует E1b (16–21 %), далее гаплогруппа R1b (16 %), которая состоит на три четверти из субклада R1b-Z2103, носители которого прошли из ямной культуры через Кавказ в Месопотамию и Малую Азию и прибыли в Грецию. За этими гаплогруппами идет блок из трех гаплогрупп — R1a (9–12 %), I2a (11–18 %) и G2a (7–10 %). Поскольку у греков была очень турбулентная история, проследить источники их основных гаплогрупп весьма затруднительно. Но представляется, что основная (в древности) их гаплогруппа E1b могла прибыть из Египта, в котором и сейчас этой гаплогруппы 46 %, и затем в Греции она могла «разбавиться» «дополнительными» гаплогруппами — J2 с Ближнего Востока, R1b-Z2103 из ямной культуры и R1b-P312 из центральной и западной Европы, R1a от миграций ариев, это уже добавит примерно 50 % «дополнительных» гаплогрупп к исходным древнегреческим, ранее 5 тыс. лет назад.

## 10. Татары-мишари (устар. мещеряки)

Татары-мишари проживают в основном в Поволжье и Приуралье, считаются субэтносом татар. Более-менее систематических исследований состава их гаплогрупп не обнаружено, за исключением списка гаплогрупп 50 человек из известных мишарских мурзинских и княжеских фамилий Пензенской губернии, которые приведены в заключительной части настоящей книги.

В отличие от данных по основным гаплогруппам у татар, согласно которым у них основной по численности гаплогруппой является R1a (30 %), за которой следует гаплогруппа N1a (16–26 % по разным выборкам), у татар-мишарей на первом месте по численности стоит гаплогруппа J2b (38 %), за которой следует R1a (14 %). Гаплогруппа N1a у мишарей минорная по численности (2 %), наряду с серией других минорных гаплогрупп — R1b, J2a, E1b (все три по 4 % от всех гаплогрупп) и далее I1, I2a, J1, O, T (все по 2 %). Отсюда уже видно, что у мишарей есть множество «добавленных» гаплогрупп, которые в этногенезе татар-мишарей особого участия, видимо, не принимали.

Возвращаемся к основным гаплогруппам у мишарей. После гаплогрупп J2b и R1a, которые в сумме составляют 52 %, далее следует гаплогруппа Q (12 %) и затем L (6 %), которая, по сути, уже является минорной. Последняя выражена на Кавказе (особенно у чеченцев), в Турции, на Ближнем Востоке и в Индостане, так что вариантов попадания этой гаплогруппы в среду татар-мишарей немало, вопрос пока вряд ли разрешим. Но именно в тех же регионах выражена и гаплогруппа J2b, которая лидирует по численности у мишарей. Возможно, там кроется отгадка поставленного вопроса.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА G2A

### 1. Адыгэ (кабардинцы, черкесы, адыгейцы, шапсуги)

Поскольку в прошлом, как полагают историки, все перечисленные четыре народности были единым народом на Северном Кавказе с самоназванием адыгэ, можно ожидать, что их родовая структура будет сходной. Так в целом и оказа-

лось, с некоторыми перепадами в долях гаплогрупп. Самыми однородными оказались шапсуги с содержанием G2a, равным 87 %. Неудивительно, что остальные гаплогруппы у них являются минорными по численности, это J2 (6 %) и R1a (4 %), остальные описаны в последней части настоящей книги. Вполне возможно, что шапсуги — отошедшая часть древних адыгэ, с гаплогруппой G2a, и ее максимально сохранила. В состав остальных адыгэ вошли носители других гаплогрупп, тем самым понизив долю основной по численности G2a. Это — адыгейцы, доля G2a у которых 47–54 %, черкесы (41–45 %), кабардинцы (38–43 % гаплогруппы G2a).

Происхождение гаплогруппы G2a на Кавказе нам в целом известно, это прибывшие из Западной и Центральной Европы уцелевшие от истребления ее носители, которые, видимо, через Малую Азию прошли до Кавказа и расселились в основном в его западной и центральной части. Истребление было проведено эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, главным образом населенниками археологической культуры колоколовидных кубков (R1b-P312), между 4,8 тыс. и 4,5 тыс. лет назад (и продолжалось еще несколько веков). С этим согласуются датировки общих предков гаплогруппы G2a на Кавказе, рассчитанные по мутациям в гаплотипах, и для черкесов, например, они были равны  $3800 \pm 470$  лет назад, для шапсугов —  $2700 \pm 300$  лет назад (по нескольким выборкам). Последняя датировка не противоречит гипотезе, сделанной выше, что будущие шапсуги отделились от остальных адыгэ позже других.

Второй по численности гаплогруппой у адыгэ является J2, древние носители которой прибыли на Кавказ, видимо, из Месопотамии в ходе урукских миграций 8 тыс. — 7 тыс. лет назад. Их относительные количества равны 16 % у кабардинцев, 19–21 % у черкесов, между 15 и 47 % (последнее число определенно завышено) у адыгейцев, 6 % у шапсугов. Общий предок современных черкесских носителей гаплогруппы J2 жил  $7100 \pm 950$  лет назад, что не противоречит гипотезе об урукских миграциях на Кавказ, у более поздних шапсугов общий предок гаплогруппы J2 жил  $2400 \pm 600$  лет назад. Показательно, что датировка у шапсугов по гаплогруппе J2 практически равна датировке по гаплогруппе G2a.

На третьем по численности месте у адыгэ находится гаплогруппа R1a, доля которой равна 14–21 % у кабардинцев, 15–20 % у черкесов, 11–14 % у адыгейцев и всего 4 % у шапсугов, но уже знаем, что при 87 % гаплогруппы G2a у шапсугов доли всех остальных гаплогрупп малы. Во всех случаях, когда определяли субклад у народов адыгэ, он был R1a-Z93. У шапсугов датировка общего предка гаплогруппы R1a равна  $2800 \pm 900$  лет назад, то есть такая же, какая и по гаплогруппам G2a и J2. Видимо, племя шапсугов действительно образовалось в I тыс. до н. э., то есть относительно недавно.

Мало содержание у всех и гаплогруппы R1b: 4–8 % — у кабардинцев, 4,5 % — у черкесов, от 3 до 8 % — у адыгейцев и практически полностью отсутствует у шапсугов.

Есть данные и по определению доли гаплогрупп у всех четырех народностей «в среднем», они в целом согласуются с теми, что приведены выше. Это 51 % для G2a, 17 % для J2, 17 % для R1a, 6 % для J1 и около 3 % для R1b.

Обычно считается, что адыгэ (включая кабардинцев и черкесов) — потомки майкопской культуры (5,7 тыс. — 5 тыс. лет назад по оценкам археологов). Если это и так, то только относительно небольшая часть адыгэ. Носителей гаплогруппы G2a, наиболее представленной у адыгэ, в майкопской культуре пока не отмечено, для гаплогруппы R1a-Z93 майкопская культура — слишком рано, эта гаплогруппа сама образовалась 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад, и до Кавказа ее носителям еще нужно было дойти. Гаплогруппа J2 — наиболее вероятная в майкопской культуре, но ее доля, как отмечалось выше, — 15–25 % у кабардинцев, черкесов и адыгейцев, у шапсугов и того меньше, примерно 6 %. Правда, есть ряд свидетельств, что корни майкопской культуры «растут в разные стороны», и это может означать, что она складывалась носителями разных гаплогрупп. Поскольку часть захоронений майкопской культуры показывают положение костяков на спине, это могли быть носители гаплогруппы R1b-Z2103, и время подходящее. Но доля этих носителей у адыгэ — от 3 до 9 %, тоже не так много. В общем, над этим надо работать ДНК-генеалогам совместно с археологами.

## 2. Абазины

Этот северокавказский народ, соседствуя с народами адыгэ, тоже имеет основную по числен-

ности гаплогруппу G2a (41 %), то есть примерно такую же, как и у народов адыгэ (38–54 %, за исключением шапсугов с их 87 % гаплогруппы G2a). Но если у адыгэ вторая по численности гаплогруппа — J2a (16–21 %), за которой идет R1a (11–21 %), то у абазин ситуация обратная — на втором месте по численности у них R1a (24 %) и на третьем — J2 (11 %). Остальные гаплогруппы у абазин минорные по численности — C (7 %), J1 (6 %), E1b (4,5 %), R1b и Q (по 3 %). Эта «чересполосица» гаплогрупп отражает историю присоединения носителей этих гаплогрупп к основному (в древности) племени, которое позже получило название абазин. Гаплогруппа J2 пришла, видимо, с юга, из Месопотамии, и охватила в основном восточный Кавказ. На западный Кавказ, к адыгэ и абазинам, прибыли уже меньшие по численности племена носителей J2. Они вошли в состав будущих абазин в меньшей степени. Напротив, носители гаплогруппы R1a (субклад этой гаплогруппы у абазин не определен, но явно будет R1a-Z93) прибыли к абазинам в большем количестве, чем к адыгэ, или больше выжили, мы пока не знаем. Так, мозаично, и складывались кавказские племена и народности.

## 3. Грузины (включая мегрелов и сванов), абхазы, осетины, лазы

Часто приходится слышать, в основном в политической сфере, что грузины, абхазы и осетины — это один народ. На самом деле, оставляя в стороне другие критерии для «народа», в отношении гаплогрупп все, что их объединяет, это некоторое численное преобладание гаплогруппы G2a над остальными гаплогруппами, но это «некоторое» варьируется в широких пределах и характеризует весь западный и центральный Кавказ. Только на восточном Кавказе на первое место часто выходит гаплогруппа J2. Так что родство между этими тремя народами, если оно существует, надо искать в чем-то другом.

Самая высокая доля гаплогруппы G2a — у осетин, у иронцев: 74 %, у дигорцев: 60 %. Есть выборка, в которой иронцев и дигорцев не разделяли, в ней доля гаплогруппы G2a была 56 %, что ниже, чем ожидалось из первых показателей. У абхазов 48 % гаплогруппы G2a, у грузин — 30–37 %, у мегрелов — 41 %. Как видим, здесь мегрелы не отличаются от остальных грузин.

На втором месте по численности у всех четырех народов гаплогруппа J2, ее доля у осетин в среднем 15 % (у иронцев — 18 %, у дигорцев — 12 %), у абхазов и грузин по 27 %, у мегрелов — 18 %. Остальных гаплогрупп по понятным причинам у иронцев почти нет (первые две гаплогруппы составили долю 92 %), и, действительно, их содержание минорное по численности: R1b — 3 %, J1 и Q — по 1 %. У дигорцев доля R1b составила 17 %, у грузин — 10 %, у абхазов — 3,5 %. Большинство этой гаплогруппы у всех представляет субклад ямной культуры R1b-Z2103. Хотя представления о том, что большинство будущих грузин гаплогруппы R1b перебрались в древности с берегов Волги, являются непривычными и неожиданными, тем не менее это так. У мегрелов гаплогруппы R1b в изучаемых выборках не выявлено, и это, пожалуй, единственное отличие от грузин и абхазов. В любом случае, эта гаплогруппа «дополнительная» и говорит только о том, что мигранты из ямной культуры прошли мимо будущих мегрелов.

Если мы перейдем к гаплогруппе J1, там разница у перечисленных народов опять значительная: у осетин-дигорцев — 4 % (у иронцев — 1 %), у абхазов — 2,5 %, у грузин, включая мегрелов, от 6 до 16 %. Иначе говоря, родовая структура у этих народов составлялась по-разному, за исключением того, что мегрелы опять практически неотличимы от грузин. Если мы обратимся к гаплогруппе R1a, то у осетин ее почти нет, у абхазов — 10 %, у грузин от 4 до 9 %, по разным выборкам, у мегрелов — 7 %, что опять неотлично от грузин. Почти все R1a представлены южноарийским субкладом R1a-Z93, кроме мегрелов, у которых это не установлено, потому что типирование было слишком поверхностным. Поскольку у других доля R1a мала, то вычислить, когда жил общий предок этого субклада у грузин и абхазов, пока не представляется возможным. У мегрелов есть еще некоторая доля гаплогрупп E1b (11 %), L (11 %) и Q (2 %), которые есть и у грузин — 2–4 %, 2–5 % и 1 % соответственно. Некоторые различия есть, но это «дополнительные» гаплогруппы, вариация в количестве которых — обычное дело.

О составе гаплогрупп у лазов, которых обычно относят к грузинам, хотя лазы большей частью и давно живут за пределами Грузии, данных очень мало, и они разделяются на

две группы — в первую, условно ведущую по численности, входят три гаплогруппы — G2a, J2a и L, на каждую приходится по три четверти от всех гаплогрупп. Остальные гаплогруппы — минорные по численности: J1, E1b, R1b и I2a-M223, их доли в общем составе гаплогрупп составляют от 4 до 8 %.

Сваны являются частью грузин, хотя они говорят на своем, сванском языке, и в ранних переписях населения (в первой половине XX в.) они проходили отдельной народностью. Грузины и сваны против такого разделения резко возражают, считая это частью бывшей имперской политики. По составу гаплогрупп сваны частью похожи на остальных грузин, частью отличаются. Похожи в том, что, как и у остальных грузин, у сванов основной по численности гаплогруппой является G2a, но относительные количества ее существенно различаются — у грузин этой гаплогруппы 30–37 %, у сванов намного больше, 73–77 %, примерно как у осетин. Разумеется, количество гаплогруппы у субэтноса не является самодостаточной характеристикой, ее высокая доля означает только то, что в данный субэтнос по определенным причинам не вливались «дополнительные» гаплогруппы — например, в труднодоступных горных местностях. Этногенез определяется не абсолютной долей численно преобладающей гаплогруппы, а спектром всех основных гаплогрупп в контексте исторического формирования этноса.

Второй по численности гаплогруппой у сванов является J2 (7–10 %), почти как и у осетин (15 %), в то время как у остальных грузин ее 27 %. Это различие между составом J2 у сванов и у остальных грузин легко объяснить тем, что при 73–77 % гаплогруппы G2a у сванов они физически не могли принять много другой гаплогруппы, включая J2. По этой же причине остальных гаплогрупп у сванов мало — R1a-Z93 (8–11 %), хотя последней столько же и у остальных грузин (4–9 %). Доля гаплогруппы R1b у грузин (10 %) больше, чем у субэтноса сванов (1,5 %), видимо, по той же причине. Остальные гаплогруппы у сванов — минорные по численности, не превышая 1–5 % (I2a, L1b, Q1a, N).

Таким образом, сваны, как и остальные грузины, показывают довольно типичный набор гаплогрупп для Кавказа — преобладание гаплогруппы



G2a, далее идут гаплогруппы J2a и R1a, причем все последние — субклада Z93. Остальные — относительно минорные по численности гаплогруппы.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА R1b-Z2103

Это — крайне редкая, если не единственная ситуация с народностями в мире. В Западной и Центральной Европе обычно наблюдается преобладание гаплогруппы R1b, но снипов P312 или U106, с нисходящими снипами. Субклада ямной культуры Z2103 в Европе почти нет, а если есть — это, как правило, поздние переселенцы. Этот субклад представлен только в России и на Украине (но в количествах 5–6 %), на Кавказе и в Турции, то есть по маршруту миграций его носителей из ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад).

### 1. Армяне

В отношении происхождения армянского народа существует множество противоречивых теорий и концепций, базирующихся на мнениях специалистов, которые в свою очередь основываются на интерпретациях археологических материалов, легенд, мифов и сказаний, свидетельств античных и средневековых историков и так далее. Одни современные авторы делают пространные компиляции, придерживаясь «нейтральности», другие выхватывают интерпретации по вкусу, третьи занимаются откровенным фантазированием. Именно потому в настоящей книге мы не занимаемся переписыванием разнообразных версий и не делаем их «обобщения». Мы исповедуем важнейший научный принцип, в особенности относящийся к исследованиям на стыке наук — наши выводы базируются на результатах ДНК-генеалогии, а не навешены данными и интерпретациями смежных наук. Здесь читатель не найдет мнений о том, откуда произошло название «армяне», не будет пересказов историй о «мушках», о хурритах, хеттах, государстве Урарту. Пусть этим занимаются историки, лингвисты, этнографы, антропологи, археологи. Мы даем им исходный, объективный материал, основанный на мутациях в ДНК. И это позволяет найти то, что никто никогда не упоминал в своих мнениях и интерпретациях —

например, что четверть современных армянских мужчин являются прямыми потомками ямной археологической культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), которая располагалась, в частности, в приволжских степях. Где, в каких описаниях происхождения армян было то, что предки четверти их современных мужчин пришли с севера? Предки еще четверти пришли с юга, из Закавказья, видимо, с так называемыми урукскими миграциями примерно 7 тыс. лет назад. Так что Урарту как союз племен (с 3,3 тыс. лет назад) или как государство (2,8 тыс. — 2,6 тыс. лет назад) было значительно позже, да и вообще, по мнению (опять мнению) многих специалистов, армянское происхождение урартов весьма сомнительно. Так что об этом не будем.

Итак, одним из немногих народов, у которых преобладает гаплогруппа ямной культуры R1b-Z2103, являются армяне, доля этого субклада у которых 25–30 %. На втором месте у них гаплогруппа J2 (22 %, из которых 92 % приходится на J2a и остальные 8 % — на J2b). На третьем месте — гаплогруппа G2 (12–13 %, из которых 87 % приходится на G2a, остальные — набор других субкладов: G1a, G1b, G2b), вместе с гаплогруппой J1 (11–12 %). Последняя по составу линий принципиально отличается от таковых у евреев, у которых J1 тоже выражена. Дело в том, что еще до образования евреев эти линии у будущих евреев и будущих армян разошлись. Это детально описано в последней части настоящей книги, в разделах «Армяне» и «Евреи». Вообще линии гаплогруппы J1 на Кавказе, за исключением горских евреев, так же расходятся с линиями евреев.

Остальные гаплогруппы у армян являются по численности минорными, как гаплогруппы E1b (6–8 %) и R1a (3–5 %).

Автор этой книги многократно получал вопросы от читателей и слушателей, не связаны ли друг с другом гаплотипы армян и басков. Вокруг басков наложено немало легенд, и одна из них что якобы баски — потомки армян или наоборот. Это, конечно, не так. Большинство армян гаплогруппы R1b имеют субклад ямной культуры — Z2103. До басков этот субклад не дошел, там преобладает «параллельная» линия субклада P312, и предки обоих субкладов имели гаплогруппу R1b-M269-L23, которая образовалась 44 снип-мутации, или примерно  $6300 \pm 700$  лет, назад



(пояснения к расчетам даны в заключительной части книги). Таким образом, к армянам и баскам вели разные ДНК-генеалогические пути — к армянам гаплогруппы R1b через ямную археологическую культуру (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) и снипы L23-Z2103, к баскам — через снипы L23-L51-P312. Их гаплотипы имеют характерные различия (рассматриваются в заключительной части книги), и разница в мутациях между ними разводит предковые гаплотипы обоих на 3,2 тыс. лет, и их общий предок, армян гаплогруппы R1b и басков гаплогруппы R1b, жил примерно 5,8 тыс. лет назад.

Это в пределах погрешности согласуется с временем образования их родительского снипа L23. Иначе говоря, баски и армяне гаплогруппы R1b связаны друг с другом только через их общего предка, от которого разошлись соответствующие ДНК-генеалогические линии.

С другой стороны, гаплотипы группы R1b у армян близки к таковым у ассирийцев, поскольку и те и другие вышли из ямной культуры, их носители перешли через Кавказ, и остались как часть будущих армян в Закавказье, и прошли дальше, образовав историческую Ассирию в регионе Урмия на западе будущего Ирана и в горном регионе Хаккари, который простирается на северо-восток Турции, северо-восток Сирии и север Ирака.

Очередная легенда среди многих легенд о происхождении армян — что армяне якобы происходят от древних греков или наоборот. Сопоставление показателей ДНК-генеалогии у тех и других показывает, что никаких оснований для такой легенды нет. Ведущая в численном отношении гаплогруппа R1b у армян имеет совершенно другой состав субкладов, нежели у греков. У армян основной субклад в гаплогруппе R1b — Z2103, на который приходится 92 % от всей гаплогруппы. У греков такой субклад численно невелик. У тех и других есть небольшая примесь «европейского» субклада R1b-P312, древней культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад), но примесь малая, и никто не знает, когда носители этого субклада попали в Грецию и Армению, возможно, и относительно недавно. Но в любом случае он не является определяющим ни у греков, ни у армян.

Гаплогруппа J2 является одной из численно лидирующих у греков и армян, но она не является

специфической, и распространена по всей Европе и Азии, от Атлантического до Тихого океана. Скорее всего, эта гаплогруппа прибыла на Кавказ и в Грецию из Малой Азии и стран Ближнего Востока. Гаплогруппа E1b имеет характерный для Греции субклад V13, в Армении его нет.

Очередная легенда гласит о том, что предком фараона Тутанхамона в Египте (годы правления, оценочно, 3332–3323 года назад) был один из предков современных армян, или если не армян, то современных кавказцев. К этому нет никаких оснований, если исходить из гаплотипа Тутанхамона, который был, по сообщению швейцарской кампании iGenea, отнесен к гаплогруппе R1b и имел гаплотип, который довольно далеко удален по мутациям от базового гаплотипа армян или других жителей Кавказа и Закавказья, что эквивалентно наличию их общего предка примерно 7215 лет назад. Это подробно показано в заключительной главе настоящей книги. Если гаплотип Тутанхамона подтвердят независимо, то это мог быть некий архаичный субклад, например, R1b-L754, R1b-V88 (= V2219) или подобный. Определенно, это не субклад, наблюдаемый у армян или других кавказцев и закавказцев. Наконец, на Кавказе и у армян (в Закавказье) почти все гаплотипы относятся к снипу ямной культуры R1b-Z2103, которые до Египта не дошли, во всяком случае, таких данных нет. К тому же гаплотип предполагаемого Тутанхамона имеет первый маркер 13, а субклад Z2103 обычно имеет на этом месте маркер 12.

## 2. Ногайцы

Ногайцы попали в одну группу с армянами только потому, что у них основной (что проблематично) гаплогруппой тоже является R1b-Z2103, и то с большим разбросом (от 5 до 18 % по разным выборкам), к тому же и это под вопросом, потому что доля гаплогруппы R1a у них составляет от 9 до 28 %. Проблема в том, что по ногайцам имеется мало данных и они противоречивы. Гаплогруппы J1 и J2 попадают в ту же количественную категорию, их доля равна от 6 до 17 %, туда же можно отнести и гаплогруппу G2a (от 8 до 14 %), как и гаплогруппу I (от 6 до 10 %), гаплогруппу C (от 8 до 15 %), гаплогруппу R1b (25 %), гаплогруппу N (от 5 до 15 %). Вывод прост — ногайцы или чрезвычайно неоднородны по своим

гаплогруппам, или работа исследователей, популяционных генетиков, была проведена из рук вон плохо.

### 3. Ассирийцы

Историческая Ассирия располагалась в регионе Урмия в Иране и в горном регионе Хаккари, который простирается на северо-восток Турции, северо-восток Сирии и север Ирака. Современные ассирийцы, которые живут и в России (см. последнюю часть настоящей книги), имеют основной в количественном отношении субклад ямной культуры R1b-Z2103 и некоторое количество западноевропейского субклада R1b-P312, оба субклада R1b суммарно 27–30 % от всех гаплогрупп. Общий предок ассирийского субклада Z2103 жил  $5600 \pm 780$  лет назад, то есть действительно во времена ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), а общий предок субклада P312 жил всего  $1175 \pm 250$  лет назад. Если провести анализ гаплотипов гаплогруппы R1b-Z2103 отдельно для Северного Ирака, то их общий предок жил примерно 4,2 тыс. лет назад.

Такие высокие относительные количества носителей гаплогруппы R1b и, в частности, субклада R1b-Z2103 необычны для Передней Азии и Ближнего Востока. Они наблюдаются только на Кавказе и в Турции.

Последующие несколько мест в отношении доли гаплогрупп у ассирийцев занимают сразу три гаплогруппы, между которыми трудно установить их порядок по численности. Это гаплогруппы J1 (12–20 %), J2a (11–24 %) и T (15–17 %). Замыкает эту группу гаплогруппа R1a (5–10 %), после которой идут минорные по численности гаплогруппы — E1b, G, L, I1, обычно ниже 4–6 % от состава гаплогрупп.

### 4. Багуалы

Багуалы — субэтнос аварцев, небольшое количество их проживает в Дагестане. Их состав по гаплогруппам уникален тем, что две трети их составляет R1b (68 %) и «добавленными» гаплогруппами являются J1 (21 %), I1 (7 %) и R1a (4 %). Это наводит на мысль, что багуалы могут быть потомками древних ассирийцев и, возможно, до того шумеров. Быть может, не потомками, а древней ветвью, которая осталась в горах Даге-

стана 6 тыс. — 5,5 тыс. лет назад, тогда как остальные ушли в Междуречье и основали Шумерское царство. Это предположение подкрепляется тем, что другой дагестанский народ, лаки (лакцы), сохранил древний язык шумеров или аккадцев, о чем сообщается в разделе о лаках. У них тоже выражена гаплогруппа R1b, правда, при очень незначительном числе обследованных лакцев.

Багуалы помещены в данный раздел условно, поскольку мы не знаем, какому субкладу соответствует их основная по численности гаплогруппа R1b. Но это определено не может быть «западноевропейский» субклад P312, который описан в следующем разделе. Если же у багуалов основной субклад M73, тогда гипотеза о родовой связи с шумерами, конечно, отпадает, поскольку этого субклада на Ближнем Востоке не обнаружено. Субклад M73 по происхождению сибирский, и дальше Кавказа (в небольших количествах, со скифами) он не прошел.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА R1B-P312

Это — западноевропейская гаплогруппа, принесенная в континентальную Европу носителями археологической культуры колоколовидных кубков, самые ранние материальные признаки которой были найдены на Пиренейском полуострове с датировкой 4,8 тыс. лет назад. На Пиренеи носители этой гаплогруппы прибыли как потомки цепочки субкладов R1b-L23 > L51 > P310 > L151 > (P312 + U106), в которой первый по порядку сноп (L23) являлся родительским по отношению к двум снопам — Z2103 и L51. Первый, Z2103, был снопом ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), второй, L51, ушел от родительского снопа L23 в сторону, в ямной культуре не обнаружен и, видимо, через Малую Азию, далее по островам Средиземного моря и, видимо, по Северной Африке добрался до Пиренейского полуострова примерно 5 тыс. лет назад. Оттуда образовавшиеся на Пиренеях или чуть раньше снопы P312 и U106 были унесены своими носителями в континентальную Европу, но разными миграционными путями, и в результате заселения ими Европы погибло почти все население континента, как коренное, так и прибывшие до эрбинов (носителей гаплогруппы R1b). В итоге все запад-

ноевропейские страны в настоящее время имеют в среднем 60 % гаплогруппы R1b среди мужской части населения.

На запад миграции из ямной культуры заметной не продвигались, хотя на соответствующей ложной посылке построена известная «курганная гипотеза», выдвинутая литовско-американским археологом М. Гимбутас несколько десятков лет назад. Согласно этой гипотезе, насельники ямной культуры, которых М. Гимбутас называла «индоевропейцами», ворвались конными ордами с востока в Центральную Европу, уничтожили коренных европейцев и принесли с собой в Европу индоевропейский язык.

Ни одно из этих положений не выдержало проверки временем и наукой. Во-первых, ямники, носители гаплогруппы R1b-Z2103 (в первую очередь), не были «индоевропейцами», во-вторых, они в Европу не переходили и субклад Z2103 в Европе почти отсутствует, как показано в последующих частях этой книги (его носители, как и носители нижестоящих субкладов, в основном евреи, с датировкой общего предка примерно 1 тыс. лет назад, что на 3,5 тыс. — 4,5 тыс. лет позже ямной культуры). За вычетом евреев носителей субклада Z2103 в Европе почти нет, а у тех немногих, кто есть, датировка общего предка намного превышает датировку ямной культуры. Иначе говоря, это поздние визитеры в Европу.

## 1. Французы

У французов — типичный состав гаплогрупп для Западной и Центральной Европы — на первом месте по численности стоит гаплогруппа R1b (59 %), причем более трех четвертей в ее составе приходится на субклад P312, менее одной десятой — на субклад U106 и еще меньше — на субклад ямной культуры Z2103. Уже это показывает, что «курганная теория» М. Гимбутас, согласно которой ямники ворвались в Европу с востока и уничтожили коренное население, принеся оставшимся индоевропейский язык, не верна ни в одном положении. На самом деле не потомки ямников (Z2103), а потомки субклада P312 преобладают в Европе. Ямники не говорили на индоевропейских языках. Коренное население Европы уничтожили не «индоевропейцы» (гаплогруппы R1a), а насельники культуры колоколовидных кубков (гаплогруппы R1b).

На втором месте у французов по численности стоит гаплогруппа I1 (8,5 %), которая, впрочем, близка к численности гаплогрупп E1b (7,5 %) и I2a (6,5 %). Носители всех этих трех гаплогрупп были почти полностью уничтожены эрбинами, прошли «бутылочные горлышки» выживания и опять прибыли в Европу, оказавшись «дополнительными» гаплогруппами у французов, по сути в численно минорном варианте. Интересно, что в гаплогруппе I2a во Франции практически нет представителей южнославянской ветви I2a-Y3120 (на самом деле не «практически», а просто не найдены), и 60 % состава всей гаплогруппы представлены западноевропейской ветвью I2a-M223, которая в основном выжила на Британских островах при «гибели Старой Европы» (термин М. Гимбутас) в середине III тыс. до н. э.

## 2. Итальянцы, сицилийцы

Как в Италии в целом, так и на Сицилии самая частая гаплогруппа — R1b, как и во Франции, причем это на 70–80 % субклад/сний R1b-P312, прямые потомки археологической культуры колоколовидных кубков. Носителей «северного» субклада U106 в Италии, как и во Франции, в 15–20 раз меньше. Он с наибольшей частотой встречается в Германии. Доля носителей археологической ямной культуры в Италии составляет 8 % от общего числа снийов гаплогруппы R1b (во Франции была та же величина, 8 %, но по списку YFull, а в Италии по списку YFull — 16 %), что никак не согласуется с «курганной теорией» М. Гимбутас, что якобы насельники ямной культуры ворвались с востока в Европу, уничтожили коренное население и принесли индоевропейские языки. Если бы было так, то основным субкладом в Европе должен был быть Z2103 и его нисходящие субклады.

Данные показывают, что состав гаплогрупп в Сицилии принципиально не отличается от состава гаплогрупп в Италии в целом. На острове несколько меньше доля R1b, но она остается преобладающей по сравнению с другими гаплогруппами. В Сицилии несколько выше доля E1b и J2, но остальные гаплогруппы примерно занимают сходную долю в Сицилии и Италии в целом.

Последующие по численности места (второе и третье) в Италии в целом и в Сицилии занимают гаплогруппы J2 и E1b, доля которых примерно

одинакова (16–23 % и 14–21 % соответственно, затем следуют гаплогруппы G2a (9 % в обоих случаях) и I2 (3–6 %), далее минорные по численности R1a, J1 и I1, далее гаплогруппа T и затем совсем минорные по численности гаплогруппы Q, H, C, L, R2, F.

Следует обратить внимание на малое содержание гаплогруппы R1a в Италии (3–4 %), но при этом половина итальянских R1a приходится на субклад Z280, это практически всегда сніпы северных, карпатских ветвей. Треть гаплогруппы R1a в Италии составляет южноарийский субклад Z93, и остальные 20 % — центральноевропейский субклад M458. Это распределение на первый взгляд озадачивает, но если вспомнить калейдоскоп племен в Римской империи, включая варваров с севера и востока, в числе которых были скифы с их гаплогруппой Z93, то загадка решается довольно просто. Можно привести данные по южным славянам — сербам, хорватам, боснийцам, у которых гаплогруппа R1a тоже состояла из карпатских ветвей, а это в значительной степени Адриатика. Можно вспомнить перевод «Повести временных лет» В. Н. Татищева, в котором летописец писал о том, что древние славяне жили в Пафлагонии, а это север Малой Азии, рядом Лидия и Троя, и античных историков, которые писали о высылке троянцев после падения Трои на Апеннины, отсюда на север Адриатики, на территории Фракии и Иллирии, и станет понятнее, откуда в Италии могли оказаться карпатские ветви гаплогруппы R1a.

### 3. Испанцы, баски, галицийцы, каталонцы

Среди испанцев с большим отрывом преобладает гаплогруппа R1b, в количестве 60–70 % от всех по разным выборкам, среди басков это количество возрастает до 85 %. Меньше всего этой гаплогруппы у галицийцев (57 %). При этом преобладающие сніпы в Испании — R1b-P312 и нижестоящие сніпы, это — сніп археологической культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 3,8 тыс. лет назад). Сніпов ямной культуры (Z2103 и нижестоящих) у испанцев почти нет (от 0,9 до 2,7 % по разным выборкам). Интересно, что сніпов группы R1b-U106 в Испании всего относительно малая доля (7 % среди всех R1b)

по сравнению с R1b-P312 (90 %), возможно, сніп U106 образовался уже за пределами Пиренейского полуострова, в ходе продвижения эрбинов к северу Европы.

Разумеется, у басков с их 85 % гаплогруппы R1b уже нет места для других, «добавленных» гаплогрупп, которых значительно меньше, чем у других субэтнотипов испанцев.

Вслед за R1b по численности идет гаплогруппа J2 (8–11 %, у басков — 2,5 %), наряду с гаплогруппой E1b (7–12 %, у басков — 2,5 %). Это — средиземноморские и ближневосточные гаплогруппы. За ними опять со значительным сбросом следует гаплогруппа G2a, в количестве 3–4 % (у басков — 1,5 %), что определяет ее в состав минорных (по численности) гаплогрупп. Это — одна из древнейших европейских гаплогрупп, наряду с гаплогруппами I (I1 и I2), которые были практически уничтожены в Европе в середине III тыс. до н. э. и позднее и бежали на периферии Европы. Часть из них вернулись позже в Европу, но так и остались в Испании минорными.

Гаплогруппы R1a в Испании почти нет (1–2 %), и все ее гаплотипы относятся к южноарийской ветви, R1a-Z93 и нижестоящим субкладам.

Остальные гаплогруппы в Испании — минорные по численности (0–0,5 %), как J1 и T, которые для Испании нехарактерны, как и еще менее распространенные Q, L, C, F, O, N, K, детектируемые на уровне следовых количеств.

### 4. Британцы (англичане, ирландцы, шотландцы, уэльсцы)

На Британских островах с большим отрывом доминирует гаплогруппа R1b (70–80 % от всех), причем в ее составе преобладает субклад P312 — 65–78 % у англичан, 85 % у шотландцев, 93–94 % у ирландцев и уэльсцев по сравнению с другими ветвями гаплогруппы R1b. Важно отметить, что это не автохтонная, не коренная гаплогруппа на Британских островах, она прибыла туда с носителями культуры колоколовидных кубков в ходе заселения ими Европы, начиная с середины III тыс. до н. э. Показательно, что субклада U106, который образовался, как и P312, около 5 тыс. лет назад, то есть в начале III тыс. до н. э., на Островах относительно мало, 21–32 % — у англичан,



14 % — у шотландцев, 6 % — у ирландцев и уэльсцев. Вместо Островов, носители субклада U106 устремились на север Европы. Возможно, они вообще не относились к культуре колоколовидных кубков.

Еще исторически важная особенность гаплогруппы R1b на Островах состоит в том, что там почти нет субклада ямной культуры, Z2103 — вообще нет в Уэльсе по данным выборкам, всего один образец из 373 (0,3 %) в Шотландии, 0,6–3 % — в Англии, пять образцов из 466 (1,1 %) в Ирландии. Это, конечно, никак не согласуется с «курганной теорией» М. Гимбутас, согласно которой ямники завоевали Европу мощным конным броском с востока, уничтожили коренное население и остальным передали индоевропейские языки, на которых якобы говорили в ямной культуре. На самом деле, судя по многочисленным данным, коренное население в значительной степени уничтожили пришельцы с Пиренейского полуострова, носители в основном гаплогруппы R1b-P312, они же насельники культуры колоколовидных кубков.

Поскольку основная доля гаплогрупп на Островах относится к R1b, остальные по определению занимают умеренную или малую долю. К умеренной доле относятся носители гаплогруппы I1, от 6 % (ирландцы) до 14 % (англичане), в тот же диапазон попадают шотландцы и уэльсцы (9–12 %). Это — коренная европейская гаплогруппа, которая нашла убежище на Островах и относительно выжила. Возможно, это по происхождению пикты или другие автохтонные жители Островов.

Гаплогруппа I2 — тоже коренная гаплогруппа Европы, которую постигла та же печальная судьба подвергнувшихся геноциду на континенте. Доля этой гаплогруппы на Британских островах составляет всего от 4 до 7 %, хотя общий ее предок на Островах, в основном субклада M223, жил около 5 тыс. лет назад, а на Балканах, в основном субклада Y3120 южнославянской ветви, жил примерно 2,2 тыс. лет назад. Но южнославянской ветви на Британских островах вообще нет, даже по выборкам из тысяч гаплотипов, а доля западноевропейского субклада M223, напротив, составляет от 51–62 % (у англичан, ирландцев и уэльсцев) до 67 % (у шотландцев), что в целом

близко друг к другу. Это — коренная европейская ветвь, носители которой бежали на Острова в ходе геноцида.

Все остальные гаплогруппы на Островах минорные по численности. Это — гаплогруппа R1a (1–4,5 %) за исключением 9 % в Шотландии, где почти вся гаплогруппа состоит из скандинавского субклада Z284, маркера вторжений викингов в VIII–XI вв. н. э. и несколько позже. Еще необычный для восточной Европы субклад, который выражен только в северо-западной Европе (Скандинавия, Голландия), — R1a-L664, который присутствует на Островах в количествах от 24 до 40 % гаплогруппы R1a, кроме Шотландии, где по всем выборкам он вообще не найден.

Остальные — минорные по численности гаплогруппы: E1b (от 1,5 до 4 %), J2 (от 0,5 до 3,5 %), G2a (0,5–2,5 %), T (от 0 до 1 %). Гаплогруппа J1 на Островах в выборках не найдена, но надо помнить, что выборки охватывают, как правило, не недавних переселенцев, а тех, чьи предки жили на Островах сотни лет назад.

Околонаучная литература изобилует представлениями, что Британия основана русскими (или их предками), и вариантами этих представлений. Как мы видим, гаплогруппа R1a на Островах представлена в основном субкладами L664 (северо-западноевропейский) и Z284 (скандинавский), которых в современной России нет и в ископаемых ДНК на Русской равнине также не обнаружены.

В Англии есть еще южноарийский субклад Z93, между 6 и 21 % от всех R1a, в Шотландии — 5 %, в Ирландии и в Уэльсе его нет. Такой разницей позволяет предположить, что Z93 образовался не на Островах, поскольку за 4750 лет (время образования Z93) он бы разошелся по Островам достаточно равномерно. Этот субклад скорее отражает приход в Британию скифов, в относительно недавние времена.

Славянских (по сути) субкладов Z280 и M458 на Островах очень мало: в Англии 9 % и 10 % по разным выборкам, в Шотландии — 3,4 %, в Ирландии и Уэльсе их нет вообще. Опять-таки, это скорее относительно недавние «визитеры», если не будут найдены древние (ископаемые) гаплогруппы R1a-Z280 или R1a-M458 на Островах.



## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА J1

### 1. Аварцы (чамалинцы, дидойцы [цезы], бежтинцы, гинухцы, гунзибцы, андийцы)

В группе «аварцы» в результатах Всероссийской переписи населения (2010 г.) числятся 14 субэтносов, но по восьми из них данных по ДНК-генеалогии в литературе и базах данных не обнаружено. Тем не менее все они перечислены в последней части настоящей книги. У остальных шести (указанных в названии этого раздела), а также у усредненных аварцев, по которым данные есть, родовая картина в целом практически одинаковая — у всех преобладает гаплогруппа J1, далее идут гаплогруппы R1b или G2a, остальные гаплогруппы по численности минорные. Такая структура родов-гаплогрупп характерна для Восточного Кавказа, в частности, для Дагестана, в котором в основном (на 93 %) проживают аварцы. Единственное исключение из этого ряда — андийцы, у которых была определена значительно меньшая доля гаплогруппы J1 (хотя она остается численно преобладающей: 37 % от всех), а на втором месте оказалась совершенно необычная для аварцев, и для кавказцев вообще, гаплогруппа I1 (26 %) с последующей (обычной для восточного Кавказа) гаплогруппой J2 (18 %), и затем обычный же сброс к минорным по численности гаплогруппам G2a и R1b (по 6 % каждая) и далее к совсем минорным R1a и E1b (по 2 %). Правда, эти данные описаны в давней кандидатской диссертации 2006 г. и ошибка с гаплогруппой I1 не исключена и даже вполне вероятна, поскольку с тех пор гаплогруппу I1 на Кавказе практически не находили.

Доля гаплогруппы J1 для перечисленных остальных субэтносов аварцев составляет от 56 до 67 %, а у дидойцев, бежтинцев, гинухцев и гунзибцев она равна 98–100 %. Это опять линии гаплогруппы, не имеющие отношения к евреям. Как мы уже отмечали ранее, эта гаплогруппа пришла на Кавказ или из Месопотамии и Ближнего Востока, или автохтонная, коренная на Кавказе. В пользу того, что эта гаплогруппа прибыла с Ближнего Востока, свидетельствует то, что, например, язык у лакцев в Дагестане сильно перекликается с древними аккадскими языками. Это было подробно описано, с многочисленными примерами

слов из современных дагестанских языков (в особенности лакского) в статьях Р. А. Омариевой (Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 4, № 8, 9, 11 [2011], т. 5, № 3 [2012]).

На втором месте находятся гаплогруппы R1b и G2a, которые у указанных субэтносов варьируются в широком диапазоне, возможно, из-за малой статистики, а у дидойцев, бежтинцев, гинухцев и гунзибцев по понятным причинам других гаплогрупп, кроме J1, нет. Гаплогруппа R1b у других аварцев варьируется от 2 до 15 % (почти нет у чамалинцев), это субклад R1b-Z2103, как обычно у кавказцев, G2a — от 0 до 11 %, у чамалинцев — 19 %. После этого идут минорные по численности гаплогруппы — L (3–10 %), J2 (4–6 %), R1a (2–7 %).

Из этого рассмотрения можно заключить, что гаплогруппа J1 у аварцев является «коренной» и со временем произошли присоединения к аварским племенам носителей других гаплогрупп. Общий предок аварской гаплогруппы J1 жил  $4300 \pm 490$  лет назад, после того как к ним присоединились носители R1b-Z2103, выходцы из ямной культуры (сама культура датируется археологами 5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад); в те же времена, около 4 тыс. лет назад, на Кавказ подошли носители гаплогруппы G2a, бежавшие из Европы, в которой 4,8 тыс. — 4,5 тыс. лет назад начался геноцид коренного европейского населения, в том числе носителей гаплогруппы G2a. Они и составили племена будущих аварцев. Группа цезов (бидойцы, бежтинцы, гинухцы, гунзибцы), которые имеют только гаплогруппу J1 (98–100 %), или не смешивались с пришельцами, или отделились от остальных аварских племен почти однородным составом и поддерживают его до настоящего времени.

### 2. Даргинцы (кайтагцы, кубачинцы)

Даргинцы по происхождению сходны с другим дагестанским народом — аварцами. Так же как у аварцев, преобладающая гаплогруппа у даргинцев — J1, доля которой составляет у даргинцев в целом от 70 до 91 %, у их субэтноса кайтагцев — 85 %, у другого субэтноса, кубачинцев — 98,5 %. Понятно, что при столь высокой доле гаплогруппы J1, все остальные гаплогруппы отражают «вливание» других гаплогрупп в основной род

и не являются действительно показательными. У даргинцев в целом «дополнительной» по численности гаплогруппой является R1a, которой по разным выборкам от 9 до 22 %, хотя по старым данным ее просто нет, остальные гаплогруппы являются по численности минорными, на уровне 1–3 %. У кайтагцев «дополнительными» гаплогруппами являются R1a (3 %), R1b (6 %), J2 (3 %), у кубачинцев других гаплогрупп практически нет. О том, что происхождение гаплогруппы J1 у даргинцев и аварцев практически одинаково, говорит и почти полная идентичность их базовых (предковых) гаплотипов, общие предки которых жили  $5200 \pm 570$  лет назад у даргинцев и  $4300 \pm 490$  лет назад у аварцев, то есть пересекаются в пределах погрешности расчетов. У кубачинцев гаплогруппы J1 общий предок жил  $4700 \pm 530$  лет назад, хотя их ветвь данной гаплогруппы неоднородная и расчеты датировки общего предка могут быть смещены.

Датировка общих предков гаплогруппы R1a у даргинцев показывает несколько ветвей, общий предок которых жил  $3000 \pm 435$  и  $2000 \pm 350$  лет назад, что больше соответствует скифским временам. У кайтагцев ветвь гаплогруппы R1a неоднородная и показывает общую датировку  $4350 \pm 560$  лет назад, что согласуется с временами миграции через Кавказ древних ариев, на пути в Месопотамию и Ближний Восток. Например, появление митаннийских ариев в Сирии датируется историками около 4 тыс. лет назад.

Полученные в этой книге данные позволяют очень коротко остановиться на «автохтонной» и «миграционной» гипотезе происхождения даргинцев. Под автохтонной гипотезой имеется в виду *«длительное автохтонное развитие — изоляция в условиях труднодоступного высокогорья»*, как сообщают справочники в отношении даргинцев, которое *«подтверждает анализ палеоантропологических находок, сделанных в этих районах»*, и что это население *«сложилось на той же территории, которую она занимает и в настоящее время, в результате консервации антропологических особенностей древнейшего населения, восходящего, возможно, к эпохе неолита или верхнего палеолита и относившегося к палеоевропейскому типу европеоидной расы»*. «Миграционная гипотеза» довольно очевидна и не нуждается в особом пояснении, хотя оба эти понятия без конкретных да-

тировок приобретают некий философский смысл и, конечно, «морально устарели».

Поскольку почти все даргинцы относятся к гаплогруппам J1 и R1a, то несложно применить понятия «автохтонные» и «миграционные» к полученным здесь результатам. Носители гаплогруппы J1 живут на территории, занимаемой даргинцами, несколько тысяч лет, представляют несколько наследственных «кланов», общий предок которых жил примерно 5,2 тыс. лет назад. Это как — «автохтонный» общий предок или «миграционный»? Поскольку гаплотипы этой гаплогруппы у даргинцев сходны с жителями Ближнего Востока и прилегающих регионов, можно с хорошим основанием полагать, что предки даргинцев прибыли несколько тысяч лет назад из Закавказья или с Ближнего Востока. Возможно, это были те же урукские миграции, которые не раз упоминаются в этой книге. Гаплогруппа R1a-Z93 прибыла с севера, по пути через Кавказ в Месопотамию и на Ближний Восток, но гаплотипы даргинцев больше соответствуют их ДНК-генеалогическим потомкам — сарматам, которые прибывали на Кавказ уже в нашей эре. Гаплогруппа R1b-M269-Z2103, которая представлена у даргинцев незначительно, прибыла на Кавказ из ямной культуры несколько тысяч лет назад, также на пути через Кавказ в Месопотамию. В этом отношении даргинцы — результат миграционных процессов. Но поскольку понятие «автохтонные» не ставит временные рамки, то оно является больше «философским», чем естественнонаучным. Если несколько тысяч лет назад — это «автохтонные» обитатели, то так тому и быть. Seriously обсуждать это, видимо, не очень разумно. Для серьезного обсуждения нужны дополнительные критерии.

### 3. Лезгины и табасараны

У лезгин, как и у аварцев и даргинцев, тоже дагестанских (в основном) народов, преобладает гаплогруппа J1 (44–58 % по разным выборкам). Более того, общие предки этой гаплогруппы у лезгин, аварцев и даргинцев по всем признакам были одни и те же, с датировками — у лезгин  $4560 \pm 560$  лет назад, у аварцев  $4300 \pm 490$  лет назад, у даргинцев  $5200 \pm 570$  лет назад, но все это в пределах расчетных погрешностей. Предковые

гаплотипы у них тоже сходны друг с другом, и небольшая разница по мутациям в гаплотипах показывает, что их общий предок в гаплогруппе J1 жил между 5,1 тыс. и 5,8 тыс. лет назад.

Разница между этими народностями в отношении состава гаплогрупп лишь в «дополнительных» гаплогруппах, которые «присоединялись» своими представителями в ходе исторического развития основных племен. Так, у даргинцев «дополнительной» по численности была гаплогруппа R1a, а у лезгин — гаплогруппа R1b, доля которой у лезгин составляет 22–30 %, еще одна выборка дала 16 %. Эта гаплогруппа (R1b-L23-Z2103) в виде потомков ямной культуры с севера пришла к лезгинам относительно недавно, общий предок их жил всего  $1400 \pm 250$  лет назад.

Еще одна «дополнительная» гаплогруппа у лезгин — G2a, обычная кавказская гаплогруппа, доля ее у лезгин составляет 14–18 %, еще одна выборка показала 10 %. Но это обычная гаплогруппа распространена на западном и центральном Кавказе, и она подошла к лезгинам на восточный Кавказ, в Дагестан, заметно позже, чем датировки ее предков на западе. У лезгин общий предок гаплогруппы G2a жил 2,7 тыс. лет назад по одним расчетам и  $2300 \pm 450$  лет назад по другим расчетам (по разным ветвям этой гаплогруппы на древе гаплотипов).

Табасараны — тоже дагестанская народность, с преобладанием гаплогруппы J1 (49 %), то есть того же уровня, что у лезгин (44–58 %). А на втором месте, как и у лезгин, находится гаплогруппа R1b (40 %), несколько выше, чем у лезгин (22–30 %). Но для «дополнительных» гаплогрупп это обычное дело. Остальные гаплогруппы у табасаран — минорные по численности: C (7 %), J2 и R1a (по 2 %).

#### 4. Лакцы (лаки, леки)

Лакцы — дагестанская народность, поэтому можно ожидать, что у них преобладающей гаплогруппой тоже окажется J1. К сожалению, данных по гаплогруппам у лакцев почти нет, но среди единичных результатов у лакцев найдены гаплогруппы J1 и R1b-Z2103. Это роднит их с аварцами и лезгинами, но с единичными данными не дает возможности объединить с теми или другими в один раздел. Будем ждать результатов дальнейших исследований.

#### 5. Караимы

Караимы проживают в разных странах, в России в основном в Крыму. На Западе принимается, что караимы — приверженцы караимского иудаизма и что они имеют в основном еврейское (иудейское) происхождение, сами караимы по политическим причинам и стремлениям к выживанию в 40-х гг. XX в. все в большей степени дистанцируются от своего еврейского происхождения.

Состав гаплогрупп у караимов смешанный, при фактическом отсутствии численно преобладающей гаплогруппы. Почти три четверти караимов имеют гаплогруппы J1 (19–26 %), J2a (14–28 %), G2a (17–19 %), R1a (16 %), E1b (6–19 %), которые трудно расположить в порядке их численности. Надо сказать, что все эти гаплогруппы присущи евреям, но вполне могут быть «разбавлены» «дополнительными» гаплогруппами, в первую очередь степными (как R1a-Z93), поскольку доля R1a у караимов несколько превышает соответствующую долю у евреев. Последующие по численности гаплогруппы являются минорными и тоже обычно наблюдаются у евреев, кроме «степной» (в данном контексте) гаплогруппы C2-M217 (7 %) — T, L, Q, R1b, все в относительном количестве 5–6 %.

#### 6. Горские евреи

По горским евреям крайне мало данных, и те, что есть — в основном по гаплогруппе J1. Показательно то, что горские евреи этой гаплогруппы имеют в целом такие же гаплотипы, как и «обычные» евреи, то есть те, которые вносят свои гаплогруппы и гаплотипы в базы данных под самоназванием евреи. Общий предок горских евреев гаплогруппы J1 жил около 4 тыс. лет назад, то есть тогда же, когда и общий предок «обычных» евреев. Повидимому, горские евреи — это те же евреи, которые покинули Ханаан во времена Рассеяния или ранее, после ассирийского и вавилонского пленений (вторая половина VIII в. до н. э. и первая половина VI в. до н. э. соответственно).

#### 7. Арабы

У арабов на первом месте по численности с большим отрывом идет гаплогруппа J1 (43 %). Этот и последующие показатели долей гаплогрупп

получены из большой выборки арабов почти в 2 тыс. человек, как подробно описано в завершающей части данной книги. В этом отношении арабы значительно более «однородны», чем евреи, у которых только 17 % этой гаплогруппы по численности, причем у евреев гаплогруппа J1 идет в группе с E1b (21 %) и J2a (18 %). Это безусловно отражает разные исторические пути этногенеза арабов и евреев. Другими словами, евреи значительно больше смешаны с другими народностями. Впрочем, об этом говорит и Библия (Исход, 12:37–38), описывая исход из Египта: «*И отправились сыны Израилевы из Раамсеса... и множество разноплеменных людей вышли с ними...*».

На втором месте по численности у арабов идет гаплогруппа E1b (15 %). Это заметный вклад типичной ближневосточной и североафриканской гаплогруппы, которая у современных евреев стоит на первом месте (21 %). Возможно, это типичная бедуинская гаплогруппа, она же выражена вплоть до территории берберов в Западной Африке. На третьем месте у арабов по численности — гаплогруппа R1a (12 %), которая представлена исключительно южноарийским субкладом Z93. Это определенно вклад древних ариев около 4 тыс. лет назад, в частности, митанийских ариев в Сирии. У евреев этой гаплогруппы 8 %. И только затем у арабов идет гаплогруппа J2 (9 %), которой у евреев 18 %.

Остальные гаплогруппы у арабов минорные по численности — T (8 %), G2a (4 %), L (3 %), R1b (3 %), примерно как и у евреев, за исключением гаплогруппы R1b, которой у евреев 17 %, причем это гаплогруппа, как правило, субклада R1b-Z2103. Это может означать, что потомки насельников ямной культуры в своем пути через Кавказ и далее в Месопотамию и на Ближний Восток прошли по территориям, занимаемым ранними евреями, или даже тогда, когда евреев не было (ранее 3,6 тыс. лет назад). Территории будущих арабов носители R1b-Z2103 на своем пути, видимо, не пересекали.

Рассмотрим вопрос об арабах и их ДНК-генеалогических связях с евреями более подробно, поскольку этот вопрос представляет широкий интерес. Это — не общая формулировка, поскольку видеоролик автора этой книги на канале «День ТВ» набрал более 4 млн просмотров. Этим вызван

стиль и широта охвата вопроса в данном разделе, как и в заключительной части книги.

Откуда появились арабы? Оттуда же, откуда и евреи, плюс некоторые более древние ветви. Напомню, что согласно Библии первенцем у Авраама был Исмаил (Ишмаэль), младшим его братом — Исаак, будущий отец Иакова, патриарха колен Израилевых. За насмешки Исмаила над младенцем Исааком Авраам с Саррой изгнали Исмаила с матерью из семьи в пустыню (Быт. 21:9–14), но Бог, согласно Библии (Бытие 21:17–20), спас их и покровительствовал Исмаилу, и родились у Исмаила «*двенадцать князей племен их*» (Быт. 25:13–16). Библия не упоминает арабов, сообщая, что сыны Исмаиловы жили в «*селениях их и кочевьях их*» (то есть были как оседлыми, так и кочевниками, что имеет большое значение в сегодняшней «табели о рангах» арабских народов), но по всем признакам от них пошли арабские ветви. Это показывает и ДНК-генеалогия, согласно которой евреи и арабы имеют общие Y-хромосомные линии и общие древние мутации, которые со временем стали расходиться уже в ходе раздельного проживания евреев и арабов и практически привели к созданию разной культуры, во многом определяемой религиозными принципами. Разница в этих принципах стала складываться примерно 4 тыс. лет назад, как раз во время разделения еврейских и арабских линий, которые Библия отождествляет с Исааком и его потомством, с одной стороны, и Исмаилом и его потомством — с другой. Мы не знаем, как это разделение произошло на самом деле, но знаем, что оно произошло примерно 4 тыс. лет назад, во времена жизни общего предка евреев и арабов, и произошло резко, окончательно и бесповоротно, во всяком случае как показали последующие 4 тыс. лет. Указанные датировки подробно обсуждаются в заключительной части настоящей книги.

Удивительно, что современные евреи гаплогруппы J1 не имеют общих предков ранее 4 тыс. лет назад. Такое впечатление, что евреи действительно начались только от Авраама, как, впрочем, и большинство арабов. Ясно, что этого быть не могло, но лишь относительно небольшая часть арабов гаплогруппы J1, примерно 10 % (согласно данным ДНК-тестирования), произошли от более древнего, общего для них предка, который жил  $8800 \pm 700$  лет назад. У евреев такого не было,



или, во всяком случае, в древности не обнаруживается. Это тоже подробно демонстрируется и обсуждается в заключительной части настоящей книги. В ней показано, что общий предок суммарной ветви из сотен гаплотипов как арабов, так и евреев, все гаплотипы которых содержат особую 6-маркерную «подпись Авраама». Эта «подпись» в работах еврейских популяционных генетиков уже давно была названа «модальным гаплотипом коэнов» (в предковом виде 12 23 14 10 16 11). Датировки тоже согласуются по разным методам расчетов, и они все приведены в учебнике «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (М.: Концептуал, 2018), наряду с описанием особенностей гаплотипов ветвей дерева гаплотипов арабов и евреев. Поскольку все арабские гаплотипы этой ветви тоже имеют «модальный гаплотип коэнов», то ситуация с этим названием становится анекдотической. Просто еврейские популяционисты об арабах не подумали, когда вводили название, хотя должны были знать, хотя бы из Торы, а также из Библии и Корана, что Авраам был общим предком евреев и арабов и ДНК-линии расходятся от него вполне симметрично через библейских Исаака-Иакова, с одной стороны, и Исмаила — с другой, поэтому гаплотипы на протяжении последующих тысячелетий должны были иметь сходную структуру и у евреев, и у арабов.

Рассмотрим, как эти ветви гаплотипов и соответствующие расчеты, приведенные в последней части настоящей книги, соотносятся с историей арабов и евреев по библейским источникам. Понятно, что эти источники не являются научными, но мы уже показали, что общий предок евреев и арабов, которого Библия и Тора называют Авраамом, а Коран — Ибрахимом (в Коране он упомянут 69 раз), жил примерно 4 тыс. лет назад, что согласуется с расчетами специалистов по библейским источникам. Посмотрим и на последующие сведения из тех же источников и определим, насколько они согласуются (или не согласуются) с данными ДНК-генеалогии. Кстати, Сура 3 Корана («Семейство Имрана») в аяте 67 говорит: «Ибрахим не был ни чудеем, ни христианином...». Что верно, он — родоначальник части еврейского и части арабского народа.

Рассмотрим библейскую генеалогию, которая одной из своих ветвей ведет к Аврааму. Начнем с Ноя, что логично, поскольку только Ной и его

семья, согласно Библии, пережили библейский потоп. Рассмотрим только линии, важные для современных арабов и евреев. Они изложены в Библии (Быт. 10).

Ной > Сим > Арфаксад > Каинан > Салу > Евер.

Остановимся на момент. Евер — важная фигура в библейских событиях, он был последний из благочестивых патриархов до разделения и рассеяния народов. Он не участвовал в строительстве Вавилонской башни и, по Библии, тем самым сохранил свой язык и язык предков. У него было два сына — Фалек и Иоктан (Быт. 10:21). И вот здесь — важнейшее событие, которое проясняет обстоятельства арабской истории и генеалогии. От Фалека пошла ветвь к Аврааму:

Евер > Фалек > Рагав > Серух > Нахор > Фарра > Аврам.

Как поясняет Библия (Быт. 17:1, 4–5), Аврам по повелению Всевышнего сменил свое имя на Авраама. Вот как это было:

*«Аврам был девяносто девяти лет, и Господь явился Авраму и сказал ему: ...Я — вот завет мой с тобою: ты будешь отцом множества народов, и не будешь ты больше называться Аврамом, но будет тебе имя: Авраам...»*

У Авраама родилось несколько сыновей от трех жен, первенец Исмаил (от матери египтянки Агарь) и второй сын — Исаак (от матери Сарры). Ограничимся этими двумя, поскольку первый стал отцом арабов, второй — отцом евреев. Гаплотипы прямых потомков обоих мы и видим на дереве гаплотипов, приведенном в заключительной части этой книги. К ним относятся 248 гаплотипов из 739 на дереве, то есть примерно треть от всех. У евреев они так и называются — авраамиты, к ним же относятся коэны, то есть потомки Аарона, первосвященника, брата Моисея. У арабов они называются аднаниты, поскольку Аднан — прямой потомок Исмаила в 8-м поколении:

Авраам > Исмаил > Набит > Яшдхуб > Иаруб > Тайрах > Нахур > Мукаввим > Адад > Аднан.

Кому же принадлежит самая древняя ветвь на дереве гаплотипов, с общим предком, который жил  $8800 \pm 700$  лет назад? К которой относится примерно 10 % арабов, прошедших ДНК-тестирование? Библия предлагает ответ на этот вопрос, и лучшего ответа мы пока найти не можем. Вернемся к Еверу, у которого было два сына,



и одну линию мы уже рассмотрели — это линия сына Фалека, которая ведет к Аврааму, Исмаилу и далее Аднану и его потомкам аднанитам. Другая линия — это второго сына Иоктана, он же (по соображениям многих арабских книжников) Кахтан, и его потомков кахтанитов. В традиционной арабской генеалогии первым идет Адам, затем, 17-м, идет Ибрахим (он же Авраам), 18-м идет Исмаил, 26-м — Аднан и 47-м — пророк Мухаммад (он же Магомет). Кахтана в этой прямой линии нет, он — ответвление от Евера, на шесть поколений ранее Авраама.

Понятно, что «шесть поколений» — это один из многих вариантов еврейских и арабских генеалогий, которые известны в большом количестве вариантов, тем более с разным произношением имен. Например, первая последовательность имен от Ноя через Сима и Арфаксада в одном из арабских вариантов звучит от Адама до Ноя как:

Адам > Шис > Ианиш > Кайнан > Махлил > Иард > Идрис > Матту Шалах > Ламк > Нух, где Нух — это Ной, и далее от Ноя:

Нух > Сам > Ирфхашад > Шалих > Саруг > Нахур > Азар > Ибрахим > Исмаил.

Сам — это, конечно, Сим, а Ирфхашад — это Арфаксад. А далее число предков уже безнадежно не стыкуется с другой генеалогией, приведенной выше. Так что «шесть поколений» от Авраама вглубь времен до Евера — это, конечно, надо читать как «намного древнее». А как намного древнее — мы видим из дерева гаплотипов. Общий предок евреев и арабов, под которым явно видится Авраам-Ибрахим, жил примерно 4 тыс. лет назад, а Кахтан, сын Евера, предполагаемый общий предок кахтанитов, жил примерно 8,8 тыс. лет назад. Если это так, то «шесть поколений» превращаются примерно в 4,8 тыс. лет. Неудивительно, что и Библия, и Коран отводят на поколения тех ранних предков сотни лет, иначе будет очередная нестыковка с мифологией. Но нам достаточно знать, что кахтаниты могут быть на тысячелетия древнее аднанитов, и это само по себе поможет понять смысл некоторых исламских традиций. В исламской традиции Кахтан считается родоначальником «южных» арабов (кахтанитов), или «коренных арабов», а Аднан — родоначальником «пришлых арабов», и противостояние между ними обострилось после создания Халифата в VII–VIII вв. н. э., как историческое

противостояние между кочевыми и оседлыми племенами, хотя и кахтаниты делились на оседлых и кочевых.

Говоря о структуре арабских (политических и религиозных) ветвей, нельзя обойти суннитов и шиитов. Обе ветви — последователи ислама, но раскололись на две основные части во второй половине VII в. Причина — у пророка Мухаммада не было выживших детей-мальчиков и единственным ближайшим его родственником был Али, двоюродный брат и зять Мухаммада, он первым принял ислам, во время своего правления получил титул «главы правоверных», он был командующим многих битв с противниками ислама. Иначе говоря, Али был праведником, воином и вождем. Поэтому часть мусульман считали, что после смерти Али власть должна перейти его потомкам. Эта часть получила название «шииты», или «власть Али». Другая часть мусульман предлагала вернуться к потомкам Мухаммада или избирать (назначать) высшую власть по обстоятельствам и не переходить на «боковую» линию Али, ссылаясь на исламское право (сунну), потому и «сунниты». Это противоречие мирным путем решить не удалось, и мусульмане разделились на суннитов и шиитов. Сейчас суннитов — около 90 % мусульман, шиитов — остальные 10 %. Здесь мы не будем разбирать довольно большой список различий между верованиями и обычаями суннитов и шиитов и отправлениями ими религиозных обязанностей, это к данной книге уже не имеет отношения.

Можно затронуть также сеидов — потомков Мухаммада через его дочь Фатиму и внука Хусейна, и шарифов — потомков внука Хасана. Есть еще исмаилиты, которые уже не имеют прямого отношения к сыну Ибрахима (Авраама), но являются продуктом очередного раскола, уже среди шиитов, в середине VIII в. н. э., когда Джафар ас-Садик, шестой шиитский имам, лишил своего сына Исмаила наследования имамата. Но у Исмаила были сторонники, которые только усилились после смерти Исмаила, которая вряд ли была естественной, и со временем приобрели черты отдельного внутришиитского религиозного течения. Как нередко бывало, исмаилиты верили, что Исмаил не умер и в нужный момент объявится как мессия. В конце XI в. исмаилиты разделились на мусталитов и низаритов. Сейчас

исмаилиты существуют в виде отдельных общин в Саудовской Аравии, Передней Азии, Центральной Азии, Индии, Персии и других странах. Есть еще хашимиты — это королевская династия на Ближнем Востоке, которая считает себя потомками Хашима ибн Абд Манафа, прадеда пророка Мухаммада.

В целом в арабских странах, и в особенности на Аравийском полуострове, кочевые племена, особенно те, которые чтут свою древнюю генеалогию, считаются по статусу выше оседлых, земледельческих племен. Это ведет к образованию племенных союзов, кастовости аравийских обществ. Например, племя курайшитов, из которого вышел пророк Мухаммад и которое упомянуто в Коране, к тому же заселившее Мекку, имеет высокий статус, в отличие от многих других племен.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА N1A

Эта гаплогруппа является нижестоящей от гаплогруппы N, которая образовалась 243 снип-мутации, или примерно 35 тыс. лет, назад, видимо, в Юго-Восточной Азии. Гаплогруппа N1a1-M46, которая технически является субкладом гаплогруппы N, образовалась 102 снип-мутации, или примерно 15 тыс. лет, назад, видимо, в алтайском регионе. Почти параллельно (но с большой разницей во времени) с субкладом N1a1 образовался субклад N1a-P43, и у многих северных народов, в Сибири и на Русской равнине, эти две гаплогруппы, N1a1-M46 и N1a-P43, сопровождают друг друга в разных пропорциях. «Северный субклад» N1a-P43 образовался 52 снип-мутации, или примерно 7,5 тыс. лет, назад.

Таким образом, гаплогруппа N1a1-M46 передвигалась от алтайского региона по Сибири на север в течение многих тысячелетий, с 15 тыс. до примерно 8 тыс. лет назад, и по оценкам примерно 8 тыс. лет назад она достигла Урала, и ее носители жили на Урале еще примерно 4,5 тыс. лет. Гаплогруппа N1a-P43 образовалась, видимо, уже на Урале. Все эти оценки являются предварительными, точных данных нет. Примерно 3,5 тыс. лет назад носители N1a1-M46 и N1a-P43 вышли на Русскую равнину, и к тому времени они уже тысячелетия говорили на уральских языках, причем будущие удмурты и коми говорили на

пермских языках, которые сейчас входят в состав финно-угорской ветви уральских языков. Марийцы, например, говорят на финно-пермских языках, которые тоже входят в состав финно-угорской ветви уральских языков.

К сожалению, лингвистическая классификация не учитывает времена и направления миграций носителей гаплогруппы N1a, хотя бы потому, что будущие финны прибыли на территорию будущей Финляндии только в I тыс. н. э. и до того они финнами, конечно, не были. Называть современные языки «финскими», в комбинации с угорскими, пермскими и тому подобными, конечно, никто лингвистам не запрещает, но называть древние языки, времен до нашей эры, «финскими», то есть ретроактивно опрокидывать это название во времена, когда финнов не было, не имеет большого смысла. Аналогично, называть древние племена на Русской равнине «финнами», «финскими охотниками и рыболовами», ранее нашей эры тоже исторически неправильно. Во времена 2 тыс. — 3,5 тыс. лет назад они были уральскими племенами, пермскими, если угодно, но никак не «финскими».

В последней части этой книги в деталях показана сложная, многоплановая картина расселения носителей гаплогруппы N1a1 по Русской равнине. Она поясняет, почему общие предки современных носителей этой гаплогруппы жили относительно недавно, почему никакого «финского субстрата» на Русской равнине не было и почему часто повторяемые байки о древних финских охотниках и рыболовах на Русской равнине, которые якобы пришли туда тысячелетия назад, являются либо недоразумением, либо частью информационной войны, как и байки о множестве древних «скандинавов» на Руси. Не было их там, как нет и их потомков среди современных русских, украинцев, белорусов, литовцев.

## 1. Якуты

У якутов — самое высокое содержание гаплогруппы N1a1, от 87 до 92 % по разным выборкам, причем почти все якуты имеют субклад N1a1-M46, при минимальной доле субклада N1a1b2-P43 (4 %). Общий предок якутов гаплогруппы N1a1 жил  $1300 \pm 200$  лет назад. Это — относительно недавние времена, и трудно поверить, что рань-

ше того времени якутов и их предков не было. Или якуты в конце I тыс. до н. э. прошли «бутылочное горлышко» выживания, или произошло практически полное замещение якутских родов на пришельцев с гаплогруппой N1a1 (и тюркским языком).

Поскольку и якуты, и финны относятся к одной и той же гаплогруппе N1a1, то при обсуждениях часто выдвигается (ошибочное) положение, что якуты — предки финнов. Это не так, и подробное объяснение этому явлению дано в разделе «Якуты» последней части книги. Дело в том, что цепочки снийпов, ведущие с древнейших времен к якутам и финнам, расходятся весьма давно, и якуты — боковая ветвь от линии, ведущей к финнам. Или, если угодно, финны — боковая ветвь.

Несколько лет назад произошло уникальное событие — в Якутии (Восточная Сибирь) нашли большую группу якутов из 65 человек, которые погибли (видимо, замерзли) между XV и XIX в. н. э. и мумифицировались. После раскопок для 15 останков французскими палеогенетиками были определены 17-маркерные Y-хромосомные гаплотипы, и мы по их данным нашли, что общий предок тех погибших якутов жил за 1025 лет до их гибели. Поскольку найденные мумии датируются периодом 200–600 лет назад, то их общий предок жил 1225–1625 лет назад, что в пределах погрешности согласуется с датировкой общего предка современных якутов,  $1300 \pm 200$  лет назад, см. выше. Иначе говоря, это та же самая популяция якутов, только разделенная по времени несколькими столетиями.

Помимо гаплогруппы N1a1, у якутов еще наблюдаются гаплогруппы C2-M217 (4–6 %, включая нижеследующий субклад M48 в количестве 3 %) и R1a (3,5–4,5 %). Это очень необычная комбинация гаплогрупп для Сибири и для мира в целом.

## 2. Нганасаны

Нганасаны, коренной самодийский народ Сибири, который проживает в основном на севере Красноярского края, очень похожи по составу гаплогрупп на якутов, но это только по первому впечатлению. У них тоже численно преобладающей, и, по сути, почти единственной гаплогруппой является N1a (95 %), но в составе этой гаплогруппы полностью (на 97 %) преобладает субклад N1a2b-P43, то есть пропорция, обратная тому, что есть у якутов, у которых этого субклада только 4 %, остальное же занимает субклад M46. У нганасан доля субклада M46 в составе гаплогруппы N1a равна всего 3 %.

На втором месте у нганасан по численности находится гаплогруппа C2-M217 (5 %), широко распространенная в Сибири, гаплогрупп Q и O в выборках не найдено.

## 3. Ненцы (устар. самоеды)

Как и у якутов, у ненцев практически полностью численно доминирует гаплогруппа N1a (98 %), но если у якутов это исключительно субклад N1a1-M46, то у ненцев почти поровну наблюдаются субклады N1a1-M46 и N1a2b-P43. Для остальных гаплогрупп у ненцев места уже не остается, и они численно являются минорными — Q (1,4 %) и O (0,7 %).

Поскольку оба субклада, M46 и P43, прибыли с юга, со стороны Китая — Алтая, это показывает, что по Сибири носители этих субкладов мигрировали не полностью независимо друг от друга, хотя и в разные времена — напомним, что первый образовался 99 снийп-мутаций, или примерно 14,3 тыс. лет, назад, второй — 54 снийп-мутации, или примерно 7,8 тыс. лет, назад. Субклад N1a2b занимает большие северные территории России, касаясь Поволжья (татар, башкир, чувашей), и заходит частью в Турцию, в то время как субклад N1a1 занимает среднее положение, охватывая (хотя в разной степени) среднюю часть Русской равнины — от Прибалтики до Украины и России.

## 4. Тувинцы и тувинцы-тоджинцы

Туvinцы близки к бурятам в том отношении, что у них тоже первые две по численности гаплогруппы аналогичны бурятам, а именно гаплогруппы N1a — 38–45 % (у бурят 48 %) и C2-M217 — 15–17 % (у бурят 40 %), но у тувинцев несколько преобладает «северный» субклад N1a2b-P43 (21–24 %) по сравнению с N1a1-M46 (17–19 %). Из-за того что обеих гаплогрупп у тувинцев относительно мало (в сумме 53–63 %), к ним «примешались» гаплогруппы R1a (12–14 %) и Q (17 %), остальные гаплогруппы являются минорными по численности (в первую очередь O и R1b).

Тувинцы-тоджинцы живут на северо-востоке Республики Тыва и показывают — при доле основной по численности гаплогруппы N1a (30 %) — смещение состава других гаплогрупп по сравнению с тувинцами в сторону увеличения доли R1a (26 %) и Q (30 %), что суммарно составляет от 25–30 % у тувинцев в целом до 56 % у тоджинцев, при соответствующем падении доли других гаплогрупп — N, C, O. Возможно, в более компактном виде распределения гаплогрупп у тоджинцев сыграли роль горы и тайга, в отличие от остальной степной территории региона. То, что максимальная доля гаплогруппы R1a наблюдается у наиболее монголоидных тоджинцев, что озадачивает авторов публикаций на эту тему, на самом деле неудивительно. Доля гаплогруппы R1a вовсе не должна коррелировать с европеоидностью или монголоидностью. Последнее зависит исключительно от того, европеоидны или монголоидны были матери и бабушки носителей гаплогруппы R1a. Антропология не определяется гаплогруппой и наоборот. Именно потому, например, скифы были как европеоидными, так и монголоидными. Поэтому увлечение археологов сбором информации, монголоидными или европеоидными (или какими другими) являются ископаемые скелетные остатки, в целом не имеет никакого значения, если только их не интересуют расовые признаки матерей и бабушек скелетных остатков.

Поскольку у тувинцев субклада P43 заметно больше, чем M46, то, видимо, миграции носителей этой линии прошли по региону будущей Тувы и сний P43 образовался еще до этого. Носители сния M46 уже прошли этот регион или шли стороной, как, впрочем, и показывают данные по распределению этих сний на европейской стороне Уральских гор, согласно которым эти снии в целом занимают разные ареалы.

Гаплогруппа C2-M217, видимо, монгольского происхождения, у современных монголов этой гаплогруппы 53–59 %, как показано в последней части настоящей книги. Ее доля у тувинцев (15–17 %) сопоставима с таковой для гаплогруппы Q (менее или равна 18 %). Это объясняет тот факт, что язык тувинцев менялся между монгольским (традиционный) и тюркским (разработан в виде тувинского языка после 1930 г.).

## 5. Нанайцы

У нанайцев (жителей в основном Хабаровского края), как и у тувинцев, первые две гаплогруппы, N1a и C2-M217, одни и те же. Но гаплогруппа N1a у нанайцев полностью относится к субкладу N1a1-M46, у них не найдено «северного субклада» N1a2b-P43, как у тувинцев, видимо, миграции последних прошли мимо предков нанайцев. Иначе говоря, передвижения предков нанайцев и ряда сибирских народов, видимо, не пересекались. Доля гаплогруппы N1a1 у двух кланов нанайцев, бельды и самар, значительно различалась, 39 и 84 % соответственно.

Доля гаплогруппы C2-M217 была определена только у клана бельды и была равна 37 %. Доля гаплогруппы O у них же была равна 22 %. Больше данных по нанайцам не выявлено.

## 6. Хакасы (енисейские татары, или минусинские татары)

В отличие от якутов, бурят и тувинцев, у которых при преобладающей (в численном отношении) гаплогруппы N1a на втором по численности месте находятся или минорные гаплогруппы (у якутов), или C2-M217 (у бурят), или Q (у тувинцев), у хакасов при 42–68 % гаплогруппы N1a (субкладов P43 и M46 практически поровну), на втором месте стоит гаплогруппа R1a-Z93 (от 28 до 41 % по разным выборкам). Гаплогруппы C2-M217 и Q у хакасов уже минорные по численности, от 2 до 6 %, хотя одна выборка дала 14 % для гаплогруппы Q, другая дала 0 %, и это обе у сагайцев, отдельной этнографической группы хакасов. Еще одна этнографическая группа, качинцы, показала 90 % гаплогруппы N1a, практически только субклада N1a2b2-P43 (88 %), и, разумеется, все остальные гаплогруппы (R1a, C2, Q) были минорными по численности, на уровне 2–4 %.

Интересно, что вторая по численности гаплогруппа R1a-Z93 у хакасов (от трети и выше) прибыла с Русской равнины не столько давно по историческим меркам, примерно 2,5 тыс. — 3 тыс. лет назад, в виде потомков исторических ариев. Одна часть их ушла на Иранское плато и в Индостан, примерно 3,5 тыс. лет назад, другая часть прибыла на несколько веков позже в алтайский регион, а также в соседний Китай. Все они имеют



сний R1a-Z93. В алтайском регионе мигранты R1a-Z93 основали ряд известных археологических культур (тагарскую, таштыкскую, карасукскую, пазырыкскую), в том числе так называемые культуры скифского круга.

## 7. Ханты

У хантов разные выборки дали существенно различающиеся результаты по составу гаплогрупп, но все они показали преобладание по численности гаплогруппы N1, 64–80 %. Однако состав субкладов этой гаплогруппы тоже разнится — по одним данным субклада N1a1-M46 немного, 7 %, по другим — его было 38–49 %. По одним данным субклада N1a2b-P43 довольно много — 38 %, по другим — субклад вовсе не P43, а N1b-L732, от 31 до 57 %, который проходит по совершенно другой наследственной линии.

Гаплогруппы Q у хантов одни исследователи нашли 21 %, другие вообще не нашли, 0 %. Гаплогруппы R1a одни нашли 14 %, другие — 4 %. Еще более высокие расхождения с гаплогруппой R1b у хантов — одни исследователи нашли ее 0,9 %, другие — 11 %, третьи — 19 %.

Таким образом, либо ханты совершенно разные по родовым структурам, либо такие исследователи. Подробнее об этих результатах в последней части настоящей книги.

## 8. Манси

Обычно две последние народности идут под единым названием «ханты-манси» или «ханты и манси», но тот факт, что они обе изучены по составу гаплогрупп очень поверхностно, не дает возможности их поставить рядом в этом отношении. У манси, как и у хантов, по численности преобладает гаплогруппа N1 (76 %), причем и в количественном отношении они практически одинаковы, у хантов — 64–80 %. По данным одной выборки показано, что в составе этой гаплогруппы у манси только 16 % относятся к N1a1, но у хантов данные в этом отношении противоречивы. Гаплогруппы O у манси не нашли, но и у хантов по одним выборкам ее нет, по другим — она есть (21 %). Гаплогруппы R1a у манси 8 %, у хантов ее в том же диапазоне — от 4 % до 14 %. Тот же разнотип и с гаплогруппой R1b: у манси ее 4 %, у хантов — от 0,9 до 19 %.

Другими словами, ханты и манси могут оказаться по родовой структуре, то есть по составу гаплогрупп, идентичными, а могут значительно различаться. Пока эта неопределенность остается неразрешенной.

## 9. Чукчи

По чукчам, к сожалению, мало данных относительно гаплогрупп, да и те данные 20-летней давности. В те времена измеряли содержание некоторых поверхностных гаплогрупп, как в отношении чукчей P-M45, которая никак не является информативной. Это могли быть гаплогруппы Q, R1a, R1b, R2, как и их многочисленные субклады, но исследователи в те времена собирали во многих случаях только поверхностную информацию. В итоге нашли, что у чукчей доля гаплогруппы P-M45 составляет 21 %, что, по сути, мало о чем говорит. Но на первом месте по численности нашли гаплогруппу N1a1-M46 (58 %), среди других гаплогрупп нашли Q (13 %), хотя P-M45 по отношению к ней является вышестоящей, и несколько минорных по численности гаплогрупп, среди них R1a (4 %) и C2a-M247-M48 (4 %).

## 10. Удмурты, карелы, финны

Эти три народности объединяет только высокая доля гаплогруппы N1a1, при относительно малом количестве N1a2b-P43 (северного субклада). У удмуртов содержание N1a1 составляет 62–70 % (по разным выборкам), у карел — 71 %, у финнов — 59–64 %. В одной выборке у карел нашли сильно заниженное содержание N1a1 (36 %) и сильно завышенное содержание R1a (41 %), как описано в последней части книги. На втором месте по численности у удмуртов находятся гаплогруппы R1b и R1a, 13–21 % и 15–19 % соответственно, что для R1b неожиданно высоко для востока европейской части России. Впрочем, одна выборка показала только 5 % гаплогруппы R1b, так что ясности нет.

У карел состав гаплогрупп, помимо N1a1, заметно отличается от такового у удмуртов. Хотя доля гаплогруппы R1a такая же, как у удмуртов (13–16 %, не считая явно завышенных 41 %, см. выше), но гаплогруппы R1b у карел почти нет (2,9 %). Помимо того, у удмуртов мало гаплогруппы I1 (2 %), а у карел ее заметно больше (от 9 до 14 %).



У финнов — своя комбинация гаплогрупп, помимо высокого содержания N1a1 (59–64 %). У них довольно много гаплогруппы I1 (24–28 %), больше чем у других народностей, отмеченных в данном разделе, и мало гаплогруппы R1a (5 %) и R1b (3,5–4,5 %), меньше чем у всех остальных, за исключением карел, у которых R1b еще меньше (2,9 %). При этом в составе гаплогруппы R1a у финнов встречаются и субклад Z280 (субклад Русской равнины), и M458 (западноевропейский субклад), и Z284 (скандинавский субклад), но все в малой степени, 1,5–2 %.

Исторически, состав гаплогрупп у трех перечисленных народностей складывался на основе гаплогруппы N1a1, носители которой подошли с Урала на территории современных Удмуртии, Карелии и Финляндии соответственно 3 тыс., 2 тыс. и 2 тыс. — 1,5 тыс. лет назад. За время миграций от Урала до этих территорий к носителям N1a1 присоединялись носители гаплогруппы R1a, которые жили по всей территории от Урала до Балтики, R1b, предположительно потомки абашевской культуры, и I1, которые прибыли из Западной Европы после 3,5 тыс. лет назад, спасаясь от геноцида и «Гибели Старой Европы», по определению М. Гимбутас. Северный путь миграции на территорию современной Финляндии привлек мало носителей R1a (5 %) и R1b (3,5–4,5 %). Карелия здесь занимает промежуточное положение — мало R1b (2,9 %) и умеренно много R1a (13–16 %, возможно, даже 41 % по одной выборке).

## 11. Русские поморы

Понятие «поморы» не имеет в науке четкого определения. С одной стороны, так называют русских людей, которые проживают в определенном регионе (на Белом море и на побережьях северных рек в Архангельской области) и традиционно заняты на рыбных и зверобойных промыслах; с другой — полагают, что это коренной малочисленный народ, выходцы из новгородского и псковского регионов, которые традиционно заняты указанными промыслами. Есть еще несколько вариантов определения понятия «поморы», но они отличаются от двух сформулированных выше только деталями. Сами поморы считают себя русскими поморами и в такой формулировке

самоидентифицировали себя в опросных листах Всероссийской переписи населения (2010).

Типичным «поморским местом» еще со времен М. В. Ломоносова считается Мезень, ныне город на правом берегу р. Мезени, в 45 км от Белого моря и в 390 км от Архангельска. Основной по численности гаплогруппой у них является N1a (53 % от всех гаплогрупп, в составе которой преобладает субклад N1a1-M46, и только 10 % субклада N1a2b-P43). Последующей по численности гаплогруппой у них является R1a (44 %). Ясно, что при таком распределении остальные гаплогруппы являются минорными по численности, составляя в сумме 3 %.

Таким образом, если жители Мезени действительно представляют поморов, то будущие поморы передвигались миграциями с Урала до Белого моря через регионы нынешних Новгородской и Псковской областей, и у них, скорее всего, выражен снип Z1936, который образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, видимо, еще на Урале. Детали этого описаны в последней части настоящей книги. Интересно, что соотношение гаплогрупп N1a1 и R1a у поморов является близким, с разницей всего 10 %, что соответствует соотношению этих гаплогрупп у литовцев, латышей, эстонцев, но не финнов, у которых гаплогруппы R1a почти нет (примерно 5 %).

Можно сопоставить эти показатели по гаплогруппам с населением Северной Двины, у которых тоже основной по численности является гаплогруппа N1a (40 % от всех гаплогрупп, в составе которой тоже преобладает субклад N1a1, и только 20 % субклада N1a2b-P43). Общий предок носителей N1a1 жил относительно недавно, в начале нашей эры, что согласуется с довольно поздним прибытием будущих финнов, носителей N1a1, на территорию будущей Финляндии в первой половине I тыс. н. э. Общий предок носителей «северного» субклада жил на тысячелетие раньше,  $2900 \pm 440$  лет назад, вскоре после выхода с Урала на Русскую равнину.

На третьем месте по численности у русских поморов (похоже, что мы уже можем так называть жителей Мезени) находится гаплогруппа I1 (11 %), последующей — гаплогруппа R1b (7 %), которые оказались в основном носителями западноевропейского субклада R1b-P312, с датировкой

общего предка  $3900 \pm 620$  лет назад. Это — поздние времена археологической культуры колоковидных кубков, и данные по гаплогруппам I1 и R1b-P312 показывают, что это — мигранты с запада, из скандинавских стран.

## 12. Марийцы

Марийцы есть горные и луговые, но ни одного исследования по этим двум субэтносам в отношении состава гаплогрупп не найдено. Как в большинстве случаев народов, говорящих на финно-угорских языках (кроме венгерского), у них наблюдается преобладание гаплогруппы N1a. Сюда относятся и марийцы, у которых доля гаплогруппы N1a составляет от 41 до 61 %, причем три четверти от нее приходится на субклад N1a1-M46 и одна четверть — на N1a2b-P43 («серверный субклад»).

На втором месте по численности у марийцев стоит гаплогруппа R1a (от 23 до 48 % по разным выборкам). В сумме эти две гаплогруппы (N1a и R1a) составляют уже примерно 90 %. Остальные гаплогруппы — минорные по численности, такие как I1 (3–8 %), R1b (2–3 %), I2a (1 %).

## 13. Литовцы, латыши и эстонцы

Многие считают эстонцев другим по происхождению народом, нежели литовцев и латышей. Языковые различия здесь играют, видимо, основную роль — у эстонцев язык относится к финно-угорской группе, у литовцев и латышей языки индоевропейские, балтские (балтийские). Поведенческие стереотипы также различаются. На самом деле все три народности имеют в основном одно и то же происхождение.

У всех трех народов основные по численности гаплогруппы одни и те же — N1a1 (42–43 % у литовцев, 38–42 % у латышей, 32–34 % у эстонцев) и R1a (28–38 % у литовцев, 39–40 % у латышей, 27–35 % у эстонцев). В сумме только эти две гаплогруппы составляют 70–80 % у литовцев и латышей и 60–70 % у эстонцев. Как обычно, гаплогруппы, менее представленные в численном отношении, вплоть до минорных, являются «дополнительными», «примкнувшими» в ходе этногенеза данного народа. Такими у латышей является R1b (10–13 %), видимо, наследие немецкого влияния на протяжении

столетий; у эстонцев этой гаплогруппы 7–11 %, у литовцев — 5–6 %. Гаплогруппы I1 у эстонцев (9–18 %) необычно много (по сравнению с литовцами и латышами, 4–6 % и 6–7 % соответственно, как и с русскими, 5–7 %), но это определенно влияние финнов, у которых этой гаплогруппы 24–28 %. Еще больше этой гаплогруппы в скандинавских странах — Швеции (37 %), Норвегии (32 %), Дании (34 %), и, возможно, как следствие, ее много в Финляндии.

## 14. Коми (коми-зыряне, коми-пермяки, коми-ижемцы) и вепсы

Структура гаплогрупп у коми (в основном Республика Коми) и вепсов (в основном Карелия и Ленинградская область) близка к таковой у марийцев, что указывает на их близкое происхождение. Но мы это и так знаем, поскольку и те и другие произошли от носителей гаплогруппы N1a1, которые прошли через алтайский регион, южную и среднюю Сибирь, тысячелетия жили на Урале и примерно 3,5 тыс. лет назад вышли на Русскую равнину и продолжили миграции по нескольким направлениям. Будущие коми и вепсы шли на северо-запад, будущие марийцы — на запад. Но гаплогруппа N1a1-M46 (с некоторой долей N1a2b-P43) осталась у коми и марийцев с тех пор.

Сейчас доля гаплогруппы N1a у коми и вепсов составляет 56 % (от двух третей до трех четвертей приходится на M46, от трети до четверти — на P43). На втором месте, как и у марийцев, находится гаплогруппа R1a (у коми — 27 %, у вепсов — 36 %, у марийцев от 32 до 47 %). Это в сумме уже составляет 83–92 % от всех гаплогрупп. Остальные гаплогруппы являются минорными по численности, такие как I1 (5–6 %), R1b-Z2103 (3–6 %), J2 (2 % у коми, у вепсов не определена).

Данные по гаплогруппам отдельных групп коми в базах данных редки и в целом не отличаются от остальных коми. Так, у ижевских коми доля гаплогруппы N1a1 равна 67 %, у коми-зырян — 86 %, у прилузских коми — 64 %, причем у последних 78 % приходится на субклад N1a1-M46 и 22 % — на субклад P43. У ижемских коми доля гаплогруппы R1a равна 30 %, как и у коми в целом (27 %). У коми-зырян в гаплогруппе N1a 50 % приходится на субклад M46 и 36 % — на P43.

В итоге набор гаплогрупп у коми и вепсов довольно типичен для народов Балтики и Русского Севера. Для этих народов типично сочетание гаплогрупп N1a и R1a, и обе в сумме являются главными по численности среди других гаплогрупп. Такая же картина наблюдается для эстонцев, литовцев, латышей, но не для финнов, у которых гаплогруппы R1a мало. Причина этого, как описано выше, заключается в характере и направлении основных миграций предков этих народов от Урала до Балтики между 3,5 тыс. лет назад и концом прошлой эры (для будущих финнов, видимо, началом нашей эры, если не первой половины I тыс. н. э.). Миграции будущих вепсов, эстонцев, литовцев и латышей проходили как носителей гаплогруппы N1a по территориям, уже заселенным носителями гаплогруппы R1a, которые говорили на индоевропейских языках. 1,5 тыс. — 1 тыс. лет этой миграции привели к смешиванию носителей гаплогрупп N1a и R1a и к замещению угорских языков на индоевропейские у будущих литовцев и латышей, но более северные миграции будущих эстонцев и вепсов сохранили у них исходные угорские языки, хотя привели к тому же смешиванию N1a и R1a. Будущие финны проходили, видимо, еще севернее и не смешались с носителями R1a или смешались с ними в минимальной степени.

## 15. Саамы

Саамы не образуют единое государство, они как народность разделены между Норвегией, Швецией, Финляндией и Россией (в порядке численности), в России они проживают почти полностью в Мурманской области.

Основной по численности гаплогруппой у саамов является N1a1 (39–41 %), в которой две основные ветви относятся к субкладам VL29 и Z1936. Это те ветви, носители субкладов которых продвигались от Уральских гор через территории будущих Новгородской и Псковской областей на северо-запад. Вышли мигранты с Уральских гор примерно 3,5 тыс. лет назад, что согласуется с датировкой общего предка у саамов  $3300 \pm 380$  лет назад, хотя этот расчет проведен с несимметричными ветвями гаплотипов саамов, но погрешность не может быть очень велика. Ветви субкладов VL29 и Z1936 имеют общих предков  $1900 \pm 450$  лет назад, то есть примерно в начале

нашей эры. Это согласуется с датировками общих предков будущих финнов.

На втором месте у саамов по численности — гаплогруппа I1-M253 (между 17 и 33 % по разным выборкам). Это как у ряда северных народов (русские поморы, финны, эстонцы), видимо, является отражением миграций или контактов со скандинавами, поэтому эта гаплогруппа обычно сопровождается гаплогруппой R1b. Действительно, у саамов 6–9 % гаплогруппы R1b, как и у эстонцев (8 %), как и у русских поморов (7 %), хотя у финнов меньше, около 4 %. Но у финнов 28 % гаплогруппы I1, как и у саамов, у эстонцев — 15 %.

На третьем месте по численности у саамов гаплогруппа R1a (18–22 %). Это — обычная картина у всех носителей гаплогруппы N1a1 на Балтике или севернее. Причина определена в том, что миграции носителей гаплогруппы N1a1 со стороны Урала проходили через территории, с древности заселенные носителями гаплогруппы R1a, и R1a сыграла роль «добавленной» гаплогруппы.

## 16. Сибирские татары

Речь в этом разделе идет о тех, кто по данным Всероссийской переписи населения (2010) записали себя в сибирские татары, и многие указали субэтноты — бараба, бухарцы, заболотные татары, калмаки, тарские татары, туралинцы, чаты, эуштинцы и другие. Таких — около 7 тыс. человек. Их еще называют татарами Западной Сибири, поскольку они в основном проживают в областях Кемеровской, Курганской, Новосибирской, Омской, Свердловской, Тюменской, Томской и других.

При усреднении ряда субэтнотсов, относящихся к сибирским тоболо-иртышским татарам (детали приведены в заключительной части настоящей книги), оказалось, что у них наиболее представленной по численности гаплогруппой является N1a (32 %), с преимуществом «северного» субклада N1a2b-P43 (две трети по сравнению с третьей субклада N1a1-M46). На втором месте по численности находится гаплогруппа R1a (14 %), практически исключительно субклада Z93. Последующие три места по численности занимают гаплогруппы Q, G2a и J2, в которых нет явного «лидера», у всех доля гаплогруппы составляет от 10 до 12 %. Затем идут минорные по численности

гаплогруппы — R1b, I2a, C2-M217, E1b, H, O, J1, L, все в интервале от 4 до 1 %.

Сравним состав гаплогрупп у перечисленных сибирских татар с татарами Поволжья (будем так упрощенно называть татар Русской равнины). Если у сибирских татар по двум разным выборкам основными по численности гаплогруппами являются N1a и R1a (в сумме составляют 46 % и 41–52 %), причем гаплогруппа N1a (32 %) стоит на первом месте, то у татар Поволжья гаплогруппа R1a (30 %) численно стоит на первом месте, с превышением доли гаплогруппы N1a (16–26 %) в полтора раза. Более того, у сибирских татар доминирует северный субклад N1a2b-P43, что довольно типично для сибирских народов, а у татар Поволжья доминирует субклад N1a1-M46, как и повсюду на Русской равнине. Аналогично, у сибирских татар почти полностью преобладает субклад R1a-Z93, тоже типичный для Сибири, но для татар Поволжья, хотя Z93 у них заметно выражен, особенно по сравнению со славянами, в целом в группе R1a не доминирует.

Гаплогруппы Q, тоже типичной для Сибири, довольно много у сибирских татар (11,5 %) по сравнению с татарами Поволжья (2,0–2,8 %), хотя доли гаплогруппы G2a сопоставимы — 11,3 % у сибиряков по сравнению с 3,5–9 % для татар Поволжья.

Остальные гаплогруппы сравнивать большого значения не имеет — их доля либо сопоставима, либо их доли малы для разумного сопоставления. В целом, если ориентироваться на основные по численности гаплогруппы и принимать во внимание историческую динамику миграций, то сибирские татары определенно связаны по происхождению с татарами Поволжья.

Поясним. Носители гаплогруппы N1a продвигались тысячелетия назад из Сибири через Урал на Русскую равнину, естественно, в итоге изменив свою долю в общем балансе гаплогрупп татар. У сибирских татар эта доля равна 32 % (в выборке из 388 человек), причем со смещением в сибирский субклад N1a2b-P43, у поволжских — 16–20 %, со смещением в N1a1-M46 опять же сибирского происхождения. Это — нормальный, обычный процесс. Напротив, носители субклада R1a-Z93 продвигались с запада на восток, с Русской равнины в Сибирь, и сейчас сибирские народы содержат почти исключительно субклад

R1a-Z93, в том числе и сибирские татары. То, что у сибирских татар есть небольшая доля европейского субклада R1a-M458 (2 % от всех), заметно меньше, чем у европейских татар (5,9 % от всех), легко объяснимо, они не живут в полной изоляции. То, что у сибирских татар значительно больше сибирской же гаплогруппы Q (11,5 %) по сравнению с европейскими татарами (2,8 %), тоже совершенно понятно. Надо просто понимать, что современный состав гаплогрупп отражает не исключительно «происхождение», а происхождение с добавлением, порой значительным, «дополнительных» гаплогрупп, к тому же с учетом известных миграций, которые порой проходили в противоположных направлениях.

## 17. Тофалары

У тофаларов, коренного малочисленного народа Восточной Сибири, которые в основном проживают в Иркутской области, основной по численности гаплогруппой является N1a (59–82 %), в которой примерно поровну приходится на субклад N1a1-M46 и на линию N1a2-L666, субклад которой популяционными генетиками не определен, точнее, ему приписан некий фантомный индекс, которого в классификации не существует и не существовало. Подробности — в завершающей части настоящей книги. Остальные гаплогруппы занимают значительно меньшую долю, но данные для них противоречивы. Например, на R1a по одним данным приходится 12,5 % от всех, по другим — 2–3 %. На долю R1b приходится 12,5 %, но поскольку статья старая и в ней использована архаичная классификация гаплогрупп, то последнее число — скорее оценочная реконструкция. Остальные гаплогруппы численно минорные, такие как C (6 %) и Q, O, I (все три примерно по 3 %).

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА I2A-Y3120

### 1. Сербы, хорваты, боснийцы, черногорцы, македонцы

Все перечисленные выше пять народностей бывшей Югославии по сути являются одним народом по происхождению. У всех пяти главной гаплогруппой является южнославянская I2a-Y3120,



доля которой у сербов составляет 26–35 % (по разным выборкам), у хорватов — 37 %, у боснийцев от 51 до 71 % (последний показатель — у боснийских хорват), у черногорцев — 31 %, у македонцев — 23 %. Число западноевропейских I2a-M223 у всех минимально или отсутствует. На втором месте по численности у них или R1a: у сербов — 18–20 % (комбинация субкладов Z280 и M458), у хорватов — 24 % (доля Z280 и M458 примерно поровну), у боснийцев — 18 % (практически все Z280), или E1b: у черногорцев — 27 % (все субклада V13), у македонцев — 22 % (все субклада V13).

Происхождение этих гаплогрупп известно: I2a-Y3120 — это южнославянский субклад, который вышел из «бутылочного горлышка» выживания примерно 2,2 тыс. лет назад, в конце I тыс. до н. э., E1b-V13 — типичный балканский субклад, общий предок которого жил примерно 3450 лет назад, после почти полного его уничтожения в III тыс. до н. э. и прохождения «бутылочного горлышка» выживания. Ясно, что основной «матрицей» для всех перечисленных народностей был этот выживший субклад Y3120, к которому «присоединились» носители гаплогрупп R1a-Z280, R1a-M458 и E1b-V13.

У сербов, хорватов и боснийцев доля E1b занимает третье место, при доле соответственно 14–18 %, 10 % и 9–12 %, что примерно одно и то же при обычных погрешностях расчетов. У черногорцев и македонцев на третьем месте по численности стоит гаплогруппа R1b, в основном субклад ямной культуры Z2103 (10 и 13 % соответственно). Это же относится и к сербам, у которых практически вся гаплогруппа R1b состоит из субклада Z2103, но у сербов, хорватов и боснийцев доля R1b намного меньше, 5–6 %, 9 % и 2–4 % соответственно. Это можно отнести на счет малых выборок. Остальные — минорные по численности гаплогруппы — J2a, I1, G2a, N1a1, доля которых равна 1–5 %, только у македонцев доля J2a и R1a составляет 14 %.

Резюмируя, все особенности набора гаплогрупп у черногорцев практически идентичны таковому у сербов. Это неудивительно — черногорцы входили в югославский Государственный союз Сербии и Черногории и получили независимость только в 2006 г. Сербь и сейчас воспринимают с насмешкой Черногорию как отдельное государ-

ство, относя это исключительно к «политической диверсии Запада» при дезинтеграции Югославии.

## 2. Гагаузы

Гагаузы — тюркский народ христианского вероисповедания. Какого-либо территориального «ядра» проживания гагаузов в России нет, половина их рассеяна по регионам РФ. Основная территория проживания гагаузов находится за пределами Российской Федерации, а именно в Бессарабии — на юго-востоке Молдавии и юго-западе Украины, в северо-восточной Болгарии и юго-восточной Румынии.

Несмотря на то что гагаузы говорят на тюркском языке, две основные по численности гаплогруппы у них имеют такое же происхождение, как и у славян. Это гаплогруппа I2a (24 %), в которой в Восточной Европе, как правило, преобладает южнославянский субклад Y3120, это же показано на единичном примере гагауза. Вторая по численности гаплогруппа у гагаузов — R1a (19 %). К сожалению, по гагаузам очень мало данных по субкладам, в том числе и этой гаплогруппы, поэтому мы не знаем, какой субклад, например, Z280 или M458, у них преобладает по численности.

Последующие гаплогруппы у гагаузов (G2a, E1b, R1b) плавно снижаются по численности, причем настолько плавно, что расставлять их именно в таком порядке не позволяют погрешности определений. Более корректно сказать, что у всех трех содержание равно 12–14 %. Остальные гаплогруппы минорные по численности, от 5 % и ниже (J2, I1, T, N1a1).

Понятно, что при таких ведущих гаплогруппах у гагаузов они не произошли от турок, во всяком случае в заметных количествах. У турок ДНК-генеалогия принципиально отличается — там на первом месте со значительным отрывом находится гаплогруппа J2, которая у гагаузов минорная. Напротив, у гагаузов выражена гаплогруппа R1a, доля которой у турок в два раза меньше. Если еще выяснится, что у гагаузов в основном (или только) субклады R1a-Z280 и R1a-M458, это еще больше отдалит их от турок, у которых R1a почти исключительно субклада R1a-Z93. Пока таких сведений нет.

Но вклад турок у гагаузов может быть, на это указывает довольно высокое значение доли



гаплогруппы G2a у гагаузов (13,5 %), практически такое же, как у турок (9–11 %), или даже несколько выше. Впрочем, это может оказаться кавказским влиянием. Это же относится к гаплогруппе E1b, которой у гагаузов в данной выборке 13,4 %, у турок — 8–11 %. Хотя это повышенное количество E1b у гагаузов к туркам, видимо, вообще не имеет отношения, так как это типичные балканские и средиземноморские показатели.

Наконец, у гагаузов доля гаплогруппы I2 стоит на первом месте, а у турок ее почти нет. В целом, повторим, что гагаузы вряд ли произошли от турок, а тюркский язык мог быть получен от скифов, как это было, например, у карачаево-балкарцев. Вряд ли кто-то предполагает, что карачаево-балкарцы произошли от турок.

Следует отметить, что история происхождения гагаузов имеет множество версий, по сведениям, не менее 30. По данным Союза гагаузов, руководством Гагаузии официально признано, что предки гагаузов — это печенеги, половцы, кипчаки, куманы, сельджуки и другие степные народы, но Союз против этого возражает, считая, что «*основным компонентом этногенеза гагаузов является только народ узы*». При этом Союз сообщает, что о народе узы четких сведений нет — то ли это северокавказский народ времен начала нашей эры, то ли скифское племя, туранское по происхождению. Но данные, показанные выше и более подробно в последнем разделе настоящей книги, с этими степными гипотезами не согласуются. Ни северокавказское племя, ни степные, скифские племена не могут дать в качестве основной по численности южнославянскую гаплогруппу и субклад, характерные в первую очередь для балканских народов бывшей Югославии. Для них также характерна гаплогруппа E1b, тоже несколько выраженная у гагаузов (13 %, почти столько же, как и у сербов, — 15 %). Разумеется, дополнительный вклад в гаплогруппы гагаузов кавказские и степные народы могли внести, первые — гаплогруппу G2a, вторые — гаплогруппу R1a-Z93, но сведений о последней у гагаузов пока нет.

### 3. Румыны

Как отмечалось выше, румыны заметно отличаются по составу гаплогрупп от молдаван. Если

у молдаван преобладала гаплогруппа R1a, у румын это была гаплогруппа I2a, причем почти исключительно южнославянский субклад I2a-Y3120. Гаплогруппа R1a была на втором месте по численности (от 8 % до 18 %) и на третьем месте, которое, впрочем, пересекалось со вторым местом, была гаплогруппа R1b (15–16 %), в основном западноевропейского субклада, R1b-P312, не характерного для славян.

При сопоставлении со структурой гаплогрупп у молдаван можно заключить, что происхождение румын определенно не «римское», а славянское, хотя мозаика гаплогрупп у них отличается от таковой у молдаван. Рассуждения, что молдаване являются «частью румын», не выдерживают проверки ДНК-генеалогией. Как румыны, так и молдаване происходят от славян, но исторические пути их этногенеза были различными.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА C2-M217

### 1. Казахи

Почти половина (42 %) казахских гаплогрупп относится к гаплогруппе C, субкладу C2-M217. Этот субклад обычен для среднеазиатских и монгольских гаплотипов, и последующие субклады занимают более ста уровней в иерархии, как показано (в сокращении) в последней части настоящей книги.

На втором месте по численности у казахов находится гаплогруппа R1a (19 %), причем в ней представлены как южноарийский субклад R1a-Z93, так и субклад Русской равнины Z280, которые далее расходятся на нижестоящие субклады, как подробно описано в заключительной части этой книги. Иначе говоря, у казахов гаплогруппы R1a преобладают южноарийские ветви, нижестоящие к ветви Z645-Z93, и можно заключить, что на территории будущего Казахстана арийские миграции III–II тыс. до н. э. оставили свои линии Z2125, Z2124, Z2122, L657, последняя из которых в итоге была принесена в Индостан и сейчас в большом количестве находится в высших кастах Индии. Снимы групп Z280 и M458, которые тоже найдены у казахов, но в меньших количествах, должны быть значительно более недавние, они в данном контексте представляют

славянские сніпы — восточнославянские и западнославянские.

На третьем месте по численности находится гаплогруппа G (12 %), в которой наблюдаются разные субклады. Остальные гаплогруппы — минорные по численности, включая R1b, O, N1a1, J2 и другие.

В России гаплогруппы C практически нет, всего 0,4 %. Это уже показывает, что татаро-монгольское нашествие XIII в., начиная с битвы на Калке (1223 г.), и последующие два века поборов дани с русских княжеств, следа в Y-хромосомах этнических русских практически не оставили, во всяком случае в виде гаплогруппы C. В общем, оно не оставило и других гаплогрупп, таких как R1a-Z93 (типичной для степняков, в том числе скифов). Исторические источники делают упор на «монголов» в этом нашествии, опять же начиная с битвы на Калке, относительно которого типичной фразой является «сражение закончилось полной победой монголов», хотя никто не показывал, что войско под предводительством Джэбэ и Субэдэя было по этническому составу монгольским, хотя бы преимущественно. В любом случае почему-то принято считать, что раз победили, то победители оставили многочисленное потомство на завоеванных территориях. Пример с гаплогруппой C и этническими русскими показывает, что это было не так. Часто путают военную победу с последующей колонизацией, но в случае «татаро-монгольского ига» колонизации не было.

## 2. Буряты

Буряты считаются монгольским народом, граничат с Монголией, до 1956 г. назывались бурят-монголами, и это находит прямое отражение в составе их гаплогрупп — у них преобладает по численности гаплогруппа C2-M217 (60–64 %) при относительно высоком содержании второй по численности гаплогруппы N1a1 (19–27 %), так что в сумме это уже составляет 83–86 %. В отличие от якутов, линии гаплогруппы C2 у бурят не проходят через сніп M48, как описано в последней части этой книги. Еще одно отличие — если у якутов гаплогруппа N1a1 является полностью доминирующей по численности (87–92 %), то у бурят этого показателя достигает только сум-

марная доля гаплогрупп N1a1 и C2 (87–92 %). Доля гаплогруппы R1a и у якутов, и у бурят мала, около 2–4 %.

## 3. Калмыки

У калмыков основная гаплогруппа C2-M217, как и у казахов, но в значительно большем относительном количестве — 59–71 % (по разным выборкам). Еще одно характерное отличие — последующей по численности гаплогруппой у калмыков является не R1a, как у казахов (19 %), а сочетание гаплогрупп O и R2a, хотя с гаплогруппой O у калмыков не все понятно: две выборки дали 11 % и 0 %, но второй, нулевой показатель, по ряду причин недостоверный (значительно меньшая выборка, стиль представляемых данных). Гаплогруппы R2a у калмыков 9 % (у казахов — 2 %). Доли остальных гаплогрупп у калмыков и казахов (N1a, J2a, R1b, Q) приблизительно одинаковые, как в подробностях показано в завершающей части настоящей книги.

Как было показано в последней части книги, базовые гаплотипы гаплогруппы C2-M217 у всех групп калмыков — из РФ, Монголии и Китая — совершенно идентичны, как практически одинаковы и датировки их общих предков в пределах погрешности расчетов. Иначе говоря, в отношении происхождения все группы калмыков гаплогруппы C идентичны друг с другом и по территориям, и по родоплеменным формированиям, и, как мы видим, они же во многом сходны с таковыми у казахов, за некоторыми исключениями (выше доля гаплогруппы C2 и меньше доля гаплогруппы R1a у калмыков).

## 4. Каракалпаки

Каракалпаки — народность, проживающая в основном на территории Узбекистана. Несколько выборок дали значительно различающиеся данные по составу их гаплогрупп, но на первом месте по численности неизменно находится гаплогруппа C2-M217 (от 17 до 28 %). Далее идет довольно плотная группа из четырех гаплогрупп — R1a (от 4 до 18 %), O (от 5 до 14 %), R1b-M269 (7–8 %) и N (от 5 до 8 %), в состав которой входит и субклад N1 (от 5 до 8 %). Из этого ряда выбивается гаплогруппа Q — две выборки показали 6 % каждая и одна выборка — 36 %, и эта, последняя

выборка, была самая многочисленная — 172 человека. Остальные две выборки — по 50–100 человек. Прочие гаплогруппы были явно минорные по численности — I, J2, R2, J1, G2a, E1b, I2a, L, N1a — все по 1–4 %, только одна выборка показала наличие 12 % J2.

## 5. Эвенки (устар. тунгусы) и эвены

При ведущей роли — по численности — гаплогруппы C2-M217-M48 у эвенков (40–70 %) и эвенов (74 %), как и у казахов и калмыков, последующая за ней гаплогруппа различается. У эвенков и эвенов это N1a (у эвенков — 15–34 %, при примерно одинаковом количестве субкладов P43 и M46, у эвенов — 11–13 %), у казахов — R1a, у калмыков гаплогруппы O и R2. Это можно объяснить тем, что во всех четырех народностях основная по численности гаплогруппа пришла из монгольских степей, но в дальнейшем разошедшиеся народы впитали разные миграции: у казахов это были древние арии и более недавние скифы, у калмыков — миграции из юго-восточной Азии, у эвенков и эвенов — миграции со стороны Алтая, которые, оставшись частью с эвенками и эвенами, прошли далее на Средний Урал.

## 6. Долганы

Долганы — коренное население Таймыра. Происхождение их является спорным среди специалистов. Одни относят их к якутам, и по переписи населения 1939 г. долганы действительно были отнесены к якутам, другие относят их происхождение к эвенкам и якутам, третьи считают их отдельным народом. Такое разночтение — обычное дело среди специалистов по этногенезу народов.

Посмотрим и мы — по составу гаплогрупп по выборкам долган, якутов и эвенков. У долган преобладает гаплогруппа C2-M217 (37 %), у якутов этой гаплогруппы мало или практически нет (от 0,9 до 4,9 % по разным выборкам), гаплогруппы C2 в целом от 4,0 до 5,6 %, а лидирует — с большим отрывом — гаплогруппа N1a (87–92 %), которой у долган намного меньше (34 %), она по численности стоит у долган на втором месте, причем соотношение субкладов N1a1-M46 и других (точно не определены) как 65 % к 35 %. У якутов практически вся гаплогруппа состоит из субклада N1a1-M46.

Другие гаплогруппы с якутами также существенно разнятся — R1a, которая у долган по численности стоит на третьем месте (16 %), у якутов — между 3,5 % и 4,6 % по разным выборкам. Остальные гаплогруппы тоже не сближают долган с якутами. Вывод — по данным выборкам происхождение долган и якутов существенно различается.

С эвенками у долган сходства больше, но отличия весьма заметные. У эвенков в среднем 60–70 % гаплогруппы C2-M217-M48, у долган — 37 % гаплогруппы C2-M217. В принципе, это одна и та же линия, так что разница может быть вызвана простым недотипированием субклада M48 у эвенков, полное название которого C2a1a2-M48. Однако разница между долей гаплогруппы C2 у долган и эвенков все равно остается необъясненной. Конечно, можно выдвинуть предположение, что выборки разные, но таким способом разницу, строго говоря, не объяснить.

Доля гаплогруппы N1a у долган и эвенков сопоставимая, но большего сказать нельзя из-за вариации этой доли у эвенков. Гаплогруппы R1a у долган определенно больше (16 %), чем у эвенков (1 %, 5 %, 10 % и 14 %), но вариации у последних такие, что четкого вывода сделать все равно нельзя. В целом, для данных выборок близкое родство долган и якутов можно отвести, но долган и эвенков пока сблизить или развести не удастся. Надо ждать новых, более детальных данных.

## 7. Ительмены

Ительмены — сибирский народ, большая часть которого проживает на Камчатке и в Магаданской области. У ительменов содержание основной по численности гаплогруппы C2-M217 составляет 67 %, то есть две трети, из них, по данным другой выборки, 39 % приходится на субклад C2-M217-M48. Не исключено, что показатель исходной гаплогруппы C2-M217 недотипирован и на субклад C2a1a2-M48 приходятся все 67 %. Это не будет являться удивительным, так как у эвенков тот же субклад составляет 40–70 %, у эвенов — 74–78 %, у долган — 37 %, у калмыков — 59–71 %, так что это все родственные по происхождению народы.

Содержание второй по численности гаплогруппы R1a у ительменов составляет 22 %, гаплогруппы N1a1 — 11 %. В сумме с содержанием гаплогруппы C это составляет 100 %, поскольку о минорных по численности гаплогрупп у ительменов не сообщается. В принципе, мы уже знаем миграционные пути всех трех гаплогрупп, носители C2a прибыли со стороны Монголии, R1a (если это субклад Z93, что пока неизвестно) — это наследие древних ариев и их потомков скифов, которые активно расселялись по Сибири, N1a1 прибыли со стороны алтайского региона после 15 тыс. лет назад.

## 8. Нивхи

У нивхов наблюдается довольно уникальная комбинация ведущих (в численном отношении) гаплогрупп: на первом месте стоит C2-M217 (от 40 до 71 % — по разным выборкам), на втором — гаплогруппа Q (от 10 до 15 %). На последующих двух местах по численности — гаплогруппы D (6–10 %) и O (от 4 до 20 %).

Но предполагать, что нивхи родственны полинезийцам, как описано, например, в Википедии, нет никаких оснований. У полинезийцев совершенно другой набор гаплогрупп, например, у них не C2-M217, а C1b-M38, та же обширная ветвь, что и у австралийских аборигенов, C1b-M347. Гаплогруппа O у нивхов тоже представлена совершенно другой ветвью, чем у полинезийцев: у первых — O1b-M268, и то ее очень мало, у полинезийцев — O2-M122 и нижестоящие сныпы. «Полинезийцы» с нивхами — это один из многочисленных примеров, когда сравнения производят «по понятиям», а не по науке. Скажем, нивхи есть островные (сахалинские) и материковые (в Хабаровском крае, около устья р. Амур). И вот слышит такой «исследователь», что нивхи «пересекли большую воду» (что вполне возможно, с материка на остров), и тут же решает, что они «прибыли из Полинезии». Почему Полинезия — не важно. Но ДНК-генеалогия тут же ставит точку в таких фантазиях «по понятиям».

## 9. Ульчи

Ульчи проживают в основном в Приамурье, основная по численности гаплогруппа у них

C2-M217 (70 %). Автор этой книги не раз упоминал, причем неслучайным словом, российских популяционных генетиков во главе с матерью и сыном Балановскими, которые гонят неряшливые, поверхностные публикации в академических журналах, с искаженными «интерпретациями». Здесь — очередной случай. Статья об ульчах была опубликована в 2018 г., то есть недавно, но в статье использована настолько устаревшая номенклатура гаплогрупп и субкладов (в данном случае, отмененная в 2012 г.), что разобраться в ней непросто.

Уже после всех исправлений оказывается, что 70 % гаплогруппы C2-M217 у ульчей сопровождаются тем, что в составе этой гаплогруппы есть 35 % гаплогруппы C2-M217-M48. Вопрос: какой же субклад имели остальные 35 % в изучаемой гаплогруппе у ульчей? Вариантов много — либо тот же субклад M48, просто недотипированный, либо какой-то другой субклад, тогда какой? Авторы статьи, популяционные генетики, отвечают уклончиво: «У ульчей половина линий с гаплогруппой C относится к ветви M48, а половина — к другим ветвям гаплогруппы C». И это они публикуют в академическом журнале!

Необычный состав гаплогрупп у ульчей заключается в том, что вторая по численности гаплогруппа у них — O (15 %). Иначе говоря, первые две гаплогруппы у них составляют уже 85 %. Остальные гаплогруппы у них минорные по численности — N (6 %), в которой найдены N1, но не обнаружен субклад N1a2b-P43.

Народы Сибири можно подразделить на тех, у кого численное преимущество гаплогруппы N, и тех, у кого численное преимущество гаплогруппы C, как у ульчей. Ко второй группе относятся также эвенки, эвены, казахи, хотя последние не являются сибирским народом (42 % гаплогруппы C при наличии всего 4 % гаплогруппы N), киргизы (27 % гаплогруппы C при наличии всего 3 % гаплогруппы N). У бурят заметно представлены обе эти гаплогруппы, у чукчей, напротив, до 58 % гаплогруппы N1a1-M46. К сожалению, у большинства этих народов неизвестны гаплотипы, по которым можно более точно определить происхождение этих народов, и датировки жизни общих предков. Это — дело будущих исследований.



## 10. Удэгейцы и монголы

Удэгейцы, малый народ Приморского и Хабаровского края, похожи на ульчей в том отношении, что у тех и других основные по численности гаплогруппы C2-M217 (71 %) и O (26 %), хотя в работе популяционных генетиков 10 % из показанных 71 % отведено на счет другого субклада, который из классификации выведен еще в 2014 г. В любом случае, гаплогруппа C2-M217 у удэгейцев численно преобладает, и показанными двумя гаплогруппами состав Y-хромосомных ДНК у удэгейцев почти исчерпывается, остальные 3 % приходится на гаплогруппу N1a1, близко к тому же, что у ульчей. Таким образом, эти две народности можно было бы здесь объединить в одном разделе. В этом отношении с ними можно объединить и монголов, у которых тот же набор гаплогрупп — на первом месте по численности стоит гаплогруппа C2-M217 (53–57 %), за ней идет гаплогруппа O (21 %), и это вместе составляет три четверти или более монгольских гаплогрупп. Дальше идет резкий сброс к «добавленным» гаплогруппам, которые «абсорбировались» в ходе этногенеза монголов, удэгейцев, ульчей, и у монголов это гаплогруппы Q, R1a, N1a1 в количестве 4–5 % каждая.

## 11. Юкагиры

Как и по другим малым народностям, по юкагирам, которые проживают в основном в Якутии, относительно гаплогрупп мало данных, причем они весьма противоречивы. Согласно одной малой выборке, у юкагиров основной в количественном отношении гаплогруппой является C2-M217 (55 %), согласно другой столь же малой выборке, доля C2-M217 равна 31 %. Последующие два места делят гаплогруппы N1a1 (27–31 %) и Q (18–31 %). В такой ситуации все три гаплогруппы могут занимать любые места.

## 12. Орочи

Орочи, основное количество которых живет в Северо-Восточном Китае и Внутренней Монголии, в России — в основном в Хабаровском крае, уникальны в том отношении, что у них в численно подавляющем отношении имеется гаплогруппа C2-M217 (87 %), на втором месте есть не-

много N1a1 (10 %) и замыкает триаду минорная в численном отношении гаплогруппа O (3 %). По структуре гаплогрупп орочи близки к эвенкам и эвенкам, если принять, что у всех трех народностей исторически формирующей этнос гаплогруппой была C2-M217, а остальные (в первую очередь N1a1) были «дополнительными», впитавшимися в ходе этногенеза этих трех народов.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА Q

### 1. Алтайцы (челканцы и тубалары)

В отличие от других алтайских народностей, у которых преимущественно наблюдается гаплогруппа R1a (алтайцы и алтай-кижи), у челканцев и тубаларов преобладает гаплогруппа Q. У челканцев ее 60 %, у тубаларов — 44 %. Она имеет, скорее всего, монгольское происхождение. На втором месте по численности у челканцев гаплогруппа N (20 %), на третьем — гаплогруппа R1a (16 %), и это в сумме составляет 96 %. У тубаларов на втором месте по численности гаплогруппа R1a (37 %), на третьем — гаплогруппа N (11 %), и это в сумме составляет 92 %. Остальное — минорные по численности гаплогруппы.

### 2. Туркмены (туркоманы)

Туркмены — это множественное, неоднозначное название разнообразных народностей и племенных групп и объединений. Есть туркмены среднеазиатские (бактрийские), иракские, сирийские и другие, последних часто называют туркоманы. Соответственно, история развития этих туркменских групп была разнообразной, что в свою очередь привело к большому разнообразию гаплогрупп, в том числе основных в количественном отношении. У туркменов Каракалпакии доля гаплогруппы Q максимальна из всех туркменов — 73 %. У туркменов Бактрии — 34 %, на втором месте там стоит гаплогруппа R1a-Z93 (18 %). У туркменов Северного Ирака гаплогруппа Q — одна из самых малочисленных, ее доля равна 2 %, а на первом месте по численности находятся гаплогруппы J2a (20 %) и E1b (19 %), за которыми следуют гаплогруппы J1 (13 %), R1a (12 %), G2a (10 %) и R1b (8 %). Как мы видим, в Северном Ираке нет явно выраженной преобладающей в численном отношении



гаплогруппы, это обычно показательно для древних «перекрестков цивилизаций».

В целом, туркменов в отношении родовой структуры следует признать конгломератом разных гаплогрупп, за исключением среднеазиатских туркмен Туркменистана и Каракалпакстана (республики в составе Узбекистана).

### 3. Селькупы

Селькупы — народ Сибири, большая часть из них проживает в Ямало-Ненецком автономном округе. Основная (в численном отношении) у них гаплогруппа Q (53–66 % по разным выборкам), за ней следует гаплогруппа R1a-Z93 (14–19 %), и далее идет «связка» гаплогрупп в сходной количественной категории — R1b-M73 (6–7 %), N1a (7–9 %, хотя одна выборка показала 41 %) и I (7 %). Подобная комбинация первых двух по численности гаплогрупп есть только у туркмен Средней Азии, что на первый взгляд не находит рационального объяснения, но только на первый взгляд. Гаплогруппа Q по всей Сибири и Средней Азии может иметь сходное происхождение, и не случайно большинство древнейших ветвей этой гаплогруппы исходят из Китая, Индии, Пакистана, Бангладеш. Оттуда носители гаплогруппы Q могли попасть и к туркменам (и казахам, таджикам, узбекам), и селькупам. Что касается гаплогруппы R1a-Z93, то в Сибирь (и множество других регионов) ее принесли древние арии и их потомки — скифы, которые расселялись по сибирским регионам.

### 4. Кеты (устар. остяки)

У кетов, малочисленного коренного народа Сибири, проживающего в основном на севере Красноярского края, почти исключительно мужская гаплогруппа Q (86–94 %), остальные «дополнительные» гаплогруппы в численном отношении минорные. Это — гаплогруппа C2-M217, обычная для народов Сибири (4–6 %) и N1a1, которая по разным выборкам или не обнаруживается, или доходит до 6 %, равно как гаплогруппы I1, I2a, R1a, O, все на уровне 1–5 % в численном отношении. Первые две вообще европейские гаплогруппы, вряд ли имеющие отношение к этногенезу кетов. Гаплогруппа R1a может быть и европейской, и местной, сибирской, она была найдена в древнем захоронении на

Ангаре с датировкой 8 тыс. лет назад, но для ответа на вопрос о происхождении R1a у кетов надо определять сипы, что не исследовалось.

### 5. Алеуты

Алеуты — коренной малочисленный народ Сибири, в Российской Федерации проживают в основном в Камчатском крае, но за рубежом живут на Аляске и разбросаны на многих Алеутских островах. Состав гаплогрупп на разных территориях значительно варьируется, как показано в завершающей части настоящей книги. Основная по численности гаплогруппа у них Q, и в среднем ее доля составляет всего 15 %. Остальные 85 % гаплогрупп в наши времена больше присущи европейцам (I, J, E3b, R1a, R1b, I1a), и сибирякам, и европейцам (N) и, скорее всего, были «занесены со стороны».

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА O

### 1. Корейцы

Эта гаплогруппа характерна для Юго-Восточной Азии. У корейцев преобладающая гаплогруппа O (78–87 %), за ней с большим отрывом следует гаплогруппа C (12–14 %), и далее идет минорная по численности гаплогруппа D (1–2 %). Это уже составляет почти 100 % от состава гаплогрупп у корейцев.

Полученные в этой книге данные наводят на мысль, что жизнь древних людей в Юго-Восточной Азии — на территории будущих Китая, Японии, Кореи — была в некоторой степени безмятежной, в отличие от народов Европы, Кавказа, Ближнего Востока, Африки. Безмятежной, конечно, не в обычном бытовом смысле, а в отсутствии признаков геноцида, крупных катаклизмов, опустошительных войн. Датировки общих предков этих народов Юго-Восточной Азии, рассчитанных по гаплотипам наших современников, обычно уходят вглубь времен на 10 тыс. — 15 тыс. лет назад. Этого нет в Европе, на Кавказе, на Ближнем Востоке, в Африке. Там максимальная древность, на которую уходят датировки общих предков наших современников, не превышает 5 тыс. лет назад, чаще 4 тыс. лет или меньше. В этих регионах обычны «бутылочные горлышки» выживания

древнего населения. В ряде случаев причину этого мы уже знаем, в Европе это массовый геноцид коренного населения в ходе заселения континента эрбинами, носителями гаплогруппы R1b. Отсюда — «бутылочные горлышки» выживания у европейских гаплогрупп R1a, E1b-V13, I1, I2a, G2a, которые приходятся на времена от 5 тыс. до 2,2 тыс. лет назад. Еще чаще причин мы пока не знаем, например, почему у евреев гаплогруппы J1 нет общих предков более древних, чем 4 тыс. лет назад, у гаплогруппы N1a1 в Европе нет общих предков древнее 4 тыс. — 4,5 тыс. лет назад. Это еще предстоит выяснить ДНК-генеалогии в содружестве с археологией, историей, антропологией.

## 2. Японцы

У японцев — уникальная комбинация первых двух по численности гаплогрупп, O (52–56 %) и D (29–35 %). В сумме это уже составляет 85–87 %, и понятно, что остальные гаплогруппы по численности будут минорными. Действительно, ДНК-рассмотрение японцев в целом намного проще, чем многих других народов. В отличие от европейцев, которые, как правило, происходят из регионов на «перекрестках цивилизаций» и представляют множественные наборы гаплогрупп, у японцев таких гаплогрупп всего несколько, включая минорные. После первых двух идет гаплогруппа C (9–12 %), распространенная в Азии. Например, те же сипы «японской» гаплогруппы C найдены также в Индии и Армении, что показывает широкий географический диапазон передвижения их носителей. Далее следует гаплогруппа N (2–4 %), которая у японцев около 10 тыс. лет назад расходится на две генеалогические линии — одна, N1a2a-F1101, представлена в основном в Китае, Вьетнаме, Японии и Корее, другая — «северная» линия N1a2b-P43, которая широко представлена в Сибири и на севере Русской равнины.

Наиболее обстоятельное изучение ДНК-генеалогии японских и корейских мужчин было проведено членом Академии ДНК-генеалогии И. Л. Рожанским, который десятилетия живет в Японии, является лауреатом высоких японских научных наград. Основные результаты и выводы приведены в заключительной части этой книги,

в разделе «Японцы». Они отвечают на вопрос, который не мог быть решен в мировой литературе без привлечения подходов ДНК-генеалогии, а именно — начиная с первых упоминаний людей «Во» (和) в китайских источниках на рубеже нашей эры, которые оказались прямыми предками нынешних японцев, их происхождение оставалось для китайской, а затем и для западной науки во многом загадкой, несмотря на интенсивные исследования в области антропологии, археологии, истории, лингвистики японцев и их ближайших географических соседей.

Исследования И. Л. Рожанского привели к выводу, что в своей основе японский и корейский этносы сформировались на Корейском полуострове в период времени с 6 тыс. до примерно 2,5 тыс. лет назад. В процессе этногенеза на ранней стадии доминировали носители гаплогруппы O1b-M268, в дальнейшем к ним добавились двигавшиеся из Маньчжурии представители гаплогрупп O2-M122, C2-M217 и N1. Отдельная история современных японцев восходит к временам около 2,5 тыс. лет назад, когда жители Корейского полуострова начали постепенно осваивать о. Кюсю. Отношения первых переселенцев с местным населением, представлявшим гаплогруппу D1, были, по всей видимости, мирными, что позволило последним на равных влиться в состав формирующегося нового народа. Расчет общего предка двух ветвей гаплогруппы O1b-M268 дал практически ту же самую датировку, что расчет времени расхождения японского и корейского языков методами лексикостатистики — 6,4 тыс. и 6,7 тыс. лет назад соответственно.

Основными для Японии и Кореи являются гаплогруппы O1b-M268 и O2-M122, которые имеют более половины японских мужчин и три четверти корейских. У японцев к ним добавляется еще гаплогруппа D1a-M55, которую имеют еще треть мужской части населения. У корейцев ее почти нет (1–2 %).

## 3. Китайцы

Данных по китайцам относительно мало, но они показательны — 87 % от выборки приходится на гаплогруппу O, в которой максимально присутствует субклад O2a (72 % от всех субкладов гаплогруппы O). Понятно, что при таком чис-

ленном преобладании гаплогруппы О в Китае места для других гаплогрупп там практически не остается. Действительно, второй по численности гаплогруппы С (типирование только поверхностное) в Китае всего 6 %, следующей за ней гаплогруппы N — 3 % и гаплогруппы D — 2 %, как и в Корее.

Но надо отметить, что численность носителей гаплогруппы N в Китае даже при такой относительно малой численности составляет примерно 20 млн мужчин, что превышает по численности количество носителей гаплогруппы N во всем мире (включая 10 млн в России и около 2 млн в Финляндии).

#### 4. Вьетнамцы

Данных по составу гаплогрупп у вьетнамцев мало, но бесспорно то, что наиболее представленной по численности гаплогруппой у них является О (79–90 %). Последующие две гаплогруппы по оценкам — C2-M217 (от 2 до 12 %) и Q (4–7 %), хотя в двух из четырех выборок гаплогруппы Q вообще не нашли. Еще одна гаплогруппа, N, содержится у вьетнамцев в количествах 3–8 %. Остальные четыре гаплогруппы (R1a, D, J и J2) показывают большой разброс по процентному содержанию и все фактически являются минорными, попадая в диапазон от 0 до 4 %.

#### 5. Дунгане

Дунгане переехали в Россию в основном из Китая, Казахстана, Киргизии, Узбекистана относительно недавно, буквально век-полтора назад. Основная по численности гаплогруппа у них О (38 %), что показывает первичный регион, откуда они переместились в Среднюю Азию и далее в небольших количествах в Россию. На втором месте по численности у дунган гаплогруппа R1a (19 %), в составе которой субклада R1a-M458 не обнаружено. Это показывает, что русские в этногенезе дунган участия не принимали, даже в то относительно короткое время, когда они находились в Средней Азии и в России. Это может быть и наследие R1a из Китая, где проживают десятки миллионов носителей этой гаплогруппы, в основном потомков древних ариев.

На третьем месте по численности у дунган гаплогруппа Q, опять определенно китайского

и/или монгольского происхождения. Далее идут минорные по численности гаплогруппы R1b и J2 (по 6 % каждая) и, наконец, совсем минорные, по 3 % каждая — C2-M217, N1a2, E1b, L, T.

#### 6. Сойоты

Сойоты, которые почти полностью живут в Бурятии и являются коренным малочисленным народом Сибири, условно имеют численно преобладающую гаплогруппу О (26,5 %). Условно — потому что в той же численной группе идут также гаплогруппы R1a, N1a и C2, все в интервале 24–18 % от всех гаплогрупп сойотов. Это в любом случае означает, что исходная этнообразующая гаплогруппа «размылась» за счет прибывших гаплогрупп, и при малых выборках ее практически невозможно определить. У бурятов, на территории которых живут сойоты, основная по численности гаплогруппа C2-M217 (60–64 %), и легко представить, какому популяционному давлению подвергаются сойоты на протяжении веков, а то и тысячелетий, со стороны народа, численностью превышающего их в 130 раз.

### ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА E1B

Эта гаплогруппа является одной из наиболее распространенных на Ближнем Востоке, в Северной Африке, в Передней Азии, на Балканах. Она была наиболее распространенной в Европе позднего каменного века наряду с гаплогруппами G и I и неоднократно найдена в захоронениях в Испании и Франции с археологическими датировками 7 тыс. — 5 тыс. лет назад. Примерно 4,5 тыс. лет назад ее в Европе постигла та же участь, что и гаплогруппы I1 и I2 — их носители были почти полностью уничтожены в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b. Носители гаплогруппы E1b-V13, которые сейчас наиболее распространены в Европе, в основном на Балканах, по сравнению с носителями гаплогруппы E1b в других регионах мира, в настоящее время имеют датировку общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад.

## 1. Болгары

Болгары — редкий, если не уникальный пример народа, у которого мужчины имеют основную гаплогруппы E1b (24 % от всех гаплогрупп), причем почти все — субклада E1b-V13. Этот субклад прошел «бутылочное горлышко» выживания примерно 3450 лет назад, после того как был почти полностью уничтожен в ходе заселения Европы эрбинами (носителями гаплогруппы R1b) в III тыс. до н. э. До уничтожения носители субклада V13 жили на территории современных Франции и Испании, но после выживания их потомки перебрались в значительной степени на Балканы. Так, в Македонии доля гаплогруппы E1b составляет 22 %, в Косово — 48 %.

На втором месте по численности в Болгарии находится гаплогруппа I2a (20 %), в которой южнославянскому субкладу Y3120 принадлежит 90 % от всех Y3120. На третьем — гаплогруппа J2 (11–16 %) совместно с гаплогруппой R1a (13–17 %). В последней гаплогруппе половина относится к субкладу Z280 (субклад Русской равнины), другая половина — к субкладу M458 (центральноевропейская и западнославянская ветви).

Гаплогруппа R1b охватывает 9–11 % у болгарских мужчин, и у нее необычный состав. Половина от всех носителей R1b относится к субкладу ямной культуры Z2103, четверть — к западноевропейским субкладам P312 и U106, и еще четверть — к потомкам архаичных субкладов L789, L389 и M269, которые образовались примерно 17 тыс., 14 тыс. и 6,2 тыс. лет назад. К сожалению, гаплотипы этих носителей неизвестны, и рассчитать, когда жили их прямые общие предки, пока не представляется возможным.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННЫЕ ГАПЛОГРУППЫ E1b, J1, J2, R1b

### 1. Евреи

Поскольку за основу численности евреев в России принята самоидентификация, это избавляет нас от дискуссий, кто такие евреи, поскольку универсального ответа на этот вопрос не существует.

Как следствие непростой истории еврейского народа в составе евреев присутствуют почти все гаплогруппы из классификации. За исключени-

ем немногих гаплогрупп, которые в наибольшей степени наблюдаются на территории Ближнего Востока (J1, J2, E1b), остальные гаплогруппы у евреев не являются автохтонными, то есть «коренными», хотя и этот термин является довольно условным. Практически все «примкнувшие» гаплогруппы присоединились к евреям относительно недавно, как правило, уже в нашей эре, во времена рассеяния евреев. Каким путем они «примкнули», тоже остается неясным. Основные варианты два — или проникновение гаплогрупп в еврейскую среду «диффузным» путем, неупорядоченно, например, насильственным путем, или прибытие в Европу хазар, степняков, в которых эти гаплогруппы присутствовали исторически, многие вынесены из Азии. В любом случае это «проникновение» гаплогрупп было в каждом случае практически разовым и дальше сопровождалось появлением выжившего потомства, четко «очерченного» своим общим предком. Общие предки у большинства «примкнувших» гаплогрупп датируются примерно 1 тыс. лет назад, что косвенно поддерживает «хазарскую» гипотезу.

Поскольку европейские евреи в основном жили изолированными общинами, в местечках, то потомство развивалось в замкнутых общинных структурах, что в итоге приводило к четким гаплотипам и субкладам, характерным для евреев, и они без труда опознаются по характерным гаплотипам, как показано в заключительной части настоящей книги. Эти характерные гаплотипы обычно сопровождаются в базах данных характерными еврейскими именами-фамилиями предков. Как правило, они идут в базе данных группами и легко идентифицируются. Вот примеры имен из базы данных: Лейб, Сруль, Эфраим, Гершель, Саул, Борух, Мордехай, Шломо, Израэль, Реувен, Шимон, Янкель, Хаим, Авраам, Элиезер, Шмуль, Гершон, Моисей, Иеремия, Юфим, Бер, Саломон, Хирш, Иезекиль, Лазарь, Менахем, Ицхак, Аарон.

Следующие показатели по составу гаплогрупп среди евреев взяты из крупнейшей базы данных «Евреи», в которой числится около 1,7 тыс. гаплотипов. На первом месте по численности стоит гаплогруппа E1b (21 %), на последующих трех находятся гаплогруппы J2 (18 %), J1 (17 %) и R1b (17 %). По каким-то причинам в литературе и среди дилетантов укоренилось представление,



что среди евреев больше всего гаплогруппы J1, но, как мы видим, это не так. Строго говоря, все приведенные гаплогруппы по численности близки друг другу, тем более принимая во внимание погрешности расчетов. Даже принимая явно заниженную погрешность  $\pm 2-3\%$ , мы видим, что приведенные процентные показатели становятся неразличимыми и уж J1 лидером по численности явно не являются.

Остальные гаплогруппы у евреев являются по численности минорными, это R1a (8 %), G (7 %), I (5 %), T (3 %), Q (3 %), R2 (1 %), N (0,5 %), L (0,1 %), H и D (по 0,05 %).

Предковый (базовый) гаплотип гаплогруппы R1a настолько характерен, что по нему можно практически безошибочно определять потомков евреев этой ДНК-линии. Понятно, что сам носитель этого снипа или гаплотипа необязательно является евреем в отношении религиозной принадлежности или даже сам не знает, что он прямой потомок евреев в данной ДНК-линии, но его снип и гаплотип это показывают. Сами евреи, как показывает практика, это чрезвычайно приветствуют, потому что это и «маркер самоидентификации», что у евреев важно. Люди недобросовестные, провокаторы связывают это с «измерением черепов» нацистами, не желая подумать, что цели и задачи здесь совершенно другие — а именно принести евреям знания о своей родословной, а не привнести репрессивные меры, как было в нацистской Германии.

Остальные данные по ДНК-генеалогии евреев подробно рассмотрены в последней части настоящей книги.

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА H1

### 1. Цыгане

Цыгане — выходцы из древней Индии, и к такому же выводу приходят представители других (сопряженных) научных дисциплин. Времена исхода цыган из Индии оцениваются исследователями примерно в середине I тыс. до н. э., что в целом согласуется с данными ДНК-генеалогии,

как подробно показано в последней части настоящей книги на примерах хорватских, венгерских, болгарских, словацких и других цыган. В целом найденное у них распределение гаплогрупп характерно для всех европейских цыган.

Доля основной гаплогруппы H1 у цыган часто составляет примерно треть от всех гаплогрупп, у венгерских цыган, например, 31 %. Общие предки этой гаплогруппы у европейских цыган жили относительно недавно — от  $1100 \pm 250$  лет назад (Хорватия) до  $550 \pm 100$  лет назад (Болгария). Надо подчеркнуть, что гаплогруппа H1 характерна для индийцев, в том числе для индийцев джунглей и индийцев внекастовых племен.

На втором месте по численности обычно стоит гаплогруппа R1a, которая явно «приобретенная» в Европе и включает в себя разнообразные ветви субкладов Z280, M458 и Z93. Общие предки таких ветвей жили, например,  $770 \pm 140$  лет назад,  $525 \pm 120$  лет назад.

Что касается субклада Z93, то вряд ли Индию покинули представители высших каст, имеющие гаплогруппу R1a, чтобы стать в Европе цыганами. Либо это носители R1a, пониженные в статусе и ставшие изгоями, либо это жители джунглей, получившие свою гаплогруппу R1a-Z93 «неупорядоченным» путем от ариев и их потомков. Либо, наконец, это коренное население Индии неарийского происхождения. Если говорить относительно ветвей субкладов Z280 и M458 у цыган, то они включают самые разнообразные подветви. Это не «цыганские» субклады. Они приобретены цыганами в Европе тоже «неупорядоченным» путем, причем не единичным образом, а множественным. Иначе говоря, в цыганскую среду вошли много разных носителей гаплогрупп R1a-Z280 и R1a-M458, которые «принесли с собой» своих общих предков. В итоге мы видим в гаплогруппе R1a некую свалку, с фантомным общим предком. Это — мера промискуитета женской части цыганских таборов.

Остальные гаплогруппы у цыган по численности минорные, как, например, J2a (8 %), E1b (7 %), R1b (5 %). Судя по их малым количествам, они тоже неупорядоченно «приобретенные».

## ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА D

### 1. Айны

По некой причине айны привлекают особое внимание в России. Возможно, благодаря легендам об их славянском или праславянском происхождении, или во всяком случае европеоидном. Основным (или единственным) аргументом для этого служат вьющиеся волосы, глубоко посаженные глаза и окладистая, густая борода айнов. Но в Японии, в отличие от известного стереотипа, таких немало.

Есть основания считать, что айны являются прямыми потомками древних жителей Японских островов, возможно, уходящих корнями в культуру Дзёмон, которая занимала длительный период в истории, начиная с 15 тыс. лет назад и до I тыс. до н. э., захватывая мезолит и неолит. Но айны в этом отношении не уникальны, такое же происхождение имеет значительная часть современных японцев. Легенды, что язык айнов является ин-

доевропейским или даже славянским, не находят никаких обоснований и являются фантазийными.

Данных по гаплогруппам айнов немного. Группа айнов с острова Хоккайдо показала гаплогруппу D1a-M64.1 (xM125), если перевести их результаты на современную номенклатуру. То, чему это соответствует, описано в последней части настоящей книги. В 2017 г. в ходе экспедиции на Камчатку группа иностранных ученых, в состав которой входил (и был организатором) Булат Муратов из Уфы, среди 47 человек, тестированных на ДНК, обнаружили одного испытуемого, который назвался айном. Действительно, у него нашли гаплогруппу D-M64.1 с нижестоящими снипами. Линия современных японцев проходит через тот же снип, но расходится с айнами 115 мутаций, или примерно 16,6 тыс. лет, назад. Если эти линии будут подтверждены по максимально возможной выборке айнов и японцев, это может означать, что линии современных айнов и современных японцев разошлись более 16 тыс. лет назад.



## Часть II

# ОСНОВЫ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ



# Глава 1

---

## МУТАЦИИ, ГАПЛОГРУППЫ, СУБКЛАДЫ И ГАПЛОТИПЫ

Перечисленные в названии этой главы показатели — важнейшие в ДНК-генеалогии, наряду с хронологическими расчетами на основе картины мутаций в Y-хромосоме с применением констант скоростей мутаций. Они же образуют методологическую основу данной книги и обосновывают представления и выводы каждого раздела.

Самые элементарные, базовые представления в отношении гаплогрупп, субкладов, гаплотипов, мутаций в Y-хромосоме — снип-мутаций и стир-мутаций, а также митохондриальных ДНК — изложены в многочисленных книгах автора с 2010 по 2019 г. и во введении к настоящей книге. Но чтобы немного подготовить читателя, который о них узнает впервые, автор следует старому мудрому правилу опытного лектора — положения нужно изложить, потом их повторить и далее о них напомнить. А тем более положения, на которых строится материал книги. Поэтому в настоящем разделе эти положения будут повторены, но на более глубоком уровне, после чего читатель уже станет в определенном виде специалистом. А затем в каждом разделе книги, посвященном очередному народу России, эти положения будут иллюстрироваться опять и опять, на новых и новых конкретных примерах.

Итак, ДНК-генеалогия — это наука, которую также называют молекулярной историей. ДНК-генеалогия изучает скорости накопления мутаций в ДНК человека, используя подходы физической химии, или ее раздела под названием «химическая кинетика», которая и занимается скоростями химических и биологических процессов. ДНК-генеалогия изучает в основном наследование необратимых и обратимых мутаций в мужской половой хромосоме, которую называют

Y-хромосомой. При наследовании Y-хромосомы от отца к сыну мутации (снип-мутации, или необратимые мутации) происходят в среднем раз в поколение во всей Y-хромосоме, и, соответственно, на протяжении одного миллиона лет в Y-хромосоме накапливаются примерно 48 тыс. необратимых мутаций. Это эквивалентно примерно одной снип-мутации за поколение во всей Y-хромосоме.

### 1. НЕМНОГО РАСЧЕТОВ. КТО РАСЧЕТЫ НЕ ЛЮБИТ, МОЖНО НЕ ЧИТАТЬ

Чтобы не быть голословным, поясню, как это считается. Скорость снип-мутаций в Y-хромосоме равна  $0,82 \cdot 10^{-9}$  на нуклеотид в год (это показано разными группами исследователей в разных странах мира), поэтому во всех 58 млн нуклеотидов Y-хромосомы за год в среднем произойдет  $0,82 \cdot 10^{-9} \times 58 \cdot 10^6 = 0,04756$  мутаций, то есть одна мутация произойдет за  $1/0,04756 = 21$  год, то есть примерно за одно поколение. За миллион лет произойдет 47 560 мутаций. Приводить таким образом полученную величину без округления никак нельзя, и на самом деле эта величина примерно равна  $48\,000 \pm 4000$  снип-мутаций за миллион лет. Мы эту величину далее использовать не будем, она просто иллюстрирует тот факт, что снип-мутаций за долгое время в Y-хромосоме человека образуется много. Мы будем использовать величину, производную от приведенной, а именно скорость (или частоту) накопления мутаций в референсном фрагменте Y-хромосомы человека размером в 8,5 млн нуклеотидов. Поскольку в каждом конкретном случае изучения Y-хромосомы человека изучаются фрагменты разного размера,

то производят пересчет числа мутаций на референсный фрагмент. Например, если число снип-мутаций в фрагменте Y-хромосомы размером 4,25 млн нуклеотидов от некоторого (искомого) снипа до настоящего времени оказалось равно 56, то в пересчете на референсный фрагмент число снип-мутаций в этой цепочке снипов оказалось равно 112.

Как узнать, когда образовался этот самый искомый снип? Для этого взглянем на числа, приведенные выше. В 58 млн нуклеотидов Y-хромосомы в год образуется в среднем  $0,04756$  снип-мутаций, то есть в референсном фрагменте размером 8,5 млн нуклеотидов в год произойдет  $0,04756 \times 8,5/58 = 0,00697$  снип-мутаций, то есть одна снип-мутация произойдет в среднем раз в  $1/0,00697 = 144$  года. Если кто дотошный решит эти расчеты проверить и получит ответ — раз в 143,47 лет, то не стоит обвинять автора в незнании арифметики и неумении проводить операцию деления, это произошло из-за промежуточных округлений в расчетах выше. Будем использовать среднюю скорость снип-мутаций раз в 144 года, поскольку эта величина уже «узаконена» (<https://www.yfull.com/tree/>). Если у кого есть более обоснованная скорость снип-мутаций — советуем обратиться по соответствующим инстанциям, но для начала опубликовать в профильном издании. Короче, при 112 снип-мутаций от искомого снипа до настоящего времени этот искомый снип образовался  $112 \times 144 = 16\,128$  лет назад, или, округленно, примерно 16,1 тыс. лет назад. Но такая точность тоже является обманчивой, поскольку число снипов от искомого до настоящего времени обычно считают по выборке из 100 человек (если такую выборку находят) и полученное число усредняют. Так что эти 112 снипов часто оказывается средним числом при реальных числах, скажем, от 82 до 143. Но, тем не менее, в концептуальном отношении ответ является полезным, поскольку в других случаях другой снип образовался 60 тыс. лет назад или 2 тыс. лет назад. Так что 16,1 тыс. лет назад для «нашего» снипа, или 15,6 тыс. лет назад, или 17,2 тыс. лет назад большой относительной разницы не дает и сути выводов обычно не меняет. Потому что мы обычно ищем ответы на принципиальные вопросы, а не копаемся в мелочах, которые ответ не меняют.

## 2. МУТАЦИИ В НАСЛЕДСТВЕННЫХ ДНК-ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИХ ЛИНИЯХ

Мутации, которые изучает ДНК-генеалогия, являются полностью безвредными, они происходят из-за естественных ошибок при копировании ДНК собственной ферментной системой и не имеют никакого отношения к генам. Они не имеют также отношения к негативному (как правило) действию радиации, которое приводит к мутациям в генах.

У каждого человека картина мутаций своя и характерна для его наследственной ДНК-генеалогической линии. Поэтому сравнение картины мутаций у разных людей сразу выявляет более или менее удаленных родственников. Всего в мире насчитывают 20 главных родов, или гаплогрупп, которые обозначают буквами латинского алфавита от А до Т, плюс два отдельных африканских рода, А0 и А00, которые больше ни с кем не связаны, плюс 17 сводных гаплогрупп, как, например, GHIJK, HIJK, IJK, IJ, NO, плюс тысячи подчиненных родов, называемых субкладами. Наиболее распространенным родом в Российской Федерации является R1a, этот же род является наиболее распространенным в Белоруссии, на Украине, в Польше, Словении, еще во многих (но не всех) славянских странах, а также в ряде стран Средней Азии, через которые пролегали миграционные пути далеких арийских предков, носителей той же гаплогруппы R1a. В Центральной и Западной Европе наиболее распространенным родом является R1b. В Юго-Восточной Азии — гаплогруппа О, среди коренных жителей обеих Америк — гаплогруппа Q. Это будет показываться на конкретных примерах в последующих разделах данной книги.

Результаты ДНК-тестирования мужчин в 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, родовая характеристика. Гаплогруппа определяет носителя гаплотипа в определенный род, или племя, в историче-

ском смысле. У любой гаплогруппы, как у любого рода или племени, был один общий предок, патриарх, поэтому понятие «гаплогруппа» в ДНК-генеалогии эквивалентно понятию «род». 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 во множестве будут даны в этой книге.

ДНК-генеалогия выстраивает четкую генеалогическую линию предков и потомков, как людей, принадлежащих к определенному роду. Каждый род состоит из многих «племен», так называемых субкладов, каждый из которых характеризуется определенным «снипом», то есть необратимой мутацией, имеющей определенный индекс. Строго говоря, R1a и R1b — это субклады гаплогруппы R1. А R1 и R2 — субклады гаплогруппы R. 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, как указывалось выше, это есть общепринятое определение рода, что есть совокупность всех поколений людей, происходящих от одного предка. Но само понятие «род» довольно гибкое и понимается в зависимости от смысла, который в это вкладывают.

Например, потомки Ивана Клёсова, который родился в 1580 г., они же мои предки, — это наш семейный род. В то же время наш род — это гаплогруппа R1a, которая образовалась (путем соответствующей мутации в Y-хромосоме) примерно 24 тыс. лет назад. Наш род — это также субклад R1a-Y2902, он же восточнокарпатская ветвь гаплогруппы R1a, этот субклад образовался примерно 4,3 тыс. 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.

Можно сказать и по-другому: гаплогруппа — совокупность гаплотипов, объединенных «групповой» необратимой мутацией, присущей определенному человеческому роду, то есть потомкам одного «патриарха», как правило, тысячелетия назад. Здесь опять понятие «гаплогруппа» эквивалентно понятию «род» в ДНК-генеалогии.

Мутации (снипы) выбирают для их классификации по определенным критериям. Гаплогруппой также называют сам род в таких выражениях, как «гаплогруппа мигрировала 6 тыс. лет назад на восток», понимая, естественно, что мигрировали носители данной гаплогруппы. В настоящее время, как упомянуто выше, классификация включает 20 основных гаплогрупп (плюс A0 и A00), от A до T в алфавитном порядке, и тысячи «нисходящих» гаплогрупп и субкладов.

Гаплогруппы не просто соответствуют своим родам, но образуют определенную последовательность, лестницу гаплогрупп, показывающих их иерархию, — например, 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.

Мутации в ДНК, гаплогруппы, гаплотипы, снии изучает генетика, но ДНК-генеалогия — это не генетика. ДНК-генеалогия начинается там, где генетика заканчивается. Методология ДНК-генеалогии не включает выделение ДНК из природных источников, секвенирование ДНК, определение последовательности нуклеотидных фрагментов ДНК и прочие операции аналитической генетики и молекулярной биологии. ДНК-генеалогия по сути наука историческая, потому и название «молекулярная история», и она базируется на приложении подходов физической химии к анализу картины мутаций в ДНК. Важнейшая особенность методологии ДНК-генеалогии — определение констант скоростей мутаций в ДНК и приложение этих констант к расчетам хронологии древних со-

бытий — древних миграций человека, времен жизни общих предков изучаемых популяций. Суть ДНК-генеалогии — на основании картины мутаций в ДНК выявить хронологию появления этих мутаций в определенное время и (если возможно) в определенном месте и выдвинуть соответствующие исторические положения. Если возможно — провести перекрестные сопоставления этих положений с данными археологии, лингвистики, антропологии, этнографии и получить более полную и детальную картину мира. «Если возможно» — потому что таких данных часто пока просто нет.

В ДНК-генеалогии идет стремительное накопление экспериментального материала. Новый материал поступает потоком, ежедневно в базы данных уходят десятки и сотни новых «экспериментальных точек», которые по принципу обратной связи корректируют методологию новой науки, что приводит к уточнению методов расчета. Как сообщалось выше, правда, другими словами, экспериментальные данные ДНК-генеалогии — это картина мутаций в нерекомбинантных участках мужской половой хромосомы (также и в митохондриальной ДНК, но в этой книге речь пойдет в основном о Y-хромосоме, более информативной для исторических исследований), причем картина мутаций как в Y-хромосомах отдельных людей, так и их групп, популяций. Методология ДНК-генеалогии — это перевод динамической картины мутаций в хронологические показатели, во времена жизни общих предков популяций, а на самом деле — общих предков древних родов и племен. То есть фактически производится расчет времен, когда в древности жили эти рода и племена. Более того, расчеты показывают, как эти времена меняются от территории к территории, что может указывать на направления древних миграций.

Типы мутаций — снипы и стирь — были уже упомянуты выше. Но повторим другими словами. Снипы — это или одиночные (как правило) замены нуклеотидов в ДНК, как, например, аденин на цитозин, или цитозин на тимин, или вставки нуклеотидов, или делеции, а стирь — мутации более сложные, при которых ошибка копирующей ферментной системы приводит к переносу в Y-хромосоме целого блока нуклеотидов, tandemного, как его порой называют. Это дает или

удлинение серии таких блоков на один (редко — сразу на два-три блока), или их укорачивание. Для ДНК-генеалогии снипы отбирают только такие, которые случаются только один раз (два раза — максимум) за историю человечества. Поэтому они являются маркерами родов человечества. А стирь происходят в Y-хромосоме ДНК раз в несколько десятков или сотен поколений. Набор этих маркеров составляет гаплотип, примеры их даны ниже. Гаплотип — это, по сути, цепочка чисел, показывающих число повторов в определенных маркерах.

Если у того, кто заявляет себя мужчиной, нет гаплогруппы или гаплотипа, характерного для Y-хромосомы, то это не мужчина, а женщина. Именно к такому выводу сейчас нередко приходят археологи, которые именно так наиболее надежно определяют пол скелетного остатка в древнем захоронении. Нет Y-хромосомы, нет мужского гаплотипа и мужской гаплогруппы — значит, женщина. Как уже сообщалось выше, у каждого мужчины или мальчика есть Y-хромосома (у женщин, повторяем, ее нет), которая с большой точностью передается к сыну от отца, а тому — от своего отца, а тому — от своего, и так на протяжении сотен, тысяч, десятков и сотен тысяч лет, и все эти тысячелетия, поколение за поколением, Y-хромосома передается почти в неизменном виде. «Почти» — это потому, что в мире ничего неизменного — на протяжении тысячелетий — не бывает. В Y-хромосоме тоже происходят постепенные (точнее, микроскачками) изменения, и в среднем на каждое поколение, от каждого отца к каждому сыну, в Y-хромосоме происходит одна мутация, при которой один нуклеотид (это минимальный блок ДНК, размером примерно в молекулу обычного столового сахара) случайно, неупорядоченно превращается в другой. Как сообщалось, в Y-хромосоме таких нуклеотидов 58 млн. Так что «почти в неизменном виде» — это одна мутация на 58 млн потенциальных вариантов, которые в остальном остаются неизменными. Каждая такая мутация наследуется практически навсегда, потому что при копировании ДНК в следующем поколении биологическая копировальная машина в клеточном ядре «не знает», как оно там было в прошлом поколении. Ее задача — копировать то, что есть сейчас.



Поэтому 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 или их образовалось всего несколько. Если общий предок жил тысячелетия назад, то картина мутаций у потомков разная. Как эту картину отображают?

### 3. ГАПЛОТИПЫ

Отображают картину мутаций в виде так называемых гаплотипов, упомянутых выше как «личный паспорт» каждого мужчины, а именно в виде определенных последовательностей чисел, характерных для каждого человека. Чем эта последовательность длиннее, тем уникальнее гаплотип.

Например, у автора этой книги гаплотип выглядит так:

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

Это — так называемый 111-маркерный гаплотип. Здесь первое число показывает, что в одном из маркеров Y-хромосомы определенная последовательность нуклеотидов повторяется 13 раз. В другом маркере, который здесь показан как последующий, определенный блок нуклеотидов повторяется 24 раза и так далее. Если читатель хочет в этом подробнее разобраться, на конкретных нуклеотидах и их последовательностях, отправляем его (или ее) к учебнику «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (М.: «Концептуал», 2018). Кстати, в настоящей книге не все термины и расчетные приемы объяснены в подробностях и деталях, так как порой на это нужны страницы расчетов и в данной книге это представляется излишним. Поэтому если что-то непонятно — обращайтесь к указанному выше учебнику, он специально написан для разъяснений и иллюстраций принципов и аппарата ДНК-генеалогии.

Гаплотипы ДНК выбирают так, чтобы в них таких маркеров было как можно больше (но все-

таки чтобы оставаться в рамках практичности), и в ранних работах, примерно до 2005 г., использовались 6-маркерные гаплотипы, которые потом постепенно включали больше маркеров, и гаплотипы переходили к 7-, 8-, 9-, 10- и 12-маркерным, далее к 17-, 18-, 19-, 23- и 25-маркерным, потом к 37- и 67-маркерным гаплотипам, и в настоящее время многие заказывают для себя определение 111-маркерных гаплотипов. В последнее время стали определять так называемые «500-маркерные гаплотипы», но трудно пока представить их практическое применение, особенно потому, что «500-маркерный гаплотип» на самом деле содержит пропуски в 15–20 маркеров, причем в самых различных позициях гаплотипа в 111 маркеров. Иначе говоря, их проблематично сравнивать друг с другом. Но для специальных научных целей применение им найти можно.

Чтобы продемонстрировать разноречивость в данной сфере и предостеречь некоторых читателей от гонки за самыми протяженными гаплотипами, как некоторые гонятся за новыми айфонами просто для того, чтобы иметь самую последнюю модель, приведу два протяженных гаплотипа автора этой книги, один — 431-маркерный;

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 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.



Другой — 561-маркерный, с 14 пропусками:  
 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 5 4 4 7 5  
 4 11 11 4 4 5 4 9 4 4 6 6 4 4 5 4 5 5 5 4 5 6 5 7  
 4 5 4 4 5 6 4 4 6 5 4 4 4 6 10 4 4 8 — 5 4 5 8 5 8 5  
 10 7 7 8 7 5 5 5 12 4 4 8 5 5 7 11 5 11 5 5 5 5 7 6  
 6 6 7 5 6 13 4 5 4 4 5 5 5 5 8 9 6 5 6 6 9 5 4 4 5  
 5 9 5 5 5 4 5 8 4 4 4 8 5 6 6 4 4 4 5 11 4 6 6 6 4 4  
 4 4 5 6 6 4 9 4 11 15 4 5 5 8 6 12 6 5 11 5 6 6 5 8  
 4 4 4 6 4 4 5 11 7 5 11 5 5 4 10 8 6 10 9 5 4 4 5 5  
 8 4 6 7 10 4 6 4 10 11 4 5 12 7 4 5 6 12 8 9 5 4 8 5  
 5 5 10 12 10 6 6 6 9 4 6 4 7 4 7 5 8 5 6 5 7 4 12 5  
 6 3 5 7 4 4 4 7 5 4 7 6 5 6 9 5 5 6 8 8 6 6 6 4 4 6 4  
 10 13 9 — 6 4 6 5 5 4 4 5 13 5 13 4 5 8 6 14 10 7  
 5 5 6 11 4 6 7 6 12 4 5 6 5 5 6 5 5 5 — 8 9 12 6 4 9  
 11 — 4 12 4 5 9 10 11 11 10 5 4 15 5 9 18 5 4 7 7  
 13 13 10 4 9 5 4 6 5 4 4 8 4 6 4 7 — 8 5 4 8 13 11 4  
 7 5 8 8 4 7 5 9 5 6 4 6 11 5 4 6 — 10 6 6 4 — 7 6 12  
 4 11 12 10 10 5 5 9 4 4 10 10 4 8 5 12 — 11 — 13 4  
 11 4 5 5 — 5 5 5 11 10 6 5 5 — 4 5 7 4 13 5 4 — 13  
 4 5 12 4 11 8 6 11 5 9 9 5 7 4 7 6 11 5 13 8 7 4 11  
 7 4 — 11 4 13 — 9.

Даже беглый взгляд на эти два гаплотипа показывает, что первые 111 маркеров в них идентичны, а последующие совершенно разные. Дело в том, что в Y-хромосоме имеются примерно 2,5 тыс. маркеров, из которых технически можно выбирать любые, вот эти две компании и выбрали те, которые им приглянулись (а второй компании приглянулись другие, с минимальными числами), но первые 111 маркеров обе компании были обязаны выдержать, поскольку они в работе уже не менее восьми лет. Вывод отсюда простой — в классификации маркеров «конкурирующим» организациям (а это как компании, так и лаборатории университетов) несвойственно договариваться и использовать унифицированные наименования и индексы. Идет война номенклатур. Поэтому в этой книге иногда будут использоваться двойные индексы, в системе двух основных номенклатур, которые используют ISOGG (Международное общество генетической генеалогии) и компания YFull.

В академических публикациях по популяционной генетике, впрочем, пока продолжают использовать гаплотипы от 8- до 17-маркерных, и это тот случай, когда «любители», которые активно используют 67- и 111-маркерные гаплотипы, далеко обогнали профессионалов. Хотя те «любители» на самом деле зачастую намного квалифицированнее профессионалов, это просто профессионалы называют тех «любителями», чтобы не признавать свое колоссальное отставание и интеллектуальный застой в популяционной генетике. Этот вопрос никак не обойти при изложении данных ДНК-генеалогии.

Естественно, чем длиннее гаплотип, тем выше вероятность того, что в нем произойдет мутация. Мы уже поясняли выше, что мутация в гаплотипах — это результат ошибки в копировании блоков нуклеотидов, тех самых «коротких tandemных повторов», биологической системой копирования ДНК в клетке. Поскольку этих «коротких tandemных повторов» в Y-хромосоме по оценкам имеется около 2,5 тыс., это, видимо, и есть максимально возможный размер гаплотипа. Каждый «tandемный повтор», то есть маркер, мутирует, то есть копирующая система ошибается при копировании протяженных гаплотипов с вероятностью примерно 0,00178 раз в поколение при протяженности поколения 25 лет, или раз в 560 поколений, то есть раз в 14 тыс. лет. Здесь надо сделать три замечания. Во-первых, это уже не снип-мутации (расчеты для частоты которых были приведены выше), а стир-мутации, то есть мутации в гаплотипах. Во-вторых, эта скорость мутации, раз в 14 тыс. лет — средняя величина, рассчитанная по большому числу маркеров. Чем короче гаплотип, тем реальная скорость мутации более отклоняется от средней величины. В-третьих, 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 на 30 лет составит примерно 0,00214, или раз в 468 поколений (по 30 лет), или раз в 14 тыс. лет. Как видим, конечный результат получается точно такой же. Поэтому долгие споры, которые популяционные генетики ведут уже многие десятилетия, а именно сколько лет брать на поколение, не имеют большого смысла да ни к чему так и не привели. Попгенетики

просто не очень знакомы с понятием константы скорости мутации ( $k$ ), а она в расчетах всегда помножена на протяженность поколения ( $t$ ).

Дело в том, что согласно простейшей формуле ДНК-генеалогии число мутаций  $n$  в серии из  $N$  гаплотипов (мутации считаются от базового гаплотипа, он же предковый гаплотип) соответствует  $n/N = kt$ , где  $k$  — константа скорости мутаций, выраженная в числе мутаций на условное поколение (25 лет),  $t$  — число условных поколений, прошедших со времени жизни общего предка для данной серии гаплотипов. Поэтому протяженность поколения нельзя брать произвольно, как захотим, она завязана на константу скорости мутации. 25 лет на поколение — для одной константы скорости мутации, 30 лет на поколение — для другой константы, 20 лет на поколение — опять другая константа, а конечный результат получается один и тот же. Потому что это произведение ( $kt$ ) калибруется по известным генеалогиям и историческим событиям и потом перекрестно проверяется по многим сериям гаплотипов из разных гаплогрупп.

Как было отмечено выше, мутация в каждом маркере в среднем происходит раз в 14 тыс. лет, но в гаплотипах, то есть определенных наборах маркеров, мутации происходят со следующими средними скоростями:

- в 6-маркерном гаплотипе они происходят (на весь гаплотип) в среднем раз в 135 условных поколений, или раз в 3380 лет (в этом коротком гаплотипе маркеры мутируют более медленно, чем в других гаплотипах);
- в 12-маркерном — раз в 50 поколений, или в 1250 лет;
- в 25-маркерном — раз в 22 поколения, или в 550 лет;
- в 37-маркерном — раз в 11 поколений, или в 275 лет;
- в 67-маркерном — раз в 8 поколений, или в 200 лет;
- в 111-маркерном — раз в 5 поколений, или в 125 лет;
- в 431-маркерном гаплотипе — примерно раз в поколение, или, точнее, раз в 33 года.

Ясно, что мутаций в протяженных гаплотипах будет больше, чем в коротких за тот же промежуток времени, и изучение истории племен и народов, принимая в расчет число мутаций,

случившихся со времени жизни общего предка популяции, будет точнее.

Поясним это на простом примере. У автора этих строк есть коллега, родом из Белоруссии, и, как показали исследования, мы с ним принадлежим не только к одному роду, то есть не только к одной гаплогруппе, но и к одному славянскому племени. Мы не знаем точно, как оно называлось в древности — поляне, или древляне, или вятичи, или кривичи (а кривичи были как минимум смоленские, изборские и северные), или дреговичи, полочане, ильменские словене, радимичи, северяне, волыняне или бужане, тиверцы, уличи, белые хорваты или какие другие. В ДНК-генеалогии наше племя (или племена) носит название «восточнокарпатская ветвь гаплогруппы R1a», и дальше идут символы, детализирующие восточнокарпатскую ветвь на много уровней, на которые расходилось это племя, продолжая ДНК-линию патриарха племени, то есть сохраняя в своей Y-хромосоме специфические, уникальные мутации патриарха. Естественно, чем в более древние жил патриарх, тем больше мутаций накапливалось в гаплотипах его потомков по сравнению с его гаплотипом.

Так вот, в 6-маркерном формате наши с коллегой из восточнокарпатской ветви гаплотипы выглядят так:

16 12 24 11 11 13,  
16 12 **25** 11 11 13.

Между ними — одна мутация, что соответствует  $1/0,0074 = 135 \rightarrow 156$  условных поколений, или 3900 лет, то есть наш общий предок жил примерно  $3900/2 = 1950$  лет назад, примерно в начале нашей эры. Надо отметить, что 6-маркерные гаплотипы весьма неточны, для показа чего и служит этот иллюстративный пример. Здесь 0,0074 мутации на гаплотип — константа скорости мутации для 6-маркерных гаплотипов, стрелка — табличная поправка на возвратные мутации (подробнее об этом — в уже цитировавшемся учебнике «Практическая ДНК-генеалогия для всех»).

В 12-маркерном формате:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30,  
13 **25** 16 11 11 **14** 12 12 10 13 11 **29**.

Здесь между двумя гаплотипами уже три мутации, что дает  $3/0,02 = 150 \rightarrow 176$  условных поколений, или 4,4 тыс. лет, то есть общий предок жил примерно 2,2 тыс. лет назад, в конце про-

шлой эры. Здесь 0,02 мутаций на гаплотип — константа скорости мутаций для 12-маркерных гаплотипов. Вариация датировок, примерно 13 %, находится в пределах обычной погрешности расчетов, хотя гаплотипы короткие, мутаций мало.

В 25-маркерном формате:

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

между двумя гаплотипами уже 9 мутаций (мутации между последними четверками гаплотипов, так называемых мультикопийных маркеров, считаются по определенным правилам, см. цитированный учебник), что дает  $9/0,046 = 196 \rightarrow 242$  условных поколений, или 6050 лет, то есть общий предок жил примерно 3025 лет назад. Здесь 0,046 мутаций на гаплотип — константа скорости мутаций для 25-маркерных гаплотипов. Вариация датировок по первым трем форматам гаплотипов уже заметна и достигает 55 % (1950, 2200 и 3025 лет). Может показаться, что чем длиннее гаплотипы, тем древнее общий предок, но это не так, потому что в 37-маркерном формате:

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,  
13 **25** 16 11 11 **14** 12 12 10 13 11 **29** 15 9 10 11  
11 **25** 14 20 **32** 12 15 **15** 16 11 11 19 23 15 16 17  
**19 35 42 13** 11

между двумя гаплотипами 14 мутаций, что дает  $14/0,09 = 156 \rightarrow 184$  условных поколений, или 4,6 тыс. лет, то есть общий предок жил примерно 2,3 тыс. лет назад. Здесь 0,09 мутаций на гаплотип — константа скорости мутаций для 37-маркерных гаплотипов. Вариация датировок по первым четырем форматам гаплотипов (1950, 2200, 3025, 2300 лет до общего предка) уже начала стабилизироваться.

В 67-маркерном формате:

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

между двумя гаплотипами 19 мутаций, что дает  $19/0,12 = 158 \rightarrow 187$  условных поколений, или 4675 лет, то есть общий предок жил примерно 2340 лет назад. Здесь 0,12 мутаций на гаплотип — константа скорости мутаций для 67-маркерных гаплотипов. Вариация датировок по первым пяти форматам гаплотипов (1950, 2200, 3025, 2300, 2340 лет до общего предка) еще более стабилизировалась.

В 111-маркерном формате:

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

между двумя гаплотипами 26 мутаций, что дает  $26/0,198 = 131 \rightarrow 150$  условных поколений, или 3750 лет, то есть общий предок жил примерно 1875 лет назад, в начале нашей эры. Здесь 0,198 мутаций на гаплотип — константа скорости мутаций для 111-маркерных гаплотипов.

Заметим, что чем длиннее гаплотип, тем более стабилизируется константа скорости мутации в расчете на маркер. Для 67-маркерных гаплотипов она равна  $0,12/67 = 0,00179$  мутаций на маркер, для 111-маркерных гаплотипов она равна  $0,198/111 = 0,00178$  мутаций на маркер, и если для 409 маркерных гаплотипов она тоже равна 0,00178 мутаций на маркер, то скорость мутаций равна  $0,00178 \times 409 = 0,728$  мутаций на весь гаплотип. Проверим это. В 409-маркерных гаплотипах между гаплотипами двух упомянутых коллег 95 мутаций (эти 409 маркеров были определены для обоих коллег):

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 17 17 8 8 8 16 22 22 24 21 23  
14 16 25 28 15 15 6 11 10 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 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 16 11 15  
 12 13 30 24 11 11 13 12 12 9 11 12 14 11 10 12 12  
 15 12 12 20 34 8 12 11 15 16 9 10 11 11 12 15 15  
 16 16 7 14 17 17 11 25 8 8 8 12 8 8 23 11 15 13 11  
 12 12 10 9 15 15 8 13 8 13 15 12 14 10 11 17 10 9  
 12 20 17 15 36 21 9 10 13 10 14 39 33 36 9 11 12  
 12 13 11 10 10 12 12 18 19 13 9 14 44 10 12 8 14  
 24 9 12 15 8 15 20 11 11 21 11 11 10 10 17 9 9 9  
 9 8 8 8 9 12 8 11 15 10 9 23 11 16 9 16 31 8 20 8  
 13 12 8 16 10 9 33 27 23 22 10 9 8 23 11 12 11 10  
 11 10 8 11 14 8 8 20 32 55 7 7 5 9 6 11 11 11 13 9  
 39 33 7 8 27 7 5 13 7 15 28 25 31 60 18 42 25 24  
 12 31 22 20 12 12 3 4 14 11,  
 10 12 15 15 10 10 8 8 9 13 7 8 10 10 13 14 14 **14**  
 31 32 11 10 9 9 8 24 17 17 8 8 8 **8 23 23** 24 21 **22**  
**15 15** 25 28 15 **16 6** 11 10 **13 14** 8 14 11 12 10 11  
 10 **11** 11 11 18 10 12 **11 7** 10 5 8 9 5 5 11 **16 8** 29  
 6 7 10 13 11 6 7 7 16 10 **10** 16 22 23 11 **11 13** 10  
 7 12 12 13 7 3 **19 20 10** 11 8 9 13 **12** 10 11 22 **11**  
**15 14** 14 11 11 12 10 12 9 **12 9 12 12 11** 16 7 14  
**13 10 9 9** 4 7 7 13 **14** 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 **9** 14  
 14 **14 9** 7 10 12 14 13 14 14 12 6 32 10 11 16 8 7  
 17 17 11 11 6 **12 12 14** 11 10 7 13 12 7 16 11 **14**  
 12 13 **29 25** 11 11 13 12 12 9 11 12 14 11 10 **13** 12  
**14** 12 12 20 **32** 8 12 11 15 **15 9** 10 11 11 **11 12** 15  
 16 **15 7** 14 17 **16** 11 25 8 8 8 12 8 8 **22 11 14** 13 11  
 12 12 10 9 15 15 8 13 8 13 **16 12 15** 10 11 17 10 9  
 12 **19 14** 15 **38** 21 9 10 **16 10 13 39 34 35** 9 11 **11**  
 12 13 **12** 10 10 12 12 **17 20** 13 9 14 **43 12** 12 8 14  
**25 9** 12 15 8 15 **21** 11 11 **19** 11 11 10 10 17 9 **8 9**  
 9 8 8 8 9 12 8 11 15 10 9 **22 11 16 9 15 32 7 19** 8  
 13 12 8 **18** 10 9 33 **28** 23 22 10 9 8 23 11 12 11 10  
 11 10 8 11 14 8 8 **19 32 48** 7 7 5 9 6 11 11 11 13 9  
 39 **32 7 8 27 7 5 12 7 15 29 22** 31 **45 19** 42 25 **23**  
 12 **32 22** 20 12 **11 3 4** 14 11,

то есть дистанция между ними равна  $95/0,728 = 130 \rightarrow 149$  условных поколений, или 3725 лет, и общий предок жил примерно 1860 лет назад. Это практически полностью совпадает с 1875 годами до общего предка, что рассчитано по 111-маркерным гаплотипам. Но и другие оценки на самом деле находятся в пределах погрешностей расчетов. Принципы и формулы расчета погрешности даны в уже упомяну-

том учебнике («Практическая ДНК-генеалогия для всех»).

Ясно, что у протяженных 111-маркерных гаплотипов разрешение лучше (400-маркерные гаплотипы пока крайняя редкость). Но их определять дороже, чем более короткие, поэтому в академических исследованиях, при постоянной нехватке денежных средств, приходится работать с более короткими гаплотипами. Длинные гаплотипы определяют в коммерческих компаниях, обычно персонально, каждый посылает заявку-заказ сам, и результаты передают, с согласия заказчика, в общественные базы данных. Сейчас в общественных базах данных — сотни тысяч гаплотипов, и базы прирастают многими гаплотипами ежедневно.

Несколько опережая изложение в данной главе, сообщим, что примеры характерных 6-маркерных гаплотипов ветвей гаплогруппы R1a (в основном праславянских ветвей, древних выходцев с Русской равнины) следующие:

16 12 25 11 11 13	Ветвь Русской равнины
16 12 25 11 11 13	Центральноевразийская ветвь
16 12 25 11 11 13	Североевразийская ветвь
16 12 25 11 11 13	Западная евразийская ветвь
16 12 25 11 11 13	Балтийская ветвь
16 12 25 11 11 13	Востокакарпатская ветвь
16 12 25 11 11 13	Младшая арийская ветвь (индо-арии)
16 12 25 11 11 13	Арабская ветвь (потомки митаннийских ариев)
16 12 25 11 11 13	Иранская ветвь
16 12 25 10 11 13	Центральноевропейская ветвь
16 12 25 10 11 13	Балто-карпатская ветвь
16 12 24 11 11 13	Юго-восточная (арийская) ветвь
15 12 25 10 11 13	Западнокарпатская ветвь
15 12 25 11 11 13	Североевропейская ветвь
17 12 25 11 11 13	Североккарпатская ветвь
17 12 25 10 11 13	Востонославянская ветвь
17 12 24 11 11 13	Младшая центральноевразийская ветвь

Мы видим, что ветви настолько близкие по происхождению, что первые девять гаплотипов из приведенных семнадцати в 6-маркерном формате не разделяются. Только в некоторых



случаях можно условно определить, к какому наследственному ДНК-роду, то есть гаплогруппе, относятся ветви гаплогруппы R1a. Но разница между ветвями тем больше, чем протяженнее гаплотипы. Обычно в ДНК-генеалогии стараются работать с 67- и 111-маркерными гаплотипами.

#### 4. ГАПЛОГРУППЫ И СУБКЛАДЫ

Гаплогруппа — это род, который почти во всех указанных примерах в гаплогруппе R1a у славян имеет общего предка примерно 4,9 тыс. лет назад, у отдельных ветвей — от 5,2 тыс. лет назад (у предковой арийской ветви) до 2 тыс. лет назад и меньше, то есть начинается только в новой эре. Ниже о родах-гаплогруппах будет пояснено значительно более подробно. Заметим, что датировки 5,2 тыс. — 4,3 тыс. лет назад относятся к археологической культуре шнуrowой керамики, 4,3 тыс. — 3,5 тыс. лет назад — к фатьяновской культуре среднерусской полосы, но резкой временной (хронологической) границы между ними нет, они в значительной степени перекрываются. Где-то в этих культурах появились общие предки гаплогруппы R1a на Русской равнине. Они же — общие предки значительной части (до 67 %) современных этнических русских.

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

Столь относительно небольшое время до общего предка двух приведенных выше гаплотипов из восточнокарпатской ветви, около 2 тыс. лет назад, нашло объяснение при более глубо-

ком исследовании — оказалось, что они оба по предкам принадлежат не только к «ветви R1a Русской равнины» и несут необратимые метки в Y-хромосоме, характерные для этой ветви (это — метка под названием Z280, время образования примерно 5 тыс. лет назад, но время жизни общего предка современных гаплотипов группы Z280 — примерно 4,7 тыс. — 4,9 тыс. лет назад по разным выборкам), но и более специфические «нижеследующие» метки, или снипы, которые в классификации имеют названия CTS1211 (время образования снипа 4,7 тыс. лет назад, время жизни общего предка примерно 4,3 тыс. лет назад), CTS3402 (время образования снипа и время жизни общего предка примерно 4,3 тыс. лет назад), Y33 (время образования снипа и время жизни общего предка примерно 4,3 тыс. лет назад), CTS8816 (время образования снипа и время жизни общего предка примерно 4,3 тыс. лет назад), далее Y2902 (время образования снипа примерно 4,3 тыс. лет назад, время жизни общего предка примерно 2,2 тыс. лет назад), последний и маркирует восточнокарпатский род. Вот от предка этого рода (или, может, на ступеньку ниже, пока не идентифицированного) и расходятся приведенные выше гаплотипы, насчитывая между ними 26 мутаций в 111-маркерных гаплотипах и 95 мутаций в 409-маркерных гаплотипах.

Итак, кроме гаплотипов (и обратимых мутаций в них) наши ДНК несут практически необратимые снип-мутации. Они фактически помечают рода и племена, которые, как правило, состоят из потомков одного древнего общего предка, патриарха рода. Если племя «составное», то ветви племени, происходящие из разных родов, легко выявляются по гаплотипам. Вполне возможно, что древним племенем, из которого вышел общий предок двух наших коллег, гаплотипы которых мы рассмотрели выше, и которое получило условное название «восточнокарпатская ветвь», окажется одно из хорошо нам известных древнеславянских племен, но пока соответствующей «калибровки» не проведено. Мы пока не знаем, какие у тех древнеславянских племен были гаплотипы и субклады, но скоро непременно узнаем, при анализе ДНК их ископаемых костных остатков.

Расчеты, приведенные выше, оказались возможными, потому что уже показано и доказано, что мутации в маркерах происходят в основном



(или исключительно) неупорядоченно, и к ним оказалось возможным применять правила и подходы химической кинетики, или биологической кинетики, кому какой термин больше нравится — суть одна. Маркеры мутируют по законам кинетики первого порядка, других закономерностей пока не обнаружено. Это означает, что каждому маркеру свойственна определенная константа скорости мутации и каждому гаплотипу (состоящему, как мы уже знаем, из набора маркеров) тоже свойственна определенная средняя константа скорости мутации, равная сумме констант скоростей мутаций отдельных маркеров. Это следует из простого правила химической кинетики, что константы скоростей параллельных реакций суммируются, если расходуется одно и то же веще-

ство (в данном случае предковый гаплотип) или продукт один и тот же (в данном случае мутированный предковый гаплотип). Аналогия — если из бассейна вода вытекает по разным трубам, то общий объем вытекшей воды равен суммарному объему воды, вытекшей из всех труб. По тем же законам константа скорости мутации 111-маркерного гаплотипа (0,198 мутаций на условное поколение в 25 лет) равна сумме констант скоростей мутации каждого из 111 маркеров. Чем древнее общий предок популяции, тем больше мутаций накапливается в гаплотипах его потомков по сравнению с ним, тем больше поколений (и лет) отделяет современных потомков от их общего предка, и это число поколений (и лет) рассчитывается методами ДНК-генеалогии.

# Глава 2

---

## ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ КАК НОВОЕ НАПРАВЛЕНИЕ НАУКИ

Поскольку ДНК-генеалогия — наука новая, коротко опишем ее историю и проиллюстрируем ее надежность и обоснованность. Иначе мы рискуем тем, что читатель отнесется к ней с недоверчивостью и скептицизмом — мало ли кто что может напридумывать...

ДНК-генеалогия заявила о себе как о новой научной дисциплине всего десяток с лишним лет назад, в 2008 г. Начало было положено обширным анализом в рамках новой науки в то время протяженных (25-маркерных) гаплотипов гаплогруппы R1a Y-хромосомы европейского мужского населения, с расчетом времен жизни общих предков по странам и регионам (результаты были опубликованы в третьем выпуске журнала «Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии» в августе 2008 г.). Было, например, показано, что мужское население (гаплогруппы R1a) современной Германии имеет общего предка примерно 4,6 тыс. лет назад, и базовый (предковый) гаплотип его был следующий:

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

(две выделенные аллели нам понадобятся далее). Здесь надо отметить, что базовый гаплотип может совпадать с предковым и в идеале совпадает с ним, но в реальных условиях может несколько отличаться. Дело в том, что базовый гаплотип — расчетный, а предковый — абсолютный, по определению. Во многих случаях, особенно когда общий предок жил всего несколько тысяч лет назад и рассматривается большая серия гаплотипов, гаплотип общего предка даже не надо рассчитывать, он повторяется в серии много раз и потому очевиден. В других случаях, когда рассматриваемая серия гаплотипов отно-

сительно мала и состоит всего из нескольких десятков гаплотипов, а то и из нескольких гаплотипов, а общий предок жил давно, потому число мутаций в серии относительно велико, базовый гаплотип нужно рассчитывать экстраполяцией или другими приемами, и он может отличаться от предкового, хотя, как правило, немного. Поэтому в общем случае мы используем понятие «базовый гаплотип».

Возвращаемся к публикации в Вестнике в августе 2008 г. базового гаплотипа гаплогруппы R1a в древней Германии. 25 ноября того же года, то есть через три месяца, вышла статья международного коллектива, опубликованная в трудах Академии наук США, в которой были описаны ископаемые гаплотипы гаплогруппы R1a, найденные в местечке Эулау, Германия, с датировкой 4,6 тыс. лет назад. Ископаемые гаплотипы имели вид:

13/14 25 16 **11** 11 14 X X 10 12/13 X 30 14/15  
X X X X X 14 **19** X X X X X

(двойные числа в ископаемых гаплотипах — это те, которые точно определить не смогли, здесь возможны варианты). Знаки X указывают на пропущенные аллели в ископаемых гаплотипах. Только две аллели (выделенные числа в гаплотипах выше) различались на один шаг, 10 и 11 в четвертом положении (DYS391) и 19 и 20 ближе к концу гаплотипа (DYS448). Это вполне естественно, никто не мог утверждать, что найденные в захоронении останки принадлежали именно первоначально «германских» R1a, тем более что там была целая семья. Две мутации разницы по расчетам в рамках ДНК-генеалогии дают всего несколько сотен лет расстояния между ними, что укладывается в диапазон погрешности расчетов.

Со времени этого первого положительного испытания и демонстрации практического совпадения расчетов и археологических датировок, то есть с лета 2008 г., и начался отсчет новой науки ДНК-генеалогии.

Продолжая пример, покажем, как проводился расчет и на основании чего. В те времена, в 2000-х гг., в академической литературе использовались в основном гаплотипы от 6- до 10-маркерных, были известны 12-маркерный и 17-маркерный гаплотипы, второй был введен в практику в 2006 г., но для хронологических расчетов они практически не использовались. Короткие же гаплотипы обрабатывались популяционными генетиками с применением «популяционной» скорости мутации, которая была ужасающе неверна и завышала датировки обыкновенно на 250–350 %.

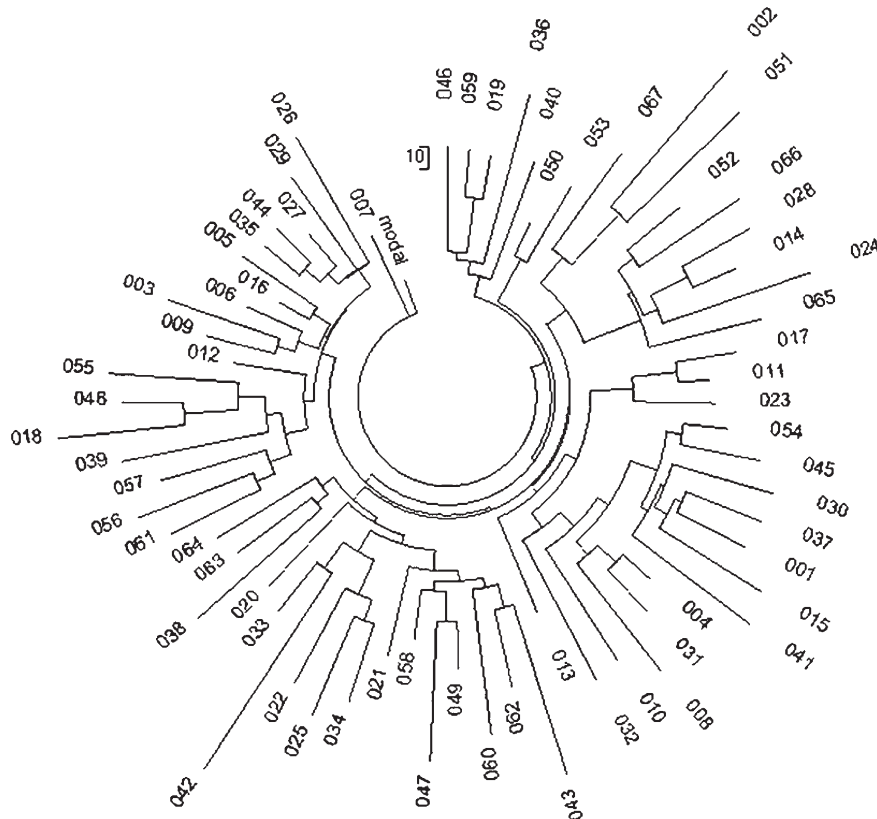
## 1. ПРИМЕР ДЕРЕВА ГАПЛОТИПОВ

В подходе ДНК-генеалогии 2008 г. строилось дерево гаплотипов для проверки на общую симметричность, то есть на отсутствие (или присутствие) выраженных ветвей. Принципы построения подобных деревьев будут объяснены немного ниже. Сейчас можно пояснить, что выраженные ветви на дереве гаплотипов означают, что у них был свой отдельный общий предок и его нужно датировать отдельно, разделяя ветви. Иначе получится «два землекопа и две трети». Иными словами, если в относительно недавнее время некто из данного рода (отраженного на дереве) дал особенно обильное потомство — например, передвинулся в дальние благодатные края, без войн и эпидемий, то дерево окажется гипертрофированным, та «благодатная» ветвь со своим общим предком (тот «некто», который передвинулся в дальние края) будет резко выделяться на дереве, и такое дерево нельзя усреднять по мутациям «поперек ветвей». Грамотный анализ дерева покажет, что, например, патриарх всего дерева жил 2,5 тыс. лет назад, а этот «некто», основатель отдельной ветви, жил всего 600 лет назад. Так и надо представлять данные.

Если же усреднять поперек всего дерева, то получится, что якобы общий предок всего дере-

ва жил, например, 1,2 тыс. лет назад (или любое число между 2,5 тыс. и 600 лет назад). Как видим, этот «общий предок» оказывается фантомным, и такие некорректно полученные результаты искажают выводы работы. К сожалению, так обычно работают популяционные генетики. Именно так, обрабатывая большую серию гаплотипов евреев, они получили якобы возраст общего предка современных евреев (гаплогруппы J1) — 3,2 тыс. лет и объявили, что это время исхода евреев из Египта (точнее, когда жил Аарон, первосвященник). На самом деле в их исходных данных было две серии гаплотипов, с общими предками 4 тыс. и 1 тыс. лет назад, но авторы работы на ветви гаплотипов не смотрели (эти и многие другие примеры подробно разобраны в книге А. А. Клёсова «Происхождение славян», М.: Алгоритм, 2013, глава 16).

Возвращаемся к дереву немецких гаплотипов образца 2008 г. Ниже будет показано, как получаются такие деревья и как их понимать. Здесь отметим, что дерево на рис. 1 показывает общую симметричность (множество мелких ветвей в нем можно анализировать по отдельности, но опыт показывает, что итоговый результат будет практически такой же), и его можно количественно обрабатывать как единую систему, то есть что все 67 гаплотипов происходят от одного общего предка. На все 67 гаплотипов в 12-маркерном формате имелось 208 мутаций от приведенного выше базового гаплотипа, и в 25-маркерном формате — 488 мутаций. В первом случае получаем  $208/67/0,02 = 155 \rightarrow 183$  условных поколений (по 25 лет) от общего предка (напомним, что стрелка указывает на поправку на возвратные мутации), то есть **4575 ± 560 лет** до общего предка. Во втором случае, для 25-маркерных гаплотипов, получаем  $488/67/0,046 = 158 \rightarrow 187$  условных поколений, то есть **4675 ± 510 лет** до общего предка. Как видим, совпадение почти абсолютное для расчетов по 12- или 25-маркерным гаплотипам. Надо сказать, что уже в первом выпуске Вестника, в июне 2008 г., проводились многочисленные расчеты для 37- и 67-маркерных гаплотипов, что тогда было неслыханно. Результаты всех этих расчетов верны до настоящего времени.



**Рис. 1.** Дерево из 67 гаплотипов современных немцев гаплогруппы R1a в 25-маркерном формате [Klyosov A. A. Basic rules of DNA genealogy (Y-chromosome). Mutation rates and their calibration. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, 1. 2008. No. 1. P. 3–53.]

## 2. ДОСТОВЕРНОСТЬ ДАННЫХ ПРИ МАЛЫХ ВЫБОРКАХ

Надо сказать, что неопытный читатель тут же запротестует, что, мол, как можно обо всей Германии или любом другом регионе судить по каким-то 67 гаплотипам, а там живут миллионы человек. На это можно задать встречный вопрос: чтобы понять, что море солёное, нужно ли пробовать воду из всех бухточек? А как же химики делают анализ растворов, беря пробу всего лишь в долю миллилитра из ведра, цистерны, озера? Когда делают анализ крови, что, всю кровь из вас выкачивают? Нет. Значит, вопрос о размере пробы поставлен некорректно. Вопрос на самом деле сводится к тому, равномерно ли перемешана система, чтобы по

малой пробе, или выборке, судить обо всей системе. Этот вопрос в ДНК-генеалогии давно проработан, и результаты сопоставительных исследований показаны, например, в табл. 1.

Из таблицы видно, что при последовательном переходе от серии из 26 гаплотипов до 7225 гаплотипов (в 37-маркерном формате) или 6486 гаплотипов (в 67-маркерном формате) и при увеличении числа мутаций в них почти в 700 раз расчетное время до общего предка этих гаплотипов, в данном случае проживавшего на Русской равнине около 5 тыс. лет назад, получается практически одинаковым, в пределах погрешности расчетов. Это значит, что гаплотипы гаплогруппы R1a на постсоветском пространстве да и во всей Европе перемешаны

достаточно хорошо, и все выборки вполне репрезентативны.

Поскольку мы знаем, что по всей Европе неравномерно распределены различные субклады гаплогруппы R1a, это совпадение датировок относится не к самим субкладам, а к их общим предкам около 5 тыс. лет назад, и мы уже знаем, что это был их предковый субклад R1a-Z645. Тем не менее надо подчеркнуть, что даже при такой воспроизводимости результатов по разным выборкам нельзя распространять эти результаты на любые другие выборки.

Строго говоря, каждая из датировок в таблице выше относится только к использованной выборке. Но когда выборок много и все они неупорядоченные и охватывают территорию всей страны, или того или иного региона, или даже континента, и датировки общих предков по выборкам при-

мерно совпадают, то разумно предположить, что датировка с хорошим приближением относится ко всей стране, или к региону, или даже континенту.

Правда, никто из специалистов не принимает получаемые датировки за абсолютные и не обращает особого внимания на точности в сотню лет. Эти расчеты не для того. Расчеты в ДНК-генеалогии за редким исключением «концептуальные», то есть призваны отвечать на принципиальные вопросы. Например, общий предок таджиков, носителей гаплогруппы R1a, жил  $4650 \pm 545$  лет назад, киргизов —  $1335 \pm 200$  лет назад, пуштунов —  $1075 \pm 180$  лет назад. Изучение этого вопроса показало, что таджики — прямые потомки ариев, а киргизы и пуштуны — прямые потомки скифов. Как видно, здесь дело не в точности до сотни лет, а в принципиальном выводе исторического характера.

**Таблица 1.** История определения времени до общего предка гаплогруппы R1a на «постсоветском пространстве» по разным сериям гаплотипов, последние две строки — для серии гаплотипов Европы

Дата	Число гаплотипов	Общее число мутаций	Время до общего предка, годы	Ссылка
Июнь 2008	26	178	$4400 \pm 550$	Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2008. Т. 1. С. 400–477
Ноябрь 2008	44	326	$4825 \pm 550$	Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2008. Т. 1. С. 947–957
Январь 2009	58	423	$4725 \pm 520$	J. Genetic Genealogy, 5. 2009. P. 186–216
Февраль 2009	255	1320	$4475 \pm 460$	Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2009. Т. 2. С. 232–251
Март 2009	98	711	$4700 \pm 500$	J. Genetic Genealogy, 5. 2009. P. 186–216
Июнь 2009	110	804	$4750 \pm 500$	J. Genetic Genealogy, 5. 2009. P. 186–216
Ноябрь 2010	148	1037	$4500 \pm 470$	Биохимия, 76. 2011. С. 636–653
Ноябрь 2010	148	2023	$4475 \pm 460$	Там же
Ноябрь 2010	148	2748	$4475 \pm 470$	Там же
Сентябрь 2013	647	2059	$4700 \pm 480$	Клёсов А. А., Пензев К. А. Арийские народы на просторах Евразии, 2015. С. 36
Февраль 2015	2000	38890	$4825 \pm 320$	Клёсов А. А. Ваша ДНК-генеалогия. 2016. 460 с.
Июнь 2018	53	349	$4500 \pm 510$	Данные московской Лаборатории ДНК-генеалогии
Август 2020	7225	99946	$4725 \pm 470$	Рассчитано по 37-маркерным гаплотипам Европы
Август 2020	6486	123010	$4600 \pm 460$	Рассчитано по 67-маркерным гаплотипам Европы

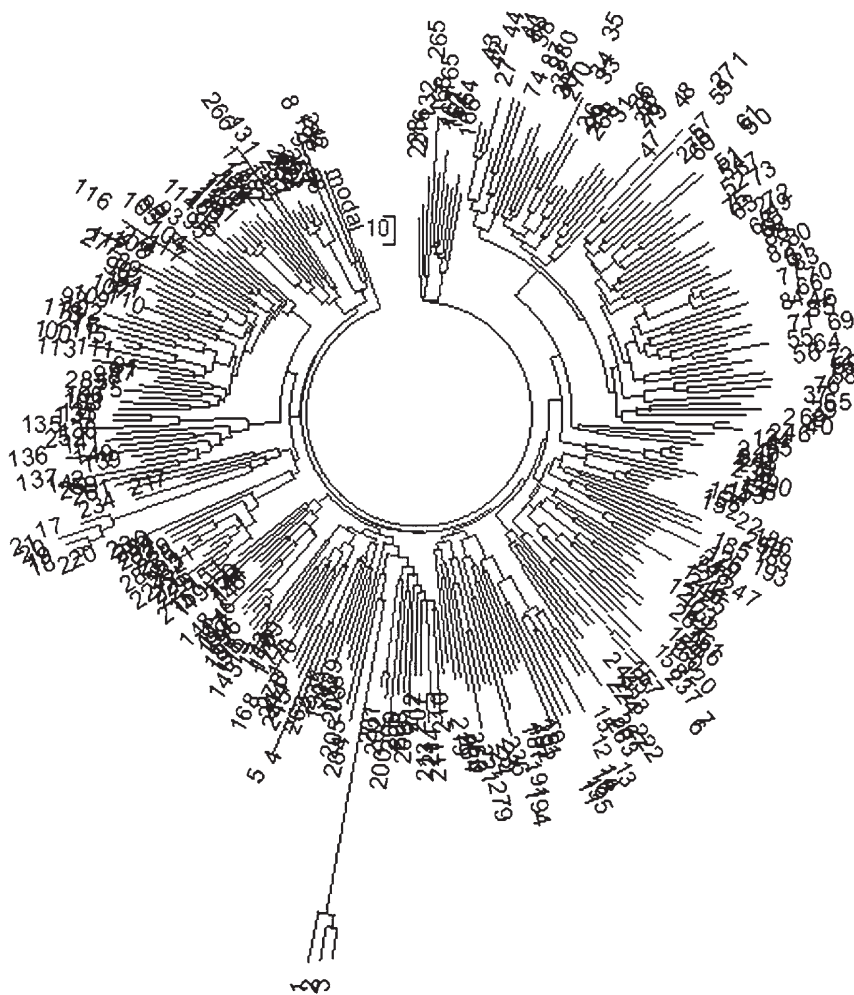


Конечно, могут быть и другие ситуации. Например, в горах в каждой долине состав гаплотипов (и гаплогрупп/субкладов) может заметно различаться, в отличие от того, что может наблюдаться на равнине, где гаплотипы более перемешаны за тысячелетия. Но в любом случае расчеты и выводы по гаплотипам относятся только к той конкретной выборке, которая рассматривалась, и только сопоставление разных выборок может показать, насколько система «перемешана», и решить вопрос об обобщении результатов расчетов и выводов на всю популяцию региона или только ее конкретную часть. Но пока репрезентативность разных выборок наблюдается и в горах.

Например, разные выборки осетин и карачаево-балкарцев дают воспроизводимые результаты для каждого из этих этносов. Перемешивание между ними обнаружено, но очень незначительное, практически не влияющее на результаты расчетов.

### 3. ВОЗВРАЩАЕМСЯ К ДЕРЕВУ ГАПЛОТИПОВ И РАСЧЕТАМ

Рассмотрим выборку по Германии уже 2014 г. Теперь в ней 286 гаплотипов в 67-маркерном формате и 65 гаплотипов в 111-маркерном формате (база данных IRAKAZ-2014). Ниже — дерево 67-маркерных гаплотипов.



**Рис. 2.** Дерево из 286 гаплотипов в 67-маркерном формате современных немцев гаплогруппы R1a (база данных IRAKAZ-2014). Три гаплотипа внизу (номера 1, 2, 3) относились к древнейшему субкладу гаплогруппы, R1a-M420, и в расчеты (см. текст) не включались. Все остальные гаплотипы относились к субкладу M417 (см. диаграмму на рис. 3 ниже) и нижестоящим (на диаграмме не показаны, их несколько десятков). Расчеты проводили на калькуляторе Килина–Клёсова, поскольку ручной расчет системы с более чем 22 тыс. аллелей, слишком трудозатратен (Klyosov A. A., Kilin V. V. Kilin–Klyosov TMRCA Calculator for Time Spans up to Millions of Years // *Advances in Anthropology*. 2016. №6. P. 51–71)

```

R M207
- R1 M173
-- R1a M420
--- R1a1 SRY10831.2
---- R1a1a M512, M17, M198
----- R1a1a1 M417

```

**Рис. 3.** Диаграмма субкладов гаплогруппы R на фрагменте от R до субклада R1a-M417. Для сокращения записи обычно не переписывают цепочку индексов гаплогруппы, а просто записывают (для нижней строки) как R1a-M417. В номенклатуре 2019–2020 гг. в полной диаграмме гаплогруппы R1a находится 741 уровень, или 741 субклад, гаплогруппы

Выше для иллюстрации приведена «лесенка» нескольких субкладов гаплогруппы R1a, родительской для которых является гаплогруппа R (ее снип — M207, то есть это индекс характерной и уникальной мутации в Y-хромосоме ДНК, которую (мутацию) несут все потомки первопредка гаплогруппы R). Через тысячелетия (в данном случае примерно через 10 тыс. лет) один из потомков первопредка гаплогруппы R получил мутацию M173 (очередной снип), и гаплогруппа, которую этот потомок основал, став ее патриархом, в классификации называется R1. Она возникла (путем образования мутации M173) примерно 30 тыс. лет назад. Далее, примерно 22 тыс. лет назад, возникла гаплогруппа R1a (путем образования мутации/снипа M420), это произошло, видимо, в Южной Сибири, на Алтае. Три носителя данного снипа были найдены в Германии, и они попали на дерево гаплотипов на рис. 2, под номерами 1, 2 и 3. Их последующие потомки — носители субкладов R1a1, R1a1a, R1a1a1 и так далее, на десятки уровней вниз. Всего в классификации 2019–2020 гг. насчитывают 741 субклад гаплогруппы R1a.

Несколько слов о принципах построения и рассмотрения небольшой пирамиды субкладов в подписи к рис. 3. Это — совсем небольшой фрагмент общей пирамиды, или иерархии субкладов всего человечества. В нем идентифицированы или, скорее, обозначены многие тысячи субкладов, все в итоге ведущие от одного общего предка по мужской линии. Это по структуре похоже на раскидистое дерево с несколькими десятками основных ветвей, которые выше были

описаны как основные гаплогруппы, и далее они разветвляются по сотням и тысячам субкладов, вплоть до мужчин в бытовых семьях — «ячейках общества». Так что верхней строке R M207, где R — это гаплогруппа, одна из 20 основных, предшествуют много строк, в виде огромного дерева или пирамиды. В свое время, 197 снип-мутаций назад (каждая мутация образуется в среднем раз в 144 года, как было показано выше), то есть примерно 28 тыс. лет назад, образовалась эта гаплогруппа R — у мальчика, отец которого относился к гаплогруппе P1. И эта гаплогруппа R, снип-мутацию которой называли M207, выжила в потомках того мальчика и закрепилась. Через несколько тысячелетий, а именно 165 снип-мутаций назад, то есть примерно 24 тыс. лет назад, у потомка того мальчика в Y-хромосоме проскочила мутация, которую потом называли M173, а субклад называли R1, и эта мутация тоже закрепилась в потомках, и не просто потомках, а в сотнях миллионов потомков. И так далее, приведенный выше фрагмент диаграммы показывает последовательность возникновения снипов, каждый из которых возникает в Y-хромосоме, уже содержащей все предшествующие снип-мутации. Самый последний на данном фрагменте диаграммы, R1a1a1-M417, возник 66 снип-мутаций назад, то есть примерно 9,5 тыс. лет назад. На самом деле те немцы, гаплотипы которых приведены на диаграмме, в основном относятся к субкладам R1a-Z280 и R1a-M458, которые образовались 34 и 35 снип-мутаций назад соответственно, то есть около 5 тыс. лет назад. Это — времена археологической культуры шнуrowой керамики (5,2 тыс. — 4,3 тыс. лет назад).

Возвращаемся к дереву гаплотипов на рис. 2. Общий предок всех 67-маркерных гаплотипов дерева жил  $4848 \pm 415$  лет назад, 111-маркерных гаплотипов —  $4294 \pm 298$  лет назад, при округлении получаем  $4800 \pm 400$  и  $4300 \pm 300$  лет назад. Среднюю величину можно не брать, и так видно, что она практически равна полученным ранее, в 2008 г., и с совершенно другой выборкой в Германии,  $4575 \pm 560$  лет и  $4675 \pm 510$  лет до общего предка, рассчитанным по 12- и 25-маркерным гаплотипам.

Таким образом, обе выборки — 2008 и 2014 гг. в Германии являются вполне репрезентативными для исследований в области ДНК-генеалогии.

Стало ясно, что ДНК-генеалогия закладывает прочную базу под молекулярную историю.

#### 4. ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ КАК МОЛЕКУЛЯРНАЯ ИСТОРИЯ

После объяснений основных понятий ДНК-генеалогии взглянем на методологию этой книги с высоты птичьего полета. Рассмотрим понятие «молекулярная история». Суть его в том, что становится возможным следить за передвижениями древних народов не с помощью лопаты и кисточки археолога, не обмеряя черепа, не хитроумно расплетая созвучия и значения слов в живых и мертвых языках, не изучая древние фолианты в библиотеках и монастырях, а просто прослеживая за метками в Y-хромосомах в наших ДНК. Они, эти метки, не могут «ассимилироваться» или «поглощаться» другими языками, культурами или народами, как это происходит тысячелетиями в рамках понятий истории, лингвистики, антропологии. Иначе говоря, методология новой исторической науки основывается на изучении молекул нуклеиновых кислот, а именно ДНК, дезоксирибонуклеиновой кислоты, как было кратко описано выше. То, что еще несколько лет назад казалось каким-то развлечением, оказалось, дает истории, антропологии, археологии, лингвистике возможность проверить концепцию, рассмотреть данные под принципиально другим углом, связать воедино, казалось бы, разрозненные части общей картины наших знаний об окружающем мире.

Разумеется, не следует понимать буквально слова выше, как то, что отныне не нужно читать фолианты, изучать языки и не проводить археологических раскопок. Напротив, это все приобретает еще большую значимость и ценность, поскольку усиливает выводы традиционных подходов в совокупности с выводами ДНК-генеалогии при условии взаимного их согласования. Или, напротив, заставляет пересматривать, казалось бы, устоявшиеся выводы, если они входят в явное противоречие с данными ДНК-генеалогии.

Обратимся еще раз к некоторым важным понятиям и определениям. Во-первых, понятие «ДНК-генеалогия». Это — не генетика, в чем часто путаются даже профессионалы в науке.

Генетика человека — это наука, изучающая наследственность и изменчивость признаков, определяющих врожденные особенности человека и передаваемых, как правило, через гены. Но ДНК только на 2 % состоит из генов, а в Y-хромосоме генов вообще ничтожная доля. Однако дело даже не столько в этом. Направления и области науки определяются не объектами исследования, а методологией исследования. Именно методология исследования отличает, например, химию от физики, хотя объекты часто одинаковы. Методология генетики совершенно другая, чем методология ДНК-генеалогии. У них разные задачи исследований. ДНК-генеалогия в своей основе — физическая химия, кинетика химических и биологических процессов, по сути задач — историческая наука, она оперирует хронологией, датировками древних событий, и для этого ДНК-генеалогия использует свой расчетный аппарат, которого нет в методологии генетики. ДНК-генеалогия, повторяем, использует и развивает методы физико-химической кинетики в применении к ДНК, переводит картину мутаций в хронологические, исторические показатели. Это вообще не входит в методологию генетики, у той другой экспериментальный и аппаратный базис.

Ошибка — полагать, что направление науки определяется объектом исследования. Изучать ДНК — это далеко не обязанность генетика. Например, химик, растворяя ДНК в кислоте и изучая, скажем, вязкость получаемого раствора, вовсе не занимается генетикой. Американский биохимик, лауреат Нобелевской премии Альберт Сент-Дьорди как-то сказал: «Дайте химику динамомашину, и он тут же растворит ее в соляной кислоте». Это вовсе не означает, что химик при этом будет заниматься электродинамикой.

Некоторые, не слишком знакомые с предметом, полагают, что ДНК-генеалогия — это популяционная генетика. Это совершенно не так. Популяционная генетика — это часть генетики, о чем говорит ее название, но со своими особенностями. Главная задача популяционной генетики — это выявление связи между генотипом и фенотипом, то, к чему ДНК-генеалогия не имеет отношения. Популяционная генетика зачастую тоже рассматривает гаплогруппы и гаплотипы Y-хромосомы, как и ДНК-генеалогия, но на этом

сходство заканчивается. Аппарат популяционной генетики, применяемый для интерпретации получаемых данных, например, «метод главных компонент», характеризуется со стороны ДНК-генеалогии как совершенно примитивный и часто ведущий к заблуждениям и не используется в ДНК-генеалогии (кроме редких иллюстраций). Он не отвечает задачам ДНК-генеалогии.

Это же относится и к искаженным и примитивным методам обработки картин мутаций в ДНК в рамках популяционной генетики. Если популяционный генетик увидит (или получит) набор из сотни гаплотипов, скажем, 37-маркерных, в котором, например, четыре гаплотипа одинаковых и еще семь будут совпадать друг с другом случайными парами, он сообщит, что в наборе имеется «89 уникальных гаплотипов», и это и будет результатом его исследования, который пойдет в статью в научный журнал. Ни он, ни рецензенты не хотят признать, что эта «информация» не имеет ни малейшей ценности и фактически никому в таком виде не нужна. Но таковы принципы и правила популяционной генетики. «Молекулярной историей» это назвать никак нельзя.

## 5. ЛОГАРИФМИЧЕСКИЙ МЕТОД ОБРАБОТКИ ГАПЛОТИПОВ — КОГДА НЕ НУЖНО СЧИТАТЬ МУТАЦИИ

Продолжая пример с сотней 37-маркерных гаплотипов, приведенный выше, заметим, что в отличие от популяционных генетиков, специалист в ДНК-генеалогии сразу скажет, что общий предок этих ста гаплотипов жил  $925 \pm 105$  лет назад, потому что натуральный логарифм отношения  $100/4$ , поделенный на константу скорости мутации для 37-маркерных гаплотипов (0,09 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет) равен  $36 \rightarrow 37$  условных поколений (стрелка здесь — поправка на возвратные мутации), то есть общий предок этой сотни гаплотипов жил примерно 925 лет назад. Сказать это с большей определенностью можно тогда, когда подсчитано число мутаций во всех ста гаплотипах, и если оно будет равно 324 (или около того), тогда  $324/100/0,09 = 36 \rightarrow 37$  условных поколений, то есть ровно тот же промежуток времени до обще-

го предка. Погрешность расчетов определяется по известным правилам. Совпадение времен до общего предка для «логарифмического» и «линейного» метода (в первом мутации не считаются, во втором считаются) свидетельствует, что закономерности образования мутаций в гаплотипах следуют кинетике первого порядка, это в свою очередь означает, что все сто гаплотипов действительно произошли от одного прямого общего предка.

Покажем это на примере, приведенном выше, для серии из 67 гаплотипов гаплогруппы R1a из Германии (см. рис. 2). В 12-маркерном формате из этой серии всего три гаплотипа идентичны друг другу, значит, это и есть базовые гаплотипы. Получаем:  $[\ln(67/3)]/0,02 = 155 \rightarrow 183$  условных поколений, то есть примерно **4575 лет** до общего предка всей серии. Расчет по мутациям, которых в этой серии было 208 (см. выше), дает  $208/67/0,02 = 155 \rightarrow 183$  условных поколений (по 25 лет) от общего предка, то есть **4575 ± 560 лет** до общего предка. Совпадение получилось практически абсолютным, но это в данном расчете случайно, потому что чисто статистически в данной серии могли оказаться как 2, так и 4 базовых гаплотипа, и погрешность при таких малых количествах базовых гаплотипов велика. Тем не менее логарифмический (без подсчета мутаций) и линейный (с подсчетом мутаций) методы расчетов показывают, что серия гаплотипов вполне подходит для расчетов и что общий их предок действительно жил примерно 4,6 тыс. лет назад.

Но для 25-маркерных гаплотипов при таком малом числе гаплотипов и таком довольно удаленном общем предке расчет по логарифмическому методу уже невозможен. Даже два базовых 25-маркерных гаплотипа сохраняются всего лишь на протяжении  $[\ln(67/2)]/0,046 = 76 \rightarrow 83$  условных поколений, то есть примерно 2075 лет. После этого и двух базовых гаплотипов не остается. Но даже отсюда можно — просто на взгляд, без расчетов — получить граничную информацию о времени жизни общего предка серии гаплотипов, в данном случае — больше 2,1 тыс. лет назад. Здесь 0,02 и 0,046 — константы скорости мутаций для 12- и 25-маркерных гаплотипов.

Чем больше по численности серия гаплотипов, происходящих от одного предка, тем расчет времени жизни этого предка точнее. И тем



больше экономия времени при расчетах, поскольку логарифмический метод не требует подсчета числа мутаций в гаплотипах. Например, из 2 тыс. 12-маркерных гаплотипов субклада R1b-L21 базовыми являются 114 гаплотипов, то есть идентичными друг другу. Это дает  $[\ln(2000/114)]/0,02 = 143 \rightarrow 167$  условных поколений, или  $4175 \pm 570$  лет до общего предка. Расчет по мутациям (для 67-маркерных гаплотипов) дает  $4325 \pm 350$  лет до общего предка. Разница между логарифмическим и линейным (то есть по мутациям) методами расчета дает всего лишь 3,6 % разницы, хотя погрешность расчетов ее увеличивает. Если округлить полученные величины с учетом погрешностей до 4,2 тыс. и 4,3 тыс. лет до общего предка, разница между ними становится равной всего лишь 2,4 %.

Другой подобный пример — из 2 тыс. 12-маркерных гаплотипов субклада R1a-Z280 базовыми являются 88 гаплотипов. Мы уже видим, что R1a-Z280 заметно старше, чем R1b-L21 (см. предыдущий абзац, там было 114 базовых гаплотипов, то есть они сохранились лучше, значит, их общий предок жил позднее). Действительно, это дает  $[\ln(2000/88)]/0,02 = 156 \rightarrow 184$  условных поколения, или  $4600 \pm 670$  лет до общего предка. Расчет по мутациям (для 67-маркерных гаплотипов) дает  $4825 \pm 320$  лет до общего предка (см. табл. 1). Разница между логарифмическим и линейным (то есть по мутациям) методами расчета дает всего 4,9 %. Если округлить полученные величины с учетом погрешностей до 4,6 тыс. и 4,8 тыс. лет до общего предка, разница между ними становится равной 4,3 %.

Для 25-маркерных гаплотипов в серии из 2 тыс. R1a-Z280 остаются только два базовых, что дает  $[\ln(2000/2)]/0,046 = 150 \rightarrow 176$  условных поколений, или примерно 4,4 тыс. лет до общего предка. Погрешность велика, поскольку там, где есть только два базовых гаплотипа, легко могли остаться один или три. Но видно, что закономерности в целом соблюдаются.

Как мы видим, 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, как было описано выше, 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 последующей табличной поправкой на возвратные мутации. На сотнях и 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 тыс. — 20 тыс. лет, и особенно более 100 тыс. 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. Многочисленные примеры рассмотрены в настоящей книге при анализе ДНК-генеалогии народов России.

## 6. МУТАЦИИ В Y-ХРОМОСОМЕ КАК «МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ЧАСЫ»

Как мы видим, мутации в ДНК-генеалогии — это не только единичные необратимые мутации-снипы, описанные выше, которые определяют гапло-



группы и субклады, но и обратимые мутации, меняющие числа повторов, или аллели, в гаплотипах. В русскоязычной литературе их называют просто «мутации», или «стир-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 ошибки ДНК-копирующей «биологической машины», это процесс первого порядка с точки зрения физико-химической кинетики, он не зависит от внешних воздействий.

Иногда принцип датировки «разбега» мутаций в гаплотипах с течением времени называют «принципом молекулярных часов». Смысл в этом есть, но примитивный. Дело не в том, что это часы, а в том, чтобы они правильно ходили. Любая реакция в химических или биологических системах, описываемая константой скорости первого порядка, есть «обычные молекулярные часы», поскольку связана с хронологией процесса на молекулярном уровне. Динамика любого такого процесса связана с временем согласно формуле  $c = c_0 e^{-kt}$ , где  $c_0$  — исходное состояние системы (например, начальное количество или концентрация изучаемого вещества; количество гаплотипов Y-хромосомы в изучаемой выборке и так далее),  $c$  — состояние системы в определенный момент времени  $t$  (где  $t$  — время, прошедшее с начала реакции,  $t-t_0$ ) или количество базовых, то есть исходных, гаплотипов в изучаемой выборке в настоящее время, спустя время  $t$ , прошедшее со времени жизни общего предка изучаемой серии гаплотипов,  $k$  — константа скорости реакции (мутаций в данном случае). Эту же формулу можно переписать в виде  $\ln(c_0/c) = kt$ , и она становится выражением логарифмического метода анализа выборок гаплотипов в ДНК-генеалогии, описанного выше. Берем, скажем, сто или тысячу гаплотипов, или любое другое их число, делим на число базовых (то есть одинаковых, идентичных друг другу гаплотипов, суть предковых гаплотипов, которые не успели мутировать за время  $t$ , прошедшее со времени жизни общего предка), берем натуральный логарифм ( $\ln$ ) и получаем произведение  $kt$ , то есть константу

скорости мутации, помноженную на число лет, прошедшее со времени жизни общего предка, или на число условных поколений, опять же прошедших после общего предка, — в зависимости от того, выражали константу скорости в годах или в поколениях.

Отсюда уже видно, что неважно, сколько лет положить на условное поколение — 20, 25, 30, 35 или любое другое число лет, поскольку константа скорости мутации тут же подстроится, они завязаны друг на друга, произведение одно. В ДНК-генеалогии, как отмечалось выше, берется 25 лет на условное поколение, и, соответственно, константы скорости мутации приобретают определенные значения, получаемые по калибровке (см. ниже). Например, для 12-маркерных гаплотипов константа равна 0,02 мутации на гаплотип на условное поколение, для 25-маркерных — 0,046 мутации на гаплотип на условное поколение, для 37-маркерных — 0,09, для 67-маркерных — 0,12, для 111-маркерных — 0,198 мутации на гаплотип на условное поколение. Если это пересчитать в расчете не на гаплотип, а на маркер, то получим соответствующие константы скорости 0,00167, 0,00184, 0,00243, 0,00179, 0,00178 мутации на маркер на условное поколение. Уже видно, что константы скорости разные для разных гаплотипов, и различаются, например, для 37-маркерных и 12-маркерных гаплотипов в 1,46 раз, то есть на 46 %. А если сравнить с 6-маркерными гаплотипами (константа скорости мутации на гаплотип равна 0,0074, на маркер 0,00123), то диапазон различий в константах в зависимости от длины маркера расходится на уже на 1,98, или почти в два раза. Вывод — никак нельзя принимать константы скорости мутации на маркер за постоянные величины, одинаковые для всех гаплотипов, как делают в своих расчетах популяционные генетики. 100 % ошибки в расчетах — цена такого неумного (или неквалифицированного, или некомпетентного) предположения. Иначе говоря, иметь часы — дело нехитрое, но надо, чтобы они были отрегулированы. Это означает, что к ним должны прилагаться корректные константы скоростей мутаций, а корректные величины получаются корректной калибровкой. Методы калибровки констант скоростей мутаций в деталях описаны в учебнике «Практическая ДНК-генеалогия для всех», рекомендованном выше.

## 7. 18 ПРАВИЛ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ

ДНК-генеалогия базируется на восемнадцати четких правилах. Все они подробно изложены в рекомендованном выше учебнике. Здесь мы их кратко перечислим, поскольку ряд этих правил уже был описан и обоснован выше, а другая их часть будет демонстрироваться в последующих разделах этой книги.

**Первое** — к генетике ДНК-генеалогия прямого отношения не имеет. Она в первую очередь занимается переводом картины мутаций в Y-хромосоме в хронологические показатели событий древности. Если бы Y-хромосома так и передавалась из поколения в поколение действительно неизменной, без мутаций, толку для генеалогии от нее было бы мало. Но неизменного ничего в мире нет, особенно когда речь о копировании. Копирования без ошибок не бывает. В том числе и копирования Y-хромосомы.

Отсюда **второе** положение — время от времени при копировании Y-хромосомы в копии проскакивают ошибки, они же мутации. Мутации, которые интересуют ДНК-генеалогия, бывают двух типов — или изменение числа повторов, тандемных, стир (STR), или «точечные», одно- или несколько нуклеотидные снипы (SNP). Оказалось, что тандемные повторы нуклеотидов находятся у разных людей в одних и тех же участках Y-хромосомы. Эти участки уже специалистами пронумерованы, классифицированы, сведены в списки. Они получили название «маркеры». Набор маркеров, точнее, повторов в них, называется «гаплотип». Уже известных маркеров — больше тысячи. Внимательное рассмотрение маркеров и гаплотипов позволило сделать вывод, что все люди на Земле произошли от общего предка. Но здесь понятие «общего предка» можно рассматривать на разных уровнях сложности. Есть общий предок группы людей, есть общий предок субклада, есть — серии гаплотипов, есть — общий предок современных жителей планеты, мужчин, есть общий предок вида *Homo sapiens*, есть общий предок людей рода *Homo*, включая неандертальцев и *Homo erectus* и так далее. Что важно — ДНК-генеалогия на современном уровне показывает, что никаких «инопланетян» в создании современного человека не было, вместо этого имеется непрерывный эволюционный путь

от общего предка шимпанзе и человека, гориллы и человека, орангутана и человека, макаки и человека — миллионы и десятки миллионов лет назад к нам, современным людям.

Итак, положение **третье**: все люди — родственники, они все происходят в целом от одного предка, хотя его идентификация зависит от определений, кого им считать. Этот предок оказался древнее, чем предполагалось раньше, но он был. Еще недавно считалось, что он жил примерно 70 тыс. лет назад, потом 120 тыс., потом 140 тыс., сейчас он уже уходит глубже, 200 тыс. лет назад, постепенно приближаясь к общему предку с неандертальцем 300 тыс. — 500 тыс. лет назад, и, возможно, уйдет еще далее к древним приматам, миллионы лет назад. Гаплотипы приматов хоть и отдаленно, но в принципе похожи на те, что есть у всех нас. У шимпанзе и у нас — одни и те же маркеры. Следовательно, общий предок был один и тот же, только очень древний. И действительно, геномный анализ показывает, что шимпанзе из зоопарка и любой современный человек, мужчина или женщина, имеют более 98 % совпадений в составе их ДНК или в числе и положениях мутаций, как ни считать.

Совокупность ДНК-линий, даже только выживших в ходе эволюции человека и катастроф, происходивших на Земле, помещает общих предков на 20 тыс. — 40 тыс. лет назад в каждой гаплогруппе. Совокупность ДНК-линий разных гаплогрупп помещает общего предка неафриканцев на  $64 \pm 6$  тыс. лет назад, до наиболее отдаленного «бутылочного горлышка» выживания, а африканцев — примерно на 217 тыс. лет назад, 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» выживания намного ранее.

Положение **четвертое** — в ДНК-генеалогии понятия «род» и «гаплогруппа» — синонимы. По определению, род — это группа людей (в данном случае мужчин, поскольку мы здесь рассматриваем наследственность по Y-хромосоме), происходящих от одного общего предка по цепочке наследственности отец — сын. Это фактически и есть определение гаплогруппы, только в понятие гаплогруппы входит более конкретная детализация — все носители гаплогруппы имеют снип-мутацию, которую имел общий предок рода.

Всего основных родов в современной классификации 39 — двадцать родов по буквам латинского алфавита от A1 до T, плюс два дополнительных рода, носители которого сейчас проживают в основном в Африке (A00 и A0), плюс еще 17 родов, которые обнаружили уже после того, как 20 основных родов по буквам алфавита были заняты, или которым придали особую значимость. С основными подгруппами это составляет уже много сотен, с субкладами — много тысяч.

Ствол древнего генеалогического дерева человека

- **A00** L1284
- **A0-T** L1085
- **A0** L991
- **A1** P305, V168
- **A1a** M31
- **A1b** P108, V221
- **A1b1** L419
- **BT** M91
- **B** M60
- **CT** M168
- **DE** M145
- **D** M174
- **E** M96
- **CF** P143
- **C** M130
- **F** M89
- **GHIJK** F1329
- **G** M201
- **HIJK** M578
- **H** L901
- **IJK** L15
- **IJ** M429
- **I** M170
- **J** M304
- **K** M9
- **LT** L298
- **L** M20
- **T** M184
- **NO** M214
- **N** M231
- **O** M175
- **S** M230
- **M** P256
- **P** P295, V231
- **Q** M242
- **R** M207
- **R1** M173
- **R1a** M420
- **R1b** M343

**Рис. 4.** Дерево гаплогрупп современного человечества

Здесь надо подчеркнуть, что в социальных науках в понятие рода входят «неколичественные» характеристики, такие как социальные структуры, самосознание и прочее, которым в ДНК-генеалогии места нет из-за отсутствия в них четкой определенности. В Y-хромосоме эти понятия не записаны.

Положение **пятое** — гаплогруппы не просто соответствуют определенным родам, но образуют определенную последовательность, лестницу гаплогрупп, что мы уже кратко рассмотрели выше. Эта лестница называется филогенетическим деревом гаплогрупп и их снийпов. Все гаплогруппы и субклады на дереве должны включать сныпы «вышестоящих» гаплогрупп и субкладов.

В качестве примера развернем короткую диаграмму гаплогруппы R1a, приведенную выше, так, чтобы были видны основные (по численности) субклады, упомянутые выше — Z280, M458, Z93, и их ближайшие подчиненные субклады. Все эти субклады нам понадобятся при рассмотрении ДНК-генеалогии народов России.

- **R1a** L62
- **R1a1** SRY10831.2
- **R1a1a** M17
- **R1a1a1** M417
- **R1a1a1b** Z645
- **R1a1a1b** Z283
- **R1a1a1b** Z282
- **R1a1a1b** Z280
- **R1a1a1b** M458
- **R1a1a1b** L260
- **R1a1a1b** CTS11962
- **R1a1a1b2** Z93
- **R1a1a1b2a** Z94
- **R1a1a1b2a1** L657
- **R1a1a1b2a2** Z2124
- **R1b** M343

**Рис. 5.** Диаграмма иерархии субкладов гаплогруппы R1a с добавлением субклада R1b. Это — краткая версия, всего же на дереве согласно классификации ISOGG 2019–2020 гг. расположены 741 субклад гаплогруппы R1a и 1114 субкладов гаплогруппы R1b

Положение *шестое* — гаплотипы изображают в виде числа тандемов, или повторов, по каждому маркеру, выбранному из десятков и сотен. В англоязычной литературе, как уже говорилось, их называют STR, или Short Tandem Repeats, по-русски стирь, по аналогии со снипами. Самый простой и короткий гаплотип из тех, которые рассматривает ДНК-генеалогия, состоит из пяти или шести маркеров. Примеры были показаны выше. В итоге мы имеем две параллельные системы отсчета времен миграций и определения их направлений — гаплотипы (с их стирями) и субклады (с их снипами). Мутации в них происходят независимо друг от друга, но поскольку эти процессы идут параллельно, в одних и тех же популяциях, то в целом между мутационной динамикой в гаплотипах и субкладах есть некоторая корреляция.

Примеры мутаций в гаплотипах можно найти в изобилии, тысячами. Мутация может пройти в любом маркере, только одни мутации в одних маркерах происходят чаще, в других — реже. Например, мутации в коротких 6-маркерных гаплотипах происходят в среднем раз на 135 рождений мальчиков. Если перевести во времена, то константа скорости мутации в 6-маркерных гаплотипах равна 0,0074 мутации на весь гаплотип за 25 лет. Чем гаплотип длиннее, то есть чем в нем маркеров больше, тем чаще в них происходят мутации.

Отсюда следует положение *седьмое* — расчеты хронологических показателей в ДНК-генеалогии обычно сводятся к определению, когда жил общий предок рассматриваемой серии гаплотипов. Иначе говоря, определяют время, прошедшее от общего предка серии современных гаплотипов до его прямых потомков, наших современников. Говоря об отдельно взятом гаплотипе современника, иногда используют жаргонное понятие «возраст гаплотипа». Это и есть время, прошедшее от общего предка серии гаплотипов, в которую входит отдельный рассматриваемый гаплотип. Это время определяют или по числу мутаций в гаплотипах, или по количеству сохранных немутированных гаплотипов в рассматриваемой серии (логарифмический метод). Для перекрестной проверки по возможности используют расчеты по снип-мутациям по геномным данным.

Расчеты времен жизни общих предков популяций позволяют делать предположения о времени и направлениях миграций популяций в древности, о передвижениях популяций. Поскольку, передвигаясь, популяции оставляли следы в виде материальных признаков, это позволяет проводить интерпретацию археологических данных в отношении носителей этих признаков, их принадлежности к определенным родам и племенам, связанным родственными взаимоотношениями. Аналогично, популяции, передвигаясь, приводили к перемещению языков, диалектов, и определение общих предков и времен их жизни дает возможность проследивать динамику языков в отношении соответствующих родов и племен, связанных родственными взаимоотношениями. Здесь термин «популяции» относится к мужской части населения, как было пояснено ранее.

Положение *восьмое* — гаплотипы в целом не указывают на этносы, это совершенно разные понятия. Гаплотипы указывают на древние рода, племена, которые намного старше этносов. С тех древних времен гаплотипы давно разошлись по разным территориям, на которых потом, через тысячелетия сформировались этносы. Хотя нередко бывают ситуации, когда относительно молодой этнос имеет характерный гаплотип, который мутировал всего лишь незначительно от общего предка, и этот гаплотип легко узнается. Например, таким характерным является гаплотип евреев гаплогруппы R1a. Он вошел в еврейскую среду субкладом Z2124 примерно 4 тыс. лет назад, за время до 1,2 тыс. лет назад группа евреев, носителей этого субклада, по каким-то причинам почти полностью вымерла, видимо, была группой компактной, и выживший носитель мутации Z2124-Z2122 фактически опять начал свой род. Поскольку это было всего 1,2 тыс. лет назад, то гаплотип в значительной степени сохранился до настоящего времени, и сейчас почти у всех евреев гаплогруппы R1a, а их многие тысячи, гаплотип (в 67-маркерном формате) легко узнаваем опытным специалистом.

В связи с этим надо пояснить некий сложившийся стереотип — что есть «русская ДНК» или «русский геном». Говоря об отдельных людях — нет. Если говорить о большой группе этнических русских — в целом есть. И понятно, почему есть. Свои обычно, статистически, женятся на



своих, как и выходят замуж. Вряд ли в русских деревнях встречали много чернокожих, монголов, австралийских аборигенов или американских индейцев. Поэтому в целом одни и те же огромные наборы снип-мутаций крутятся в популяции веками, вносимых мужчинами и женщинами этой популяции. Если построить карту мира, состоящую из таких популяций, то африканские будут совершенно отличны от монгольских, китайских, латиноамериканских или европейских. Поскольку у каждого племени и в каждом этносе, в каждом регионе можно определять возраст племени и вообще популяции в целом, то можно определять, когда и в каком направлении шли древние миграции.

Отсюда положение *девятое* — по данным ДНК-генеалогии можно определять, когда и в каком направлении шли древние миграции. Времена миграций или пребывание данной популяции на рассматриваемой территории рассчитываются по временному расстоянию до общего предка популяции на данной территории, причем такие расчеты проводятся для той же гаплогруппы или субклада на разных территориях. Другими словами, проводится картирование территорий на максимально возможных расстояниях, по всему континенту или на нескольких континентах. Если вдоль пути миграции, то есть шлейфа миграций, идет систематическое уменьшение времен до общего предка, то миграция шла в сторону уменьшения времени. Примеры будут приведены по ряду народов России в последующих разделах.

Вопрос — что могло вызывать массовые миграции в древности? В самом общем виде ответ такой — поиски лучшей доли. Конкретные причины могли быть самыми разнообразными — это и передвижения за уходящим зверем, который давал пищу и одежду, и уход от превосходящих сил неприятеля, но самым мощным, видимо, фактором было резкое ухудшение климатических условий — суровые зимы, наводнения, засухи, надвигающиеся оледенения.

Положение *десятое* — доля в процентах гаплогруппы в популяции сама по себе означает не очень много, это просто структура современной популяции, то, чем занимаются популяционные генетики. Часто бывает, что доля большая, а общий предок недавний, просто потомки общего предка быстро размножились, условия были

благоприятными. Большая доля гаплогруппы вовсе не указывает на ее «прародину». Например, носители гаплогруппы R1b у басков составляют 85–90 % мужской популяции басков, а их общий предок жил примерно 3,7 тыс. лет назад. Подобная ситуация и на Британских островах — например, среди ирландцев доля R1b составляет 85–90 %, общий предок жил тогда же, примерно 3,8 тыс. лет назад. А среди уйгур недалеко от Алтая доля гаплогруппы R1b невелика (11 %), но общие предки жили многие тысячелетия назад.

В отличие от уже распространенных стереотипов, гаплогруппа R1a сама по себе не славянская, не арийская и никакая другая. Это — метка, определенная мутация в Y-хромосоме. Мутация под названием M420, определяющая (наряду с несколькими другими) гаплогруппу R1a, которая произошла 166 снип-мутаций назад, то есть примерно 24 тыс. лет назад, — была превращением тимина в аденин в нуклеотиде Y-хромосомы под номером 23 473 201. Ну и что там могло быть славянского или арийского? Это просто метка в ДНК. Но история людей развивалась так, что потомки людей, имеющих в своих ДНК эту метку (как и другие, имевшие другие метки), жили и передвигались группами, своим родом, в начале которого был патриарх, и порой их потомки продолжали (и продолжают) жить относительно компактно, на одной территории, которая может быть весьма большой. Более того, они порой продолжают говорить на языке той же группы, на котором говорили их далекие предки, языке, пришедшем из глубин времен тысячелетия назад, естественно, в своей динамике, задаваемой законами лексикостатистики. Означает ли это, что гаплогруппа R1a задает язык? Нет, это означает, что во многих случаях гаплогруппа сопровождает язык или язык сопровождает гаплогруппу, ветвясь и уходя в сторону, и то, что ушло в сторону, может измениться в виде гаплогруппы или языка, а может и сохраниться. И изучение этой сложной картины, в какой степени гаплогруппа сопровождает язык, культуру, антропологию и прочие расовые особенности, национальный характер, если такое выявлено, — крайне интересно и важно.

Так получилось, что гаплогруппа R1a, сопровождающая миграции своего рода, пришла с потомками в Восточную Европу и составила половину мужского населения современных русских,



украинцев, белорусов, поляков, треть или больше словаков, чехов, словенцев, хорват, и все они — носители языков славянской группы. Означает ли это, что гаплогруппа R1a возникла 23,9 тыс. лет назад в славянской среде? Нет, конечно. На своем длинном пути эта гаплогруппа осталась среди алтайцев, жителей Тибета, древних анатолийцев, возможно, в культуре Лепенского Вира, если судить по их погребальному обряду, на Балканах, прошла по Русской равнине, оставив много археологических культур, вошла в среду уйгуров, монголов, китайцев, и в большинстве своем это были вовсе не славяне.

Положение *одиннадцатое* — понятия «раса» в ДНК-генеалогии нет. ДНК-генеалогические линии поднимаются из глубин тысячелетий, десятков тысяч лет, сотен тысяч лет, а расовые признаки отдельных людей могут кардинально меняться за несколько поколений. Дело в том, что расовые признаки являются продуктом отца и матери, и, если родители принадлежат разным расам, признаки расплываются, или один набор признаков усиливается, и через несколько поколений могут измениться до неузнаваемости.

Еще пример — раскопки алтайской пазырыкской культуры позволили выснить, как некоторые скифы гаплогруппы R1a стали монголоидными всего за несколько поколений. Раскопки показали, что у этих скифов типичные монголоидные митохондриальные ДНК, то есть они женились на местных монголоидных женщинах, и через несколько поколений дети становились монголоидами, при наличии унаследованной по мужской линии гаплогруппы R1a.

Иначе говоря, мужские гаплогруппы не определяют расу, и напротив, раса не определяет гаплогруппу. Комбинации рас определяют расу. В этой ситуации понятие расы в ДНК-генеалогии ничего не дает.

Положение *двенадцатое* — все расчеты производятся с погрешностями. Точные цифры получены быть не могут в принципе. Дело в том, что мутации неупорядоченные, поэтому мы имеем дело со статистикой. Чем больше выборка, тем точнее расчеты. Чем длиннее гаплотипы — тем точнее расчеты. Погрешность зависит от числа гаплотипов в выборке, от протяженности гаплотипов, от того, насколько точно определена и выверена, откалибрована константа скорости

мутации, от того, насколько древний общий предок. Особенно неточно сравнивать мутации в парах гаплотипов людей, особенно гаплотипов коротких. На двух гаплотипах мутация-другая могла добавиться буквально в предыдущем или нынешнем поколении. Это может сразу привести к прибавлению-отнятию тысячи лет «в одном поколении». А в большой выборке разница относительно нивелируется статистикой. Есть выборки в тысячи гаплотипов — там расчеты, конечно, точнее.

В ДНК-генеалогии часто важна не абсолютная точность, а концептуальный вывод. Например, если некто утверждает, что носители гаплогруппы R1b (которые сейчас составляют примерно 60 % мужского населения Западной и Центральной Европы), жили там, в Европе, еще 30 тыс. лет назад (а такими утверждениями популяционных генетиков, без расчетов, была заполнена академическая литература по данным вопросам до недавнего времени), а расчеты ДНК-генеалогии показали, что общий предок современных носителей гаплогруппы R1b в Европе жил 4,8 тыс. лет назад, то здесь дело не в точности, а в принципиальном выводе. Обратите внимание на слова «общий предок современных людей», а не случайные единичные археологические находки, которые показывают наличие древнейших ДНК в том или ином регионе 10–15 тыс. лет назад (в том числе и гаплогруппы R1b). Их потомки, видимо, давно вымерли. То же самое по ДНК-генеалогии Кавказа — если данные по датировкам общих предков современных людей показывают, что Кавказ заселялся носителями гаплогруппы J2 из Месопотамии примерно 7–6 тыс. лет назад, причем заселялся разными племенами и по разным территориям, и уже известно, какими именно и в какое время, то это дает важные данные историкам и археологам, которые продолжают горячо спорить по данным вопросам. Хотя иногда попадаются древнейшие скелетные остатки с гаплогруппой (например) J2, с датировками 12–15 тыс. лет назад, но нет никаких указаний, что это были общие предки современных людей. Такие находки интересны, но нередко бывает, что ошибочно определена гаплогруппа, ошибочна археологическая датировка, но даже когда одно и другое доказано (как правило, такого не бывает, если рядом нет такой же ископаемой гаплогруппы,

и находка остается единичной), то вывод такой, что тот древний человек там был. Как туда попал, каким путем — это обычно остается неизвестным.

То же самое по ДНК-генеалогии Прибалтики — данные показывают, что Прибалтика со стороны Финляндии и со стороны Южной Балтики заселялась всего 1,5 тыс. — 2 тыс. — 2,5 тыс. лет назад (со стороны Южной Балтики примерно на 500 лет раньше), но сами мигранты, которые на исходе миграции разделились на две большие ветви — северная и южная, — имеют общего предка примерно 3575 лет назад, который, видимо, жил на Урале или еще раньше в Сибири.

К этому ведет положение *тринадцатое* — гаплотипы в немалой степени (но не всегда) связаны с определенными территориями. Но как такое может быть? А вот как. В древности большинство людей передвигались племенами, родами. Род, по определению, — это группа людей, связанных родством. То есть гаплотипы у них одинаковые или близкие. Как сообщалось выше, одна мутация в среднем происходит за тысячелетия. Проходили тысячелетия, численность родов порой сокращалась до минимума («бутылочное горлышко» выживания), и если выживший имел некоторую мутацию в гаплотипе, то его потомки уже «стартовали» с этой новой мутацией, копируя ее поколениями в своих ДНК, а мужчины — в своей Y-хромосоме. В популяционной генетике это называется «эффект основателя», что, в общем, особой дополнительной смысловой нагрузки не несет, это просто калька с английского языка, в котором это тоже не несет определенной информации. Некоторые люди покидали род по своей или чужой воле — плен, бегство, путешествия, военные походы, и выжившие начинали новый род на новом месте. В итоге карта мира с точки зрения ДНК-генеалогии получилась пятнистой, и каждое пятно порой имеет свой преобладающий гаплотип — гаплотип рода. Часто он и есть гаплотип предка, начавшего род на данной территории.

Но напомним, что помимо мутаций в гаплотипах (стир-мутации) есть еще снип-мутации, точечные мутации. Они — практически вечные. Раз появившись, они уже не исчезают. Теоретически, в том же нуклеотиде может произойти другая мутация, изменив первую. Но нуклеотидов — миллионы, и вероятность такого события крайне мала. Всего в хромосомах имеются многие

миллионы снипов, из которых в ДНК-генеалогии применяются более 12 тыс., и каждый снип соответствует гаплогруппе, то есть роду, или субкладу, то есть племени, хотя эти дефиниции применяют весьма вольно, как пояснено выше. Двадцати наиболее крупным гаплогруппам, большинство из которых охватывает сотни миллионов людей, присвоили буквенные обозначения от А до Т, примерно в хронологическом порядке появления соответствующего рода на планете. Или, по крайней мере, в том порядке, в котором, как ученые полагали, эти рода появились. Хотя ревизий на этот счет предстоит еще много. Недавно прошла очередная — в список добавили две гаплогруппы, А00 и А0, которые недавно обнаружили в Африке и которые стоят совершенно особняком даже к другим африканцам, не говоря о европейцах или азиатах.

Состав и доля гаплогрупп складываются тысячелетиями и отражают определенные исторические процессы, о которых историки во многих случаях и не догадываются.

Положение *четырнадцатое* — людей можно классифицировать по древним родам не только (и не столько) по виду гаплотипов, но и по наличию определенных снипов. Например, носители гаплогрупп А и В сейчас в основном (но не только) живут в Африке (но где эти гаплогруппы появились, пока непонятно, похоже, что не в Африке); гаплогруппа С встречается особенно часто среди монголоидов и жителей Австралии и Океании, хотя жители Австралии и Океании далеко не монголоиды (что показывает, в совокупности с другими данными, что первые носители гаплогруппы С были не монголоидны), подгруппы (субклады) далеко отклонились друг от друга в ходе развития или эволюции; гаплогруппу G находят в древней Европе (в основном ископаемые гаплотипы), на Кавказе, в Передней Азии, в Афганистане; гаплогруппа J — исходно Ближний Восток, и оттуда ее носители перешли Кавказ не позднее 6–7 тыс. лет назад; представителей гаплогруппы J1 довольно много на Кавказе, а также среди арабов и евреев на Ближнем Востоке, гаплогруппы J2 много на Кавказе, в Месопотамии и среди жителей Средиземноморья; гаплогруппа L появилась, похоже, в Передней Азии и разошлась в разные стороны — ее подгруппа (субклад) L1a — в Индии, L1b — в Грузии и Армении,

L1c — в Афганистане, в северном Пакистане, на Восточном Кавказе.

Гаплогруппу N имеют многие жители Китая, Сибири, севера России, Прибалтики и части Скандинавии, куда и прибыли носители гаплогруппы N с востока — Урала и до того Южной Сибири тысячелетия назад.

Гаплогруппа I — возможно, имеет историю на Русской равнине продолжительностью не менее 40–45 тыс. лет, и после почти полного вымирания или истребления примерно 4,5 тыс. лет назад сейчас, почти исключительно, находится в Европе, где возродилась относительно недавно, 3,7 тыс. и 2,2 тыс. лет назад (для I1 и I2 соответственно). Правда, есть локальные находки носителей гаплогруппы I1 в волго-уральском регионе, с датировкой общих предков около 4,5 тыс. лет назад, возможно, бежавших на восток в ходе их истребления в Европе.

Гаплогруппы R1a и R1b появились в Южной Сибири после долгой миграции их предков, носителей гаплогруппы K, из которой образовалась гаплогруппа P и затем Q и R, возможно, из Европы или с Русской равнины на восток, далеко за Урал. Оттуда гаплогруппы R1a и R1b пришли в Европу, причем разными миграционными путями. R1a стала основной гаплогруппой Восточной Европы, R1b — Западной и Центральной Европы.

Данное положение сводится к тому, что у каждого мужчины есть снип из определенного набора, по которому можно отнести носителя к определенному древнему роду. Времена появления снипов, обычно применяемых в ДНК-генеалогии, относятся к диапазону от 25 тыс. — 60 тыс. лет для «старых» снипов до 10 тыс. — 15 тыс. лет для «молодых», но сейчас уже выявляют снипы, образовавшиеся всего 1 тыс. — 1,5 тыс. и даже несколько сотен лет назад. Для иллюстрации положения о снипах стоит еще раз взглянуть на сокращенную диаграмму субкладов гаплогруппы R1a, приведенную на рис. 3.

Положение **пятнадцатое** — в ДНК-генеалогии обычно оперируют поколениями. Поколение в контексте ДНК-генеалогии — это событие, которое происходит четыре раза в столетие. Численно и по времени оно близко к продолжительности поколения в житейском смысле этого слова, но необязательно равно ему. Хотя бы потому, что продолжительность «бытового» поко-

ления не может быть точно или хотя бы в среднем определена, она «плавает» в реальной жизни в зависимости от многих факторов, включая культурные, религиозные и бытовые традиции, примерно и в среднем от 18 до 36 лет, хотя границы этого не определены.

В древности этот диапазон был, видимо, заметно смещен к первой величине. Поэтому использовать столь «плавающую» величину для расчетов в широких временных диапазонах и для разных народов не представляется возможным или разумным. Исходя из этого положения, скорости мутаций откалиброваны под условно взятое поколение продолжительностью 25 лет. Если кому-то больше нравится 30 лет на поколение или любое другое количество лет, скорости можно перекалибровать, и в итоге окажутся ровно те же величины в годах, как было показано выше. Так что сколько лет приходится на поколение — в данном случае не имеет значения, потому что при расчетах меньшему числу лет на поколение будет просто соответствовать пропорционально большее число поколений, и итоговая величина в годах не изменится. Это было показано выше.

Такие организации, как ООН и ее подчиненные организации, как ЮНЕСКО и другие, как и прочие международные организации, обычно принимают в своих подсчетах и рекомендациях продолжительность поколения в 25 лет, это же обычно принимают и демографы. Это все, разумеется, условности, и приняты только для некоторой стандартизации.

В расчетах ДНК-генеалогии обычно оперируют поколениями еще и потому, что при расчетах на один год константы скоростей мутации имели бы много нулей, а много нулей увеличивают вероятность опечатки или ошибки в расчетах. Например, для 12-маркерных гаплотипов (в стандартной системе FTDNA) величина константы скорости мутации равна 0,02 на гаплотип за условное поколение, или 0,0008 на гаплотип за год, или 0,0000666 на маркер за год.

Положение **шестнадцатое** — только те мутации в гаплотипах имеет смысл рассчитывать, экстраполируя ко времени жизни общего предка, которые подчиняются определенным количественным закономерностям. Другими словами, ДНК-генеалогия оперирует тремя экспериментальными факторами: 1) наличием снипов, от-

носящих человека к определенному роду; 2) наличием мутаций, позволяющих оценивать время, прошедшее от общего предка совокупности гаплотипов и — при больших выборках — от начала самого рода, от самого далекого из предков ныне живущих потомков данного рода (то есть здесь считаются сами мутации); 3) закономерностями переходов гаплотипов в их мутированные формы без численного учета самих мутаций (то есть здесь мутации не считаются, считаются немутированные гаплотипы). Это позволяет оценить, насколько достоверны расчеты предка по мутациям, и дает еще один, независимый способ расчетов.

Положение **семнадцатое** — в большинстве случаев результаты расчетов почти не зависят от размера выборки (при числе гаплотипов больше двух-трех десятков), то есть они устойчивы к статистическим вариациям, если популяция достаточно перемешана. Размер выборки увеличивает точность, и то только до определенных пределов. Это, повторяем, относится к довольно большим популяциям, которые перемешались за тысячелетия, но именно с такими обычно и работают. Пример этого положения был приведен в табл. 1 для расчетов времени до общего предка гаплогруппы R1a на постсоветском пространстве (в основном — Россия, Украина, Белоруссия, Литва, Латвия, Эстония и Казахстан), а также в целом по Европе. Из таблицы видно, что при увеличении выборки от 26 коротких гаплотипов до многих тысяч протяженных гаплотипов результаты практически одинаковы в пределах погрешности расчетов.

Например, по доле гаплогруппы R1a среди этнических русских известно как минимум два десятка выборок разного размера, и все они дают долю этой гаплогруппы между 46 и 52 %. Первая выборка в 545 человек по 12 областям РФ была опубликована в 2008 г. международным коллективом авторов, и они получили 48 % гаплогруппы R1a среди этнических русских. Последующие, более многочисленные выборки более протяженных гаплотипов показали, что среди русских имеются 51 % гаплогруппы R1a, в численном отношении. Как мы видим, разница составила всего 3 %.

Открываем последние списки Eupedia, читаем для доли гаплогруппы R1a:

Russia — 46 %.

Ukraine — 44 %.

Belarus — 51 %.

Poland — 57,5%.

Берем базу данных IRAKAZ–2016 (созданную И. Л. Рожанским), считаем долю гаплогруппы R1a:

Россия — 51 % (622 из 1220).

Украина — 44 % (225 из 510).

Белоруссия — 47 % (96 из 203).

Польша — 56 % (836 из 1489).

Открываем книгу «Происхождение славян» (А. А. Клёсов, 2013). Смотрим данные по гаплогруппе R1a в таблице на с. 241:

Русские — 48 % (из 545 чел., база данных IRAKAZ–2013).

Белорусы — 51 % (из 1086 чел., данные НАН Белоруссии и Центра судебных экспертиз).

Поляки — 55 % (из 825 чел., польский проект FTDNA).

Практическое совпадение данных очевидно. Дополнительные, более недавние данные, приведены ниже в последней части этой книги, в разделе «Русские».

Положение **восемнадцатое** — константы скоростей стир-мутаций не зависят от территорий и регионов планеты и не зависят от гаплогрупп. Во всяком случае, никаких данных, которые бы этому противоречили, нет. Время от времени среди любителей (как правило) провозглашается, что мутации в ДНК в одном регионе планеты возникали с большей частотой, чем в другой (скажем, в местах, где радиоактивность — как объявляют любители — была выше или по каким-то климатическим причинам и т. п.) или различаются в разных гаплогруппах. При этом никаких доказательств не предъявляется, или показываются статистически незначимые единичные примеры, причем каждый раз оказывалось, что расчеты проводились неквалифицированно и просто некорректно. Никакого подобия статистической обработки данных не было. Значимость этого в силу того, что некто подбросил монету несколько раз в разных регионах планеты и на основании полученных данных утверждает, что вероятность выпадения орла или решки зависит от региона, где монета бросается. Здесь упомянуты любители, поскольку популяционные генетики скоростями мутаций практически не занимаются. Это в их методологию не входит. На самом деле никто никогда не показывал, что





На рис. 6 приведено дерево реальной выборки из 68 гаплотипов гаплогруппы R1a, общий предок всех жил всего 625 лет назад, так что мутаций в гаплотипах набежало мало. Можно даже заранее посчитать сколько. Это дерево гаплотипов потомков Джона, Лорда Британских островов, который жил в XIV в. и умер в 1386 г. Его потомки — известный шотландский клан Мак-Доналдов (один из Мак-Доналдов был маршалом у Наполеона). Константа скорости мутации для 6-маркерных гаплотипов равна 0,0074 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет. Тогда за 625 лет (25 условных поколений) в каждом гаплотипе набегит  $0,0074 \times 25 = 0,185$  мутации, и на все 68 гаплотипов будет  $0,185 \times 68 = 13 \pm 4$  мутации. Погрешность рассчитывается по обычным правилам математической статистики.

Смотрим на дерево гаплотипов. Там — 15 мутаций, то есть в пределах погрешности с предсказанными  $13 \pm 4$  мутациями. Можно посчитать самим, это все «вылезающие» из колеса спицы. А вылезают они в разных (и заранее непредсказуемых) местах, потому что мутации происходят неупорядоченно. 53 гаплотипа не мутированы, они образуют ровную гребенку или «колесо» вокруг центральной части. Это — тот же самый гаплотип, что имел общий предок всех 68 человек, то есть Джон, Лорд Островов:

13 25 15 11 12 11.

53 человека этот гаплотип полностью сохранили, потому что 625 лет — это относительно малое время и 15 мутаций — это все отклонения от предкового гаплотипа, что за это время смогли произойти во всех 68 гаплотипах.

Показанные выше шесть чисел соответствуют шести участкам в Y-хромосоме ДНК, в которых повторяются выбранные исследователями короткие нуклеотидные последовательности. В первом участке — 13 повторов, во втором — 25 повторов, в третьем — 15 повторов и так далее. Мутация — это изменение числа повторов. Ошибся копирующий фермент при биологическом копировании Y-хромосомы, скопировал третий участок не 15 раз, как завещали предки, а 16 раз, получилось:

13 25 **16** 11 12 11.

Это — два идентичных гаплотипа, на дереве выше под номерами 054 и 060. С правой стороны — гаплотип 061, он имеет вид:

14 25 15 11 12 11.

У него мутация проскочила в первом участке, было 13 повторов, стало 14. То есть опять система копирования ошиблась в сторону завышения числа повторов. А вот в семерке идентичных гаплотипов под номерами 055–057, 062, 064, 066, 068 мутация прошла во втором участке, на понижение ( $25 \rightarrow 24$ ) и получилось:

13 **24** 15 11 12 11.

Действительно, этот участок, или маркер, как их называют, один из самых подверженных мутациям. Теория подсказывает, что в первом участке на все гаплотипы произойдет только одна мутация, во втором — семь мутаций, в третьем — две мутации. Так и получилось на практике. То есть даже при такой малой статистике закономерности в целом выполняются. Более того, все остальные пять мутаций на дереве гаплотипов относятся к тому же (второму) быстрому маркеру.

Гаплотипы под номерами 059, 063 и 065 имеют вид:

13 **26** 15 11 12 11,

то есть мутация прошла на единицу на повышение,  $25 \rightarrow 26$ . Последние две мутации, в гаплотипах под номерами 058 и 067, оказались двойными ( $25 \rightarrow 23$ ,  $25 \rightarrow 27$ ):

13 **23** 15 11 12 11,

13 **27** 15 11 12 11.

Они и сидят по обе стороны «букета», потому что не происходят одна из другой. Заметьте, что длина «спицы» в двух последних случаях тоже двойная, по сравнению со всеми остальными. То есть по виду дерева гаплотипов можно сказать, какие мутации одиночные, какие — двойные или тройные.

Внешний вид «дерева» определяется настройками профессиональной компьютерной программы, которая строит его на основании вводимого списка гаплотипов в виде матрицы стандартного типа, в текстовом виде или в виде Excel. Она сортирует гаплотипы по ветвям, то есть по похожести гаплотипов, сортирует по тому, в каких маркерах произошли мутации, сколько мутаций произошло, и по тому, насколько ветви древние. Поэтому по виду дерева человек опытный сразу может понять, какова структура той или иной популяции, сколько в ней основных ветвей, каков относительный возраст ветвей, и далее по числу мутаций в ветвях рассчитать, когда жил общий предок каждой ветви. Таких компьютерных про-

грамм много, наиболее известная — PHYLIP, с преобразованием MEGA.

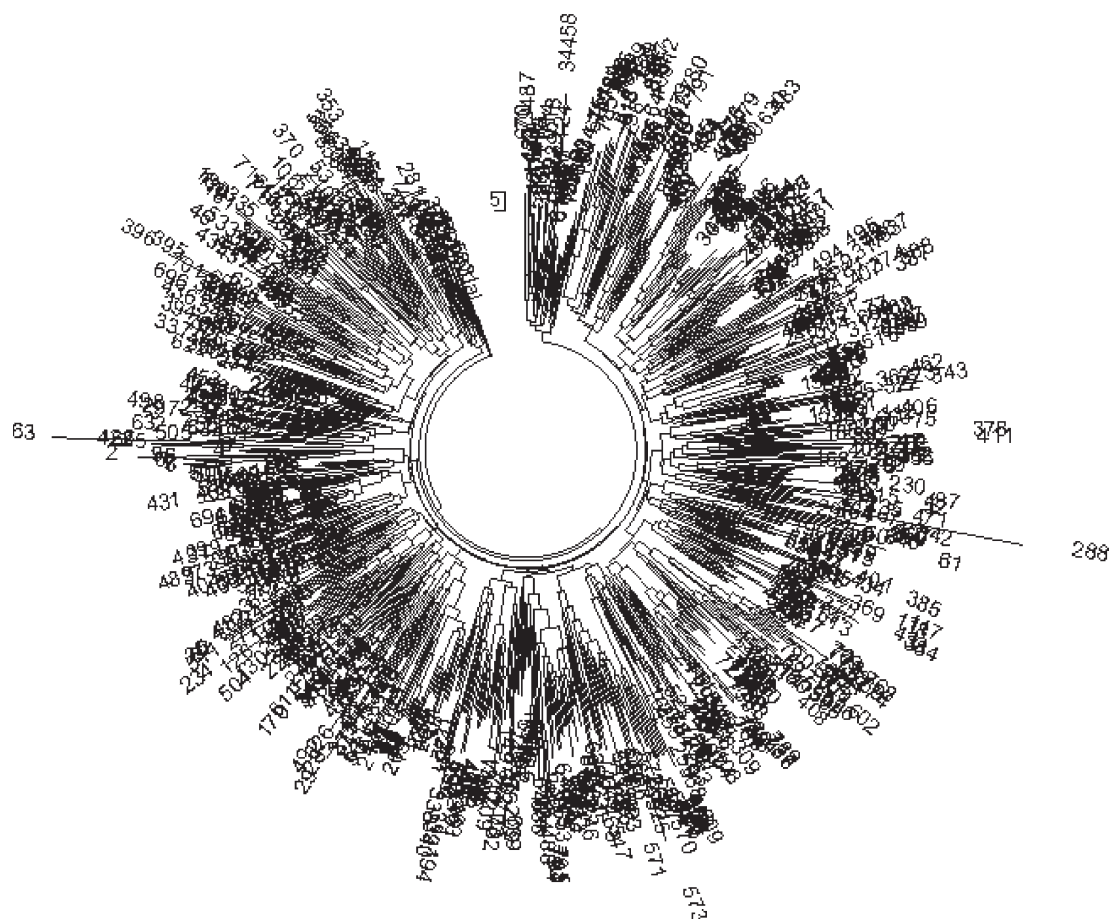
По виду базовых гаплотипов в разных регионах и по возрасту их ветвей можно устанавливать, откуда, куда и когда проходили древние миграции людей и где сейчас живут их потомки. То есть можно проводить ДНК-генеалогическое картирование регионов, материков и всей планеты как в пространстве, так и во времени. В этом — часть методологии ДНК-генеалогии. А дальше идут интерпретации получаемых данных в терминах истории, языкознания, антропологии, стыковка их с известными данными (тогда это по сути «калибровка») или с данными неустоявшимися, сомнительными, конфликтными — тогда это дополнительная «точка опоры», или, наконец, это

введение в научный оборот совершенно новых данных и открытие пути для их верификации, проверки, обсуждения, выдвижения новых гипотез и положений.

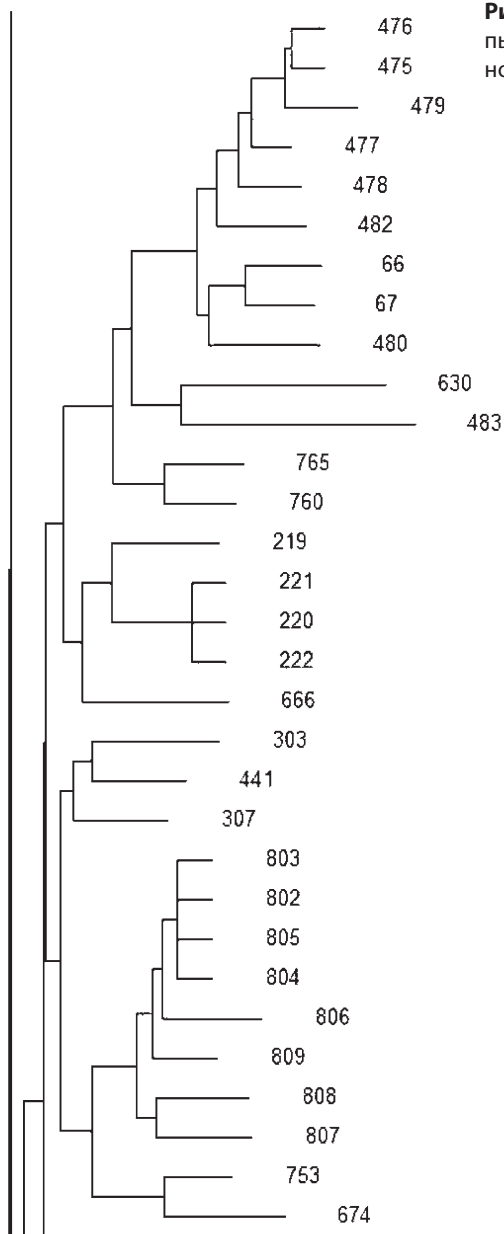
В качестве намного более сложного примера приведем дерево гаплотипов гаплогруппы I1 из 800 гаплотипов в 111-маркерном формате (рис. 7а-б).

В ДНК-генеалогии встречаются несимметричные или симметричные, однородные деревья гаплотипов. Пример несимметричного дерева дан на рис. 8.

На дереве видны многочисленные ветви, в каждой из которых — свой общий предок. В принципе, можно найти некоего «одного общего предка» дерева, он жил около 10 тыс. лет назад.



**Рис. 7а.** Дерево гаплотипов гаплогруппы I1 из 800 гаплотипов в 111-маркерном формате — круговое



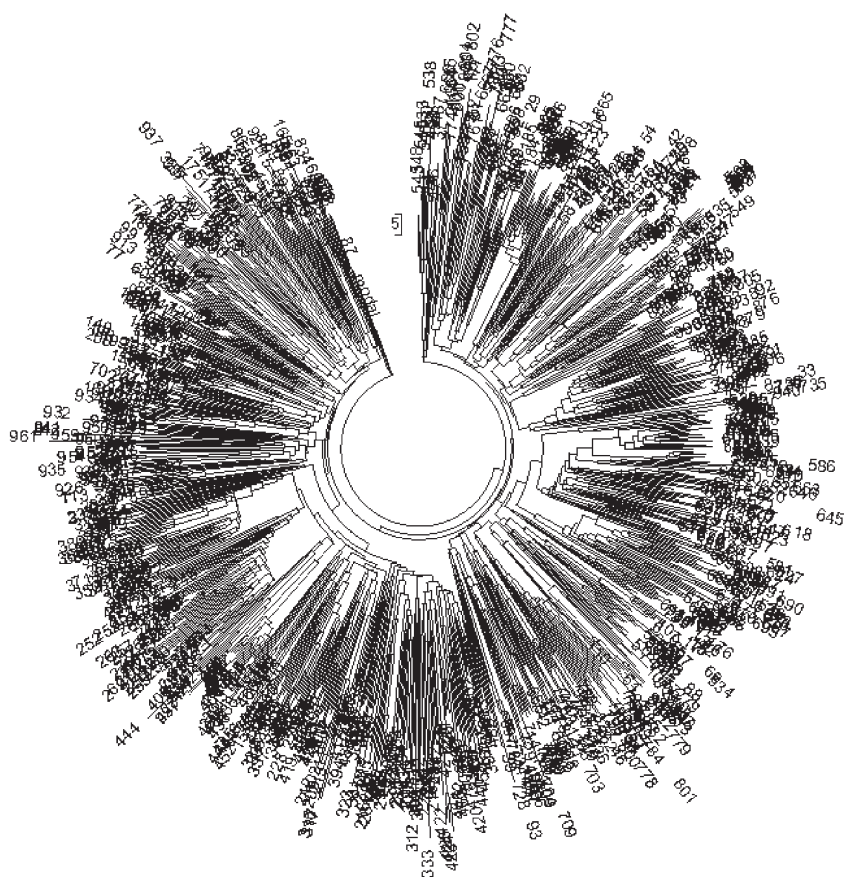
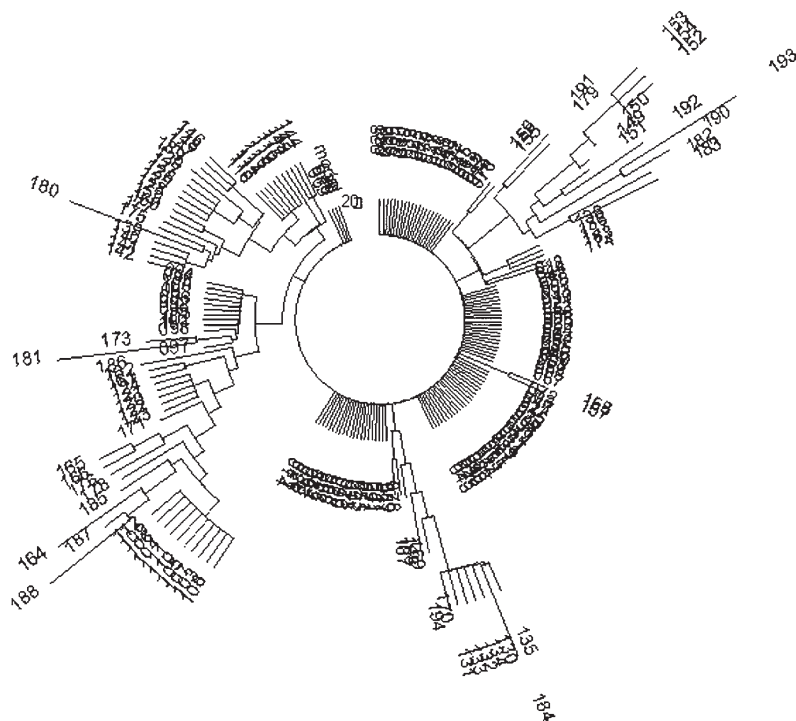
**Рис. 76.** Дерево гаплотипов гаплогруппы I1 из 800 гаплотипов в 111-маркерном формате — линейное (фрагмент)

Но в данном случае ветви нужно анализировать отдельно. Тогда окажется, что серия идентичных гаплотипов, идущих по внутреннему кругу, имеют общего предка, который жил  $1075 \pm 130$  лет назад («академическая», или полевая выборка) или  $1050 \pm 190$  лет назад («коммерческая выборка»), то есть по коммерческим базам данных), что практически одно и то же, и разница между

ними заметно проявляется уже в 25- и 37-маркерном формате гаплотипов.

Симметричные деревья с хорошей точностью описываются одним общим предком, от которого произошли большинство (или все) гаплотипов в данной выборке. Примером является большая выборка из 968 гаплотипов гаплогруппы I1 (рис. 9).

**Рис. 8.** Дерево 6-маркерных гаплогрупп евреев гаплогруппы J, построено по данным Behar et al. (2003). В выборке — 194 гаплотипа

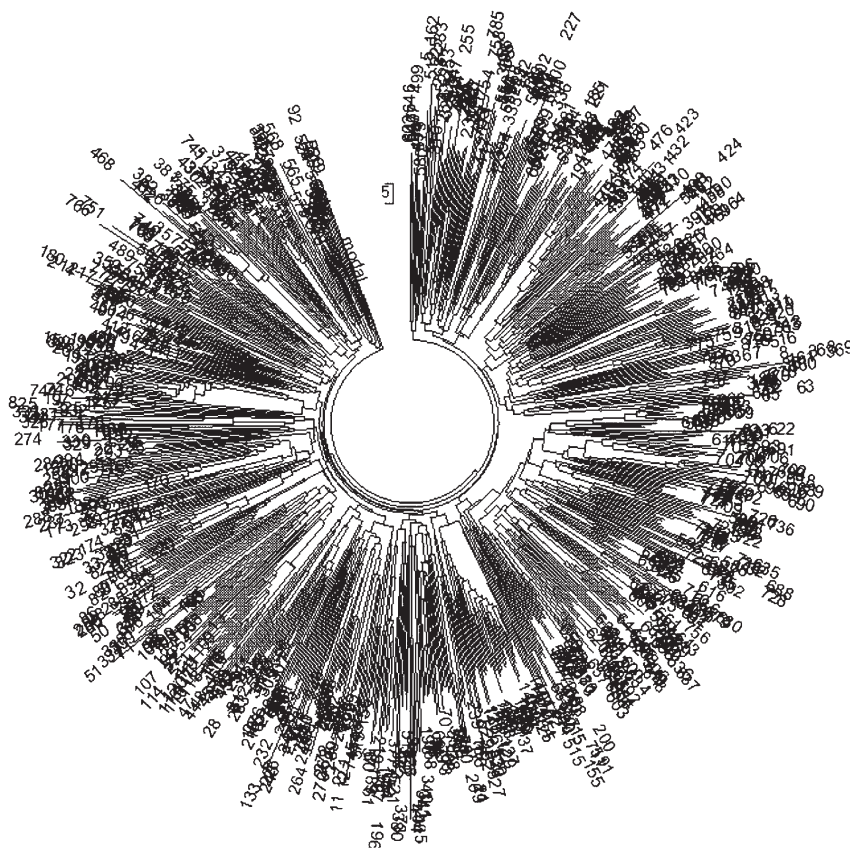


**Рис. 9.** Дерево из 968 гаплогрупп I1-M253 в 111-маркерном формате. Гаплотипы приведены в проекте FTDNA: [https://www.familytreedna.com/public/yDNA\\_I1/default.aspx?section=yresults](https://www.familytreedna.com/public/yDNA_I1/default.aspx?section=yresults). Общий предок всей серии гаплотипов жил  $3686 \pm 369$  и  $3618 \pm 363$  лет назад при расчетах по 111- и 67-маркерным гаплотипам

Все 968 гаплотипов имели 14 891 мутацию в 67 маркерах и 24 990 мутаций в 111 маркерах. Это дает  $14891/968/0,12 = 128 \rightarrow 147$  условных поколений, или  $3675 \pm 370$  лет, до общего предка по 67-маркерным гаплотипам, и  $24990/968/0,198 = 130 \rightarrow 149$  условных поколений, или  $3725 \pm 370$  лет, до общего предка по 111-маркерным гаплотипам. Калькулятор Килина–Клёсова (он описан в цитируемом выше учебнике) дает соответственно  $3618 \pm 363$  и  $3686 \pm 369$  лет до общего предка (без округления). Мы видим, что все эти расчеты дают практически одинаковые датировки. В данном случае приведен так называемый «линейный» метод расчета, то есть по расчету по мутациям, в отличие от логарифмического метода, описанного выше, в котором мутации вообще не считают.

Еще пример — серия из 829 гаплотипов гаплогруппы R1b-U106 в 111-маркерном формате (рис. 10).

Все 829 гаплотипов имели 13 254 мутации в 67 маркерах и 20 874 мутации в 111 маркерах. Это дает  $13254/829/0,12 = 133 \rightarrow 154$  условных поколений, или  $3850 \pm 390$  лет, до общего предка по 67-маркерным гаплотипам, и  $20874/829/0,198 = 127 \rightarrow 146$  условных поколений, или  $3650 \pm 370$  лет, до общего предка по 111-маркерным гаплотипам. Калькулятор Килина–Клёсова дает соответственно  $3822 \pm 385$  и  $3850 \pm 387$  лет до общего предка (без округления). Опять мы видим практически полное совпадение получающихся датировок. В дальнейшем мы не будем каждый раз отмечать «без округления», хотя такие точности не имеют особого математического смысла.



**Рис. 10.** Дерево из 829 гаплотипов гаплогруппы R1b-U106 в 111-маркерном формате. Гаплотипы приведены в проекте FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/U106?iframe=yresults>



Значительно чаще встречаются деревья не-симметричные или еще более выраженные, с характерными ветвями. Так, 244 гаплотипа гаплогруппы I2 в 111-маркерном формате образуют дерево, показанное на рис. 11.

В этом дереве можно выделить три основные ветви — верхнюю из 157 гаплотипов и две нижние из 35 и 52 гаплотипов. Для краткости, приведем их датировки без подробных расчетов и без округления. Для первой ветви общий предок жил (расчет по 67- и 111-маркерным гаплотипам)  $6986 \pm 707$  и  $7285 \pm 734$  лет назад; для второй ветви —  $3517 \pm 384$  и  $3542 \pm 374$  лет назад; для третьей ветви  $5098 \pm 533$  и  $5066 \pm 521$  лет назад. Отметим, насколько согласуются данные для 67- и 111-маркерных гаплотипов.

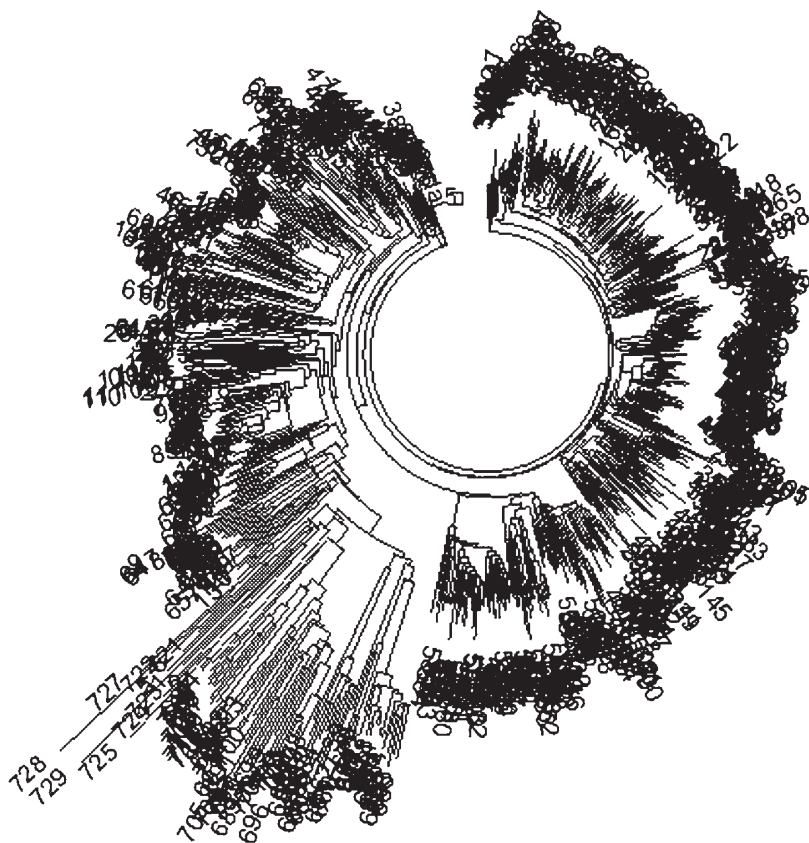
Еще пример дерева гаплотипов с выраженной ветвью — для серии из 739 111-маркерных гаплотипов гаплогруппы J1 (рис. 12).

Здесь нижняя ветвь (слева) состоит из 74 гаплотипов, ее общий предок жил (расчет по 67- и 111-маркерным гаплотипам)  $8114 \pm 830$  и  $8469 \pm 859$  лет назад; общий предок гаплотипов правой ветви —  $2479 \pm 250$  и  $2509 \pm 254$  лет назад; общий предок левой ветви  $3849 \pm 388$  и  $4019 \pm 407$  лет назад. Опять отмечаем, что датировки здесь не округлены, и, строго говоря, представление данных в таком (неокругленном) виде математически некорректно, здесь это представлено сугубо для иллюстрации. Некорректно — потому, что при погрешности в сотни лет давать датировки с точностью до одного года просто бессмысленно. То, что правая ветвь заметно «моложе» — видно и на глаз, там высота «гребенки» гаплотипов меньше. После округления получаем  $8200 \pm 800$ ,  $2500 \pm 400$  и  $4000 \pm 300$  лет назад соответственно.

Экстремальные случаи неоднородных деревьев гаплотипов иллюстрируются, например,



**Рис. 11.** Дерево из 244 гаплотипов гаплогруппы I2-M438 в 111-маркерном формате. Гаплотипы приведены в проекте FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/I2aHapGroup/default.aspx?section=yresults>. Дерево состоит не менее чем из трех частей, в которые входят 157 гаплотипов (верхняя часть), 52 гаплотипа (справа внизу) и 35 гаплотипов (слева внизу)



**Рис. 12.** Дерево из 739 гаплотипов гаплогруппы J1-M267 в 111-маркерном формате. Гаплотипы приведены в проекте FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/J-M267/default.aspx?section=yresults>. Дерево состоит из трех основных ветвей, насчитывающих 74 гаплотипа (слева внизу), 417 гаплотипов (в правой части дерева) и 248 гаплотипов (в левой части дерева)

выше на рис. 8. Теоретически, расчет времени до общего предка для таких деревьев можно вести только в том случае, когда все ветви дерева имеют одинаковый «вес», то есть все ветви одинаковы по численности и по возрасту. На дереве на рис. 8 этого нет, и при расчетах по всему дереву, «чохом», получается «датировка» некоего фантомного предка, не имеющая ничего общего с реальностью. Но так работают популяционные генетики. На самом деле нужно обработку каждой ветви проводить раздельно.

## 9. ДАТИРОВКИ ОБРАЗОВАНИЯ ГАПЛОГРУПП И СУБКЛАДОВ

Еще пояснение — поскольку, как «продукт» естественно-научной школы, я стремлюсь быть мак-

симально точным, пунктуальным и давать предельно обоснованные данные, мне не нравится представлять датировки образования снийов без обоснований. Написать «субклад такой-то образовался 40 тыс. лет назад» — это, на мой взгляд, не слишком убедительно. Как, откуда это число появилось, как получено — такой стиль изложения напоминает печальной памяти мистификацию, что «анатомически современный человек вышел из Африки 70 тыс. лет назад». Неспециалисты верят, или кто-то из них не верит, но мало кто догадывается, что то число на самом деле было «взято с потолка». Не было у популяционных генетиков, или «геномных генетиков», или антропологов расчетного аппарата или даже подходов, которые позволяли бы получать соответствующие датировки. Это было исключительно

«по понятиям», а не «по науке». Потому неудивительно, что вскоре появилась датировка «выхода из Африки» 50 тыс. лет назад, потом 80 тыс. лет назад — каждый не хотел повторять коллегу, каждому хотелось войти в «пантеон славы» самому, и в итоге мы сейчас имеем в научной литературе массу датировок «выхода из Африки» непрерывной цепью от 40 до 100 тыс. лет назад. Некоторые уже вбрасывают и 120 тыс. лет, и 150 тыс. лет, и 200 тыс. лет назад. И **ни одна** датировка не является экспериментально полученной или расчетной, все — «по понятиям», подстраиваясь под новые и новые находки костных остатков за пределами Африки, чтобы «показать», что они «вышли из Африки». Так продолжается в настоящее время.

Так вот, показ неких датировок без обоснований, откуда они взялись, является, на мой взгляд, дурным тоном и дискредитирует науку. В этой книге все датировки образования снийпов (и, соответственно, субкладов и гаплогрупп) даются на основании числа снийп-мутаций от искомого снийпа до настоящего времени. Это число определяется по геномным данным для Y-хромосомы. Иначе говоря, вручную считается, сколько снийпов в Y-хромосоме отделяет интересующий нас снийп (это — необратимая мутация в ДНК) от на-

стоящего времени. Для этого обычно (или по возможности) рассматривают Y-хромосомы у неупорядоченной выборки из ста человек (или меньше, если ста человек в выборке не набирается, например, у редких снийпов), у каждого определяют это число снийп-мутаций «от соответствующего узла» до настоящего времени и рассчитывают среднюю величину. Например, «арийский» снийп R1a-Z645 (о нем речь будет идти многократно в данной книге) отделяет от настоящего времени в среднем 33 снийп-мутации. Как уже сообщалось выше, эмпирически установлено, что в данном «референсном» участке Y-хромосомы размером 8,5 млн нуклеотидов снийп-мутации образуются в среднем раз в 144 года. Поэтому снийп R1a-Z645 образовался  $33 \times 144 = 4752$  года назад, или, округляя, примерно 4750 лет назад. «Примерно» потому, что 33 снийпа — это приблизительно, с определенной погрешностью, это среднее из ста человек, поэтому давать датировки с точностью до года — это математически неверно, да и неприлично.

Следующий раздел данной книги мы дадим в форме глоссария, или словаря. Ряд понятий были уже рассмотрены ранее, но приведем их опять для большей систематизации и усвоения материала.

# Глава 3

---

## ГЛОССАРИЙ ТЕРМИНОВ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ

**ДНК** — дезоксирибонуклеиновая кислота, сохраняет и реализует генетическую программу развития и функционирования организма человека. Находится в ядре клетки в составе 46 хромосом, одна из которых, самая маленькая по размеру, — мужская половая хромосома, или Y-хромосома. В ней примерно 58 млн нуклеотидов, повторяющихся структурных единиц ДНК — аденина, гуанина, тимина и цитозина. Все 46 хромосом в совокупности состоят из трех миллиардов нуклеотидов, и в их составе примерно 30 тыс. генов, в среднем по 652 гена на хромосому. В Y-хромосоме всего 27 генов, остальная часть — некодирующая, «никчемная», как ее часто называют или, скорее, называли еще недавно. В ней находится много повторов нуклеотидных цепочек, часть которых генетики выбрали в качестве гаплотипов для ДНК-генеалогии. Копирование, или репликацию ДНК, выполняет ДНК-зависимая ДНК-полимераза (в составе большого комплекса, реплисомы), которая иногда допускает ошибки, называемые *мутациями*.

**Y-ХРОМОСОМА** — мужская половая хромосома (см. ДНК).

**МАРКЕР**, или локус, сегмент, участок Y-хромосомы, выбранный для определения числа повторов нуклеотидов для целей ДНК-генеалогии. Число повторов нуклеотидов в локусе называют «аллель». Маркеры нумеруют и присваивают им индексы, например, DYS19, то есть «DNA Y Segment, локус номер 19». В этом конкретном локусе повторяется четверка (квадруплет) ТАГА, то есть тимин-аденин-гуанин-аденин, причем повторяется у разных людей от 11 до 19 раз подряд. Эти границы чисто эмпирические. Возможно, у кого-то среди людей Земли он повторился 10 или 20 раз подряд, но вероят-

ность такого события крайне мала. Число повторов — индивидуальная характеристика человека, и при увеличении числа маркеров совокупность аллелей становится все более индивидуальной. В ранних академических исследованиях типировали (то есть определяли последовательности) от 5 до 9 маркеров, в современных — от 10 до 17, реже до 23 маркеров, в коммерческих работах обычно типировуют от 12 до 111 маркеров и выше — в специальных геномных исследованиях (стандартные варианты — 12, 17, 25, 37, 67 и 111 маркеров).

**АЛЛЕЛЬ** — число tandemных повторов определенных блоков нуклеотидов в маркерах. Обычно в биологии понятие аллели относят к разным формам генов, которые расположены в одинаковых маркерах хромосом одного типа, то есть гомологичных хромосом. Аллели при кодировании приводят к появлению различных вариантов одного и того же признака. В ДНК-генеалогии аллели задают разное число tandemных повторов в одном и том же маркере. Выше был приведен пример, когда в маркере DYS19 число повторов квадруплета ТАГА (TAGA) может быть от 11 до 19 раз. Числа аллелей в маркерах — важнейшая характеристика в ДНК-генеалогии, поскольку статистическое отклонение числа аллелей от предкового в каждом маркере гаплотипа позволяет рассчитывать, когда жили общие предки мужской части популяций, и эти расчеты работают на временах от сотен лет до нескольких миллионов лет.

**ГАПЛОТИП** — совокупность аллелей, то есть наборов повторов в маркерах. Гаплотип записывается в виде набора чисел, которые отражают число аллелей в каждом маркере. Например,

предковый гаплотип славян гаплогруппы R1a Русской равнины:

- в 12-маркерном формате (формате FTDNA):  
13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30,
- в 25-маркерном формате:  
13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16

(здесь поставлено тире между первой и второй панелью маркеров, точнее — аллелей, потому что в длинных последовательностях чисел легко потеряться, а тире представляют собой метки, на которые можно ориентироваться),

- в 37-маркерном формате:  
13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 38 14 11,
- в 67-маркерном формате:  
13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10  
11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16  
16 18 19 35 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11  
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11  
13 11 11 12 13,

- в 111-маркерном формате:  
13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10  
11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 12 19 23  
16 16 18 19 35 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10  
8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12  
12 11 13 11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19  
12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13  
9 10 19 15 20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15  
17 9 11 11.

**ФОРМАТ FTDNA** — форма записи гаплогрупп, принятая компанией Family Tree DNA (США), ведущей компанией в мире по тестированию ДНК, и далее принятая в ДНК-генеалогии. В статьях по популяционной генетике такая запись практически не используется и по простой причине — протяженные гаплотипы там не применяются. Порядок записи гаплогрупп в популяционной генетике другой и часто нестандартный, меняющийся у разных авторов. Но поскольку гаплотипы в популяционной генетике используются редко, то им такой разнобой не мешает.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
393	390	19	391	385a	385b	426	388	439	389-1
11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
392	389-2	458	459a	459b	455	454	447	437	448
21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
449	464a	464b	464c	464d	460	GATA H4	YCA IIa	YCA IIb	456
31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
607	576	570	CDYa	CDYb	442	438	531	578	395S1a
41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
395S1b	590	537	641	472	406S1	511	425	413a	413b
51	52	53	54	55	56	57	58	59	60
557	594	436	490	534	450	444	481	520	446
61	62	63	64	65	66	67	68	69	70
617	568	487	572	640	492	565	710	485	632
71	72	73	74	75	76	77	78	79	80
495	540	714	716	717	505	556	549	589	522
81	82	83	84	85	86	87	88	89	90
494	533	636	575	638	462	452	445	GATA-A10	463
91	92	93	94	95	96	97	98	99	100



441	GGAAT-1B07	525	712	593	650	532	715	504	513
101	102	103	104	105	106	107	108	1099	110
561	552	726	635	587	643	497	510	434	461
111									
435									

Порядок маркеров в 12-, 25-, 37-, 67- и 111-маркерных гаплотипах следующий (в верхней строке — порядковый номер маркера, в нижней — индекс маркера DYS):

**ДЕРЕВО ГАПЛОТИПОВ** — серия гаплотипов, рассортированная с помощью специальной компьютерной программы и обычно представленная в виде круговой или линейной диаграммы (примеры см. выше). Эта диаграмма группирует гаплотипы по динамике их мутаций во всех маркерах и таким образом представляет дерево в виде совокупности ветвей гаплотипов, соответствующих их наиболее вероятным ДНК-генеалогическим линиям. Например, среди гаплотипов гаплогруппы R1a встречаются гаплотипы с «типовой» мутацией, в которой маркер DYS388 = 12 заменен на DYS388 = 10. Это отдельная (и древняя) ДНК-генеалогическая линия, потому что и многие остальные мутации более присущи этой линии «10», по сравнению с мутациями для линии «12».

Действительно, на дереве гаплотипов линия «10» выделяется в самостоятельную ветвь, которую следует анализировать отдельно. В настоящей книге дерева гаплотипов строились с помощью программы PHYLIP.

**ГАПЛОГРУППА** — совокупность гаплотипов, объединенная «групповой» необратимой мутацией, присущей определенному человеческому роду, то есть потомкам одного «патриарха», как правило, тысячелетия назад. Эквивалентна понятию «род» в ДНК-генеалогии. Эти мутации (снипы) выбирают по определенным критериям. Гаплогруппой также называют сам род в таких выражениях, как «гаплогруппа мигрировала 6 тыс. 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, плюс 17 дополнительных гаплогрупп, не вошедших в группу от А до Т, и тысячи «нисходящих» гаплогрупп и субкладов. Индекс гаплогруппы с надстрочным \* (например, I\*) показывает, что «нисходящих» мутаций у их носителей в классификации пока не обнаружено и все тестированные носители — прямые потомки данной гаплогруппы или субклада.

**СУБКЛАД** — подчиненная, «нижестоящая» гаплогруппа, ДНК-генеалогическая ветвь в пределах той же гаплогруппы, все члены которой имеют не только мутацию основной гаплогруппы, но и дополнительную мутацию, общую только для данной ветви/субклада. Например, гаплогруппа R имеет «подчиненные», или «дочерние», гаплогруппы R1 и R2; R1, в свою очередь, имеет R1a и R1b и так далее. R1a в настоящее время имеет 741 субклад, утвержденный Международным обществом генетической генеалогии, R1b в настоящее время имеет 1114 «официальных» субкладов.

**МУТАЦИЯ** — в ДНК-генеалогии биологическая ошибка при копировании последовательности Y-хромосомной ДНК, в результате которой (ошибки) или меняется число аллелей в определенном локусе (стир-мутации, или STR-мутации, от Short Tandem Repeats), или происходит модификация гаплогруппы (снип-мутации, или SNP-мутации, от Single Nucleotide Polymorphism). В отличие от мутации в генах, которая вызвана, например, радиоактивным излучением и при которой нуклеотид «ломается», то есть мутация там деструктивная, мутация в гаплотипах происходит обычно путем ошибочного копирования достаточно длинных фрагментов ДНК, при котором (копировании) происходит или удлинение, или укорачивание копируемого фрагмента ДНК. Это — не деструкция, а модификация.

Но поскольку происходит отклонение от исходной «матрицы», то есть происходит ошибка копирования, то это тоже называют мутацией.

**СТИР-МУТАЦИЯ, или ТАНДЕМНАЯ МУТАЦИЯ в гаплотипе**, — изменение числа аллелей в маркере. Происходит в маркере в среднем примерно раз в 500 поколений, хотя для каждого маркера своя скорость мутаций, которая для первых 37 маркеров варьируется от одного раза в 11,1 тыс. поколений (DYS426, раз примерно в 280 тыс. лет) до одного раза в 140 поколений (CDYb, раз примерно в 3,5 тыс. лет). Среди 67 маркеров есть такие, в которых мутация происходит раз в 125 тыс. поколений, то есть раз в 3,1 млн лет (DYS472). По скоростям мутаций это сопоставимо со снипами. В популяции обычно наблюдается множественность аллелей в одних и тех же маркерах, то есть вариации аллелей. Совокупность этих вариаций позволяет рассчитывать время, когда жил один или несколько наиболее отдаленных предков популяции. Разные маркеры имеют разные скорости мутации в маркере, поэтому диапазоны вариации аллелей в разных маркерах разные.

Например, DYS426 — очень «медленный» маркер, все человечество имеет всего четыре варианта аллелей — 10, 11, 12 и 13. Действительно, этот маркер имеет малую скорость мутации, она по оценкам равна 0,00009 мутации на маркер на условное поколение. Это значит, что через 5 тыс. лет среди тысячи наших современников всего у пятнадцати произойдет мутация в этом маркере — за 5 тыс. лет! Это несложно проверить, используя логарифмическую формулу, описанную выше:  $[\ln(1000/985)]/0,00009 = 168 \rightarrow 202$  условных поколения, то есть 5050 лет.

Напротив, наиболее часты мутации в маркерах DYS449, CDYa, CDYb, у которых на Земле обнаружено 12, 13 и 13 разных аллелей, а именно от 25 до 36, от 28 до 40 и от 31 до 43 соответственно.

**СРЕДНЕЕ ЧИСЛО СТИР-МУТАЦИЙ НА МАРКЕР** — важнейшая величина в ДНК-генеалогии, напрямую связана с гаплотипом прямого предка, от значения аллелей которого отсчитываются мутации. В серии гаплотипов современников, потомков одного общего предка (то есть принадлежащих одной ДНК-

генеалогической линии), насчитывается определенное суммарное количество мутаций. Чем больше прошло времени от общего предка серии гаплотипов (популяции), тем больше суммарное количество мутаций в рассматриваемой серии гаплотипов. Таким образом, отношение этого суммарного количества мутаций во всех маркерах (от всех аллелей) к общему числу маркеров есть мера того, как давно жил общий предок. Это есть базовое положение ДНК-генеалогии. Это отношение можно откалибровать в поколениях или годах по абсолютной шкале времени при наличии хронологических «реперных точек».

Поскольку число маркеров в гаплотипах достигает — для обычно используемых гаплотипов в ДНК-генеалогии — 111, то в каждом маркере за определенное число лет от общего предка накапливается определенное среднее количество мутаций. Например, в серии из 968 гаплотипов гаплогруппы I1 за  $3690 \pm 370$  лет, прошедших от общего предка современных носителей гаплогруппы, в маркере DYS19 накопилось 263 мутации. Среднее число мутаций на маркер равно 263, и при известной константе скорости мутации для маркера DYS19, полученной независимым путем и усредненной по всем выборкам и по всем гаплогруппам и равной 0,00179 мутации на маркер за условное поколение, получаем, что общий предок жил примерно  $263/0,00179 = 152$  условных поколения назад, или примерно  $152 \times 25 = 3800$  лет назад. Как видим, это находится в пределах погрешности измерений с величиной  $3690 \pm 370$  лет, поскольку последняя величина была рассчитана по всем 968 гаплотипам в 111-маркерном формате. Мы часто пишем «примерно», потому что все такие расчеты носят статистический характер. Даже 263 мутации, полученные прямым путем, все равно «примерные», и по законам статистики имеют погрешность  $\pm 6,2\%$ , что дает  $263 \pm 16$  мутаций, и это при щадящей достоверности в одну «сигма», то есть с надежностью 68 %. При надежности в 95 % это было бы  $263 \pm 32$  мутации. Далее, при расчетах по всем гаплотипам поправка на возвратные мутации вводилась, а при расчетах по одному маркеру она для простоты не вводилась. Наконец, величина константы скорости мутации (0,00179 мутации на маркер за условное поколение) тоже определена с определенной погрешно-

стью. Все это заставляет для корректности писать «примерно».

Еще пример, для особенно древнего общего предка, на этот раз гаплогруппы I2, который жил  $9575 \pm 960$  лет назад. В маркере DYS426 в серии из 244 гаплотипов накопилось всего 8 мутаций, поскольку это один из самых «медленных» маркеров, его константа скорости мутации равна 0,00009 мутация на маркер за условное поколение. Получаем, что общий предок жил примерно  $8/244/0,00009 = 364$  условных поколения назад, или примерно  $364 \times 25 = 9100$  лет назад. Это опять в пределах погрешности измерений с показанной выше величиной  $9575 \pm 960$  лет назад, которая была рассчитана по всем 244 гаплотипам в 111-маркерном формате.

Надо добавить, что величины констант скоростей мутаций определяли при изучении многих тысяч гаплотипов. В первой обширной статье по этой теме [Rozhanskii I. L., Klyosov A. A. Mutation rate constants in DNA genealogy (Y Chromosome) // *Advances in Anthropology*, 1. 2011. №. 2. P. 26–34], опубликованной в 2011 г. и подводящей итоги четырехлетних исследований, рассматривали 3160 гаплотипов, из них 2488 гаплотипов в 67-маркерном формате, а в статье, опубликованной через пять лет (Kilin V. V., Klyosov A. A. Kilin–Klyosov TMRCA Calculator for Time Spans up to Millions of Years // *Advances in Anthropology*. 2016. № 6. P. 51–71), рассматривались уже 11 850 гаплотипов в 111-маркерном формате.

**ОБЩАЯ ОТНОСИТЕЛЬНАЯ ПОГРЕШНОСТЬ** — важная величина, указывающая на доверительный интервал, или надежность определения расстояния до времени жизни общего предка рассматриваемой популяции. По правилам математической статистики, расчет погрешности обычно производится для «одной сигмы» или «двух сигм», что соответствует 68 и 95 %-ному доверительному интервалу соответственно. Для одной сигмы берется обратная величина квадратного корня из общего числа мутаций в серии гаплотипов, возводится в квадрат, к ней прибавляется 0,01 (это квадрат средней погрешности величины константы скорости мутации, при принимаемой ее погрешности  $\pm 10$  %, то есть 0,1), и из полученной суммы извлекается квадратный корень.

Например, при 100 мутациях (от базового гаплотипа) в серии гаплотипов получаем:

$$1 / \sqrt{100} = 0,1$$

$$0,1^2 = 0,01$$

$$0,01 + 0,01 = 0,02$$

$$\sqrt{0,02} = 0,1414.$$

Таким образом, погрешность расчетов для 100 мутаций в серии равна  $\pm 14,14$  % или, округленно, 14 %. Это — для доверительного интервала 68 % (одна сигма).

Для доверительного интервала 95 % (две сигмы) полученная величина удваивается, то есть погрешность расчетов составляет  $\pm 28$  %. Но опыт показывает, что для расчетов реальных, документированных генеалогий, задание доверительного интервала в одну сигму является вполне реалистичным. Дело в том, что требование 95 %-ной точности нереально для ограниченных серий гаплотипов. Более того, после рассмотрения многих сотен экспериментальных серий гаплотипов выяснилось, что закладываемая погрешность для констант скоростей мутаций  $\pm 10$  % является завышенной, на практике она не превышает  $\pm 2,5$  %. Поэтому при 100 мутациях в серии гаплотипов погрешность при одной сигме составляет не  $\pm 14,14$  %, а  $\pm 10,31$  %.

Тем не менее мы рекомендуем (и делаем это сами) давать результаты расчетов при завышенной погрешности, как описано выше. Лучше так, чем быть обвиненными в завышении «точности расчетов».

Погрешности рассчитываются по тем же правилам для количества мутаций и для скоростей мутаций в отдельных маркерах и в гаплотипах, содержащих любое количество маркеров. Например, в маркере DYS391 для серии из 275 гаплотипов гаплогруппы N1a1 наблюдается 59 мутаций. По правилам статистики при одной сигме эти 59 мутаций на самом деле соответствуют  $59 \pm 8$  мутаций, так что неопределенность, или погрешность, начинается уже здесь. Погрешность получена как обратная величина квадратного корня, переведенная в величину 13,02 %. Если переводить это число мутаций в среднее число мутаций на маркер, получаем  $59/275 = 0,2145$ , но погрешности целесообразно записывать уже в конце расчетов, чтобы не усложнять вычисле-

ния. С учетом поправки на возвратные мутации (пояснено ниже) получаем, что среднее число мутаций на маркер равно 0,2402, и, поскольку значение константы скорости мутации для маркера DYS391 равно 0,0022, получаем, что «возраст» для маркера DYS391 для данной серии гаплотипов равен  $0,2402/0,0022 = 96$  условных поколений, или 2,4 тыс. лет.

Погрешность здесь уже больше, чем рассчитанные выше  $\pm 13,02\%$ , потому что к ней добавляется погрешность определения константы скорости мутации, которая в данном случае не менее  $\pm 30\%$ . В итоге обратную величину квадратного корня из 59 возводим в квадрат (получая 0,01695), прибавляем 0,09 (квадрат погрешности в определении константы скорости мутации), извлекаем квадратный корень из полученной суммы и находим, что погрешность (которую еще называют средним квадратичным отклонением) равна в данном случае  $\pm 32,7\%$ . Мы видим, что при введении в расчеты константы скорости мутации погрешность более чем удвоилась. Получаем, что маркер DYS391 в данной серии указывает на «возраст» выборки  $2400 \pm 800$  лет.

Но когда расчет ведется по всем маркерам сразу, а не его индивидуальным величинам, то число аллелей и мутаций в них идет на тысячи и погрешность получаемого «возраста» резко снижается, но никогда не становится меньше, чем погрешность определения константы скорости мутации. Последняя обычно принимается за  $\pm 10\%$ , хотя определенно меньше этой величины, как пояснено выше.

**СНИП**, или **СНИП-МУТАЦИЯ**, «гаплогруппо-образующая мутация», от английского сокращения SNP (Single Nucleotide Polymorphism), практически необратима, происходит, как правило, на одном нуклеотиде, превращая один нуклеотид в другой, не свойственный для данной последовательности исходной ДНК (хотя, строго говоря, понятие «исходная» обычно не определено). Это приводит к появлению своеобразной «метки», которая практически навсегда наследуется потомками. Именно поэтому каждый род (в понятиях ДНК-генеалогии) носит характерную метку и может быть надежно и количественно отличим один от другого. Снимы обозначают индексами, например, Z280 (это — «входная» му-

тация для ДНК большинства этнических русских гаплогруппы R1a), M343 («входная» мутация в гаплогруппу R1b), L21, что эквивалентно снипу S145 (мутация, определяющая один из наиболее распространенных субкладов в Центральной и Западной Европе) и так далее. Первая буква снипа показывает, в каком научном коллективе снип идентифицирован. Список этих коллективов приведен в цитированном выше учебнике.

**КОНСТАНТА СКОРОСТИ МУТАЦИИ** — средняя частота изменения числа повторов в маркере, обычно измеряется в числе мутаций на маркер или на гаплотип в расчете на условное поколение в 25 лет. Средняя константа скорости мутаций составляет 0,00167 и 0,00183 на маркер на условное поколение для первых 12 и 25 маркеров в стандартном формате гаплотипов (см. выше) соответственно. Для первых 37 маркеров средняя скорость мутаций составляет 0,00243 на маркер на поколение, для первых 67, 111 и 409 маркеров (см. ниже) — 0,00178 мутации на маркер на поколение. В неопределенных ситуациях для полуколичественной оценки часто принимается в виде «канонической» величины 0,002 мутаций на маркер на условное поколение, но это только для полуколичественной оценки, так как константа скорости мутации на самом деле зависит от конкретного маркера.

Часто вместо «константа скорости мутации» используют понятие «скорость мутации». Это скорее жаргон, потому что, строго говоря, скорость мутации — это «валовое» понятие, а константа скорости мутации нормируется на маркер (или гаплотип) на поколение определенной продолжительности. По аналогии, скорость вытекания воды из бассейна можно измерять в кубометрах (или в других показателях), не конкретизируя, через какое количество труб вытекает вода. Тогда это «валовое» понятие. Если же речь идет о количестве воды, вытекающей через трубу определенного сечения и за определенную единицу времени, тогда этот параметр уже более научный (или технический) и может быть использован для расчетов для труб разного сечения и за разные промежутки времени. Так и в случае мутаций. Число мутаций — это, например, когда произошло 1230 мутаций без указания, в каком числе маркеров и за какое время. Скорость му-



тации — это 1230 мутаций, например, за тысячу лет. Константа скорости мутации — это 0,12 мутации на 67-маркерный гаплотип за поколение продолжительностью 25 лет. В случае измерения числа мутаций в парах отец-сын, то есть за одно поколение, в определенном маркере — это скорость мутации, так как «поколение» без конкретизации его продолжительности не дает возможность проводить расчеты в годах, следовательно, не применимо для хронологических расчетов. Те, кто пытается применять скорости мутаций, полученные на парах отец-сын, всегда вносят произвол в расчеты, постулируя продолжительности поколения, кто в 25 лет, кто в 28 лет, кто в 32 года, кто в 20 лет. Ценность таких расчетов, конечно, мала.

Часто задают вопрос: почему константы скоростей мутаций — «константы», если они во всех маркерах разные? Здесь у задающих вопрос есть определенное непонимание в базовых понятиях физической химии. Константами называют коэффициенты в уравнениях химической и биологической кинетики (кинетика — это наука о скоростях и механизмах химических и биологических реакций), которые показывают, как быстро или медленно реакция протекает. Простейшим уравнением кинетики является уравнение кинетики первого порядка, которое можно записать в виде  $c = c_0 e^{-kt}$ , где  $c_0$  — это начальная концентрация вещества, которое претерпевает химические превращения,  $c$  — текущая концентрация,  $t$  — время, прошедшее с начала реакции, и  $k$  — константа скорости реакции. Это определение можно варьировать, в зависимости от рассматриваемой системы — например, в процессе радиоактивного распада мы уже не будем использовать слова «химическое превращение» и «химическая реакция», как и «текущая концентрация», хотя по сути можно использовать и их. Так вот, «константа» здесь не потому, что для разных реакций величина  $k$  будет одинакова, а потому, что **в ходе реакции** она остается постоянной. В процессах радиоактивного распада она «константа» еще и потому, что не зависит от размера образца радиоактивного материала. В серии гаплотипов она «константа» потому, что не зависит от числа гаплотипов в серии, десятки там гаплотипов, сотни или многие тысячи.

Адаптируя это уравнение и определения к мутациям в гаплотипах, мы в качестве  $c_0$  рассматриваем базовые гаплотипы, в качестве  $c$  — количество оставшихся базовых гаплотипов в выборке, в качестве  $k$  — константу скорости мутации для данного маркера или гаплотипа. Эта константа остается постоянной — потому она и константа — в ходе убывания доли базовых гаплотипов в системе.

Пример. Имеем выборку, например, из сотни гаплотипов прямых потомков общего предка. Пусть гаплотипы будут в 67-маркерном формате. Понятно, что 100 потомков одного предка появятся не сразу, на их появление требуется время. Допустим, прошло 500 лет, то есть 20 условных поколений. Те ДНК-линии, в которых рождались девочки или детей вообще не было, не попадают в выборку будущего. Если в поколении рождалось по одному мальчику, то через 20 поколений вся максимально возможная выборка будет состоять только из одного человека, потомка того предка 500 лет назад. Если в каждом поколении рождалось по два мальчика, то через 10 поколений потомков будет уже 1024 человека, а через 20 поколений — чуть больше миллиона человек, конечно, в идеальном случае. Понятно, что это упрощения, но ясно, что через 10 поколений, то есть примерно 250 лет, выборку в сотню потомков уже можно набрать.

Покажем, как константа скорости мутации, будучи именно константой, описывает убывание базовых гаплотипов в системе. Через 10 поколений в 100 гаплотипах потомков предковые (базовые) 67-маркерные гаплотипы останутся только у 30 человек. Проверим:  $[\ln(100/30)]/0,12 = 10$  (условных поколений). Через 13 поколений базовые гаплотипы останутся у 20 человек. Через 19 поколений — у 10 человек. Через 25 поколений — у 5 человек. Через 32 условных поколения, то есть через 800 лет, базовые гаплотипы останутся только у 2 человек:  $[\ln(100/2)]/0,12 = 32$  (условных поколений).

Как мы видим, константа скорости мутации (для 67-маркерных гаплотипов равная 0,12 мутации на гаплотип на поколение) остается неизменной и определяет, с какой скоростью убывают базовые гаплотипы в потомках. Естественно, при переходе к более коротким гаплотипам, например, 12-маркерным, базовые гаплотипы сохраня-



ются у многих потомков тысячелетиями. Например, два базовых 12-маркерных гаплотипа из ста сохраняются через  $[\ln(100/2)]/0,02 = 196$  условных поколений, то есть почти через 5 тыс. лет.

Эти же закономерности соблюдаются для всех индивидуальных маркеров во всех гаплотипах, как было показано при реальных исследованиях.

**СРЕДНЯЯ СКОРОСТЬ МУТАЦИИ НА ГАПЛОТИП**, для первых 6 маркеров в устаревшем «научном формате», DYS19, 388, 390, 391, 393, 393 — 0,0074 мутации на гаплотип на поколение, для первых 12 маркеров (первая панель маркеров в формате FTDNA) — 0,020 мутации на гаплотип на поколение, для первых 25 маркеров — 0,046 мутации на гаплотип на поколение, для первых 37 маркеров — 0,09 мутации на гаплотип на поколение, для 67 маркеров — 0,12 мутации на гаплотип на поколение, для 111 маркеров — 0,198 мутации на гаплотип на поколение. Отсюда сразу можно заключить, что если два 67-маркерных гаплотипа отличаются, например, на 6 мутаций, то они разошлись от общего предка, который жил  $6/0,12 = 25$  поколений назад, или 625 лет назад. Однако для таких расчетов надо знать, что оба гаплотипа относятся к одной гаплогруппе и одному субкладу, и понимать, что для двух гаплотипов и столь немногих мутаций подобные расчеты могут быть только оценочными. Например, в данном конкретном случае оценка равна  $625 \pm 260$  лет с 68 %-ной надежностью. Для некоторых более привлекательной (но бездумной) представляется 95 %-ная надежность, при которой оценка будет равна  $625 \pm 520$  лет, и непонятно, что же там привлекательного. Эта величина настолько неопределенна, что практически ничего не дает.

**«БУТЫЛОЧНОЕ ГОРЛЫШКО» ВЫЖИВАНИЯ** — это резкое или медленное сокращение популяции до критической численности, после чего популяция либо выживает (проходя «бутылочное горлышко»), либо терминируется. Причинами «бутылочного горлышка» могут быть события, катастрофические в отношении популяции (природные катаклизмы, эпидемии, войны), либо медленное вымирание популяции. Обычно выжившая популяция «обнуляет» набор своих мутаций в гаплотипах до гаплотипа выжившего члена популяции, давшего выжившее мужское

потомство, и он становится «общим предком» для потомков. Исследования показывают, что многие популяции в прошлом имели пульсирующий характер и многие популяции терминировались, не проходили «бутылочное горлышко». Здесь опять мы имеем в виду мужскую часть популяции. Многие древние популяции остались во «фрагментах», в серии относительно недавних популяций, «кластеров», которые очень значительно отличаются друг от друга по гаплотипам, оставаясь внутри одной и той же гаплогруппы. Примеры — гаплотипы американских индейцев, африканские гаплотипы, гаплотипы Русской равнины, ряд европейских гаплотипов.

Для описания этих явлений в популяционной генетике используют понятие «*генетический дрейф*». Это понятие для ДНК-генеалогии непригодно, поскольку термин «генетический» здесь некорректен, в ДНК-генеалогии с генами не работают. Принятое в популяционной генетике понятие «эффект основателя» также не прижилось в ДНК-генеалогии, и понятно почему — оно не несет никакой информации и является просто калькой с соответствующего англоязычного термина. «Бутылочное горлышко», впрочем, тоже калька, но оно понятно в смысловом отношении. Именно из-за соответствующих «бутылочных горлышек» у гаплогрупп E, G, I, J на 99–100 % преобладает аллель DYS426 = 11, а у гаплогрупп R на 99 % преобладает DYS426 = 12. Иначе говоря, сдвиг аллели у далеких предков от 11 к 12 так и остался в потомках соответствующих гаплогрупп. Подобный (по сути) эффект привел к тому, что в «быстром» маркере DYS449 в разных гаплогруппах осталось не более 30 % наиболее частой аллели (ср. с 99 % или 100 % в «медленных» маркерах), и она «плывет» от величины DYS = 28 (гаплогруппа I) к 29 (J2), 30 (R1b), 31 (E3a и G) и 32 (E3b и R1a).

**ОБЩИЙ ПРЕДОК ГРУППЫ МУЖЧИН ОДНОЙ ГАПЛОГРУППЫ ИЛИ СУБКЛАДА** — предполагаемый носитель «базового» или «предкового» гаплотипа. Время жизни общего предка популяции вычисляется по совокупности гаплотипов его потомков, принимая во внимание число мутаций, накопившееся в популяции, нормированное на гаплотип или на маркер, и константу скорости мутации, или частоту мутации в расчете

на поколение. Расчеты времен жизни общих предков («датировка общих предков») популяций позволяют делать предположения о времени и направлениях миграций популяций в древности, о передвижениях популяций. Поскольку, передвигаясь, популяции оставляли следы в виде материальных признаков, это позволяет проводить интерпретацию археологических данных в отношении носителей этих признаков, их принадлежности к определенным родам и племенам, связанным родственными взаимоотношениями. Аналогично, передвижения популяций приводили к перемещению языков, диалектов, и определение общих предков и времен их жизни дает возможность проследивать динамику языков в отношении соответствующих родов и племен, связанных родственными взаимоотношениями. Важно понимать, что датировки общих предков представляют научную ценность, только когда полученные результаты встроены в осмысленный контекст. Например, смесь разных ДНК-линий дает, как правило, «древних», но фантомных общих предков. Понятно, что ДНК-линии лисицы и воробья дадут очень древнего «общего предка», намного более древнего, чем ДНК-линии двух воробьев или двух лисиц, но большого смысла в том «древнем предке» обычно нет.

Расчеты времени жизни общих предков в популяции имеют смысл тогда, когда показано, что данная (мужская часть) популяции действительно имела общего предка. В ДНК-генеалогии отработаны соответствующие критерии. Обычно на это указывают деревья гаплотипов, и в этом их научная ценность. Бывает, что общий предок серии гаплотипов жил совсем недавно, всего несколько веков назад, а гаплогруппа древняя. Это, как правило, означает, что этот общий предок ушел «на выселки» и его потомки продолжали эту ДНК-линию «на выселках». Часто исследования в области ДНК-генеалогии и направлены на выяснение происхождения таких отдельных ветвей гаплотипов. Это позволяет прояснить особенности древних и не очень древних миграций.

**IRAKAZ** — база данных, размещена на сайте Академии ДНК-генеалогии: <http://dna-academy.ru/irakaz/>. База представляет собой список практически всех доступных из открытых источников гаплотипов R1a в 67- и 111-маркерном формате

по состоянию на дату выхода версии. Она оформлена в виде электронной таблицы в программе MS Excel, содержит информацию о стране происхождения и, если известно, этнической принадлежности самого раннего из документированных предков участника, отнесение к той или иной ветви гаплогруппы и список подтвержденных сипов (SNP). Персональная информация опущена, поскольку технически невозможно получить согласие на ее публикацию от каждого из участников. Однако для тех, кто предоставил в открытых проектах данные о своих предках и указал места их рождения, такую информацию можно найти на картах по ссылке выше.

База данных IRAKAZ ориентирована на использования гаплотипов в исследовательских целях, поэтому порядок записи гаплотипов следует определенной классификации. В базе данных предусмотрена также возможность поиска самых близких гаплотипов в 25-, 37-, 67- и 111-маркерном формате, как это описано на указанном сайте. Название IRAKAZ обозначает инициалы составителей базы: Igor Rozhanskii, Anatole Klyosov, Aleksander Zolotarev. Там же приведен список карт гаплогруппы R1a, составляющий часть базы данных IRAKAZ.

**«НАУЧНЫЕ» и «КОММЕРЧЕСКИЕ» ВЫБОРКИ ГАПЛОТИПОВ.** «Научные» выборки у населения делаются по определенным и отработанным принципам — в них не должно быть близких родственников, отбор образцов должен быть по возможности равномерно распределен по изучаемой территории, прямые предки членов выборки должны относиться к данному этносу, и они должны жить на данной территории или в данном регионе на протяжении нескольких, как минимум трех-четырех поколений. «Коммерческие» выборки — это те, которые формируются на основе баз данных, в которые вносят гаплотипы, гаплогруппы и субклады, полученные у клиентов за плату. Как правило и как неоднократно показано, «коммерческие» выборки по качеству и репрезентативности обычно не уступают «научным» выборкам, а по протяженности гаплотипов намного их превосходят. Зачастую «научные» выборки состояются из коротких гаплотипов (17-маркерные и менее, часто 8-, 9-маркерные, особенно для ранних исследова-

ний, ранее 2010 г.). «Коммерческие» выборки часто состояются из 37-, 67- и 111-маркерных гаплотипов и имеют более высокую разрешающую способность.

**КАЛЬКУЛЯТОР КИЛИНА–КЛЁСОВА** — многофункциональный калькулятор, выполненный в формате Excel, его главная задача — быстро производить расчеты по гаплотипам от любых коротких (вплоть до единичных, отдельных маркеров) до 111-маркерных, в количествах до 10 тыс. гаплотипов. Калькулятор моментально, в ходе расчетов, определяет степень дисперсии аллелей по каждому маркеру и показывает ее количественную величину. Можно выставить пороговую величину степени дисперсии, тогда калькулятор блокирует, а по сути выбрасывает соответствующие маркеры из расчетов. Это особенно полезно, когда серия гаплотипов содержит включения посторонних гаплотипов, или нижестоящих субкладов, у которых некоторые маркеры имеют другие значения, чем у основной серии. Если в рассматриваемой серии гаплотипов блокируются сразу несколько маркеров, то это указание на то, что что-то с выборкой не так. Поправку на возвратные мутации после расчетов с помощью калькулятора вводить не надо, она уже заложена

в самом калькуляторе, как для линейного метода, так и квадратичного. Калькулятор на 111 маркеров может использоваться для расчетов гаплотипов в любом формате, включая 67-маркерные, но для удобства каждый может создать серию калькуляторов для 17-маркерных и для самых медленных, 22-маркерных гаплотипов, а также для гаплотипов любого формата, просто снимая соответствующие колонки. Калькулятор может быть использован для комбинаций серий гаплотипов для любых форматов. Это возможно потому, что в квадратичном методе он считает «по вертикали», по маркерам, а в линейном — «по горизонтали», по гаплотипам. Более детальное описание калькулятора с многими примерами приведено в цитированном выше учебнике, а ссылка на статью дана в подписи к рис. 2.

**ГАПЛОКАРТЫ** — карты, отображающие географическое распределение гаплогрупп и их ветвей: либо современных носителей гаплогрупп (например, гаплогруппы R1a: <http://pereformat.ru/2017/06/r1a-haplomaps/> или других гаплогрупп (<http://dna-academy.ru/haplomaps/>)), либо ископаемых образцов ДНК по гаплогруппам (<http://dna-academy.ru/ancient-haplomaps/>).



## Часть III

# ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ И ДРЕВНЯЯ ИСТОРИЯ



# Глава 1

---

## МИГРАЦИИ ПЛЕМЕН ПО ЕВРАЗИИ В ПОСЛЕДНИЕ 60 ТЫС. ЛЕТ

### 1. ПОЧЕМУ 60 ТЫС. ЛЕТ?

Прежде чем начинать рассматривать динамику образования народов России, а именно формирование их основных родов (на основе Y-хромосомы) как результат древних миграций по Евразии, важно заложить для этого основу путем рассмотрения миграций носителей гаплогрупп с древнейших времен. И мы сразу начнем с исторической загадки. Дело в том, что все неафриканские гаплогруппы планеты, от В до Т, сходятся к их общему предку, который жил  $64 \pm 6$  тыс. лет назад. Поскольку мы знаем, что древние люди вида *Homo sapiens* жили на планете намного раньше, как минимум 230 тыс. лет назад, то можно интерпретировать такое расхождение датировок как то, что  $64 \pm 6$  тыс. лет назад произошел некий глобальный катаклизм, который почти полностью уничтожил население Земли. Я здесь не вдаюсь в то, как эти датировки были получены, это описано в подробностях в упомянутом учебнике «Практическая ДНК-генеалогия для всех». Здесь стоит только сделать принципиальные комментарии, а именно:

Датировка  $64 \pm 6$  тыс. лет назад была получена анализом 111-маркерных гаплотипов, то есть с максимальным разрешением, всех гаплогрупп, кроме «африканских» (по нынешнему месту жительства) гаплогрупп семейства А.

К тому, что гаплотипы гаплогрупп А не рассматривались, есть несколько причин. Во-первых, они очень значительно отличаются от всех остальных гаплотипов других гаплогрупп. Иначе говоря, гаплотипы групп серии А (А00, А0, А1а, А1b1) стоят особняком от всех остальных гаплотипов планеты. Их отделяет гигантская «мутационная дистанция» от всех остальных гаплотипов. Во-вторых, никакие неафриканские

гаплогруппы не могли образоваться от «африканских» гаплогрупп серии А. Между ними просто нет филогенетической связи. Поэтому сказки популяционных генетиков, что носители гаплогруппы А вышли из Африки и от них произошли все остальные гаплогруппы, остаются сказками.

Все попытки найти в Африке древние костные остатки, содержащие гаплогруппу А, пока были безуспешными. Обычная древность таких ископаемых гаплогрупп — 500 лет, 2 тыс. лет, максимум около 4 тыс. лет. Все более древние ископаемые костные остатки показывают неафриканскую (по происхождению) гаплогруппу Е1b с датировками 8 тыс. и 24 тыс. лет назад.

Все разговоры о необычайном «генетическом разнообразии» в Африке просто некорректны, потому что это «разнообразие» является результатом миграции неафриканских гаплогрупп в Африку. Это привело к смешению самых разных гаплогрупп в Африке, отсюда и «разнообразие». Авторы тех разговоров не учитывали простое правило, что для рассмотрения «генетического разнообразия» необходимо иметь изолированную систему. А Африка, как следует из результатов изучения ископаемых ДНК, и не только ископаемых, практически всегда была открытой системой. В Камеруне и Чаде живут миллионы носителей гаплогруппы R1b, которые прибыли туда тысячелетия назад или из Азии, или из Европы, или с Ближнего Востока. Практически во всех африканских странах есть разнообразие неафриканских гаплогрупп. Племена Сан, бушменов и других, которые по какой-то причине считались «генетически чистыми», оказались генетической смесью разного происхождения, опять с большой примесью неафриканской гаплогруппы Е1b. Полагать, что это «разнообразие» указывает на то,

что Африка якобы является «прародиной человечества», это все равно что считать прародиной человечества Нью-Йорк, где тоже имеется колоссальное «генетическое разнообразие».

Датировка  $64 \pm 6$  тыс. лет назад соответствует также времени грандиозного извержения вулкана Тоба в Индонезии (около 70 тыс. лет назад), но вряд ли этого извержения было достаточно для того, чтобы погубить население планеты. Хотя ранг катастрофичности глобального похолодания является высоким, но здесь, похоже, имело место еще более катастрофическое событие, а именно падение в Тихий океан метеорита, с оценочным размером в поперечнике примерно 11 км. Эта версия прорабатывалась профессиональным геофизиком, специалистом по глобальным геофизическим катастрофам, В. П. Юрковцом, и выглядит максимально реальной, причем именно во временном интервале между 60 тыс. и 70 тыс. лет назад. Вполне возможно, что извержение вулкана Тоба было вызвано падением упомянутого метеорита.

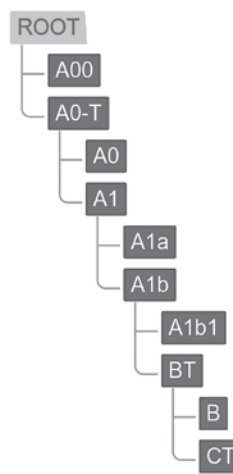
Предполагаемое падение метеорита в Тихий океан могло вызвать огромную волну, селевое цунами, которое по расчетам обогнуло почти всю планету и почти уничтожило человечество. Немногие выжившие прошли «бутылочное горлышко» выживания и пошли в рост те самые  $64 \pm 6$  тыс. лет назад. Это была гаплогруппа ВТ, которая и дала начало всем гаплогруппам от В до Т. Остальные гаплогруппы, образованные до катастрофы, получается, погибли. Поэтому можно предположить, что древние скелетные остатки, найденные в Африке, на Ближнем Востоке и в Китае, с датировками ранее 70 тыс. лет назад (а в Африке найдены несколько скелетов древнего человека с датировками до 200 тыс. лет назад, хотя их отнесение к «анатомически современному человеку» является спорным), покажут совершенно экзотические гаплогруппы, которых нет среди современных жителей Земли. Иначе говоря, они не наши предки. Их ДНК-линии предположительно терминировались, оборвались, в результате описанной глобальной катастрофы.

Какие бы ни были причины прохождения человечеством «бутылочного горлышка», это не изменит факта — человечество начало свой новый путь только  $64 \pm 6$  тыс. лет назад. Общий предок африканской гаплогруппы А00 и других, неафри-

канских гаплогрупп, жил примерно 230 тыс. лет назад, но это «теоретическая», расчетная величина, полученная при сравнении картины мутаций соответствующих гаплотипов. Иначе говоря, при сопоставлении «вершков» (то есть современных гаплотипов) получают «корешки», то есть расчетные датировки времени жизни общих предков. Похоже, это и было время начала обитания *Homo sapiens* на планете Земля.

## 2. ДИНАМИКА ГАПЛОГРУПП ПОСЛЕ ГЛОБАЛЬНОЙ КАТАСТРОФЫ 64 ТЫС. ЛЕТ НАЗАД

Покажем динамику первых гаплогрупп вида *Homo sapiens*, как описано выше, в графическом виде.



**Рис. 13.** Фрагмент лесенки гаплогрупп от «корня» (Root), как обобщенно называют Y-хромосому человека (*Homo*) до *Homo sapiens*, на несколько ступеней по направлению к нашему времени. Показаны древнейшие гаплогруппы. Диаграмма взята с сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/>), хотя это общепринятая классификация

На этой диаграмме мы видим пять «развилок», одну за другой. Первая развилка, на гаплогруппы А00 и А0-Т, идет от древнего эволюционного корня человека, на котором где-то в глубине находятся сипы неандертальца (*Homo neanderthalensis*), эректуса (*Homo erectus*) и других древних видов рода *Homo*, то есть человека, а еще ранее идут сипы общих предков древних приматов и человека. Все их сипы, или почти все, сохранились в Y-хромосомах современных людей.

Первые четыре развилки разделяют будущих африканцев и будущих неафриканцев. Будущие африканцы — это гаплогруппы A00, A0, A1a и A1b1. Их носители и сейчас живут в Африке, хотя, скорее всего, их предки прибыли в Африку «со стороны» и имели неафриканское происхождение. Когда они прибыли — наука пока не знает. Их снийпов у нас с вами, дорогие читатели, нет, как нет ни у кого из неафриканцев. Наши предки из Африки не выходили. А вот другая сторона «развилки» — неафриканская, это наши предки. У всех нас в Y-хромосоме есть снийпы гаплогрупп A0-T, A1, A1b и BT, расположенные на одной цепочке снийпов. Они сохранились в наших предках и в нас со времен, предшествующих глобальной катастрофе, упомянутой выше, и были унаследованы теми немногими, кто в той катастрофе выжил и кто имел (или приобрел) неафриканскую гаплогруппу BT. Как видно из диаграммы, ни у кого из африканцев, имеющих гаплогруппы A00, A0, A1a и A1b1, гаплогруппы BT, естественно, нет. А у всех нас, неафриканцев, она есть. Сама гаплогруппа BT образовалась 753 снийпа, или примерно 108 тыс. лет, назад, то есть за десятки тысяч лет до упомянутой глобальной катастрофы, но ее конкретный снийп присутствовал в Y-хромосоме выживших мужчин.

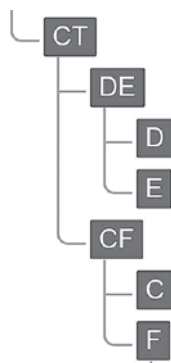
Из выжившей гаплогруппы BT развилкой образовались гаплогруппы B и CT, соответственно 562 и 535 снийп-мутаций, или 81 тыс. и 77 тыс. лет, назад. Гаплогруппа B, как видно из диаграммы выше, осталась терминальной, то есть из нее никакие другие гаплогруппы не произошли, а CT стала родоначальной гаплогруппой остального неафриканского человечества.

Кстати, должен предостеречь любителей сравнивать цифры, например, 77 тыс. лет назад для времени образования гаплогруппы CT и  $64 \pm 6$  тыс. лет назад для прохождения человечеством «бутылочного горлышка» выживания, и говорить, что, мол, как же так, здесь нестыковка... Но надо понимать, что все приводимые датировки имеют определенную погрешность, и их нельзя принимать как абсолютные, точные. Пусть этот пример станет «уроком на будущее». Так вот, датировки образования гаплогрупп B и CT, а именно 562 и 535 снийп-мутаций назад соответственно, являются средними по числу снийпов для выборки из сотни человек в том и другом

случае. Если взглянуть, что такое «среднее», и среднее из набора каких чисел, то окажется, что число снийп-мутаций от времени образования гаплогруппы B до нашего времени варьируется от 23 до 673, но среднее из сотни человек, действительно, 562 снийпа. Чтобы не подумали, что 23 снийпа до гаплогруппы B у кого-то просто опечатка или совершенно выпадающее число, то приведем десять минимальных чисел снийпов у сотни человек — 23, 24, 25, 48, 48, 49, 50, 269, 355, 362, и десять максимальных — 673, 668, 647, 643, 633, 630, 627, 626, 621, 621. Как видно, это действительно такой статистический разброс. Если даже снять (что, строго говоря, делать нельзя без специальных обоснований) эти наиболее отклоняющиеся числа снийпов, то число снийпов у оставшихся 80 человек, то есть датировка образования гаплогруппы B, варьируется между 362 и 621 снийпом, то есть между 52 тыс. и 89 тыс. лет назад, для гаплогруппы CT подобная же операция даст время ее образования между 335 и 635 снийпами, то есть между 48 тыс. и 91 тыс. лет назад, для гаплогруппы BT — между 461 и 916 снийпами, то есть между 66 тыс. и 130 тыс. лет назад. Мы видим, что хотя гаплогруппа BT «старше», чем B и CT, как и должно быть, все три датировки находятся в пределах погрешностей с датировкой глобальной катастрофы. Иначе говоря, точности расчетов по снийпам в данном случае не позволяют заключить, что все три гаплогруппы образовались раньше, чем произошла глобальная катастрофа. Вполне возможен сценарий, при котором  $64\,000 \pm 6000$  лет назад выжили носители гаплогруппы BT, и вслед за этим в ходе последующих нескольких тысяч лет образовались гаплогруппы B и CT. Возможно, в будущем эти датировки будут уточнены.

Поскольку среди народов России гаплогруппы BT, B и CT пока обнаружены не были, и, если будут, они будут совершенно минорными по численности и на статистику гаплогрупп влиять не будут, расчеты выше имеют скорее «предупредительный» характер — в том отношении, что нужно всегда иметь в виду погрешности расчетов. В статистических показателях в любой науке нет места незыблемым расчетным, усредненным, производным числам. Но концептуальные выводы они, как правило, позволяют делать, и это самое важное.

Дальнейшее эволюционное развитие человечества — в отношении появления новых снип-мутаций в Y-хромосоме, которые в свою очередь приводили к образованию новых гаплогрупп, на протяжении последующих 10 тыс. лет, между примерно 60 тыс. и 50 тыс. лет назад, показано на следующем фрагменте диаграммы лесенки (иерархии в данном случае) гаплогрупп.



**Рис. 14.** Фрагмент лесенки гаплогрупп от гаплогруппы CT на несколько ступеней (вниз) по направлению к нашему времени. Диаграмма взята с сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/>), хотя это общепринятая классификация

Здесь нас уже особенно интересуют гаплогруппы C и E. Остальные гаплогруппы на данном фрагменте диаграммы среди народов России не встречаются или встречаются крайне редко.

### Гаплогруппы C и E

Гаплогруппа C образовалась 426 снип-мутаций, или примерно 61 тыс. лет, назад, гаплогруппа E — 449 снип-мутаций, или 65 тыс. лет, назад. То есть — в пределах погрешности определения числа снип-мутаций и соответствующих расчетов — вскоре вслед за временем глобального катаклизма и начала выживания будущего человечества. Мы не знаем, где образовались эти гаплогруппы, но по оценкам автора концепции о глобальном катаклизме В. П. Юрковца,  $64 \pm 6$  тыс. лет назад человечество выжило, и первые после катастрофы гаплогруппы образовались на Балканах и/или в прилегающих регионах Европы. Это не противоречит датировкам образования гаплогрупп C и E. Более того, самое древнее захоронение, для которого была идентифицирована гаплогруппа, которая тоже оказалась самой древней по субкладам, находится под Во-

ронеем, в Костенках, с археологической датировкой 38,7 тыс. — 36,3 тыс. лет назад и возрастом древнейшего слоя стоянок 42 тыс. — 40 тыс. лет назад. В скелетных останках захоронения была найдена гаплогруппа C с самыми ранними снип-мутациями P255 и M183, эквивалентными субкладу C-M130, с которого начинается гаплогруппа C. Вполне возможно, что из тех мест, где сейчас протекает Дон, потомки выживших после катастрофы людей начали разносить гаплогруппы в своих ДНК по разным направлениям. Десятки тысячелетий позже их потомки жили на Пиренейском полуострове, в Центральной Европе, в Анатолии, где нашли ископаемые субклады гаплогруппы C с археологическими датировками 7 тыс. — 8 тыс. лет назад, а сейчас живут по всему миру, в особенности в Средней Азии, Монголии, Китае, в Юго-Восточной Азии, в Северной Америке (часть американских индейцев), в Полинезии, а также аборигены в Австралии.

Носители гаплогруппы C имеют самые разные расовые признаки, среди них европеоиды, монголоиды и австралоиды, если ограничиться несколькими самыми многочисленными расами. Это — одна из основных загадок человечества, а именно как и когда возникли расы, поскольку диаграмма выше показывает, что у носителей всех этих рас по мужской линии был (технически) один общий предок, в данном случае гаплогруппы CT. Он не мог иметь одновременно несколько рас, каждая раса — это сложный и многочисленный набор антропологических признаков. Поэтому имеем дилемму — или расы постепенно появились у потомков одной гаплогруппы (технически — одного человека, потомки которого выжили, в отличие от его выживших соплеменников) под влиянием окружающих условий, или расы фактически создали женщины, которые тоже выжили в глобальной катастрофе, но, видимо, относились к нескольким расам. Они и передали разные расовые признаки детям. Это — более вероятная гипотеза, потому что некоторые расовые признаки, например, лопатовидные передние резцы у монголоидов, очень устойчивы, и, по некоторым оценкам, переходят из поколения в поколение сотни тысяч, если не миллионы лет. Следует также заметить, что носители одной и той же гаплогруппы C имеют принципиально отличающиеся расовые признаки, например, монголы

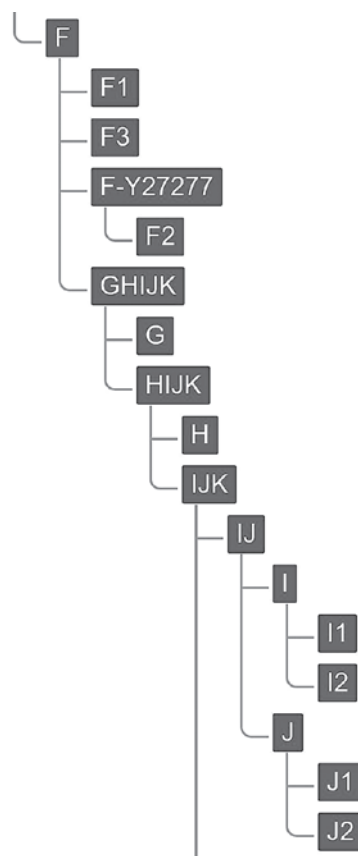
и полинезийцы, последние вовсе не монголоиды (хотя и имеют некоторую примесь монголоидности, в сочетании с европеоидностью), а относятся к полинезийской, или океаноидной расе. Австралийские аборигены тоже никак не монголоидны, хотя у них основная гаплогруппа С. Они относятся к австралоидной расе.

Гаплогруппа Е, как сообщалось выше, образовалась 449 снип-мутаций, или примерно 65 тыс. лет, назад. Самое древнее захоронение с идентифицированной гаплогруппой Е, субклад Е1b, было найдено на севере Африки, в Марокко, с археологической датировкой 24 тыс. лет назад. В Африке найден также целый ряд ископаемых гаплогрупп субклада Е1b, но более недавних, от 500 лет до 5 тыс. лет назад, например, в Эфиопии с археологической датировкой 4470 лет назад. Их носители, скорее всего, прибыли в Африку миграционными путями, например, из Иордании, где обнаружены несколько ископаемых ДНК с гаплогруппой Е1b, с археологическими датировками 10 050, 9875 и 9580 лет назад. Как результат, в Африке гаплогруппа Е1b одна из самых представительных, наряду с гаплогруппой R1b, тоже «пришлой со стороны». Немало захоронений с костными остатками гаплогруппы Е1b найдены в Европе, в частности, в Испании и Франции, с археологическими датировками 7 тыс. — 5 тыс. лет назад, в Хорватии с датировкой 7485 лет назад. В III тыс. до н. э., между 4,8 тыс. и 4 тыс. лет назад, носители гаплогруппы Е1b из Европы исчезли, вместе с носителями гаплогрупп С, D, F, G2a, H, I1, I2, R1a, и это произошло в ходе расселения эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, по Европе. Гаплогруппа Е1b возродилась примерно 3450 лет назад, причем в значительной степени в виде субклада Е1b-V13, и сейчас ее особенно много на юге Европы и на Балканах: в Косово — 48%, в Албании, Черногории и Греции — до 30%, в Болгарии — 24%, в Македонии, Франции, Испании и Италии — до 20%, в Сербии — 18%, в Румынии — 14%, в Боснии-Герцеговине — 12% и в России, на фоне обычных 2–3% носителей гаплогруппы Е1b, необычно высоко ее содержание в Чувашии — 13%.

### Гаплогруппы от G до I и J

Диаграмма ниже показывает, что от гаплогруппы F далее отходит сводная гаплогруппа GHIJK,

от которой далее образуются все эти индивидуальные гаплогруппы (о гаплогруппе К речь пойдет ниже). Сводную гаплогруппу ввели только потому, что она была обнаружена относительно недавно и называть ее «поздними» буквами сочли неудачным и запутывающим. Поэтому ввели понятие о сводных гаплогруппах и стали называть их комбинациями букв. Именно так назвали упомянутые выше гаплогруппы A0-T, BT, CT, а также HIJK и IJK на диаграмме ниже. Конкретных людей с такими сводными гаплогруппами пока не обнаружили, возможно, потому, что за давностью тысячелетий все эти сводные гаплогруппы уже разошлись на индивидуальные гаплогруппы, снип-мутации которых и находятся в Y-хромосомах.



**Рис. 15.** Фрагмент лесенки гаплогрупп от гаплогруппы F на несколько ступеней (вниз) по направлению к нашему времени. Диаграмма взята с сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/>), хотя это общепринятая классификация



Из показанных здесь гаплогрупп нас в первую очередь интересуют гаплогруппы G, I1, I2, J1 и J2, поскольку все они в той или иной степени встречаются у народов России. Остальных, приведенных на данной диаграмме, крайне мало.

Гаплогруппа G, как показывает диаграмма выше, — самая древняя из перечисленных гаплогрупп, она образовалась 331 снип-мутацию назад, то есть примерно 48 тыс. лет назад. Где она образовалась — пока неизвестно, но ее субклад G2a был одним из старейших в Европе и, по имеющимся данным, наиболее там распространенным, от Пиренеев до Балкан. Носители этой гаплогруппы также были истреблены в Европе в III тыс. до н. э. в ходе расселения там эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, и возродились только через тысячелетие, примерно 3,6 тыс. лет назад. Данные ДНК-генеалогии показывают, что носители G2a бежали из Европы в Малую Азию, оттуда — на Кавказ, и начиная с III–II тыс. до н. э. эта гаплогруппа — одна из самых распространенных на Западном и Центральном Кавказе. У осетинских мужчин ее доля доходит до 74 %, у остальных кавказских этносов — от 40–50 % на западе (абхазы, адыги, карачаево-балкарцы) до 0–8 % на востоке (авары, даргинцы, ногаи).

Гаплогруппы I1 и I2 образовались из гаплогруппы I, которая возникла 271 снип-мутацию, то есть примерно 39 тыс. лет, назад. В свою очередь, гаплогруппа I1 образовалась 180 снип-мутаций, или примерно 26 тыс. лет, назад, гаплогруппа I2 — 165 снип-мутаций, или примерно 24 тыс. лет, назад.

У неискушенного, но наблюдательного читателя может возникнуть мысль, что такие пары «братских» гаплотипов, как I1 и I2 в данном случае, возникают одновременно и разницы в соответствующих датировках на самом деле нет, они все в пределах погрешности усреднений и последующих расчетов. Что касается усреднений по выборке из 100 мужчин — да, эти датировки имеют определенную и немалую погрешность, их нельзя принимать за абсолютные числа. Но что касается одновременности — это практически невозможно без каких-то внешних вмешательств, о наличии которых нет никаких сведений. Представьте себе — субклад I1 образовался у носителя гаплогруппы I в результате случайного события — образования снип-мутации в нуклеотиде

Y-хромосомы под номером 12 910 796, в котором исходный цитозин при копировании ошибочно заменился на тимин, и репарационная система, исправляющая ошибки при копировании, этого не заметила. У совершенно другого носителя той же гаплогруппы I в результате столь же случайного события ошибка при копировании Y-хромосомы от отца к сыну произошла в нуклеотиде под номером 14 526 924, в котором исходный аденин заменился на гуанин, и эта ошибка также не была обнаружена репарационной системой. Так получилось, и в результате миллионы последующих потомков образовали отдельную линию ДНК, отдельную ветвь, которая впоследствии получила название субклада I2. Так как такое могло быть, если эти два совершенно случайных события у разных людей могли произойти одновременно, причем раз во многие тысячелетия (потому что основные гаплогруппы образуются раз во многие тысячелетия)? Случайно это быть никак не может. Если кто скажет, что это был «божий промысел», то это предположение автоматически выводит его из науки, потому что в науке все события должны быть воспроизводимы, перекрестно проверяемы и получать рациональные обоснования, базирующиеся на других научных принципах и обоснованиях.

Если это не «божий промысел», но эквивалентное ему по сути внешнее воздействие, которое заставляет два независимых события происходить в одно и то же время, причем раз в тысячелетия, то оно должно получить объяснение и обоснование. Пока этого нет. Поэтому мы приходим к одному наиболее простому объяснению — это могли быть только случайные, независимые события, которые произошли в разные времена и, скорее всего, в разных местах. Одно не связано с другим. Иначе мы открываем путь к совершенно необузданным спекуляциям, что гаплогруппы I1 и I2 образовались примерно в те же времена, как и гаплогруппы R1a и R1b, и что в этом есть какой-то смысл, видимо, опять «божий промысел». Но это уже не наука, а некая эзотерика с ее «тайными смыслами», понятными, разумеется, только узкому кругу «посвященных». Об этом мы не будем.

Как и с остальными гаплогруппами, наука пока не знает, где именно образовались гаплогруппа I (примерно 39 тыс. лет назад), I1 (26 тыс. лет

назад) и I2 (24 тыс. лет назад). Дело в том, что в ДНК место образования гаплогрупп не записано или мы об этом пока не знаем. Некоторые предполагают, что гаплогруппа I была у кроманьонцев, но не поясняют, каких «кроманьонцев» имеют в виду. На самом деле у этого термина есть два принципиально разных значения — либо это древние европейцы, «анатомически современные люди», представители которых были обнаружены в пещере Кро-Маньон на юго-западе Франции с археологической датировкой 30 тыс. — 40 тыс. лет назад, либо люди всего мира эпохи верхнего палеолита (между 40 тыс. и 100 тыс. лет назад). Во втором случае приписывать всем тем людям единственную гаплогруппу I не имеет никакого смысла; мы уже знаем, что у них было по меньшей мере 39 разных гаплогрупп.

Что касается носителей гаплогрупп I1 и I2, то ископаемых носителей I1 до недавнего времени пока не найдено, хотя I2 найдены во множестве — в основном в Европе, с археологическими датировками до 13,4 тыс. лет назад (в Швейцарии), 10,5 тыс. и 8,6 тыс. лет назад (в Сербии) и 10 070 (на Украине), но нашли также в Турции, с датировкой 8,3 тыс. лет назад. Помимо того, ископаемые I2 найдены в Германии (с датировками 9,2 тыс. лет назад), Румынии (с датировками 8,9 тыс. лет назад), Люксембурге (8 тыс. лет назад), Швеции, Венгрии и Болгарии (7,7 тыс. — 7,6 тыс. лет назад), Латвии (7,5 тыс. лет назад), Испании (7,3 тыс. лет назад), Польше (5,1 тыс. лет назад), России (4,5 тыс. лет назад). Всего было найдено более 50 ископаемых носителей гаплогрупп I2 (все в Европе, кроме одного в Турции), но из них всего лишь два-три образца с археологическими датировками 4,4 тыс. — 4,5 тыс. лет назад, более недавних практически уже нет вплоть до нашей эры. Это согласуется с данными, по которым носители гаплогруппы I2, как и практически всех «коренных» гаплогрупп Европы (C, E, F, G, H, I1, I2, R1a), были истреблены в III тыс. до н. э. в ходе расселения эрбинов (носителей гаплогруппы R1b) по Европе, с Пиренейского полуострова в континентальную Европу, вплоть до Германии и Скандинавии. Гаплогруппа I1 прошла «бутылочное горлышко» выживания и стала приумножаться примерно 3,7 тыс. лет назад, гаплогруппа I2 прошла еще более тяже-

лые времена в отношении выживания и вышла из «бутылочного горлышка» только в конце прошлой эры, 2,2 тыс. лет назад. В последнем случае это произошло, видимо, на нижнем Дунае и Карпатах, на Балканском полуострове. Фактически, это было появление тех, кто вскоре стали южными славянами (гаплогруппы I2a) и образовали содружество с восточными и балтийскими славянами (R1a-Z280) и западными славянами (R1a-M458).

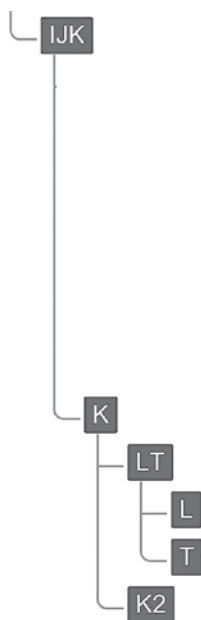
Хотя на диаграмме выше гаплогруппа J вместе с нижестоящими J1 и J2 расположена в нижней части, они образовались в более древние времена, чем гаплогруппы I, I1 и I2. Гаплогруппа J возникла 273 снип-мутации, или примерно 39 тыс. лет, назад, J1 и J2 — соответственно 201 и 204 снип-мутации, или обе примерно 29 тыс. лет назад. Носители гаплогруппы J обнаруживаются редко, в основном в этой группе доминируют ветви J1 и J2. Носители гаплогруппы J1 проживают в основном на Ближнем Востоке, и эта гаплогруппа характерна для арабов и евреев, в том числе евреев всего мира, за исключением значительной части евреев-ашкенази. У последних жизнь в европейских странах на протяжении почти двух тысяч лет привела к тому, что примерно у половины ашкенази обнаруживаются практически все европейские гаплогруппы. У евреев-сефардов, которые живут более замкнуто, продолжает доминировать гаплогруппа J1.

Носители гаплогруппы J2 проживают в основном (но не только) в Средиземноморье, на Ближнем Востоке и там, куда передвигались в древности носители J2, — на Восточном Кавказе, в Индии и в других странах и регионах. О носителях гаплогруппы J2 среди народов России будет сказано ниже, в соответствующих разделах этой книги.

## Гаплогруппы L и T

Предыдущая и последующая диаграммы показывают, что от гаплогруппы IJK в сторону от сводной гаплогруппы IJ, которую мы уже рассмотрели, в виде развилки отходит гаплогруппа K, от которой далее образуются гаплогруппы L и T. Гаплогруппа T более древняя, она образовалась 322 снип-мутации, то есть примерно 46 тыс. лет, назад, а гаплогруппа L — 294 снип-мутации, или примерно 42 тыс. лет, назад.

Как и практически со всеми гаплогруппами, место образования этих гаплогрупп неизвестно, но похоже, что для гаплогруппы Т это был регион Ближнего Востока, а для L — Индостан, Кавказ или тот же Ближний Восток. Это пока условные оценки, которые основываются на том, что гаплогруппа Т практически «размазана» по всей Евразии, но ее количество максимально в Месопотамии, а гаплогруппа L встречается почти в равной степени во всех трех перечисленных регионах. В Европе носителями гаплогруппы Т почти исключительно являются евреи-ашкенази, общий предок которых жил примерно тысячу лет назад, то есть совсем недавно по историческим меркам и тем более недавно по сравнению с временем образования гаплогруппы Т.

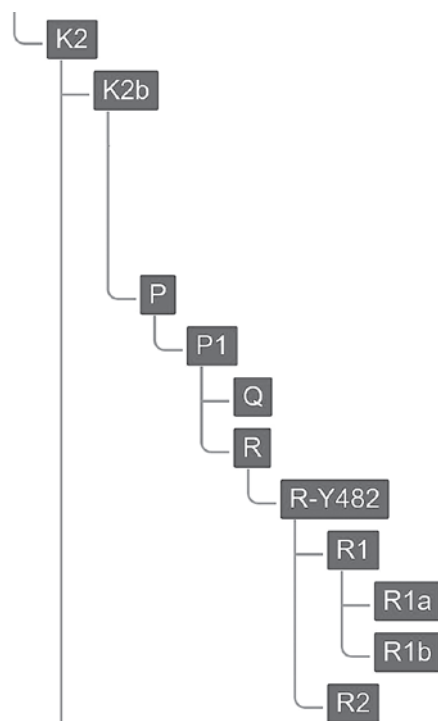


**Рис. 16.** Фрагмент лесенки гаплогрупп от гаплогруппы IJK на несколько ступеней (вниз) по направлению к нашему времени. Диаграмма взята с сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/>), хотя это общепринятая классификация

### Гаплогруппы Q и R

Как показывает диаграмма ниже, от гаплогруппы K2 через K2b происходит гаплогруппа Р (образовалась 290 снип-мутаций, или примерно 42 тыс. лет, назад), которая является родительской для основных по численности евразийских гаплогрупп Q и R. Первая (Q) образовалась 221 снип

назад, то есть примерно 32 тыс. лет назад, вторая (R), ей параллельная, — 197 снип-мутаций, то есть примерно 28 тыс. лет, назад. Образец ископаемой ДНК с гаплогруппой R обнаружен в Южной Сибири, неподалеку от Байкала, с археологической датировкой 24 тыс. лет назад, то есть всего 4 тыс. лет спустя после образования этой гаплогруппы. На основании этих и других, более косвенных данных можно предположить, что гаплогруппы Р, Q и R могли образоваться в Южной Сибири. К таким косвенным данным относится то, что родительская гаплогруппа K2-M526 (см. диаграмму ниже) была найдена в ископаемых костных остатках, найденных на Иртыше (в Омской области) с археологической датировкой 46,9 тыс. — 43,2 тыс. лет назад, а также то, что носители гаплогруппы Q перешли из Сибири в Америку через Берингов пролив, по оценкам, не позднее 20 тыс. — 30 тыс. лет назад. Гаплогруппы Q и сейчас имеют многие сибирские племена, как будет показано в завершающей части данной книги.



**Рис. 17.** Фрагмент лесенки гаплогрупп от гаплогруппы K2 на несколько ступеней (вниз) по направлению к нашему времени. Диаграмма взята с сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/>), хотя это общепринятая классификация

Примерно через 1,5 тыс. лет после R образовалась гаплогруппа R2, 184 снип-мутации, или примерно 26,5 тыс. лет, назад, и затем R1, 165 снип-мутаций, или примерно 24 тыс. лет, назад. Их нумерация в классификации гаплогрупп находится в обратном порядке просто потому, что сначала идентифицировали гаплогруппу R1 и только потом более древнюю гаплогруппу R2. R2 наиболее часто встречается в Индии, хотя в малых количествах встречается по всей Евразии. Это показывает, что гаплогруппы P, Q, R, R2 в целом встречаются к востоку и югу от Уральских гор. Там же, к востоку от Урала, и, видимо, в Алтайском регионе предположительно образовались гаплогруппы R1a и R1b, соответственно 166 и 138 снип-мутаций назад, то есть примерно 23,9 тыс. и 19,9 тыс. лет назад. Миграционные пути этих гаплогрупп, важнейших для Европы и для народов России, рассмотрены в следующем разделе.

### Гаплогруппы N и O

От гаплогруппы K через K2a происходит гаплогруппа NO, которая является родительской для основных по численности восточно-азиатских гаплогрупп N и O. Первая (N) образовалась 212 снип-мутаций назад, то есть примерно

31 тыс. лет назад, вторая (O), ей параллельная, — 251 снип-мутацию, то есть примерно 37 тыс. лет, назад. Хотя гаплогруппа N доминирует в Финляндии и в ряде уральских регионов, эти количества совершенно незначительны по сравнению с количествами ее в Китае и странах Юго-Восточной Азии. Гаплогруппа O доминирует в Китае, где ее имеют сотни миллионов мужчин. Наличие этих гаплогрупп у народов России рассматривается в следующих разделах настоящей книги.



**Рис. 18.** Фрагмент лесенки гаплогрупп от гаплогруппы K2a (она же K-M2335) на несколько ступеней (вниз) к гаплогруппам N и O, по направлению к нашему времени. Диаграмма взята с сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/>), хотя это общепринятая классификация в модификации 2019 г.

# Глава 2

---

## ФОРМИРОВАНИЕ НАРОДОВ РОССИИ В ПОСЛЕДНИЕ 5 ТЫС. ЛЕТ

### 1. ПОЧЕМУ 5 ТЫС. ЛЕТ?

Евразия, а именно в Евразии проживают народы России, была гигантским регионом миграций людей, их родов и племен, на протяжении десятков тысяч лет. В ходе этих миграций в свою очередь формировались рода и племена. Назвать эти процессы десятки тысяч лет назад «формированием народов России», конечно, неуместно. Да и вообще выбрать время, с которого началось это «формирование», невозможно, во всяком случае не просто выбрать такое время, а дать ему разумное обоснование.

Здесь целесообразно дать определение родов и племен, что это такое и чем различаются. В ДНК-генеалогии род — это совокупность мужчин, произошедших от одного общего предка. Это определение согласуется с определением гаплогруппы и субклада Y-хромосомы. Понятно, что и в этом случае работает простое правило, что любая классификация — это дань простоте в ущерб истине. Люди, воспитанные на социальных дисциплинах, будут возмущаться, что в таком определении рода нет места женщинам. Да, в ДНК-генеалогии Y-хромосомы нет места женщинам, потому что у них нет Y-хромосомы. Но почему-то эти люди не возмущаются тем, что с древних времен на стенах домов висели генеалогические деревья, как правило, только по мужской линии. Тем, что в Библии «Авраам родил Исаака, Исаак родил Иакова, Иаков родил двенадцать колен Израилевых», и все колена считались исключительно по мужской линии. Тем, что жена традиционно принимает фамилию мужа. Что жена традиционно перебирается в селение мужа, а не наоборот. Более того, в фамильных деревьях России, а таких были сотни, если не тысячи, основателями которых были профессио-

нальные служилые люди, получившие землю за свою службу, так вот, в таких деревьях не принимались мужчины «со стороны», «приставшие на наследницу» (было такое выражение) после смерти хозяина дома и территории, и наследовать это «сторонние» мужчины не имели юридического права.

ДНК-генеалогия — это не социальная дисциплина, и определения социальных и прочих гуманитарных дисциплин на нее не распространяются, как не распространяются на физику или химию. До возникновения ДНК-генеалогии определение «происхождения от общего предка» могло основываться только на документальных источниках, таких как данные переписи, церковные записи, царские и прочие грамоты, на легендах и прочих устных преданиях. Это часто было нечетко, размыто, непроверяемо, легитимность часто была условной и служила порой интересам отдельных людей. С появлением ДНК-генеалогии это получило естественнонаучное и конкретное, количественное обоснование. Род — это гаплогруппа и субклад (последнее — это ветвь рода, которая продолжает линию Y-хромосомы от общего предка рода, но в определенное время «ответвляется» при рождении общего предка данного ответвления). Это легко увидеть при рассмотрении дерева. Род — это ствол дерева, ветви — субклады, от толстых ветвей до тонких, совсем недавних. Но ствол дерева идет от корней, то есть от вышестоящих родов. Это иллюстрируется на многочисленных диаграммах выше в данной книге.

Понятия «племя» в ДНК-генеалогии нет, но это не значит, что племен не было. Причина в том, что племя — это составное понятие, в отличие от рода, и может быть совокупностью представителей разных родов. Это фактически группа людей,



которые могут быть объединены как этнически, так и политически, что в древности было, видимо, неотделимо друг от друга, хотя в древности этносы трудно определить. Трудно представить себе племя, члены которого устойчиво говорили бы на разных языках, исповедовали разные религии, традиции и разные принципы общинной организации. В отличие от рода, потомки общего предка которого могли говорить на разных языках и проживать на разных территориях (пример — большинство евреев и арабов Ближнего Востока относятся к одному роду — гаплогруппе J1, большинство остальных относится к другому роду — J2), племя — это более мобильное и более однородное образование, в противном случае оно расходится на разные племена.

С течением времени одни рода и племена, кочующие по Евразии или ведущие в основном оседлый образ жизни, оседали на территории, которую сейчас занимает Российская Федерация, другие проходили через эту территорию, затем ее покидали и оседали в других регионах, а третьи на этой территории вообще не показывались, если не считать купцов, пленных, гонцов и дипломатов. Многие территории завоевывались, вместе со своим населением, и с течением времени также входили в состав современных народов России.

Выше упоминалось, что основными по численностями родами, или гаплогруппами, Российской Федерации являются три — R1a, N1a1 и I2a. Это, условно говоря, восточные и западные славяне (R1a), уральские (по происхождению) народы (N1a1) и южные славяне (I2a). Здесь оборот «условно говоря» имеет такой смысл, что эти отнесения верны только для территории России. За пределами Русской равнины и прилегающих регионов РФ все эти гаплогруппы уже не являются, как правило, ни славянами и ни уральцами. Например, десятки миллионов носителей гаплогруппы N проживают в Китае, хотя они там в основном имеют субклад не N1a1, как уральцы, а N1b1 и N1b2. Аналогично, многие носители гаплогруппы R1a за пределами РФ не являются славянами, как, например, скандинавы и британцы с их R1a-Z284, индийцы с их R1a-Z93, но и часть народов России имеют субклад R1a-Z93, как многие татары, башкиры, карачаево-балкарцы, хакасы, а также проживающие в России киргизы и таджики с их R1a-Z93. Аналогично, носи-

тели гаплогруппы I2a на Британских островах (их там относительно немного, 1–2 %) никак не являются «южными славянами», но могут быть названы «йоркширцами» или «ливерпульцами», и в соответствующем контексте это будет приемлемо.

Поэтому, приписывая гаплогруппам и субкладам этнические наименования, надо всегда указывать, в каком контексте это обсуждается. Например, говоря «русские люди», мы не имеем в виду, что все люди за Земле — русские, аналогично, говоря «славянская R1a», мы не имеем в виду, что все R1a — славянские. Впрочем, демагоги и штатные обвинители (или обвинители по зову сердца) всегда найдутся.

«Основными по численности» — это, конечно, не основными по важности. Никакого национализма здесь нет и близко. Это — факт, что гаплогруппа R1a наиболее многочисленная среди этнических русских, ее доля составляет в среднем 51 %, хотя к северу и к востоку уменьшается за счет возрастания «уральской» компоненты, носителей гаплогруппы N (в первую очередь N1a1), до 30–35 %. В южных регионах России, а именно в Курской, Белгородской, Орловской областях доля гаплогруппы R1a возрастает до 67 %. Доля гаплогруппы N1a1 среди этнических русских составляет в среднем 14 %, возрастает к северу и уменьшается до 5 % в южных областях. Доля гаплогруппы южных славян (I2a) в Российской Федерации составляет 9–13 % по разным выборкам.

Здесь прозвучал оборот «этнические русские». Надо подчеркнуть, что есть некоторое несогласие между терминами «этнические русские» и просто «русские». «Русские» — это, как правило, самоназвание, самоидентификация, и именно так записывали себя люди при проведении переписи населения. Разумеется, никто это не проверял, да и нет работающей методологии для подобной проверки. Назвал себя русским — ну и славно, назвался якутом — тоже замечательно. Без причины не называют. Поэтому числа, которые приведены в переписи (2010 г.) и которые мы будем приводить в последующих разделах, являются официальными, но, строго говоря, не научными. Потому они и меняются, порой весьма значительно, от переписи к переписи, и это не только отражение естественной убыли населения (то есть смерти) или эмиграции, выезда из России,

но и предпочтительной самоидентификации, причины которой могут быть самыми разными. Но что есть, то есть, менять те цифры по своему произволу мы не можем.

«Этнические русские» — это те, которые считают себя русскими, у которых родной язык — русский, и при этом те, у которых прямые предки (по мужской линии) жили на территории современной России на протяжении по меньшей мере 3–4 поколений. Требования по числу поколений не жестко определены, поскольку не все знают своих предков на четыре поколения вглубь, то есть до прапрадеда включительно. У социальных наук принято, чтобы для этнических русских указанное число поколений вглубь было и по мужской, и по женской прямым линиям, но для ДНК-генеалогии Y-хромосомы требование по женской линии является излишним, женщины на Y-хромосому не влияют.

Помимо перечисленных трех, основных по численности гаплогрупп, в составе народов России представлены не менее 12–15 гаплогрупп с содержанием от 6 % до 0,5 %, не считая тех, которых еще меньше, например, сыновей африканцев (гаплогрупп группы А), которые проживают в России и имеют российское гражданство. Возможно, есть и дети американских индейцев (определенных субкладов гаплогруппы Q) и австралийских аборигенов и полинезийцев (определенных субкладов гаплогруппы С) и так далее.

Поэтому вопрос о том, когда начали формироваться народы России, точного решения не имеет, да в точном варианте такой вопрос ставить бессмысленно. Мы поставим его в другом варианте — когда на Русскую равнину пришли предки тех гаплогрупп, то есть родов и племен, которые в настоящее время представляют основной (в количественном отношении) состав народов России. Иначе говоря, носители тех гаплогрупп, с которыми есть непрерывность, прямая ДНК-генеалогическая преемственность у современного населения Российской Федерации. При такой постановке вопроса популяции, которые в древности жили на Русской равнине, но уже давно вымерли или передвинулись за пределы современной РФ и их потомки не входят в состав народов России, мы рассматривать не будем. Этим пусть занимаются специалисты других научных дисциплин.

Приведу несколько примеров. В Костенках, около Воронежа, найдены костные остатки, в которых идентифицирована гаплогруппа С, со снип-мутациями P255 и V183. Это самые древние снип-мутации гаплогруппы С, они образовались 426 снип-мутаций назад, то есть примерно 61 тыс. лет назад. Археологическая датировка находки составила 38,7 тыс. — 36,3 тыс. лет назад, возраст древнейшего слоя стоянок — 42 тыс. — 40 тыс. лет назад. Это — самая древняя находка идентифицированной гаплогруппы в Европейской части планеты. Но дело в том, что гаплогруппы С среди этнических русских практически нет, в целом менее 0,5 %, поэтому древние костенковцы — не наши предки. Их никак нельзя рассматривать в контексте «формирования народов России».

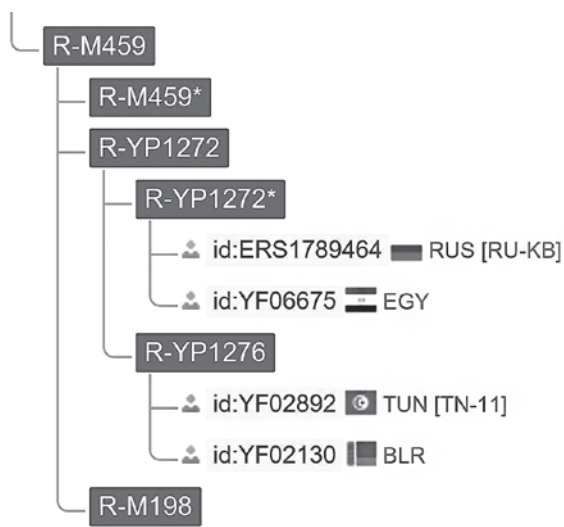
Обратный пример: в России проживают буквально несколько представителей народа айны — на Камчатке, Сахалине и в Хабаровском регионе. По ряду соображений, это потомки древней популяции, которая обитала, начиная примерно с 15 тыс. лет назад, на Дальнем Востоке и на островах Японии, в составе археологической культуры Дзёмон. Живущих сейчас в России айнов так мало, что они не учтены в переписи 2010 г. Но мы описали айнов и их Y-хромосомные показатели в отдельном разделе, так как они живут в России, и было бы неправильным лишить их описания, тем более что айны вызывают особый интерес у многих хотя бы потому, что они имеют выраженный европеоидный вид, включая окладистую бороду у мужчин, нехарактерную для японцев.

Еще пример: на территории России, на Иртыше, найден ископаемый носитель гаплогруппы K2 (описано выше) с археологической датировкой 46,9 тыс. — 43,2 тыс. лет назад. Можем ли мы отнести его к «формированию народов России»? Ясно, что нет. Аналогично на территории России, в Карелии, найдена ископаемая гаплогруппа R1a с археологической датировкой 7,5 тыс. — 7 тыс. лет назад. Субклад R1a-M459, по некоторым данным R1a-M459-YP1272. Первый (M459) образовался 125 снип-мутаций, или 18 тыс. лет, назад, второй (YP1272) образовался 94 снип-мутации, или 13,5 тыс. лет, назад, сам ископаемый гаплотип, найденный на Южном Оленьем острове, имеет датировку, как сообщено выше, 7250 ± 250 лет назад.

Он не может относиться к «формированию народов России», даже если сейчас живут его прямые потомки. Не может потому, что снип YP1272 — боковая ветвь основного ствола гаплогруппы R1a (основная ветвь идет ниже через снип M198, см. диаграмму ниже, и проходит через сотни снипов, которые на данной диаграмме не показаны).

Кстати, в случае снипа YP1272 время его образования рассчитано вполне надежно, хотя считалось всего по пяти мужчинам, у которых выявили данный снип. У них расстояние от этого снипа до настоящего времени было равно 88, 94, 88, 100 и 101 снип-мутации, то есть  $94 \pm 6$ , или  $13\,500 \pm 860$  лет назад (с разумным округлением).

Но даже если этот ископаемый образец ДНК относится к субкладу M459, который образовался, как указано выше, 18 тыс. лет назад, и даже если его прямые потомки выжили до настоящего времени, то он не может «формировать народы России», так как общий предок гаплогруппы R1a у этнических русских жил значительно позже, не  $7250 \pm 250$  лет назад, а около 4,9 тыс. — 4,6 тыс. лет назад по разным данным. Иначе говоря, примерно 4,9 тыс. — 4,6 тыс. лет назад предки современных русских гаплогруппы R1a прошли «бутылочное горлышко» выживания, и только после этого «куст» выживших потомков пошел в рост, вплоть до настоящего времени.



**Рис. 19.** Фрагмент лесенки субкладов гаплогруппы R1a (вниз, по направлению к нашему времени). Диаграмма взята с сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Видно, что снип R-YP1272 маркирует боковую ветвь, которая вскоре заканчивается (терминируется) на снипе YP1276

Приведенные выше данные недавно дополнились еще одним примером — находкой в Архангельской области ископаемой ДНК с гаплогруппой R1a-M459-YP1272-YP1301 с археологической датировкой  $10\,728 \pm 59$  лет назад. Пока это самая древняя находка ископаемой гаплогруппы R1a, но опять, вряд ли она имеет прямое отношение к современным носителям гаплогруппы R1a на Русской равнине. Она представляет отдельную ветвь, уходящую «в сторону» от ДНК-генеалогии подавляющего большинства (или практически всех) современных русских.

Вот так мы постепенно приходим к ответу на поставленный выше вопрос, откуда начинать отсчет времени «формирования народов России». Ответы будут разными, в зависимости от того, когда потомки данного конкретного рода (или субклада) пришли на Русскую равнину или, точнее, на территорию современной Российской Федерации, в таком количестве, что их потомки выжили и размножились, создав современный народ (этнос, популяцию). Иначе говоря, когда жил общий предок современного народа — по гаплогруппам, то есть родам, и время его жизни можно рассчитать по картине мутаций наших современников, относящихся к данному роду или субкладу. Если, например, общий предок гаплогруппы I2a среди этнических русских (или просто русских, если нет более детальных сведений об этничности, кроме самоидентификации) жил 2,3 тыс. лет назад, то понятно, что носители той же гаплогруппы, которые жили в Европе, скажем, 20 тыс. лет назад, не формировали русский народ. Это же относится к любому другому народу и к любой другой гаплогруппе. Иллюстрации этих положений во множестве приведены в настоящей книге.

Теперь, после данных определений и разъяснений, перейдем к конкретным описаниям передвижений древних родов по Евразии, что в итоге привело к формированию народов России. Начнем с трех гаплогрупп, которые наиболее представлены в России в численном отношении и по древним передвижениям которых есть сравнительно продвинутые знания. Затем упомянем остальные десяток-полтора гаплогрупп, относительно минорных по численности в Российской Федерации.

## 2. ГАПЛОГРУППЫ В РОССИИ

### Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа образовалась 166 снип-мутаций, или примерно 23,9 тыс. лет, назад, предположительно в Алтайском регионе в Южной Сибири. Ископаемая гаплогруппа R1a была найдена в захоронении на Ангаре с археологической датировкой 8 тыс. лет назад. Ее родительская гаплогруппа R была найдена в нескольких десятках километрах от Байкала, с археологической датировкой 24 тыс. лет назад. В Южной Сибири имеются разные малые народы с преобладающей гаплогруппой R1a, но практически все они прошли «бутылочное горлышко» выживания, и их выжившие общие предки часто датируются всего 800 лет — 1,3 тыс. лет назад. Однако их гаплотипы отличаются на много мутаций и указывают на наличие общего предка гаплогруппы R1a этих малых народов, который жил от 8 тыс. до 12 тыс. лет назад. Есть многомиллионные этносы с доминирующей гаплогруппой R1a в Северном Китае, и расчет времени жизни их общего предка по мутациям в гаплотипах дал датировку 20 тыс. лет назад, но гаплотипы были короткие, 5-маркерные, в ряде случаев малоотличимые от гаплотипов других гаплогрупп, поэтому полученную датировку следует рассматривать как сугубо оценочную и она подлежит проверке с субкладами в руках. В Таримском бассейне (Северо-Западный Китай) были найдены ископаемые мумии с датировкой примерно 4 тыс. лет назад гаплогруппы R1a, но попытки китайских исследователей определить их снипы были безуспешными. Все, что китайцы сообщили, это то, что снипы не были группы Z93, а значит, это были не потомки ариев, которые дошли до Алтая примерно 3 тыс. — 2,5 тыс. лет назад. Возможно, это были автохтонные носители R1a, которые так и жили в Южной Сибири со времен образования гаплогруппы R1a.

После образования гаплогруппы R1a примерно 24 тыс. лет назад носители этой гаплогруппы мигрировали в Европу, куда прибыли не позднее 10,6 тыс. — 10,7 тыс. лет назад (датировки ископаемых костных образцов на Украине, Васильевка, и в Архангельской области), и разошлись по Восточной Европе — еще один ископаемый образец с гаплогруппой R1a, найденный на Южном Оленьем острове в Карелии, показал

археологическую датировку  $7250 \pm 2250$  лет назад, другая датировка 8375 лет назад. По одним соображениям миграция носителей гаплогруппы R1a из Южной Сибири в Европу проходила по «южной дуге», через Тибет, Иранское плато, Анатолию (где впервые были обнаружены свидетельства наличия прото-индоевропейских языков — данные К. Ренфрю из Англии и советских лингвистов В. В. Иванова и Т. В. Гамкрелидзе в 1970–1980-х гг.) и оттуда на Балканы, откуда уже попали на Днепр, в Прибалтику и на территорию современной Архангельской области, включая R1a в археологической культуре ямочно-гребенчатой керамики на территории современной Эстонии, с археологической датировкой образцов 5,9 тыс. — 3,8 тыс. и 4,8 тыс. — 4,3 тыс. лет назад. На Балканах древние ископаемые гаплогруппы R1a не нашли, но проанализировали только пару образцов из сотен.

Группу ископаемых образцов гаплогруппы R1a с археологической датировкой 4,6 тыс. лет назад нашли в культуре шнуровой керамики в Германии (Эулау), сама культура датируется 5,2 тыс. — 4,3 тыс. лет назад, и гаплотипы в том захоронении почти идентичны гаплотипам современных этнических русских. Известно, что культура шнуровой керамики переходит в фатьяновскую культуру (4,9 тыс. — 4 тыс. лет назад, другая датировка 4,3 тыс. — 3,5 тыс. лет назад), которая простиралась от территории современной Белоруссии до Урала, и действительно, захоронения фатьяновской культуры содержат типичные положения костяков, характерные для племен носителей гаплогруппы R1a — в скорченном положении, мужчины на правом боку, головой на запад, женщины на левом боку, головой на восток, все лицом на юг. Недавние (2020 г.) данные показали наличие R1a-Z93 в фатьяновской культуре, но R1a-Z280 или R1a-M458 там пока не нашли.

Изучения субкладов гаплогруппы R1a показали, что в Европу пришли носители субклада M198 (см. рис. 19), который образовался 95 снип-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад, и уже в Европе из него образовался субклад M417, 66 снип-мутаций, или примерно 9,5 тыс. лет, назад, и далее субклад Z645, 41 снип-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад. Поскольку по данным лингвистов индоевропейский (или праиндоевропейский) язык в Европе стал расходиться



на языковые ветви примерно 6 тыс. лет назад, то логично поставить его в соответствие субкладу R1a-Z645, который действительно стал расходиться на субклады M458 (35 снип-мутаций, или 5 тыс. лет, назад), Z280 (34 снип-мутаций, или 4,9 тыс. лет, назад), Z284 (31 снип-мутацию, или 4,5 тыс. лет, назад), Z93 (32 снип-мутации, или 4,6 тыс. лет назад). Эти четыре основных (по значимости в современном мире) субклада гаплогруппы R1a соответствуют западнославянскому и центральноевропейскому направлению миграции (M458), восточнославянскому и балтийскому (Z280), скандинавскому (Z284) и южноарийскому (Z93), носители последнего субклада сейчас проживают к востоку и юго-востоку от славянского ареала (татары, башкиры, киргизы, таджики, узбеки, афганцы, персы, индийцы, алтайские народы) и к югу (народы Кавказа, Месопотамии, арабы Ближнего Востока).

Около 5 тыс. лет назад носители гаплогруппы R1a-M458, R1a-Z280 и R1a-Z93 вышли из Европы на Русскую равнину; носители первых двух субкладов, которых можно назвать ариями Средней полосы, остались на Равнине и в итоге заселили соответственно западную (M458), центральную и восточную (Z280) части, носители последнего субклада, южные арии, примерно 4,6 тыс. лет назад начали продвижение на юг и на восток. Примерно 4 тыс. лет назад они сформировали митаннийских ариев и хеттов в Малой Азии и в Сирии; «авестийских ариев» в горах Таджикистана и далее на Иранском плато; создали андроновскую и синташтинскую культуры на Южном Урале (в синташтинской культуре найдены образцы ДНК с археологической датировкой  $4190 \pm 130$  лет назад, за 400 лет до предполагаемого основания городища Аркаим, название современное); и, как индоарии, вошли в Индостан. Некоторые историки предполагают, что это было военное вторжение, но никаких данных к тому нет.

В ходе миграции южных ариев R1a-Z93 и последующих субкладов, в первую очередь Z93-Z94-Z2123, из Европы через Евразию по описанным выше направлениям, ими были созданы цепь археологических культур, из которых следует отметить срубную, потаповскую, андроновскую, синташтинскую, и за Уралом далее на восток тагарскую, таштыкскую культуры, и затем культуры скифского круга на Алтае. Все они характеризова-

лись наличием субкладов R1a-Z93-Z94-Z2123, которые также были найдены в Индии, в особенности в высших кастах, и особенно среди браминов. Из 367 браминов, тестированных на Y-хромосому, почти все были гаплогруппы R1a, субклады Z2123 и L657. Надо сказать, что ни один из них не показал гаплогруппу R1b, речь о которой пойдет ниже. Загадкой пока остается источник субклада L657 в высших кастах Индии, поскольку он пока не обнаружен в ископаемых образцах ДНК в синташтинской и андроновской культурах, а также в срубной и потаповской. Этот субклад вообще является крайне редким в Средней Азии и Сибири и найден пока только у нескольких казахов и уйгуров. Не исключено, что субклад R1a-L657 образовался у ариев на Ближнем Востоке и был завезен оттуда в Индию, например, каботажными морскими торговыми рейсами. К народам России он пока отношения не имеет.

Итак, по современным представлениям, основными источниками гаплогруппы R1a, субклада M458, у этнических русских являются западные регионы Русской равнины, в первую очередь территории современных Белоруссии и Польши, начиная с времени образования субклада,  $5000 \pm 500$  лет назад, а субклада Z280 — археологическая культура шнуровой керамики (5,2 тыс. — 4,3 тыс. лет назад), начиная с времени образования субклада,  $4900 \pm 500$  лет назад, и далее фатьяновской культуры (4,9 тыс. — 3,5 тыс. лет назад). Эти же субклады выражены у белорусов и украинцев, которые частью входят в народы России. У других народов Российской Федерации, у которых выражен субклад R1a-Z93 и нижестоящие субклады, как, например, татары, башкиры, карачаево-балкарцы и другие народы Западного и Центрального Кавказа, а также у выходцев из Средней Азии и жителей Сибири, в частности, Алтайского региона, источником R1a-Z93 являлись арийские миграции III—I тыс. до н. э., доходившие с запада до Монголии, Алтая, Китая. Более детальные сведения изложены при рассмотрении конкретных народов России в соответствующих разделах данной книги.

Часто полагают, что гаплогруппа R1a свойственна только европеоидам. Это, конечно, не так. Расовые признаки определяются соответствующими генами и в значительной степени определяются женщинами. Гаплогруппа сохраняется





**Рис. 20.** Переход от монголоидов к европеоидам за три поколения

на протяжении десятков, сотен и тысяч поколений, расовые же признаки могут кардинально измениться в ходе двух-трех поколений в результате метисации. Вот пример — как женитьба на русских женщинах всего в трех поколениях сделала из сибирских монголоидов (хакасов) внуков-европеоидов.

### Гаплогруппа N1a1

Согласно современной классификации, гаплогруппа N, которая образовалась, видимо, в Юго-Восточной Азии (на территории Вьетнама или Китая) 212 снип-мутаций, или примерно 30 тыс. лет, назад, затем разделилась на два больших субклада — N1a и N1b, оба примерно 17 тыс. — 18 тыс. лет назад. Данных в этом отношении мало, и по числу снипов в выборке получается, что субклад N1a, который далее направился в алтайский регион и затем на север и перевалил через Уральские горы на западную сторону в виде уже своего нисходящего субклада N1a1, образовался 119 снип-мутаций, то есть примерно 17 тыс. лет, назад, а субклад N1b, который образовался 128 снип-мутаций, или примерно 18 тыс. лет, назад, в основном остался в Китае. В контексте этой

книги нас интересует в первую очередь, конечно, субклад N1a. Он тоже далее разделился на две основные ветви, одна, L666, которая образовалась 87 снип-мутаций, или примерно 13 тыс. лет, назад, в настоящее время относится к китайцам и их потомкам, а другая ветвь, N1a1, которая образовалась из N1a 102 снип-мутаций, или примерно 14,7 тыс. лет, назад, видимо, в алтайском регионе, представляет собой основной субклад в Сибири, на Урале и в европейской части России. Например, основная гаплогруппа у якутов — N1a1, как и у финнов, хотя у них другая ветвь этой гаплогруппы.

Итак, примерно 10 тыс. — 15 тыс. лет назад носители гаплогруппы N1a обитали в Южной Сибири, видимо, в алтайском регионе, где и приобрели субклад N1a1, отсюда направились на северо-запад и жили на Среднем Урале, между 8 тыс. и 4 тыс. лет назад. Примерно 3,5 тыс. лет назад они перевалили на западные отроги Уральских гор, расселились в Волго-Уральском регионе и в своей части начали продвигаться по направлению к Балтийскому морю. С самого начала миграции или в ходе миграции носители N1a1 разделились на две основные группы, одна



Далее последовали почти непрерывные разрушительные войны, в том числе войны с русскими княжествами, мощный набег степняков с востока, известный под именем «татаро-монгольского нашествия», и почти бесконечная серия войн Средневековья. В итоге финно-угорский язык у венгров сохранился, видимо, за счет матерей, передававших язык детям, а мужчины, носители гаплогруппы N1a1, практически полностью были истреблены. В современной Венгрии доля гаплогруппы N1a1 составляет 0,5 % от мужского населения. Преобладающая по численности гаплогруппа — R1a (30 % от общей численности).

Содержание гаплогруппы N1a1 у этнических русских — в среднем 14 % от общего числа мужского населения, но зависит от широты — от 5 % на юге до 35 % на севере Русской равнины.

## Гаплогруппа I2a

Эта гаплогруппа в контексте Восточной Европы является южнославянской (почти исключительно субклада Y3120), хотя в относительно небольших количествах (единицы процентов) присутствует на Британских островах (в основном в виде субклада M223). Тысячелетия назад это была одна из основных гаплогрупп, если не основная, в Европе, но ее носители были фактически истреблены в середине III тыс. до н. э., в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b. Оставшиеся в минимальном количестве носители гаплогруппы I2a выжили, и субклад M223 выживал на Британских островах, видимо, в большем количестве, чем субклад Y3120 на Южном Дунае, и только в конце прошлой эры южнославянские Y3120 пошли в рост, там же, на Южном Дунае. Видимо, оттуда и пошло представление историков о «родине славянства на Дунае», поскольку известный фрагмент «Повести Временных лет» трактуется так же (перевод В. И. Татищева):

«От сих же семидесят и двою языку бысть язык словенск от племени Афетова, нарицаемии норцы, яже суть словяне, жили близ Сирии и в Пафлагонии. По многих же временах пришед, вселились словяне по Дунаю и в горах, иде же есть Угорская земля и Болгарская земля... Словяне же, не могши терпеть насилия, перешедши, поселились на реке Висле и назвались ленчане, потом лехи, а от тех лехов прозвались ляхи, а по-

том вси (от поль) поляки... Инии славяне сели около Ильменя озера и назвались своим именем словяне... И тако разыдеся словенский язык».

И далее по тексту: «Словяне, сидящие по Дунаю».

Разумеется, «Повесть Временных лет» — источник чрезвычайной исторической важности, и этот фрагмент переписывался у историков тысячи раз, одни его понимали как абсолютную истину, другие — как истину относительную, но другой все равно нет. ДНК-генеалогия показывает, что это, конечно, упрощенное представление древнего летописца, «Нестора, черноризца Феодосиева монастыря Печерского». Да и сам летописец пишет, что норцы, «яже суть словяне», жили близ Сирии и Пафлагонии (то есть на южном побережье Черного моря), рядом с Лидией и Троей, и только спустя много времени они поселились на Дунае и в горах. Судя по этим словам, Нестор писал о южных славянах, носителях гаплогруппы I2a, и полностью оставил в стороне восточных славян, значительно более древних. Действительно, носители гаплогруппы I2a, как указано ниже, пропадают со своими гаплотипами ранее 2,3 тыс. лет назад и показывают разрыв своего «небытия» на 2 тыс. и более лет вглубь, когда они жили по всей Европе, включая Западную Европу, и славянами, конечно, не являлись.

Далее, Нестор сообщает о том, что славяне с Дуная переселились на Вислу и стали поляками. Это, разумеется, тоже крайне упрощенные представления. Носителей гаплогруппы I2a в Польше мало, 5,5 %, а гаплогруппы R1a — 58 %, в десять раз больше. На север, на территорию современной Германии, с Дуная переселились лужицкие сербы, потомки которых имеют, по результатам тестирования ДНК, почти исключительно гаплогруппу R1a и которые, видимо, были выходцами из фатьяновской культуры Русской равнины (4,9 тыс. — 3,5 тыс. лет назад), как и поляки и славяне, проживающие на Висле, как и потомки лужицкой археологической культуры (3,2 тыс. лет назад и далее, переходящей в цепь более поздних славянских культур). «Инии славяне сели около Ильменя озера», пишет летописец, не упоминая, откуда они там появились, и, конечно, не с Дуная. Или во всяком случае маловероятно, тем более что это места древней фатьяновской культуры.



Возвращаясь к дунайским славянам, они же предки современных славян гаплогруппы I2a, отметим, что они те же 2,3 тыс. лет назад, пройдя «бутылочное горлышко» выживания в составе субклада I2a-Y3120 (образовался 17 снип-мутаций, или примерно 2,4 тыс. лет, назад), разошлись на четыре основных субклада — S17250 (16 снип-мутаций, то есть 2,3 тыс. лет, назад), Y18331 (16 снип-мутаций, то есть 2,3 тыс. лет, назад), Y4460 (15 снип-мутаций, или 2,2 тыс. лет, назад) и Z17855 (12 снип-мутаций, или 1,7 тыс. лет, назад). Носители этих субкладов расселились по Восточной Европе, от Греции до Польши и прибалтийских стран Восточной Европы, с максимумом гаплогруппы I2a на Балканах и с прогрессивным снижением численности на север. Так, у боснийских хорват этой гаплогруппы 71 %, в Боснии-Герцеговине — 51 %, в Хорватии — 37 %, в Сербии — 34 %, в Черногории — 30 %; к югу, в Северной Греции, — 16 %, в Греции в среднем 10 %; в западном направлении носителей славянских субкладов почти нет: во Франции и Италии — по 3 %, в Германии — 1,5 %; в северном направлении содержание I2a тоже резко падает: в Польше и в Литве — 6 %, в Латвии — 1 %, в Эстонии — 3 %. На Украине содержание I2a составляет 21 %, в Белоруссии — 18 %, в России — 11–13 % по разным выборкам. Более детальные данные по народам России — в последующих разделах данной книги.

### Гаплогруппа R1b

Эта гаплогруппа находится на четвертом месте в России, и не без причины для такого относительно высокого места. Гаплогруппа R1b — одна из древнейших на территории современной России, от Сибири до западных границ Российской Федерации, в соответствии с миграционным путем эрбинов, древних носителей этой гаплогруппы, во времена между 15 тыс. и 4 тыс. лет назад. Ископаемые костяки с гаплогруппой R1b найдены в хвалынской археологической культуре (7 тыс. — 6 тыс. лет назад), ямной культуры в волжских степях и в Калмыкии (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), в Прибалтике (в нарвской культуре, 7,7 тыс. — 7 тыс. лет назад). На самом деле в хвалынской культуре найдены гаплогруппы R1a, R1a и Q, но там из 158 захоронений ДНК была анализирована только в трех образцах.

Сама гаплогруппа R1b образовалась 138 снип-мутаций, то есть примерно 19,9 тыс. лет назад, предположительно в Южной Сибири, к чему есть серьезные обоснования, описанные выше. Миграционный путь эрбинов из Сибири проходил через северный Казахстан, от отрогов Южно-Уральских гор до полупустынь (в настоящее время) Приаралья, то есть через лесостепное и степное Приоболье (оставив там, видимо, маханджарскую культуру, суртандинские и терсекские памятники), ботайскую культуру, далее культуры самарскую и хвалынскую, средневолжскую, раннюю ямную, раннюю катакомбную, раннюю майкопскую, далее они прошли Кавказ и вышли в Месопотамию. На их миграционном пути от Урала до Кавказа костяки в древних захоронениях лежат на спине, что характерно для гаплогруппы R1b. На Кавказе большинство (более 90 %) гаплотипов гаплогруппы R1b относятся к субкладу L23, тому же, что и преимущественно у башкир. Датировки на Кавказе по гаплотипам гаплогруппы R1b дают или примерно 6,2 тыс. лет назад, что, видимо, относится к ранним миграциям эрбинов, или значительно более недавние датировки, около 1,5 тыс. лет назад, что соответствует скорее сарматским временам.

Намного более древние костные остатки с идентифицированной гаплогруппой R1b найдены на Украине (с археологическими датировками 7,1 тыс. и 9,2 тыс. лет назад), в Латвии (7,7 тыс. лет назад), в Сербии (с датировками 8 тыс., 8,6 тыс. и 10,8 тыс. лет назад), в Румынии (9,3 тыс. лет назад), в Италии (13 980 лет назад). Почти во всех этих захоронениях снипы гаплогруппы R1b были древнейшими (L278 и L754), на одну-две ступени ниже снипа самой гаплогруппы R1b:

R1b-M343 > R1b1-L278 > R1b1a-L754.

Это означает, что уже менее чем через 10 тыс. лет после образования гаплогруппы R1b ее ближайшие нижестоящие снипы уже были в Европе (14 тыс. — 10 тыс. лет назад). Это было намного ранее ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад). Похоже, что эти древнейшие носители гаплогруппы R1b не выжили в своих потомках, то есть не прошли жесткие «бутылочные горлышки» выживания. С востока пришли новые миграционные волны, от тех же древнейших сибирских общих предков, с теми же мутациями L278 и L754, но уже с множеством образовавшихся нижесто-

ящих снипов. В ямной культуре большинство костных остатков содержали снипы:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > Z2103.

Это и были прямые предки множества современных людей народов России. Их потомки не ушли на запад, в Европу, а продвинулись на юг, на Кавказ, и оттуда в Месопотамию. Оттуда, из Малой Азии и Ближнего Востока, потомки людей ямной культуры прошли вдоль южного побережья Средиземного моря, а часть, видимо, перебрались по островам Средиземного моря и прибыли на Пиренейский полуостров примерно 4,8 тыс. лет назад. Оттуда они как носители культуры колоколовидных кубков заселили западную и центральную Европу и Британские острова. Цепочка их снипов, которая продолжается и в наше время, выглядит следующим образом:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > (P312 + U106).

Последние два снипа в этой цепочке, P312 и U106, образовались 35 снип-мутаций назад, то есть примерно 5 тыс. лет назад. Их носители и потомки заселили Европу, истребив коренных европейцев, как и тех, кто прибыли в Европу до 5 тыс. лет назад, как показывают данные ДНК-генеалогии. Намного позже, уже в Средние века нашей эры и позднее, они прибывали на службу русским царям как военные специалисты, служащие и наставники Иноземного легиона, а также как торговцы, купцы, ремесленники, промышленники, заводчики, деятели науки и культуры. Поэтому среди современных носителей гаплогруппы R1b в Российской Федерации есть носители как снипа R1b-Z2103, так и снипов P312 и U106. Первых, носителей Z2103, потомков людей ямной культуры, большинство. Вторых — относительно немного. Суммарно их количество в России составляет примерно 6 % от всех мужчин страны. В Европе потомки древних эрбинов, носители гаплогруппы R1b, на более чем 99 % субкладов P312 и U106 и нижестоящих субкладов, составляют примерно 60 % от всего мужского населения.

Для пояснения того, что носителей «субклада ямной культуры» R1b-Z2103 в Европе очень мало, заметим, что у европейцев при тестировании Y-хромосомы выявлено не менее 50 тыс. носителей гаплогруппы R1b, почти все имеют снипы P312 и U106. Одного субклада L21, нижестоя-

щего от P312, уже давно известно более 10 тыс. Для сравнения, субклада Z2103 в Европе почти нет. Вот данные по их численности из наиболее полного списка по разным базам данных FTDNA: Албания — 2, Австрия — 1, Белоруссия — 1, Хорватия — 1, Чехия — 2, Франция — 5, Греция — 6, Венгрия — 3, Ирландия — 5, Косово — 1, Словакия — 1, Шотландия — 5, Испания — 3, Швеция — 2, Украина — 4, Македония — 2, Нидерланды — 1, Норвегия — 3, Румыния — 2 и так далее. Самое большое количество Z2103 — в России (38 человек), Турции (18), Польше (18) и Болгарии (14), но учитывая, что в Польше количество тестированных во много раз больше, чем в России и в Турции, то стоит несколько нормировать эти показатели, и у Польши окажется на уровне 2–3 носителей гаплогруппы R1b-Z2103. Это показывает, что «продвижения R1b из ямной культуры в Европу» практически не было. Более подробные данные приведены в последней части настоящей книги при рассмотрении соответствующих народов.

То, что в Болгарии больше носителей R1b-Z2103, чем в остальных европейских странах (про Польшу мы уже пояснили), в принципе, не исключает, что эрбины могли пройти немного на запад от Черного моря, но то, что в окружающих Болгарию странах их потомков нет, заставляет искать другие объяснения. Например, что в Болгарию носители Z2103 могли прибыть намного позже из Турции. Возраст общего предка болгарских Z2103 всего  $3800 \pm 500$  лет и  $3400 \pm 560$  лет (для 37- и для 67-маркерных гаплотипов соответственно). Для Польши, кстати, времена такие же —  $3300 \pm 400$  лет и  $3400 \pm 430$  лет соответственно. Это на 1–2 тыс. лет меньше, чем датировки Z2103 в ямной культуре — 4,6 тыс. — 5,3 тыс. лет назад.

Этот вывод имеет важное значение для понимания миграционных событий древности. В исторических науках и в лингвистике принято считать, что насельники ямной культуры с Русской равнины тысячелетия назад конными ордами ворвались на запад, в Европу, почти полностью уничтожили коренное население и оставшимся принесли индоевропейские языки. Это — часть общей картины про ужасных и кровожадных предков русских. Историки называют эти события «гибель старой Европы», с подачи амери-



кано-литовского археолога М. Гимбутас, которая разрабатывала концепцию «курганной культуры» более полувека назад. ДНК-генеалогия показывает, что Гимбутас буквально все перепутала. Как мы только что описали выше, народы ямной культуры не врывались на запад, в Европу, в Европе практически нет их сніпов-субкладов. Они ушли на Кавказ и в Месопотамию. Далее, в ямной культуре не было индоевропейских языков, как не было их у носителей гаплогруппы R1b вплоть до конца II тыс. — начала I тыс. до н. э. На индоевропейских языках говорили носители гаплогруппы R1a, которые и принесли их в Индостан, на Иранское плато, а также в Малую Азию и Сирию, как хетты и митаннийские арии.

Таким образом, русский язык как индоевропейский получен в ходе динамического развития языков древних носителей гаплогруппы R1a. И сейчас, по данным лингвиста С. А. Старостина, современный русский язык показывает совпадение базовой лексики с древнеиндийским языком на 54 %.

### Гаплогруппа I1

Доля гаплогруппы I1 среди этнических русских в настоящее время составляет в среднем 5 % от их общего количества. Немногим выше среднего количества этой гаплогруппы, 7–8 %, у некоторых приволжских народов — татар, мордвин, чувашей.

Родительская гаплогруппа I — одна из древнейших в Европе, но обе ее ветви — гаплогруппы I1 и I2 — подверглись истреблению в III тыс. до н. э., обе прошли «бутылочное горлышко» выживания, и гаплогруппа I1 пошла в рост через тысячелетие после «гибели старой Европы», примерно 3,7 тыс. лет назад. Гаплотипы этой гаплогруппы практически одинаковы по всей Европе, дерево гаплотипов симметричное и не дает никаких указаний, где мог жить выживший общий предок гаплогруппы I1 во II тыс. до н. э. В настоящее время наибольшая доля носителей гаплогруппы I1 находится в Швеции и составляет 37 % от всего мужского населения, на шведском Готланде — 50 %. В Дании — 34 %, в Норвегии — 32 %, в Исландии, которая заселилась относительно недавно, — 29 %, откуда ясно, что заселение шло в основном из соседней Скандинавии, что, впрочем, логично.

Можно было бы думать, что несколько более высокая доля носителей гаплогруппы I1 среди приволжских народов может подсказать, что их гаплотипы будут хоть немного отличаться от гаплотипов I1 других европейцев и иметь другие датировки общих предков, но нет, и гаплотипы, и датировки одинаковы по всей Европе, с одной стороны, и у татар, эрзи и башкир — с другой. Похоже, что миграции потомков выживших общих предков гаплогруппы I1 распространялись радиально из какого-то одного «центра», начиная с 3,7 тыс. лет назад, но где был этот «центр» — остается неизвестным.

### Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа нехарактерна для этнических русских, она, как правило, принадлежит ближневосточным евреям и арабам в России и других странах Европы — евреям-ашкенази, на Кавказе — горским евреям и другим кавказским евреям — армянам, грузинам и так далее. Некоторое количество носителей гаплогруппы J1 живут на восточном Кавказе и к евреям себя не относят.

### Гаплогруппа J2

Этой гаплогруппы у этнических русских примерно 3 %. По происхождению она, видимо, средиземноморская, кавказская или ближневосточная, более определенного ответа наука не имеет. Самая древняя ископаемая гаплогруппа J2 была обнаружена в северном Иране, с археологической датировкой 9,1 тыс. — 8,6 тыс. лет назад (пещера Хоту), и в Грузии, с датировкой 7940–7600 лет назад. Но поскольку эта гаплогруппа возникла намного раньше, примерно 29 тыс. лет назад, как описано выше, то археологические находки спустя 10 тыс. лет никак не идентифицируют регион происхождения гаплогруппы. Остается только взвешивать разные факторы и соответственно оптимизировать предполагаемые ответы.

Гаплогруппы J2 относительно много в восточнокавказских странах и регионах — в Ингушетии (82 % от мужского населения), Чеченской республике и в Дагестане (по 58 %). Это намного больше, чем на Северо-Западном и Центральном Кавказе: у грузин ее 29 %, у черкесов — 17 %, столько же у осетин-иронцев, у абхазов — 14 %, у карачаево-балкарцев — 13 %, у осетин-дигор-

цев — 12 %. На Русскую равнину гаплогруппа J2 попала, видимо, из разных регионов — с Кавказа, Балкан (греки и сербы, например), из стран Средиземноморья. На Кавказе гаплогруппа J2 либо своя, автохтонная, на что может указывать находка в Грузии, либо прибывшая из Месопотамии, например, с уракскими миграциями примерно 7 тыс. лет назад, на что указывают археологи.

### Гаплогруппа E1b

Этой гаплогруппы среди этнических русских примерно 2,5 %. Можно было бы предположить, что ее истоки — на Балканах (у греков ее 21 %, у сербов — 15 %), но тогда непонятно, почему всплеск этой гаплогруппы наблюдается опять у волжских народов: у чувашей — 13 %, у татар — 10 %, у мордвин — 9 %. Здесь наблюдается некоторая параллель с повышенным содержанием у этих народов гаплогруппы I1 (см. выше), тем более что та же параллель наблюдается у марийцев, тоже волжского народа, только «параллель» в другую сторону — у последних мало гаплогруппы I1 (3 %) и E1b, последней у них практически нет. К тому же, хотя у сербов содержание I1 относительно умеренное (8 %), у греков гаплогруппы E1b — всего 3,5 %. Всегда, конечно, можно придумать замысловатую схему, как гаплогруппы I1 и E1b попали от сербов к татарам, чувашам и мордве, но придумать — мало, надо убедить. А вот этого пока нет.

### Гаплогруппа Q

Гаплогруппа Q имеет, по совокупности данных ДНК-генеалогии, сибирское происхождение. Из Сибири носители этой гаплогруппы предположительно 30 тыс. лет назад ушли через Берингию в Северную Америку и оттуда распространились по всей Южной Америке. На запад, в Европу, она была принесена, видимо, степными кочевниками, часть которых оформились в воинские контингенты, которые досаждали Римской империи и другим племенам и народам Европы начиная с I тыс. до н. э.

В настоящее время доля гаплогруппы Q среди этнических русских составляет примерно 1,5 %, но это число, видимо, несколько завышено. Так, в базе данных «Гаплотипы Русской равнины», составленной И. Л. Рожанским, членом Акаде-

мии ДНК-генеалогии, из 6507 гаплотипов только 164 (2,5 %) относятся к гаплогруппе Q, из них 8 татар, 7 русских, столько же поляков, 3 литовца, 2 украинца, 1 мариец, и 136 евреев.

Интересно, что ДНК-линии гаплогруппы Q, ведущие к русским, татарам и евреям, совершенно разные и не пересекаются в своем историческом развитии. Все три начинаются, понятно, от гаплогруппы Q, которая образовалась 221 снип-мутацию, или примерно 32 тыс. лет, назад, тут же путем соответствующей мутации образовала свою подгруппу Q2 и только 4 тыс. лет спустя, а именно 198 снип-мутаций назад, образовала подгруппу Q1. Нумерация здесь обратная только потому, что сначала выявили более позднюю (как потом оказалось) линию и назвали ее Q1 и уже потом нашли древнюю линию Q2.

Так вот, две основные линии русских имеют субклады Q1a (а именно Q1a2a1a-L713) и Q1b (Q1b1a3-L330), которые разошлись примерно 26 тыс. лет назад, основная линия татар — та самая древняя Q2 (а именно Q2b2-YP4500), а основная линия евреев-ашкенази — тоже Q2, но Q2a1a1a1-Y2200. Так что ни русские, ни татары к происхождению евреев гаплогруппы Q никакого отношения не имеют. Более того, разброс всех трех линий настолько огромен, что понятно, что все три приобретены у носителей гаплогруппы Q совершенно неупорядоченно, то есть статистически. Так получилось. Ясно, что в этом случае о каких-то упорядоченных миграциях гаплогруппы Q на Русскую равнину говорить не приходится.

Еще одна особенность этих находок в том, что стало ясно, что некие «татаро-монголы» — а у монголов гаплогруппа Q является основной — гаплогруппу Q на Русь не приносили, слишком ее у русских мало. Да и у самих татар не густо, 2 % от всех, это у них не «историческая» гаплогруппа. У евреев-ашкенази ее в двадцать раз больше. Откуда это — отдельный вопрос, но похоже, что это хазарское наследие. Хазары ведь были преимущественно степняки, многие определенно со «степной» гаплогруппой Q, и относительно немногие евреи, жившие в хазарском каганате, вполне могли эту гаплогруппу позаимствовать. Характерно и то, что субклад Y2200 у евреев образовался всего 14 снипов назад, то есть примерно 2 тыс. лет назад, на переходе от старой к но-

вой эре. Это могли быть хазары и их ближайшие предки.

### Гаплогруппа Т

Особенность гаплогруппы Т в том, что она не имеет своего «участка» на планете, где ее количество было бы существенно доминирующим по сравнению с другими гаплогруппами, хотя, похоже, это Ближний Восток. Она распределена по Земле «тонким слоем», в количествах 0,5–2 %, с небольшими подъемами до 4–5 % (например, в Греции, на Кипре, на Эгейских островах, в Сицилии, на Мальте, у сефардских евреев, у армян, азербайджанцев, лезгин, палестинцев, ливанцев, в Сирии, Саудовской Аравии, ОАЭ, Египте), но такие небольшие увеличения могут быть обусловлены просто неравномерными выборками. Даже в Саудовской Аравии, где выявлено самое высокое количество носителей гаплогруппы Т среди тестированных (в абсолютном исчислении), а именно 153 человека из 734 по всему миру в Проекте гаплогруппы Т (то есть 21 % от всех), относительное содержание по стране составляет всего 5 %, по сравнению с 40 % гаплогруппы J1. В России доля гаплогруппы Т среди мужского населения определена в 1,5 %.

Дерево гаплотипов Y-хромосомы человечества, упомянутое выше, показывает, что гаплотипы гаплогруппы Т имеют того же общего предка  $64 \pm 6$  тыс. лет назад, как и все другие неафриканские гаплотипы, и естественно вписываются в структуру дерева вместе с остальными гаплотипами. Можно предполагать, что «эпицентр» распространения гаплогруппы Т находился в регионе Ближнего Востока — восточного Средиземноморья — Кавказа, но почему он так «гладко», равномерно разошелся, остается только гадать. Впрочем, в последнее время страны Ближнего Востока стали проводить довольно массовое тестирование на гаплогруппы и субклады, и гаплогруппа Т была обнаружена практически во всех странах региона — в Ираке, Кувейте, Катаре, Бахрейне, Саудовской Аравии, а также в Судане, Египте, Италии, Испании. Из 734 членов Проекта гаплогруппы Т в Саудовской Аравии проживают 153 человека, в ОАЭ — 56 человек, в Италии — 40, в Турции — 36, в Германии — 35, в Кувейте — 33, в Испании и Англии — по 28. В России и на

Украине их поровну, суммарно 36 человек, но практически все они евреи, причем в большинстве с относительно недавними временами жизни общих предков.

По данным коллектива YFull, гаплогруппа Т образовалась 323 снип-мутации, или примерно 46 тыс. лет, назад. Как обычно, дерево гаплотипов современных носителей гаплогруппы не сходится ко времени образования гаплогруппы. Оно сходится примерно к 7,2 тыс. лет назад. Для того чтобы получить более полное представление, кто входит в состав носителей гаплогруппы Т в России, на Украине, в Беларуси, воспользуемся Проектом гаплогруппы Т, по данным тестирования компанией FTDNA. Оказалось, что все они почти исключительно евреи, причем родственные им гаплотипы, опять же евреев, выходят за пределы трех этих стран и наблюдаются в Польше, Литве, Латвии, Чехии, Германии и других странах, всего 83 гаплотипа в странах Восточной Европы. То, что это евреи, ясно из имен и фамилий их ближайших предков (которых и заносят в базы данных). Имена такие, навскидку — Лейб, Сруль, Эфраим, Гершель, Саул, Борух, Мордехай, Шломо, Израэль, Реувен, Шимон, Янкель, Хайм, Авраам, Элиезер, Шмуль, Гершон, Моисей, Иеремия, Юфим, Бер, Саломон, Хирш, Иезекиль, Лазарь, Менахем, Ицхак, Аарон.

Когда из этих 83 гаплотипов (в 37-маркерном формате) построили дерево гаплотипов, оно разошлось на семь относительно недавних ветвей, включающих страны: Россию, Литву, Германию, Хорватию, Молдавию, Венгрию, Украину, Белоруссию, Чехию. Эти ветви имеют общих предков, которые жили  $790 \pm 250$ ,  $910 \pm 200$ ,  $1020 \pm 245$ ,  $1120 \pm 260$ ,  $1130 \pm 190$ ,  $1175 \pm 250$  и  $1370 \pm 220$  лет назад.

Отсюда несколько раскрывается картина появления носителей гаплогруппы Т (и ее субкладов) в Восточной Европе. Тысячелетия назад древние субклады Т-L131 и/или Т-L208 (образовались 99 и 87 снипов, или примерно 14 и 12 тыс. лет, назад соответственно по расчетам коллектива YFull) попали с Ближнего Востока к евреям или их предкам, те принесли их или нижестоящие субклады P77 и CTS6507 во времена Рассеяния в Европу и в интервале 800 лет — 1,4 тыс. лет назад, то есть в I–II тыс. н. э., они разошлись по Восточной Европе. Поскольку евреи обычно

держались замкнуто в своих сообществах, гаплогруппа не разошлась по нееврейским жителям и так и осталась в окружении евреев. В последнее время ситуация с замкнутостью евреев в Европе изменилась, но передаваемые гаплотипы так и остались в соответствующих ветвях. Например, один гаплотип принадлежит человеку, который назвался эрзя в базе данных, а другой — секлером из Буковины (секлеры — военное сословие в средневековой Венгрии), но их гаплотипы сидят в ветвях между евреями Украины, Белоруссии, России. Вот так раскрываются наследственные тайны, которые, как казалось в ранние времена, безвозвратно уйдут в могилу.

### Гаплогруппа G2a

Гаплогруппа G образовалась 322 снипа, или примерно 46 тыс. лет, назад. Где это произошло — мы пока не знаем. Древнейшие следы ее просматриваются в Передней Азии примерно 16 тыс. лет назад, но уже в виде субклада G2a-P15, откуда его носители ушли в Европу. Сам субклад G2a образовался 143 снипа, или примерно 21 тыс. лет, назад. Почему они ушли за запад и когда именно — мы тоже не знаем. Рода полностью или частично передвигались, мигрировали по разным причинам: ухудшение климата, исчезновение промыслового зверя, набеги супостатов, в общем — уходили за лучшей долей. Это, наверное, самая всеобъемлющая формулировка причин древних миграций.

Откуда мы узнали, что носители гаплогруппы G2a жили в Передней Азии примерно 16 тыс. лет назад? На это указывает древность современных гаплотипов гаплогруппы G2a в Передней Азии, которым более 14 тыс. лет, а их общим предкам с ископаемыми европейскими гаплотипами более 16 тыс. лет. Конечно, то, что эти гаплотипы образовались 16 тыс. лет назад, вовсе не означает, что они всегда там жили, но других данных у нас все равно нет. Появятся — внесем корректировки. Так развивается наука.

Видимо, самая большая доля гаплогруппы в мире (в процентном отношении) находится у осетин, до 74 % от всех мужчин.

Судя по доле ископаемых ДНК гаплогруппы G среди всех древних гаплогрупп в Европе, эта гаплогруппа была одной из наиболее представ-

ленных в «Старой Европе», то есть от мезолита до примерно 4,5 тыс. лет назад. Находки начались с того, что в Деренбурге, Германия, в археологической культуре линейно-ленточной керамики, с датировкой 6260–6015 лет назад (с погрешностью  $\pm 30$ –40 лет) нашли гаплогруппу G2a3. Это было открытие, но самого главного авторы исследования не сообщили. Дело в том, что если собрать носителей гаплогруппы G2a в сегодняшней Европе, с тестированными гаплотипами, а их много, многие сотни, то общий предок их всех жил всего 4 тыс. лет назад, причем не в Европе, а на Кавказе, в Иране, на Ближнем Востоке. В Европе датировка общего предка носителей G2a составляет 5–6 тыс. лет назад и наблюдается только для малого числа гаплотипов на Пиренеях. В Центральной Европе их практически нет. С другой стороны, на Кавказе имеется обилие гаплотипов гаплогруппы G2a, особенно на Западном Кавказе, среди осетин, абхазов, черкесов (адыгов), шапсугов, но время общего предка — не глубже 4500–4750 лет назад. Скорее всего, это потомки беглецов из Европы в те времена.

Почему именно в те времена? Об этом рассказывалось в предыдущих разделах данной книги, но тема настолько важная, что вернемся к ней опять.

Итак, 4,8 тыс. — 4,5 тыс. лет назад в Европу прибыли эрбины, носители гаплогруппы R1b. Они взяли Европу буквально в клещи, войдя туда со стороны Пиренеев (культура колоколовидных кубков, 4,8 тыс. лет назад), также со стороны Апеннин и островов Средиземного моря (4,5 тыс. лет назад) и, возможно, со стороны причерноморских, понтийских степей (4,5 тыс. лет назад). К местным жителям они отнеслись, мягко говоря, недружески. В итоге практически все гаплогруппы Старой Европы исчезли, часть смогла бежать — гаплогруппа R1a на Русскую равнину, G2a — через Малую Азию в Месопотамию и далее на Кавказ, E1b — на Балканы и в Северную Африку, I1 — в Скандинавию и на Британские острова, I2a1b — в Восточную Европу и на Британские острова.

Все они прошли «бутылочное горлышко» выживания и возродились опять, от чудом уцелевших беглецов, в разные времена, от 4 тыс. до 2,3 тыс. лет назад, то есть последней гаплогруппе (I2a в Восточной Европе) понадобилось не ме-



нее 2 тыс. лет для того, чтобы прийти в себя. Это описано выше.

Вот такая история произошла с ископаемыми гаплотипами гаплогруппы G2a3, носители которых жили в Европе шесть и более тысяч лет назад. Примерно 4,5 тыс. лет назад их постигла трагедия, которую сумела вскрыть пока только ДНК-генеалогия.

После этого целую группу ископаемых костных остатков, ДНК которых показала гаплогруппу G-P15, нашли в некрополе на юге Франции, с археологической датировкой 5 тыс. лет назад. После того времени они из Европы исчезли, и те, кто смог дойти до Кавказа, перешли уже в следующий субклад, в основном G2a1c2a-L140. Сейчас они там, на Кавказе, живут, до двух третей и трех четвертей среди абхазов, черкесов (адыгов), шапсугов и осетин — как дигорцев, так и иронцев.

Следующая группа ископаемых гаплотипов группы G2a была обнаружена на северо-востоке Испании, с археологической датировкой 7 тыс. лет назад. Изучение их показало, что «французские» гаплотипы G2a — не прямые потомки «испанских». Вероятно, что их общий предок, который жил за 2 тыс. лет до испанского захоронения, прибыл длинным миграционным путем из Передней Азии примерно 9 тыс. лет назад. В любом случае, носители гаплогруппы G2a являются древними обитателями Европы. Вновь приходится повторить, что сейчас их там относительно мало, в основном вернувшиеся в Европу недавно, уже в нашей эре, преимущественно из Турции, Ирана и с Кавказа. Кроме того, в Европе присутствует довольно многочисленная популяция евреев-ашкенази, носителей G2a, но эта гаплогруппа появилась в Европе всего 650 лет назад.

В последнее время было выявлено еще немало ископаемых ДНК гаплогруппы G2a в Европе и Анатолии (Турция), а именно — 8 образцов в Анатолии, с археологической датировкой 8415–8215 лет назад, 4 образца в Германии с датировками 7,2 тыс. — 7 тыс. лет назад (в культуре линейно-ленточной керамики), 2 образца в Испании, с датировками 4,8 тыс. — 4,2 тыс. лет назад, 1 образец в Венгрии, с датировкой 3,9 тыс. — 3,6 тыс. лет назад.

Помимо того, на границе Австрии и Италии, в Альпийских горах, был найден образец ДНК

с датировкой 5,4 тыс. — 5,1 тыс. лет назад, дочерний к анатолийскому, и носитель которого получил название «Ледовый человек», или *Ötzi the Iceman*. История о мумии «ледового человека», названного Отци (по имени горной гряды, где он был найден) и обнаруженного в 1991 г. в горном леднике, известна большинству людей, следящих за событиями в мире. Это — древнейший мумифицированный человек в природных условиях Европы. Его гаплогруппа — G2a2a, то есть та самая гаплогруппа G2a, которая как раз в те времена начала исчезать из Старой Европы. История его гибели прослежена в деталях, убийцы преследовали его в горах несколько дней. Можно, конечно, пофантазировать, что с него геноцид G2a и начался, но нельзя единичный случай настолько обобщать. В те времена не он был первый, и не он последний, кто пал жертвой от рук убийц по разным причинам. Впрочем, частная картина здесь в принципе совпадает с общей картиной геноцида гаплогрупп в Европе.

Итак, гаплогруппа G2a выражена больше всего на Кавказе. У этнических русских ее, как правило, меньше 1 %, во многих регионах России она просто не обнаруживается, хотя у татар, например, может достигать 9 %. В Белоруссии и на Украине содержание гаплогруппы G местами достигает 2–4 %, столько же, как и по всей Европе, за исключением локальных всплесков до 10 %, как в Австрии, на Кипре, Корсике, Крите, некоторых регионах Франции, Италии, Испании, Турции, у евреев — ашкенази и сефардов. То же и в Передней Азии, и на Ближнем Востоке: в Иране до 10 %, в Ливане до 7 %, в Египте до 6 %, в целом же по всему миру — менее 1 %. Но не на Кавказе, где картина совсем другая: в Осетии до 74 %, у адыгов в среднем 54 %, у абхазов — 48 %, у карачаево-балкарцев — 32 %, на западе Грузии — 44 %, на востоке Грузии — 28 %.

Похоже, что Кавказ явился конечным пунктом нескольких миграций носителей гаплогруппы G, в особенности субклада G2a — из Передней Азии, откуда гаплогруппа G2a прибыла примерно 3 тыс. — 4 тыс. лет назад, и из Европы, откуда гаплогруппа G2a прибыла примерно 4 тыс. лет назад, и также со скифами, возможно, аланами, которые принесли гаплогруппу G2a на Кавказ, видимо, опять же из Передней Азии, уже в I тыс. н. э.



Несколько слов о ДНК-генеалогии И. В. Сталина. Куда только его не приписывали по рождению — и к грузинам, и к осетинам, и к евреям. Гаплотип и субклад, которые были протестированы у народного артиста России А. В. Бурдонского, прямого внука И. Сталина и старшего сына Василия Сталина, расставили все по местам. У И. Сталина — типичный осетинский гаплотип, один из большого кластера осетинских гаплотипов. Так что прав был О. Мандельштам, который в одном из стихотворений писал: «...И широкая грудь осетина».

В заключение данного раздела посмотрим на базу данных IRAKAZ гаплотипов Русской равнины, в которой сейчас 6507 гаплотипов, что включает народы России к западу от Урала, а также поляков, евреев, литовцев, латышей, эстонцев. К гаплогруппе G в этом списке относятся 361 человек, то есть 5,5 % от всех. Но они распределены по этносам или этно-социальным группам очень неравномерно. Если снять поляков и литовцев, которых в сумме всего 28 человек, то из оставшихся 333 человек русских 19 человек, украинцев 15, татар 7, башкир и белорусов по 2 человека. Как мы видим, доля каждого этноса весьма мала по сравнению с евреями-ашкенази, которых 288 человек из 333, то есть 86 %. Понятно, что эта выборка среди тех, кто добровольно сдал свои образцы ДНК на анализ, но разница впечатляюще велика.

Если рассмотреть гаплогруппы тех, кто сдал образцы ДНК в Академию ДНК-генеалогии в Москве, то из 938 человек гаплогруппу G имеют 19 человек (2,0 %), из них 11 русских (1,2 %), 2 украинца и остальных по одному — осетин, черкес, балкарец, кумык, башкир и немец. Из-за малой статистики количественные расчеты имеют здесь только относительную ценность, но суть ясна.

## Гаплогруппа Н

Гаплогруппа Н по своему происхождению тяготеет к Индии. Она образовалась 328 сний, или примерно 47 тыс. лет, назад, и древнейшие ветви ее находятся среди индийских дравидов. В Европе наиболее заметная группа носителей гаплогруппы Н (субклад Н1) — это цыгане или, как их называют на Западе, рома. Болгарские цыгане

имеют общего предка  $550 \pm 100$  лет назад, хорватские цыгане —  $1100 \pm 250$  лет назад.

Среди русских гаплогруппа Н практически отсутствует. Например, в упомянутой базе данных IRAKAZ по Русской равнине из 6507 гаплотипов только 6 (менее 0,1 %) относятся к гаплогруппе Н — это молдаванин, карел, русский, поляк и 2 украинца. Среди 938 человек, прошедших тест на ДНК в Академии ДНК-генеалогии (Москва), не было ни одного с гаплогруппой Н.

## Гаплогруппа R2

Гаплогруппа R2 образовалась 183 сний, или примерно 26 тыс. лет, назад. Таким образом, она на несколько тысяч лет старше родственных гаплогрупп R1a и R1b (156 и 133 сний назад).

В сети работает Проект гаплогруппы R2, который объединяет 203 носителей данной гаплогруппы. Если отобрать из них только те регионы/страны, которые представлены там как минимум пятью гаплотипами (в любом формате), то это страны:

Индия	43 человека
Саудовская Аравия	12
Россия	12
Иран	10
Армения	10
Украина	9
Белоруссия	7
Турция	7
Кувейт	6
ОАЭ	5
Казахстан	5

Это «ядро» составляет почти две трети от всех представленных гаплотипов, остальные рассеяны по многим регионам в небольших количествах. Но среди носителей гаплогруппы R2 есть довольно компактная группа с относительно недавним общим предком, и это евреи-ашкенази из Украины, России, Белоруссии, Литвы, Польши. Они составляют четверть носителей гаплогруппы R2 в Европе, и их общий предок жил  $1050 \pm 150$  лет назад. Эта датировка характерна для практически всех ветвей евреев-ашкенази в Европе. В целом же все дерево гаплотипов группы R2 происходит от общего предка, который, по оценкам, жил примерно 6 тыс. лет назад, но эта величина может

оказаться заниженной из-за неоднородности дерева. Можно было бы провести более надежный анализ по каждой ветви, а затем по предковым гаплотипам каждой ветви, но сейчас нам это не особенно нужно. Такая же оценка получается и по базе данных IRAKAZ Русской равнины, там из 6507 гаплотипов 31 (0,5 %) относится к гаплогруппе R2, и из них 28 гаплотипов принадлежат евреям. Остальные 3 гаплотипа имеют два поляка и один татарин. Среди 938 гаплотипов, тестированных в Академии ДНК-генеалогии (Москва), было только два, относящихся к гаплогруппе R2, оба ее носителя — евреи.

### Гаплогруппа С

Это — тоже редкая гаплогруппа у народов России. Она распространена в Средней Азии, особенно в Казахстане, но она там в основном явно пришлая, скорее всего, из монгольских степей, причем в исторически недавние времена. В целом гаплогруппа С распространена по всему миру, от Средней Азии, Индии, Китая и Филиппин до Полинезии, Микронезии и Новой Зеландии, она представлена и у американских индейцев, хотя в меньшинстве по сравнению с гаплогруппой Q. В Европе гаплогруппы С мало, встречается на Британских островах, в Италии, Германии, Испании, Венгрии и других странах. В базе данных IRAKAZ Русской равнины из 6507 гаплотипов только 10 относятся к гаплогруппе С — двое русских, три украинца и пять татар. Из 938 образцов ДНК у мужчин, анализированных в Академии ДНК-генеалогии (Москва), только два относились к гаплогруппе С, один из них киргиз, этническая группа другого неизвестна, данные не указаны.

Столь малое содержание гаплогруппы С в России уже показывает, что татаро-монгольское нашествие XIII в., начиная с битвы на Калке (1223 г.), и последующие два века поборов дани с русских княжеств, следа в Y-хромосомах этнических русских практически не оставило, во всяком случае в виде гаплогруппы С. Оно не оставило и других гаплогрупп, например, Q и R1a-Z93. Вообще исторические источники делают упор на «монголов» в этом нашествии, опять же начиная с битвы на Калке, относительно которого типичной фразой является «сражение закончи-

лось полной победой монголов», хотя никто не показывал, что войско под предводительством Джэбэ и Субэдэя было по этническому составу монгольским, хотя бы преимущественно. Или хотя бы заметно. В любом случае, почему-то принято считать, что раз победили, то победители оставили многочисленное потомство на завоеванных территориях. Пример с гаплогруппой С и этническими русскими показывает, что это было не так. Часто путают военную победу с последующей колонизацией, но в случае «татаро-монгольского ига» со всей очевидностью колонизации не было.

### Гаплогруппа L

Эта гаплогруппа не привлекает особенного внимания исследований, за исключением специальных случаев, а также при внимательном изучении популяций Кавказа и Ближнего Востока. Но и там доля гаплогруппы L среди мужчин не превышает 10 %, то есть, по обычным понятиям, является «минорной по численности». Если эти сведения по «минорной гаплогруппе L» изложить несколько более подробно, то на Кавказе максимальное ее количество — среди аварцев (9 %), чеченцев и азербайджанцев (по 7 %), абхазов (5 %), ингушей и армян (по 3 %), у грузин — 1,5 %. Недалеко, в Иране, — 4 %.

На Ближнем Востоке больше всего гаплогруппы L у ливанцев и курдов (4–5 %), сирийцев и жителей ОАЭ (по 3 %), в Саудовской Аравии — 2 %. В Северной Африке этой гаплогруппы практически нет, максимум — в Египте, 1 %.

Пока можно сказать, что субклад L1a (M27 и M357) намного чаще встречается в Азии — Индия, Пакистан, Афганистан, Казахстан, на Кавказе (в первую очередь в Чечне), а также на Ближнем Востоке — Ирак, Катар, ОАЭ, Саудовская Аравия. Те же страны показывают и основной субклад L1b, с добавлением Грузии, Армении, Турции, Кувейта, Сирии. Субклад L1b1 уже смещается в Европу, хотя проявлен в Турции и Армении, откуда, видимо, и пришел в Европу.

В базе данных IRAKAZ Русской равнины из 6507 гаплотипов только 16 относятся к гаплогруппе L, из них 8 татарских, 5 гаплотипов евреев-ашкенази, 2 украинских и 1 польский. Русских с гаплогруппой L там вообще нет. Среди тестов на

ДНК Московской лаборатории ДНК-генеалогии гаплогруппа L выявлена из 938 человек у пяти — двое русских и по одному у грузин, греков и чеченцев.

### Гаплогруппа O

Гаплогруппа O образовалась 251 снип-мутацию, или примерно 37 тыс. лет, назад. Туда же ведут расчеты, когда жил общий предок гаплогруппы O. Отсюда следует условный вывод, что жизнь в Юго-Восточной Азии в целом могла быть более безмятежной, чем в Европе или на Ближнем Востоке, где ДНК-генеалогические линии часто перехватывались «бутылочными горлышками» выживания. В Юго-Восточной Азии ДНК-линии значительно более протяженные. Хотя они тоже «рваные», но в целом длиннее, чем в «Старом свете». Все эти расчеты и более подробные описания приведены в книге «ДНК-генеалогия от А до Т» (М.: Книжный мир, 2016).

Некоторые ветви гаплогруппы O совсем молодые. Например, в составе довольно большой выборки из 338 гаплотипов казахов и уйгур Синцзяня 55 гаплотипов, то есть 16 %, относятся к субкладу O-M134, и общий предок их жил всего

675 лет назад. В казахском проекте гаплотипов гаплогруппы O нет. По-видимому, часть казахов ушла в Синцзянь раньше 675 лет назад и там получила субклад M134 гаплогруппы O. Для казахов в Казахстане, как следует из изложенного, он нехарактерен.

В базе данных IRAKAZ Русской равнины из 6507 гаплотипов только 10 относятся к гаплогруппе O, из них 6 татарских (из них 1 крымский татарин), 2 русских, 1 украинский и 1 белорусский. Среди тестов на ДНК Московской лаборатории ДНК-генеалогии гаплогруппа O из 938 человек выявлена у пяти — двое русских, два корейца и один башкир.

На этом редкие гаплогруппы среди народов России практически заканчиваются. Есть, конечно, одиночные гаплогруппы, например, найден один человек с гаплогруппой A, которая встречается в основном в Африке, но есть и в Европе, в малых количествах, причем это не чернокожие, а европеоиды, и один крымский татарин найден с гаплогруппой D, характерной больше для японцев и айнов. Но эти отдельные и редкие случаи мы будем рассматривать в соответствующих разделах ниже.



## Часть IV

# НАРОДЫ РОССИИ



# **РОДОВАЯ СТРУКТУРА (ОСНОВНЫЕ ГАПЛОГРУППЫ) 190 НАРОДОВ РОССИИ В ПОРЯДКЕ ИХ ЧИСЛЕННОСТИ**

Порядок расположения разделов в этой части определяется численностью соответствующего этноса, согласно Всероссийской переписи населения 2010 г. Показатели численности приводятся в округленном виде, поскольку задача данной книги состоит не в дублировании официальных сведений с точностью до одного человека (таких данных все равно нет), а в описании родовой структуры народов с точки зрения ДНК-генеалогии. В отношении сведений об истории народов задача книги опять же не в том, чтобы компилировать и переписывать известные данные, которые имеются в учебниках, монографиях и справочниках, а в том, чтобы получить новые данные и сведения на базе ДНК-генеалогии и тем самым проиллюстрировать историю народов России в необычном для многих ракурсе, показать историческую взаимосвязь народов России. Поэтому год переписи населения не имеет особого значения, описание родовой структуры народов и соответствующие выводы останутся без изменения. Тем не менее в книге будут использоваться по возможности последние официальные данные переписи населения и ее национального/этнического состава.

Важно отметить, что при проведении переписи населения граждане указывают свою национальность по принципу самоидентификации. Проверить это практически невозможно, но задача проверки при этом и не ставится. В любом случае, подходы ДНК-генеалогии выявляют родовую структуру каждого данного народа, основываясь на представленной выборке. Самоидентификация граждан является здесь лишь «канвой» исследования. Например, гражданин считает, что он русский (что не подвергается сомнению, и его полное право так считать), а ДНК-генеалогия выявляет по его Y-хромосоме, что он относится к гаплогруппе А, то есть имеет родовое «афри-

канское» происхождение. Это отнюдь не делает его менее русским, как и осетина осетином или таджика таджиком, какая бы гаплогруппа у них не была, но это позволяет во многих случаях выявлять миграционные пути древности, которые привели к формированию данного народа.

Разумеется, численность любого народа, рассматриваемого в этой книге, включает мужчин и женщин. Анализ структуры народов будет здесь проводиться только по мужской «компоненте», при рассмотрении Y-хромосомы. Причины этого были изложены выше. Главное здесь — что женская «компонента», которая проводится при рассмотрении митохондриальной ДНК, мтДНК, не обладает достаточной разрешающей способностью, она распределена по Евразии слишком «грубыми мазками», и структуру популяции она характеризует совершенно недостаточно. Но поскольку «свои обычно женятся и выходят замуж за своих», то выводы ДНК-генеалогии, полученные при изучении мужской «компоненты», обычно применимы и к женской «компоненте». Желаящим в этом убедиться можно предложить проехать по населенным пунктам народов России, чтобы увидеть, что там действительно семьи состоят в основном из «своих». Есть, конечно, исключения, но они только оттеняют правило. Несогласным скептикам рекомендуется провести свой анализ и выступить с фактами и другими выводами в руках. Это более конструктивно, чем быть «несогласным скептиком-теоретиком», рассуждая «по понятиям». А надо — по науке.

## **1. РУССКИЕ**

Перепись населения 2010 г. включает в число русских также казаков и поморов. Следуя принципам анализа, изложенным выше, численность граждан Российской Федерации, которые считают себя русскими, определяется самоидентификацией — обычно это люди, для которых родной язык русский, которые считают, что они принадлежат русской культуре, и предки которых жили на территории России.

Численность русских в Российской Федерации составляет чуть больше 111 млн человек, мужчин и женщин, или примерно 81 % от всего населения России, указавших свою

национальность. Из них мужчины составляют 50 млн 600 тыс. человек (округленно).

По данным переписи населения 2010 г. в состав русских (по факту или по названию) входят также ведрусы, великороссы, горюны, горяне, гураны, духоборы, дырники, затундренные крестьяне, индигирцы, карымы, кержаки, колымчане, красноверцы, кулугуры, липоване, молokane, нууча, обские старожилы, русско-устыинцы, семейские, сибиряки, скобари, смоляки, староверы, тютнярцы, чалдоны, челдоны, якутяне. Это тоже была самоидентификация людей, назвавших себя русскими, в опросных листах.

Чтобы визуальнo представить родовую, или гаплогруппную, структуру русских, обратимся к выборкам разных лет, представленным в виде табл. 2 и затем деревьям гаплотипов, и поясним, что они показывают.

В данные табл. 2 включены три выборки — «научная», суть которой обсуждается в следующем разделе, и две «коммерческие» — «Гаплотипы Русской равнины» (IRAKAZ) и база данных Академии ДНК-генеалогии, все три выборки в данной таблице показывают только русских.

**Таблица 2.** Содержание гаплогрупп русских в трех основных базах данных, использованных в настоящей книге. Последняя колонка приведена для сравнения, это самые ранние данные 2006 г., н/п — не показано

Гаплогруппа	«Научная выборка» (Roewer и др., 2008), 542 гаплотипа, %	«Коммерческая выборка», IRAKAZ, Русская равнина, 1218 гаплотипов, %	База данных Академии ДНК-генеалогии, 589 из 938 гаплотипов, %	Данные статьи Деревянко (2006), 414 человек, %
R1a	48	52	47	48
N	15	16	18	14
I2a	14	9	12	16*
I1	7	7	6	
R1b	5	6	7,2	7
E1b	3	4,5	2,9	1,9
J2	3	1,8	2	1,5**
G2a	1,8	1,5	1,5	1,2
K	1	0	0	1,9
F	0,9	0	0	2,2
C	0,4	0,17	0	0,2
R2	0,2	0	0	н/п
J1	н/п	0,7	1,4	н/п
Q	0	0,6	0,5	н/п
T	0	0,4	0,7	н/п
O	0	0,17	0,4	н/п
L	0	0	0,4	0
H	0	0,08	0	1
A	0	0,08	0	н/п

\* Видимо, сумма гаплогрупп I2 + I1.

\*\* Видимо, сумма гаплогрупп J1 + J2.

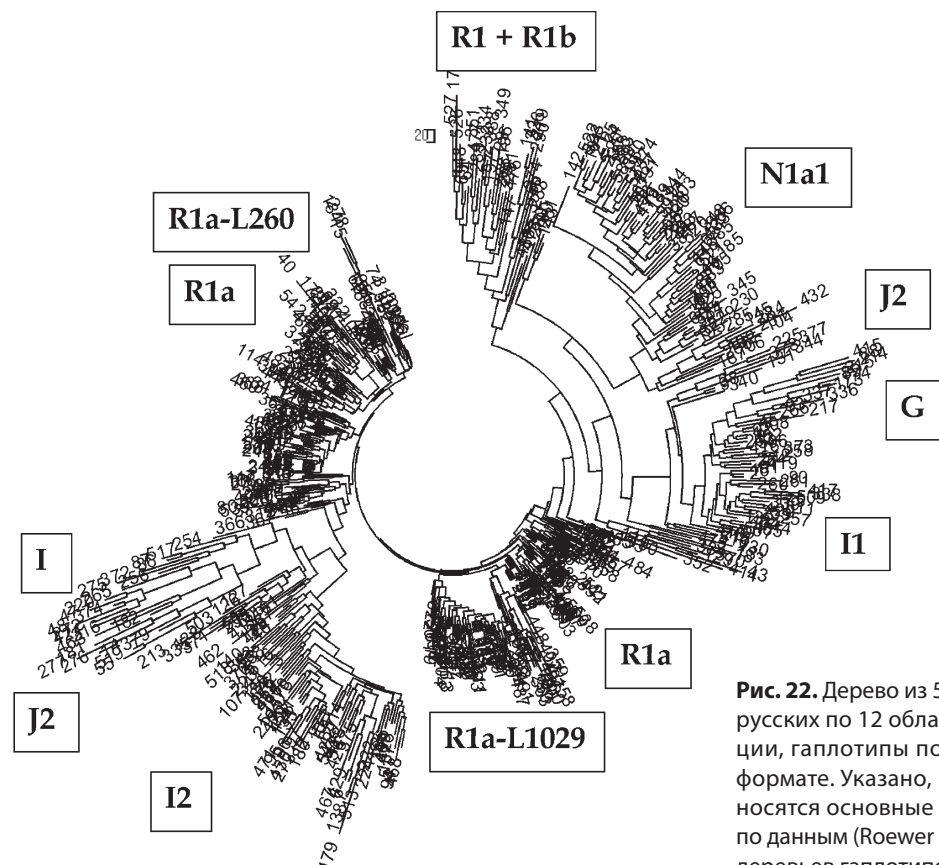
Как видно, совершенно разные выборки, обследованные на протяжении 14 лет, показали практически одинаковые результаты. Это к вопросу о воспроизводимости выборок.

### «Научная выборка» гаплотипов этнических русских

Первое заметное исследование этнических русских было проведено по 12 областям Российской Федерации в 2008 г. международным коллективом исследователей (Roewer и др., 2008). Это были области: Архангельская, Брянская, Вологодская, Ивановская, Липецкая, Новгородская, Орловская, Пензенская, Рязанская, Смоленская, Тамбовская и Тверская, общая численность выборки 542 человека. На первый взгляд это число малое, но для того мы и покажем ниже результаты других выборок, полученных другими исследователями в другие времена и по другим людям, чтобы продемонстрировать, что выводы остаются принципиально теми же.

Надо особенно подчеркнуть, что данная выборка является «научной», а не «коммерческой», определение обоих понятий дано выше, в разделе «Глоссарий». Поэтому мы начнем рассмотрение гаплотипов этнических русских с нее и далее покажем, что «коммерческие» выборки не уступают научным, а в ряде отношений превосходят — и по протяженности гаплотипов, и по их числу в выборке, и порой по географическому «охвату».

Мы видим, что дерево имеет весьма характерную структуру и показывает, что этнические русские (мужчины) включают целый ряд родов (гаплогрупп), каждый из которых (и род, и эквивалентная этому понятию гаплогруппа) происходит от одного общего предка. Датировки гаплогрупп приведены в предыдущей части этой книги, датировки общего предка рассчитываются для каждой ветви и подветви из набора гаплотипов данной ветви и подветви.



**Рис. 22.** Дерево из 542 гаплотипов этнических русских по 12 областям Российской Федерации, гаплотипы получены в 17-маркерном формате. Указано, к каким гаплогруппам относятся основные ветви дерева. Построено по данным (Roewer и др., 2008), в самой статье деревьев гаплотипов нет

## Немного расчетов

Приведем пример. Среди 542 гаплотипов было всего 10 человек, относящихся к гаплогруппе G. Это определяется методами генетического анализа, причем определяется однозначно, потому что в Y-хромосоме каждого из этих десяти человек имеется уникальная мутация, которой нет ни у кого из носителей других гаплогрупп. Эта мутация состоит в замене гуанина на тимин в нуклеотиде Y-хромосомы под номером 12 915 617 и получила название M201. Буква M является кодом лаборатории, в которой эта мутация была идентифицирована и описана. Так вот, эта конкретная мутация, относящая человека к носителю гаплогруппы G, не была найдена у 532 человек из выборки, но обнаружена у десяти мужчин — один из Липецкой области, двое из Новгородской, четверо из Орловской, двое из Ивановской и один из Тамбовской. Их гаплотипы в 17-маркерном формате имели вид:

```
13 23 15 10 13 14 11 12 11 29 17 16 19 12 17
11 21,
14 22 16 10 13 14 12 12 11 28 17 16 22 11 15
10 20,
14 21 16 10 13 16 11 12 11 28 15 16 22 11 15
10 21,
14 22 15 10 15 16 12 12 10 29 16 16 21 11 14
10 21,
15 21 15 10 13 15 11 12 11 29 16 16 23 11 16
10 21,
14 22 15 10 13 15 12 14 11 32 18 17 20 12 16
10 22,
13 22 16 10 14 17 11 12 11 29 18 16 22 11 14
10 22,
14 23 15 10 14 15 11 12 12 28 16 16 21 11 16
10 21,
14 21 16 10 13 16 11 12 11 28 15 16 22 11 15
10 22,
14 23 15 10 15 16 11 11 10 28 16 16 21 11 15
10 22.
```

С помощью простых правил выявляется базовый, или предковый, гаплотип данной серии гаплотипов. Поскольку гаплотипы потомков «разбегаются» в поколениях от предкового гаплотипа, то предковый — это тот, от которого каждый маркер в серии имеет минимальное количество мутаций, то есть числовых отклонений. Это определяется либо на компьютере, например, используя калькулятор Килина–Клёсова (Kilin V.V.,

Klyosov A. A. *Advances in Anthropology*, 2016), либо вручную. В данном случае базовый гаплотип следующий:

```
14 22 15 10 14 15 11 12 11 29 16 16 21 11 15
10 21.
```

Все десять гаплотипов отличаются от него суммарно на 79 мутаций, и общий предок всех десяти гаплотипов жил  $79/10/0,0365 = 216 \rightarrow 280$  условных поколений (по 25 лет каждое), или  $7000 \pm 1060$  лет, назад. Здесь 0,0365 — константа скорости мутации для 17-маркерных гаплотипов; стрелка — поправка на возвратные мутации; продолжительность поколения — математическая величина, связанная с константой скорости мутации, поэтому если кому-то по какой-то причине не понравится величина 25 лет, то любая другая величина приведет к соответствующему изменению константы скорости мутации, и в итоге получится ровно то же количество лет до общего предка. Все эти правила, обоснования и величины подробно изложены в учебнике «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (М.: «Концептуал», 2018). Для данного случая калькулятор Килина–Клёсова дает для времени жизни общего предка датировку (без округления)  $7011 \pm 1055$  лет назад, что практически одно и то же.

Столь подробное изложение принципа расчета в этом разделе имеет иллюстративное значение, и далее мы будем просто давать базовый гаплотип и датировку общего предка.

Для гаплогруппы G у этнических русских датировка общего предка 7 тыс. лет назад — очень древняя и превышает датировки большинства или всех других ветвей-гаплогрупп, как мы убедимся ниже.

Возвращаемся к деревьям гаплотипов этнических русских в цитируемой «научной» выборке.

## R1a

Наиболее массово у этнических русских представлена гаплогруппа R1a, на нее приходится 48 % от всех гаплотипов в данной выборке из 542 человек. Дерево гаплотипов на рис. 22 весьма чувствительно к строению гаплотипов, и, например, гаплотипы гаплогруппы R1a расходятся на несколько ветвей, и не просто расходятся, но даже оказываются по разные стороны дерева. Так, в группе подветвей в нижней части дерева левая подветвь, стоящая на «одной ножке», из 47 га-

плотипов, представляет центральноевропейскую ветвь R1a-M458-CTS11962-L1029, с предковым гаплотипом:

13 25 16 10 11 14 11 13 11 29 16 14 20 11 17  
11 23

и датировкой общего предка, определенного по мутациям в гаплотипах,  $1800 \pm 240$  лет назад. Сам субклад L1029 образовался 18 снип-мутаций, или примерно  $2600 \pm 700$  лет, назад. Мы видим, что эти датировки согласуются в пределах погрешности расчетов. Близкий к нему субклад R1a-M458-L260, по сути являющийся «племянником» и представляющий западнославянскую ветвь с предковым гаплотипом:

13 25 **17** 10 **10** 14 **10** 13 11 **30** 16 14 20 11 **16**  
11 23,

и отличающийся на 5 мутаций (отмечены) и датировкой общего предка  $2500 \pm 400$  лет назад, рассчитанным по мутациям в 19 гаплотипах ветви, образует ветвь на противоположной стороне дерева. Действительно, мы видим, насколько дерево чувствительно к некоторым изменениям в числах в гаплотипах. Хотя 17-маркерное дерево и является относительно грубым, как будет показано ниже, по сравнению, например, с 67- или 111-маркерным деревом, но приведенные два предковых гаплотипа полностью воспроизводят по 111-маркерным предковым гаплотипам этих ветвей, субкладов L1029 и L260:

**13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 9 11**  
11 23 **14 20** 32 12 13 15 15 16 — 11 **11** 19 23  
**17** 16 18 19 34 37 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 — 33 15 9 15 12 26 27 19 12  
12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10  
19 15 19 12 23 14 12 15 24 12 **23** 19 10 15 17 9  
11 11 (L1029),

**13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11**  
11 23 **14 20** 32 12 15 16 16 — 11 **11** 19 23 **16** 16  
18 19 35 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 — 31 15 9 15 11 26 27 19 12 12 12 12 10  
9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15 19 12  
23 14 12 15 24 12 **23** 19 10 15 17 9 11 11 (L260).

Здесь, в 111-маркерных гаплотипах, выделены 17 маркеров, которые были определены в 17-маркерных гаплотипах. Совпадение полное, по всем 17 маркерам. Таким образом, мы видим, что пользоваться 17-маркерными гаплотипами

во многих случаях вполне приемлемо. Осталось сверить датировки. По 137 гаплотипам в 111-маркерном формате (то есть по 15 207 маркерам) субклада L1029 датировка общего предка была  $2300 \pm 240$  лет назад, что проходит «по краю» погрешности с  $1800 \pm 240$  лет назад для 47 гаплотипов в 17-маркерном формате (то есть по 799 маркерам, что есть в 19 раз меньше, чем для 111-маркерных гаплотипов) и теперь почти совпадает с датировкой по снипам ( $2600 \pm 700$  лет назад).

Для западнославянского субклада L260 гаплотипы в 111-маркерном формате в количестве 107 (то есть по 11 877 маркерам) дают датировку общего предка  $2400 \pm 300$  лет назад, что почти совпадает с датировкой  $2500 \pm 400$  лет назад для 19 гаплотипов в 17-маркерном формате (то есть по 323 маркерам, что в 37 раз меньше, чем для 111-маркерных гаплотипов) и теперь почти совпадает с датировкой по снипам ( $2600 \pm 800$  лет назад).

Остальные подветви гаплогруппы R1a на дереве гаплотипов представляют наложение (суперпозицию) целого ряда субкладов, которые в 17-маркерном формате не разделяются. Ситуацию проясняют далее выборки по 111-маркерным гаплотипам. Гаплотипы в числе 66 в подветви справа в нижней части дерева на рис. 22 объединяют субклады: восточнокарпатский (Z280-CTS1211-CTS3402-Y33-CTS8816-Y2902), центральноевразийский (Z280-CTS1211-YP997), балто-карпатский (Z280-CTS1211-Y35-CTS3402-YP237-YP582-YP578) и другие, в то время как 125 гаплотипов в верхней части дерева показывают много подветвей, относящихся к субкладам двух североэвразийских ветвей (Z280-Z92-Z685 и Z280-Z92-Y4459), западной евразийской (Z280-CTS1211-Y35-CTS3402-Y33-YP968), североэвропейской (Z280-CTS1211-CTS3402-YP237-YP234-L365), балтийской (Z280-CTS1211-Y35-CTS3402-YP237-YP35-YP234-YP295-L366), северокарпатской (Z280-CTS1211-CTS3402-Y33-CTS8816-L1280) и другие. Мы их будем кратко обсуждать ниже, при рассмотрении деревьев более тонкого разрешения, в 111-маркерном формате. Здесь же, в качестве информации для последующего обсуждения, приведем диаграмму субкладов, в основном встречающихся у этнических русских.



**R M207**  
 • **R1 M173**  
 •• **R1a M420**  
 ••• **R1a1 M459**  
 •••• **R1a1a M198**  
 ••••• **R1a1a1 M417**  
 •••••• **R1a1a1b Z645**  
 ••••••• **R1a1a1b1 Z283**  
 •••••••• **R1a1a1b1a Z282**  
 ••••••••• **R1a1a1b1a1 M458**  
 •••••••••• **R1a1a1b1a1a L260**  
 ••••••••••• **R1a1a1b1a1b CTS11962.1**  
 •••••••••••• **R1a1a1b1a1b1 L1029**  
 ••••••••••••• **R1a1a1b1a2 Z280**  
 •••••••••••••• **R1a1a1b1a2a Z92**  
 ••••••••••••••• **R1a1a1b1a2a1 Z685**  
 •••••••••••••••• **R1a1a1b1a2a2 Y4459**  
 ••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b CTS1211**  
 •••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b1 P278.2**  
 ••••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b2 L784**  
 •••••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b3 CTS3402**  
 ••••••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b3a L365**  
 •••••••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b3b L366**  
 ••••••••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b3c L1280**  
 ••••••~•••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b3d YP314**  
 •••••••••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b3e Y2910**  
 ••••••••••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2b3f YP335**  
 •••••••••••••••••••••••••• **R1a1a1b1a2c S24902**

**Рис. 23.** Диаграмма субкладов гаплогруппы R1a, наиболее часто встречающихся у этнических русских

Первые две строки здесь — это гаплогруппы R и R1, вышестоящие по отношению к R1a и приведенные здесь для иллюстрации, откуда гаплогруппа R1a появилась. Далее идут четыре строки (субклады M420, M459, M198 и M417), показывающие древнейшие евразийские и европейские субклады гаплогруппы R1a. Следующим идет арийский субклад Z645, который образовался 41 снип, или примерно 5,9 тыс. лет, назад, за ним следуют два субклада Z283 и Z282 и затем субклады двух суперветвей M458 и Z280, это общеевропейский субклад и субклад Русской равнины. Каждый из них в свою очередь подразделяется на группы, на диаграмме показаны три нижестоящих субклада для M458 и 14 субкладов для Z280.

Название «арийский субклад» почему-то вызывает нервозность у некоторых людей, и не очень понятно, чем их обидели древние арийские племена. Как пояснялось выше, арийский субклад — это R1a-Z645, носители которого прошли по Евразии на Южный Урал и затем в Индостан, и до 72 % населения высших каст в Индии и почти все 100 % браминов имеют этот субклад (с нижестоящими ветвями); носители того же субклада стали «авестийскими ариями» Ирана и «митаннийскими ариями» Ближнего Востока, о которых знает любой историк. Наименования «арии» сотнями использовали в своих работах археологи Л. С. Клейн и Е. Е. Кузьмина, и затем мы показали, кто они (арии) были в рамках подходов ДНК-генеалогии.

Полная диаграмма гаплогруппы R1a включает более 700 субкладов, но здесь показаны только наиболее значимые (по численности) субклады. Не показаны также обширные субклады Z284 и Z93, которых практически нет у этнических русских.

В дальнейшем мы будем по мере необходимости проводить отнесения обсуждаемых гаплотипов к показанным субкладам и их нижестоящим группам.

## I2

Еще одна довольно значимая ветвь на дереве гаплотипов — это ветвь гаплогруппы I2. В цитируемой работе (Roewer и др., 2008) определяли только гаплогруппу I, без деления на субклады I1 и I2. Более того, в субкладе I2 присутствовали также субклады I2a и I2b, которые в статье тоже не разделялись. Поэтому ограничимся изображением рис. 22 и тем, какую ветвь там занимает субклад I2, в ветви которого 80 гаплотипов, то есть 15 % от всех. Большинство из них представляет южнославянский субклад I2a, по оценке к нему относятся 60 гаплотипов. Предковый гаплотип их следующий:

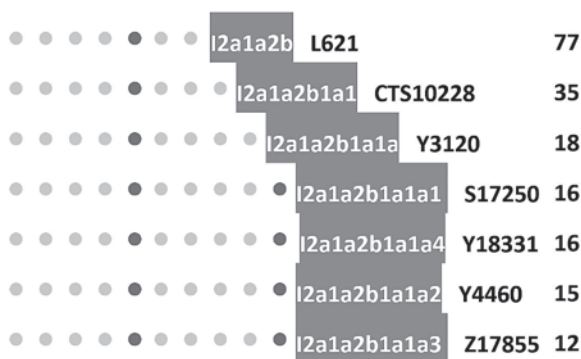
13 24 16 11 14 15 13 13 11 31 17 15 20 10 15 10 23.

Это определение надежно, потому что в другой выборке из 98 гаплотипов в 111-маркерном формате предковый гаплотип следующий:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 11 31 — 17 8 10 11 11 25 15 20 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12 18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12

22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 **23** 18 10 15 19 9 12 11.

Мы опять видим полное совпадение всех 17 маркеров с соответствующими маркерами в 111-маркерном гаплотипе (отмечено). Это свидетельствует о том, что какие бы мы выборки ни брали, мутации расходятся от предкового гаплотипа по одной системе. Поэтому разные выборки сходятся по «разбегу мутаций» к одному предковому гаплотипу. Этот предковый гаплотип относится к субкладу I2a-Y3120, который образовался путем соответствующей мутации 17 снийпов назад, то есть примерно 2,4 тыс. лет назад. Из него в свою очередь образовались четыре южнославянских субклада: S17250, Y18331, Y4460 и Z17855, соответственно 16, 16, 15 и 12 снийпов назад, то есть между 2,3 тыс. и 1,7 тыс. лет назад, при переходе от старой к новой эре. Другими словами, тогда и образовались предки южных (дунайских) славян. Многие их потомки передвинулись на Русскую равнину и оказались в выборке из упомянутых 542 гаплотипов 12 российских областей. Скорее всего, они и понятия не имеют, что они — потомки южных (дунайских) славян, и только гаплотипы рассказали историю их предков.



**Рис. 24.** Динамика образования субкладов южнославянской группы I2a1, колонка справа показывает число снийп-мутаций до образования соответствующих субкладов от настоящего времени. Одна снийп-мутация образуется в среднем раз в 144 года в соответствующем референсном фрагменте Y-хромосомы размером в 8,5 миллиона пар оснований

Компания YFull поддерживает обширную базу данных, которая выстроена в соответствии

с субкладами гаплогруппы I2 (в данном случае), и по большинству субкладов приведены примеры конкретных их носителей по странам и регионам. Из многих сотен приведенных носителей русские встречаются, за крайне редкими исключениями, только в упомянутых выше четырех южнославянских субкладах, которые образовались, как указано выше, между 2,3 тыс. и 1,7 тыс. лет назад. Динамика образования этих субкладов показана на следующей сокращенной диаграмме (полный перечень субкладов в гаплогруппе I2 насчитывает 891 наименование по состоянию на сентябрь 2020 г.).

### N1a1

Эта гаплогруппа среди этнических русских находится на втором-третьем месте, в зависимости от выборок. На севере России ее носителей больше, на юге — меньше. В выборке (Roewer и др., 2008) на гаплогруппу N1a1 приходится 14 % от всех гаплотипов. Ее ветвь (справа сверху на рис. 22) расходится на целый ряд подветвей, каждая из которых в идеале должна соответствовать определенному субкладу, но в реальности, с короткими 17-маркерными гаплотипами, ветви частично накладываются друг на друга. Поэтому уточнение субкладов и ветвей мы проведем ниже, с применением 111-маркерных гаплотипов. В целом же все 78 гаплотипов гаплогруппы N1a1 имеют предковый (базовый) гаплотип:

14 23 15 11 11 13 10 14 14 30 17 14 19 11 14  
10 22

с датировкой жизни общего предка  $3300 \pm 380$  лет назад. Этот предковый гаплотип полностью совпадает с предковым 111-маркерным гаплотипом субклада N1a1-Z1936, который был определен по большой выборке 111-маркерных гаплотипов:

14 23 15 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14  
15 18 18 35 35 13 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10  
12 21 22 14 10 12 12 18 7 13 20 21 15 12 11 10  
11 11 12 11 — 40 15 8 15 12 23 27 19 13 13 11  
12 14 9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15  
21 12 22 13 13 14 27 12 22 18 11 13 16 8 13 11,

а также с предковым гаплотипом субклада L1025:

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 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 36 36 14 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12

21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 — 39 15 8 15 12 23 27 19 13 14 11 12 13  
9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15 21 12  
22 13 13 14 26 12 **22** 18 11 13 16 8 12 11.

Как видно, 17-маркерные гаплотипы недостаточны для выяснения, какой из этих двух 111-маркерных гаплотипов был предковым для данной выборки этнических русских. Посмотрим на датировки образования обоих снийпов.

Субклад Z1936 образовался 30 снийп-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, видимо, еще на Урале. Из него вышли две ветви, балтославянская и финская, которые разошлись примерно 2,6 тыс. лет назад, в середине I тыс. до н. э. В 111-маркерном формате общий предок серии гаплотипов Z1936 жил  $2650 \pm 290$  лет назад, то есть в те же времена. Поэтому общий предок выборки современных носителей гаплогруппы N1a1 по 12 областям европейской части Российской Федерации жил относительно не так давно, в середине I тыс. до н. э. Это в целом согласуется с результатами других выборок, а также с другими данными, согласно которым носители гаплогруппы N1a1, выйдя с Урала, достигли юго-восточной части Балтики, позже войдя в состав литовцев, латышей и эстонцев, только в конце I тыс. до н. э. или в начале I тыс. н. э., а будущие финны гаплогруппы N1a1 пришли на свою будущую территорию только ближе к середине I тыс. н. э.

Снийп Z1936 по происхождению уральский, а по направлению миграции — новгородско-псковский (расстояние между этими городами составляет двести с небольшим километров), или чудско-ильменский. Эти ветви охватывают субклады

Z1936 > Z1934 > Z1928 > YP6091 > YP6094 > YP6092, и

Z1936 > Y18421 > Y19108/Z35275 > Y19451

Помимо упомянутых 12 областей РФ (гаплотипы гаплогруппы N1a1 присутствовали в каждой из этих областей), эти субклады сейчас имеют многие жители Псковской области, Чувашии и других регионов. Некоторые носители этих субкладов сейчас живут в Финляндии и Швеции, но их гаплотипы имеют характерные балтославянские признаки, которые имеют уральское происхождение, а именно пара 10–10 и четверка 14–14–15–15 в соответствующих маркерах гаплотипа (маркеры DYS459 и DYS464 соответ-

ственно, во второй панели приведенного выше 111-маркерного гаплотипа). У финнов (по древнему происхождению) там другие комбинации чисел, а именно 9–9 и 13–13–14–14.

Снийп L1025 значительно более поздний по сравнению с Z1936 и образовался 18 снийп-мутаций, или 2,6 тыс. лет, назад, уже в ходе миграции носителей гаплогруппы N1a1 по Русской равнине. Общий предок группы из 27 современных гаплотипов субклада L1025 в 111-маркерном формате жил  $2760 \pm 300$  лет назад. Как видно, в этом случае время образования снийпа L1025 и время жизни общего предка ветви на дереве 111-маркерных гаплотипов практически совпадают в пределах погрешности расчетов.

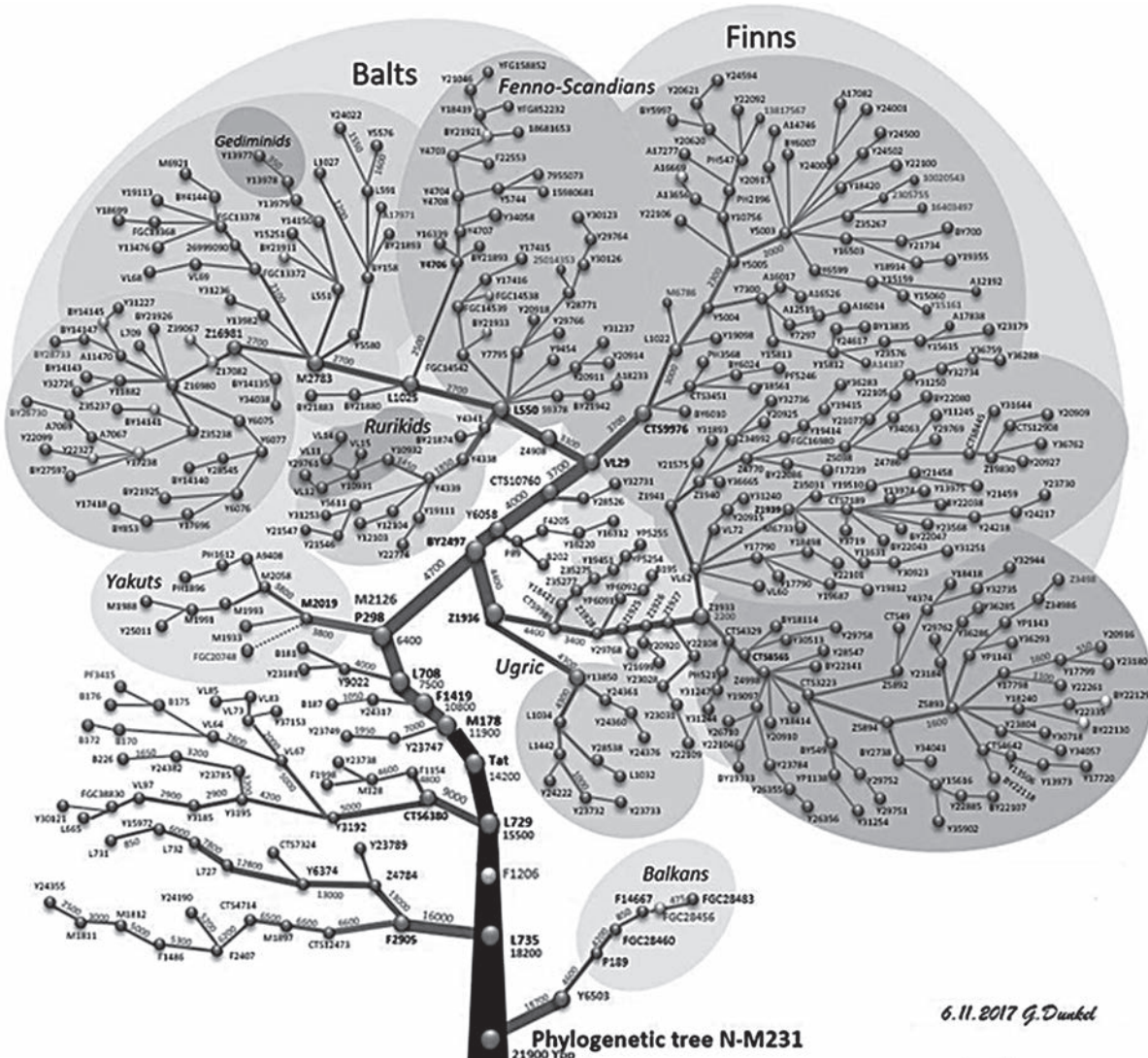
Так что и здесь 17-маркерные гаплотипы не позволяют определить, какой их основной предок — субклад Z1936 или L1025. Наиболее вероятно, что тот и другой. Оба прошли в середине I тыс. до н. э. от Урала по средней полосе России, но L1025 прошел дальше и больше выражен, например, в Польше.

Набор подветвей ветви N1a1 на дереве гаплотипов на рис. 22 будет приведен ниже, на примере 111-маркерного дерева гаплотипов. Сейчас только отметим, что там присутствуют подветви снийпов L1022, L550, L708-Y9022, L708-Y9022-B181 и другие. Два последних гаплотипа — сибирских ветвей, которые прошли по Уралу и вышли на Русскую равнину, где их потомки и продолжают жить в наше время. Общая диаграмма ветвей гаплогруппы N приведена на следующем рисунке, на котором можно найти перечисленные выше ветви и подветви.

## I1

Гаплогруппа I1 считается минорной (по численности) среди этнических русских, и ее доля обычно оценивается в 5 % от всех. Но в цитируемом списке гаплотипов этнических русских (Roewer и др., 2008) можно выявить 37 гаплотипов группы I1 среди всех 542 гаплотипов, то есть около 7 % (хотя, как мы отмечали выше, в цитируемой статье разделения гаплотипов групп I1 и I2 не было). Принципиально разницы с заявленными 5 % нет, потому что эти оценки обычно определяются с погрешностью  $\pm 2$  %, особенно для малого числа гаплотипов в выборке. Посмотрим,





**Рис. 25.** Диаграмма снипов с соответствующими датировками гаплогруппы N. Составлена в конце 2017 г. Источник — сетевые данные G. Dunkel. См. цветную вклейку.

насколько точно мы провели отнесение этих гаплотипов к гаплогруппе I1. Все они имеют предковый гаплотип:

13 22 14 10 13 14 11 12 11 28 15 16 20 10 14 10 22.

Нетрудно показать, что это определение надежно, потому что в другой выборке из 968 гаплотипов (!) в 111-маркерном формате предковый гаплотип следующий:

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 — 10 10 19 21 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9  
11 11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11  
24 17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11

с датировкой общего предка  $3700 \pm 370$  лет назад.

Мы опять видим полное совпадение всех 17 маркеров с соответствующими маркерами в 111-маркерном гаплотипе (отмечено). Это опять свидетельствует о том, что какие бы мы выборки ни брали, мутации расходятся от предкового

гаплотипа по одной системе. Поэтому разные выборки сходятся по «разбегу мутаций» к одному предковому гаплотипу. В данном случае этот предковый гаплотип относится к субкладу I1-M253, который образовался путем соответствующей мутации 186 снийпов назад, то есть примерно 27 тыс. лет назад, но это был далекий предковый снийп. Его носители заселили Европу еще, видимо, во времена поздних кроманьонцев и, возможно, к ним и принадлежали, но их снийпы нам неизвестны, потому что примерно 4,5 тыс. лет назад их потомки были почти полностью уничтожены в Европе, когда эрбины, носители гаплогруппы R1b, заселяли Европу как носители культуры колоколовидных кубков и, возможно, других археологических культур. Это уничтожение было настолько общим, что в номенклатуре даже их снийпов-субкладов не осталось, самый древний снийп гаплогруппы I1 в номенклатуре — снийп I1 > CTS12768, то есть второй от самого I1, его нашли у Швеции, сам снийп образовался всего 28 снийп-мутаций, или 4 тыс. лет, назад. До него — провал в номенклатуре, вплоть до самого I1, который образовался 27 тыс. лет назад. Рядом с ним в классификации — снийп I1 > Z17954 > A9606, то есть «параллельный», его нашли у жителя кемеровской области, его снийп A9606 образовался 27 снийп-мутаций, то есть 3,9 тыс. лет, назад. Поскольку общий же предок всех 968 гаплотипов Европы в 111-маркерном формате жил  $3700 \pm 370$  лет назад, то оба носителя древнейших выживших снийпов имеют ту же датировку в пределах погрешности расчетов.

Если вернуться к упомянутым 37 гаплотипам гаплогруппы I1 среди выборки из 542 гаплотипов 12 областей России, то их общий предок жил  $3200 \pm 410$  лет назад, то есть попадает в датировку общего европейского предка современных носителей гаплогруппы I1 в пределах погрешности расчетов. То, что датировка российских носителей I1 представляется несколько меньше общеевропейской, может быть просто следствием малой статистики (и потому находится в пределах погрешности), или носители гаплогруппы I1 пришли на Русскую равнину несколько позже выхода этой гаплогруппы из «бутылочного горлышка» выживания I1 в Европе. Вопрос этот, видимо, не столь значительный, чтобы его обсуждать, но посмотрим на датировки снийпов нескольких рос-

сийских носителей гаплогруппы I1. Первым идет название снийпа, далее регион или город проживания россиянина и далее количество снийпов до указанного снийпа и примерная датировка в годах возникновения данного снийпа (исходя из средней частоты появления снийпов раз в 144 года). Эта статистика в десятки раз меньше, чем таких же данных по шведам и финнам, но это позволяет увидеть, имеются ли такие же снийпы, как у россиян, у шведов или финнов. Иначе говоря, могли ли произойти эти россияне от шведов или финнов, или предки этих россиян пришли на Русскую равнину независимо от шведов или финнов. Результаты:

L22	Тамбовская обл.	27	3900 лет со времени образования снийпа
Y22486	Курская обл.	22	3200 лет
L205.1	Екатеринбург	22	3200 лет
Y7234	Татарстан	21	3000 лет
Y19809	Татарстан	21	3000 лет
Y7231	Россия	21	3000 лет
FGC21612	Ульяновская обл.	21	3000 лет
Y20842	Брянская обл.	18	2600 лет
Y143885	Тамбовская обл.	18	2600 лет
Y21972	Иркутская обл.	17	2400 лет
A6397	Ульяновская обл.	16	2300 лет
A11537	Оренбургская обл.	15	2200 лет
YP1084	Рязанская обл.	12	1700 лет
Y16803	Рязанская обл.	12	1700 лет
Y29631	Алтайский край	11	1600 лет
A17246	Курская обл.	11	1600 лет
Y13389	Карелия	10	1400 лет
Y13389	Татарстан	10	1400 лет
Y73224	С.-Петербург	10	1400 лет
Y49684	Кировская обл.	8	1150 лет
Y12317	Москва	7	1000 лет
Y15024	Москва	7	1000 лет
Y108926	Ярославская обл.	6	860 лет

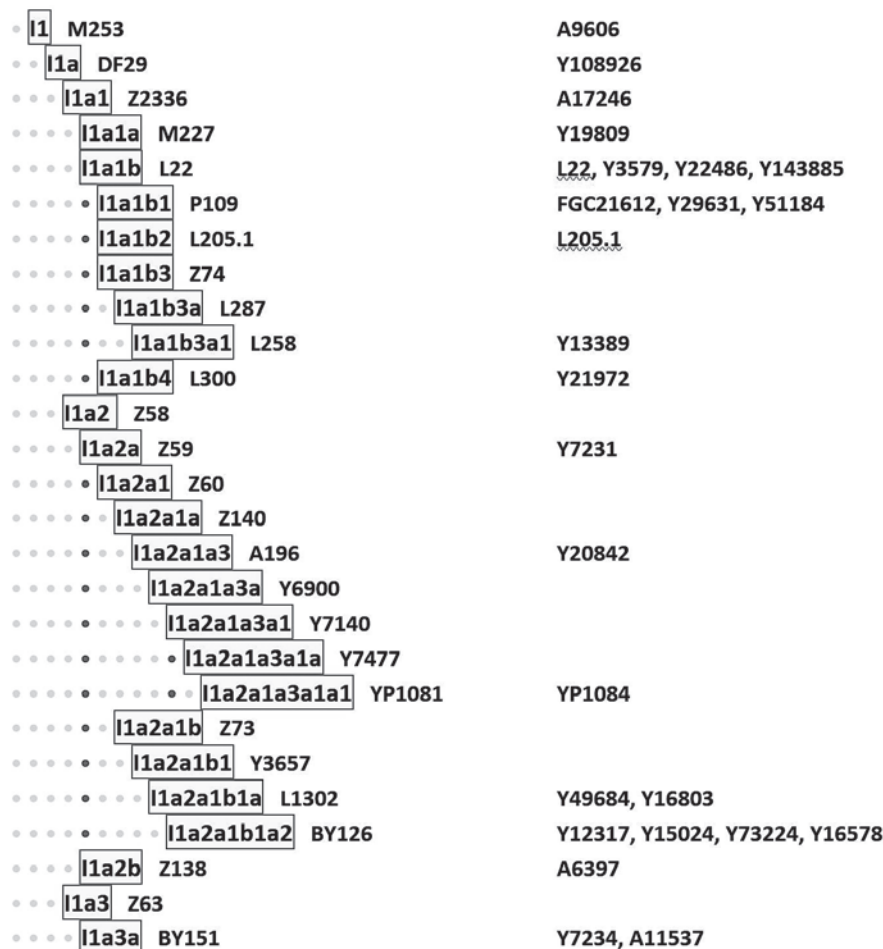
Отвечая на поставленный перед этим списком вопрос, заметим, что почти во всех показанных снийпах, которые имеют россияне, нет ни шведов, ни финнов, хотя их, повторяем, многие сотни человек, в других снийпах. Редкие исключения —



сний Y73224 (образовался примерно 1,4 тыс. лет назад, найден в Санкт-Петербурге) имеет также один финн, сний Y21972 (образовался примерно 2,4 тыс. лет назад, еще в прошлой эре, найден в Иркутской области) имеет также швед, и сний Y7231 (указано только «Россия», образовался примерно 3 тыс. лет назад) имеет также швед.

В целом, снии гаплогруппы I1 у россиян не обнаруживают какой-либо системы и рассыпаны по субкладам всей гаплогруппы, как показано на следующей диаграмме. Иначе говоря, они не занесены на Русскую равнину некой ограниченной по размеру группой носителей I1, например скандинавами. Картина субкладов гаплогруппы I1 на Русской равнине скорее соответствует растянутой по времени диффузией носителей I1, видимо, из Европы, после времен примерно 3,7 тыс. лет назад.

Иначе говоря, в последние от 1 тыс. до 3 тыс. лет почти все эти россияне от скандинавов не произошли. Это к вопросу о ложности «норманской теории», которая ложна еще и потому, что потомков скандинавов еще одной гаплогруппы, R1a-Z284, нет ни в России, ни на Украине, ни в Белоруссии, ни в Литве. Точнее, в России пока найдены три человека, в Литве — один человек. Это к утверждениям норманистов, что на Руси скандинавов было «видимо-невидимо», по разным данным между 20 тыс. и 500 тыс. человек. В таком случае от них должно было остаться «видимо-невидимо» современных потомков. Такого — нет. На карте ниже показано, что «скандинавская» гаплогруппа R1a-Z284 практически не встречается за пределами Скандинавии, за исключением небольших количеств на Британских островах.



**Рис. 26.** Диаграмма субкладов гаплогруппы I1 (в сокращенном виде), справа показаны снии, определенные у россиян и приведенные (не полностью) на сайте компании YFull



**Рис. 27.** Карта современного расселения носителей «скандинавской» ветви R1a-Z284. Видно, что за пределами Скандинавии и части Британских островов этот субклад практически не встречается. Становится ясным, что легенды о повсеместном распространении скандинавов по всей Европе в древние времена, на самом деле являются необоснованными сказаниями. Карта составлена И. Л. Рожанским (<http://dna-academy.ru/haplomaps-r1a-subclades/>)

## R1b

Хотя гаплогруппа R1b является основной по численности в Западной и Центральной Европе, с усредненным содержанием примерно 60 % (в ряде стран и регионов ее относительное количество достигает 85–90 %), среди этнических русских ее доля оценивается в несколько процентов от всех. Действительно, в цитируемом списке (Roewer и др.) имеется 27 гаплотипов группы R1, что на самом деле оказалась R1b, и дает долю в 5 % от всех гаплотипов в списке. Рассмотрение этого списка показывает, что в нем имеется одиночный гаплотип субклада R1b-M73, редкого на Русской

равнине (его в данном случае имеет житель Тверской области), остальные — R1b-M269, причем как минимум половина их относится к субкладу R1b-M269-L23-Z2103, это — прямые потомки по мужской линии обитателей древней ямной культуры (обычно датируемой археологами между 5,3 тыс. и 4,6 тыс. лет назад).

Действительно, общий предок 26 гаплотипов (за вычетом гаплотипа группы M73) по расчетам по числу мутаций от предкового (базового) гаплотипа:

13 24 14 11 11 14 12 13 13 29 17 15 19 11 16 12 23,

жил  $5700 \pm 720$  лет назад, что в пределах погрешности согласуется с датировкой ямной культуры (ее стоянки располагались, в частности, в приволжских степях и на территории современной Калмыкии). Однако более детальный анализ показал, что эта небольшая выборка довольно разнородна, а это обычно «удревает» датировку общего предка. На это указывает самый первый маркер, который у субкладов L23 и L23-Z2103 обычно равен 12, в данном случае он представляет смесь 12 и 13, с небольшим перевесом последнего, и средней величиной 12,56. В независимой выборке из 204 гаплотипов в 111-маркерном формате предковый гаплотип следующий:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
10 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 11 11,

с 17-маркерным предковым гаплотипом совпадают 16 маркеров (отмечены). Поэтому можно заключить, что примесные гаплотипы несколько искажали первый маркер (под названием DYS393) и соответственно завысили датировку времени жизни общего предка. По расчетам по довольно большой серии 111-маркерных гаплотипов, упомянутой выше, общий предок жил  $4583 \pm 462$  года назад (без округления). Это тоже времена ямной культуры, в пределах погрешности расчетов.

Мы столь подробно на этом останавливаемся, чтобы показать, что исследования серий гаплотипов должны быть комплексными, путем сопоставления с другими выборками и тщательным рассмотрением альтернативных объяснений получаемых результатов. Впрочем, это касается любой области науки.

Важно отметить, что показанных выше гаплотипов потомков ямной культуры на Западе очень мало, а те, что есть, имеют относительно малую датировку, намного меньшую, чем та, которая наблюдается для Русской равнины. Очень мало на Западе и носителей субкладов R1b-L23-Z2103, характерных для потомков ямной культуры. Иначе говоря, насельники ямной культуры не шли на Запад, а, как показывают исследования ДНК-генеалогии, повернули на юг и прошли на Кавказ, оттуда — в Анатолию и на Ближний Восток. На

Запад дошли уже носители других ветвей гаплогруппы R1b-L23, причем они прибыли сначала на Пиренеи, кружным путем, и только потом заселили континентальную Европу, между 4,8 тыс. и 4 тыс. лет назад. В этом отношении носители гаплогруппы R1b среди этнических русских не близки генеалогически носителям гаплогруппы R1b в Западной и Центральной Европе, у тех в подавляющем большинстве субклады R1b-L23-P312 и R1b-L23-U106 и нижестоящие субклады. Они в небольшом количестве есть и среди этнических русских, в основном потомков мигрантов из Европы в XVII–XIX вв. — военспецов на службу царю, ремесленников, заводчиков и прочих промышленников.

Для того чтобы еще с одной стороны проиллюстрировать изложенное, обратимся к сводке данных коллектива YFull для субкладов гаплогруппы R1b (<https://www.yfull.com/tree/R1b/>) и примем такой же принцип подачи материала, как в предыдущем разделе. В их таблице приведены более тысячи сний гаплогруппы R1b, и во многих сотнях случаев приведены примеры этих сний, определенных у конкретных людей с указанием их страны или региона. Среди них всего 33 человека из Российской Федерации, и из них около половины с Кавказа (Дагестан, Чечня, Кабардино-Балкария), один из Татарстана. Уже видно, что русских с гаплогруппой R1b в таблице всего несколько человек. Конечно, это в первую очередь показывает активность самих тестирующих, но в целом позволяет и понять, как распределяются русские по сниям-субкладам.

Разделим всех русских носителей сний из описываемой таблицы на три группы. Первая — особенно древние снии гаплогруппы R1b; вторая — снии гаплогруппы R1b ямной культуры и их прямых потомков (субклады L23-Z2103 и L23-Z2103-L584 и нижестоящие), а также родственные («параллельные») снии L23-Z2106, L23-Z2106-Z2108 и нижестоящие; третья — снии Западной и Центральной Европы (R1b-L23-L51-P312 и R1b-L23-L51-U106).

Картина складывается весьма характерная. К древнейшим сниям, которые образовались ранее ямной культуры, относятся всего двое русских (один из Нижегородской области, происхождение второго не указано). Их снии — нижестоящие от R1b-P297 (субклад образовался

107 снип-мутаций, или примерно 15 тыс. лет, назад), M478 (образовался 84 снип-мутации, или примерно 12 тыс. лет, назад) и Y14051 (образовался 54 снип-мутации, или примерно 7,8 тыс. лет назад), и два кавказца — из Дагестана и Кабардино-Балкарии (снипы, близкие по времени образования к P297 и M269, последний образовался 96 снип-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад).

Далее, к снипам ямной культуры или их прямым потомкам относятся 5 русских — двое из Тамбовской области и по одному из Ивановской, Белгородской и Курской областей. Большинство в этом разделе списка — кавказцы, в основном из Дагестана и Чечни, в сумме 11 человек, а также один из Татарстана.

Наконец, к европейским снипам, то есть потомкам прибывших из Европы, относятся 13 человек, из них снипы, нижестоящие к P312, имеют 10 человек (двое из Вологодской и двое из Тамбовской областей, по одному из Тюменской, Кировской, Псковской, Ленинградской областей и двое без отнесения к областям) и снипы, нижестоящие к U106, имеют 3 человека (двое из Смоленской области и один из Москвы). Иначе говоря, представительство западноевропейских субкладов-снипов среди этнических русских очень малое, исходя из сотен тысяч носителей гаплогруппы R1b (в подавляющем большинстве P312 и U106), по сравнению с числом потомков ямной культуры. Еще один вывод — что носители снипов ямной культуры и их потомки значительно представлены на Кавказе, куда древние ямники в своей части и ушли. Это — носители в первую очередь снипов Z2103, Z2106, Z2108 и L584, которые образовались сразу друг за другом соответственно 40, 38, 38 и 35 снип-мутаций назад, то есть примерно 5760, 5470, 5470 и 5 тыс. лет назад, во времена ямной культуры или непосредственно перед ней. Но до Пиренейского полуострова они не дошли, там появился «параллельный» им снип L51, который не нашли в ямной культуре и из которого и образовались европейские P312 и U106, заселившие континентальную Европу.

## J2

Обычно находят, что содержание гаплогруппы J2 у этнических русских составляет примерно 3 %. Так и оказалось в случае «научной» выбор-

ки (Roewer и др., 2008), 16 гаплотипов гаплогруппы J2 из 542 по всей выборке дали долю 3 %. Но даже столь малочисленная выборка разошлась на две ветви по обеим сторонам дерева гаплотипов (рис. 22). Предковый гаплотип ветви справа на дереве:

12 23 14 10 14 15 12 14 11 31 16 15 20 11 15 9 22,

оценочное время жизни общего предка ветви  $4200 \pm 1000$  лет назад. Предковый гаплотип левой ветви:

12 24 15 10 14 17 12 13 11 30 16 15 20 11 15 9 21,

оценочное время жизни общего предка ветви  $7700 \pm 1200$  лет назад.

Эти гаплотипы не похожи на кавказские, которых на Кавказе множество и на западе, и в центральной части, и на востоке. Как будет показано ниже, эти две ветви представляют субклады J2a и J2b, что мы проиллюстрируем на более протяженных гаплотипах. Гаплогруппа J2a-M410 образовалась 188 снип-мутаций, или 27 тыс. лет, назад, гаплогруппа J2b-M102 — 186 снип-мутаций, или практически в то же самое время.

В таблице коллектива YFull, в которой приведены сотни снипов гаплогрупп J2a и J2b, примеров русских носителей этих гаплогрупп немного, причем русские в основном рассеяны в поле субклада J2b-M102 (Омская область, Смоленская, Тульская, Пензенская), а также имеется гроздь образцов из Мордовии, Татарстана, Башкортостана, что мы рассмотрим ниже, в соответствующих разделах данной книги. В поле субклада J2a-M410 имеются гроздья многочисленных образцов из Чечни, Дагестана, Ингушетии, Татарстана, Башкортостана, мы их тоже рассмотрим ниже.

## G

Носителей гаплогруппы G среди этнических русских мало, в данной «научной» выборке всего 10 гаплотипов, то есть 1,8 % от всех. В предыдущем разделе эти 10 гаплотипов были рассмотрены в качестве примера для расчетов, когда жил их общий предок и какой его оценочный гаплотип; оценочный — потому что 10 гаплотипов в 17-маркерном формате это неважная статистика. Тем не менее предковый гаплотип был определен в следующем виде:



14 22 15 10 14 15 11 12 11 29 16 16 21 11 15 10 21.

Повторим, что все 10 гаплотипов отличаются от него суммарно на 79 мутаций, и общий предок всех 10 гаплотипов жил  $79/10/0,0365 = 216 \rightarrow 280$  условных поколений (по 25 лет каждое), или  $7000 \pm 1060$  лет, назад. Здесь 0,0365 — константа скорости мутации для 17-маркерных гаплотипов, стрелка — поправка на возвратные мутации.

Причина, почему серия гаплотипов этнических русских имеет столь древнего общего предка, вполне понятна. Дело в том, что эти гаплотипы, в паре с соответствующими снип-мутациями в Y-хромосоме, прибывали на Русскую равнину неупорядоченно, поодиночке, принадлежа к разным линиям гаплогруппы G, относящихся к разным предкам в разных регионах Европы и Азии. Поэтому совокупность этих гаплотипов с разными снипами дает удаленного во времени общего предка, скорее всего, фантомного. Но на уровне древних общих предков некоторый смысл в таких расчетах все-таки есть, хотя, конечно, для корректного расчета стоит использовать гаплотипы одного субклада. Тогда общий предок тоже отнеслся к данному субкладу.

В этом смысл построения дерева гаплотипов, поскольку такое построение разделяет массив гаплотипов на отдельные ветви. Датировка общих предков становится более строгой, и чем меньше набор снипов в ветви, тем более строгий расчет.

Используем прием, который мы уже применяли в предыдущих разделах, а именно посмотрим, с какими снипами ассоциируются русские носители гаплогруппы G в таблице коллектива YFull. В ней приведены сотни снипов гаплогруппы G, но, как и ожидалось, примеров русских носителей там практически нет. Наблюдаются гроздь образцов носителей гаплогруппы G из кавказских регионов (Адыгея, Дагестан, Чечня, Ингушетия, Кабардино-Балкария), из Татарстана, но от русских есть всего два примера — из Псковской и Рязанской областей. Оба снипа древние — у псковича L201 (образовался 36 снип-мутаций, или 5,2 тыс. лет, назад), у рязанца U1-Y18376 (первый снип образовался 74 снип-мутации, или примерно 10,6 тыс. лет, назад, второй — 14 снип-мутации, или 2 тыс. лет, назад, но он мог образоваться уже на Русской равнине). На этом обсуждение «научной» выборки по гаплогруппе G

можно завершить, и мы продолжим на примерах более протяженных гаплотипов и в большем их количестве в выборках.

## С

Гаплогруппа С нехарактерна для этнических русских. В обсуждаемой «научной» выборке (Roewer и др., 2008) из 542 гаплотипов только два относились к гаплогруппе С. Это всего 0,4 %. Гаплогруппа С, наряду с гаплогруппой Q, в Евразии характерна для Средней Азии, а также для сибирских и монгольских народов. То, что ее практически нет у этнических русских, показывает, что монголы не оказывали влияния в прошлом на генофонд русского народа. Поскольку в составе этнических русских также практически нет субклада R1a-Z93, характерного для татар, башкир, жителей Средней Азии, кавказских народов и древних степняков, включая скифов и хазар (большая часть которых была, видимо, потомками скифов), то можно заключить, что генофонд русского народа на протяжении тысячелетий и до настоящего времени не подвергался заметному воздействию перечисленных народов. Из приведенных в настоящем разделе данных видно, что примерно 77 % этнических русских имеют довольно компактное родовое происхождение — это гаплогруппы древних восточных и западных славян R1a (R1a-Z280 и R1a-M458 соответственно, в сумме 48 %), южных славян (I2a, 15 %) и уральских славян (N1a1, 14 %). Остальные гаплогруппы имеют относительно небольшое количество, от 5 % до долей процента, но степных гаплогрупп, включая монгольские, там нет.

## «Коммерческая выборка» гаплотипов русских с Русской равнины

Трудами члена Академии ДНК-генеалогии И. Л. Рожанского подготовлена база данных IRAKAZ (первые две буквы — это его инициалы) «Гаплотипы Русской равнины», в которой имеется 6507 гаплотипов в 37-, 67- и 111-маркерном формате, по всем гаплогруппам, из которой на русских (точнее, на тех, кто сообщили по анкетным данным, что они русские) приходится 1218 гаплотипов. Как и следовало ожидать, наиболее представительная группа среди русских была R1a, с ее 622 гаплотипами, то есть 52 % от всех.



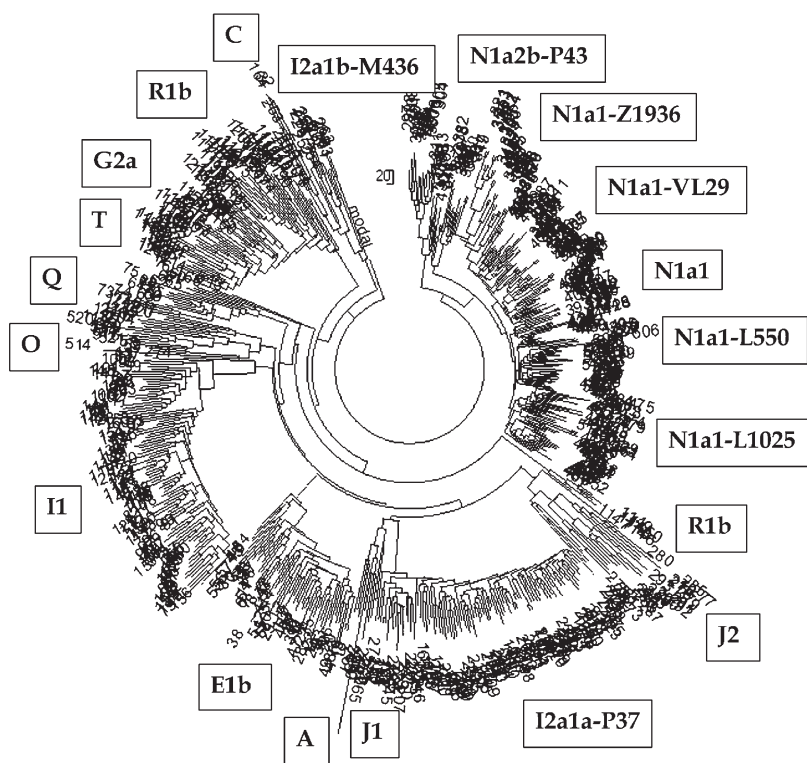
Как видим, это практически равно доле R1a среди этнических русских в «научной» выборке, в которой доля R1a была равна 48 %, выборке Академии ДНК-генеалогии с долей R1a 47 %, учитывая, что погрешность в таких показателях определяется самоидентификацией тестируемых. Например, если представители народов Поволжья — мордва, марийцы и соседние этносы, у которых имеется большая доля гаплогруппы N1a1, записывали себя при тестировании как русских (что происходит часто), то в базе данных окажется завышенной доля русских носителей гаплогруппы N1a1 и, соответственно, заниженной доля носителей других гаплогрупп, в первую очередь R1a. По-видимому, это и наблюдается в последней колонке данных (табл. 2). Но мы видим, что принципиально это ничего не меняет, данные практически воспроизводятся для всех трех баз данных.

Следующие 4 дерева гаплотипов показывают расположение гаплотипов русских из базы данных Русской равнины — 566 гаплотипов всех гаплогрупп в 37-маркерном формате, за вычетом гаплогруппы R1a (622 гаплотипа) (1), отдельно 622 гаплотипа гаплогруппы R1a в 37-маркер-

ном формате (2), 454 гаплотипа гаплогруппы R1a из той же базы данных, но в 67-маркерном формате (3), 174 гаплотипа гаплогруппы R1a из той же базы данных, но в 111-маркерном формате (4).

В табл. 2 приведено процентное содержание гаплогрупп в выборке Русской равнины, включая единственный гаплотип гаплогруппы A1b1b-M32, единственный же гаплотип гаплогруппы H-M69, два гаплотипа гаплогруппы C, субкладов C-M216 и C2a-M86, два гаплотипа гаплогруппы O из субкладов O1b и O2a, пять гаплотипов гаплогруппы T и семь — гаплогруппы Q, и это из общего числа 1220 гаплотипов людей, которые отнесли себя к русским. Как было показано в предыдущем разделе, основные гаплогруппы русских воспроизводятся как R1a, N1a1 и I2a, это же видно на дереве гаплотипов, приведен ном выше, наряду с двумя деревьями гаплотипов гаплогруппы R1a ниже, в 67- и 111-маркерном формате.

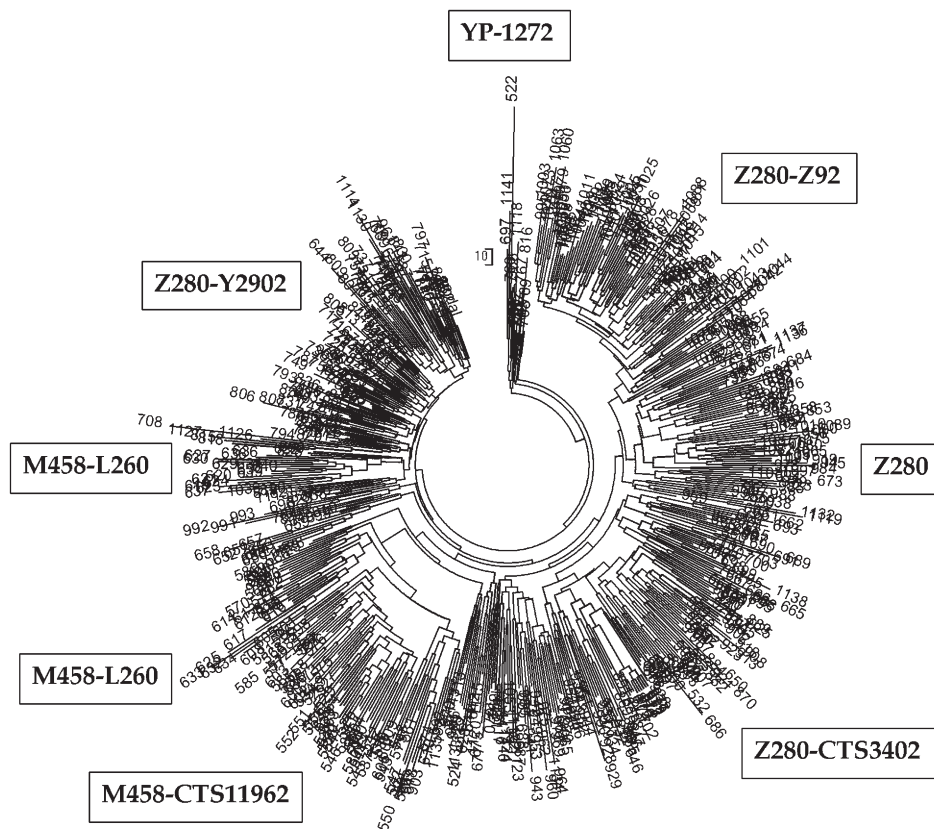
Может возникнуть вопрос — зачем приводить деревья гаплотипов из одной выборки, где вся разница — в 37-, 67- и 111-маркерных



**Рис. 28.** Дерево из 566 гаплотипов русских из базы данных IRAKAZ Русской равнины в 37-маркерном формате, за исключением R1a, которая представлена на отдельном дереве. Указано, к каким гаплогруппам относятся ветви дерева, включая одиночного представителя гаплогруппы A и по два представителя гаплогрупп C и O

форматах? Выборка-то одна? Но в этом есть большой смысл. Выборка в 37-маркерном формате самая полная, в ней в данном случае 1218 гаплотипов. Но дело в том, что многие гаплотипы не определены в более высоких форматах, и при переходе к 67-маркерным гаплотипам их остается уже только 868, то есть 320 гаплотипов потеряны, более четверти от всех; при дальнейшем переходе к 111-маркерным гаплотипам их остается уже только 325. Особенно при этом страдают гаплотипы малых народностей и малые по численности гаплогруппы. Например, при переходе от 37- к 67-маркерным гаплотипам из выборки «вылетает» единственный пример гаплогруппы А, обе гаплогруппы С, треть гаплогруппы G2a, более трети гаплогруппы J1, одна из двух гаплогрупп

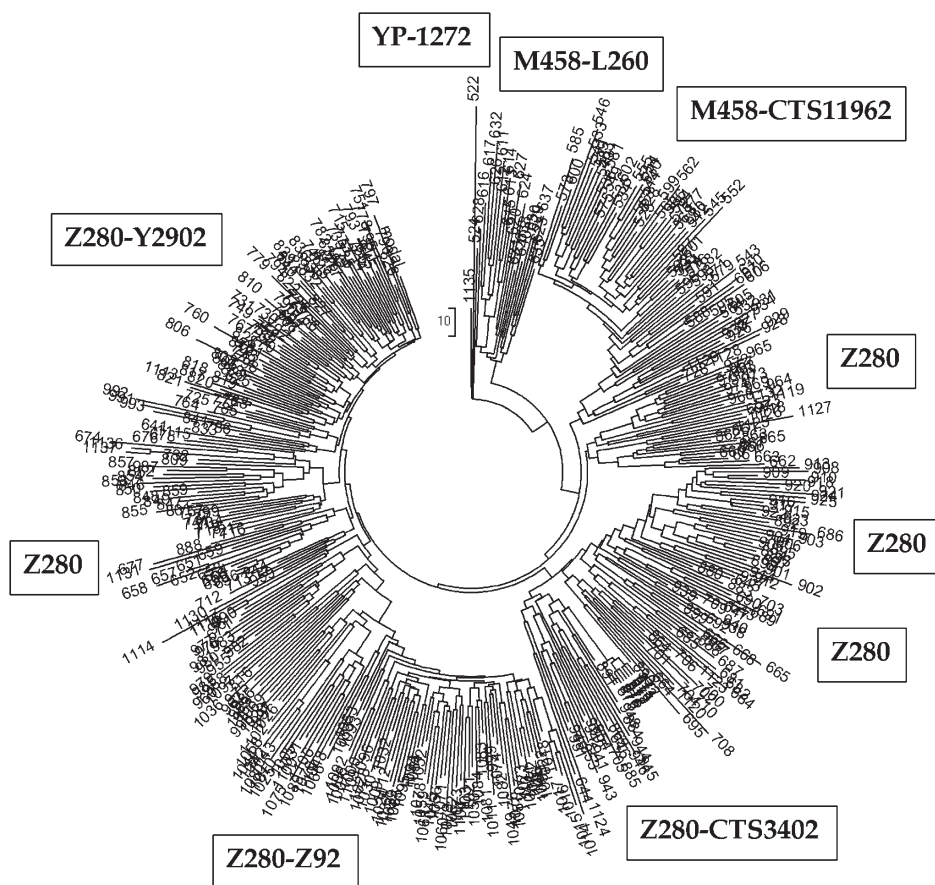
О, два из пяти гаплотипов гаплогруппы Т. Иначе говоря, при этом возрастает качество (бóльшая протяженность) гаплотипов за счет уменьшения самой выборки. Это же относится и к переходу к 111-маркерным гаплотипам, в котором из 54 гаплотипов группы E1b (в 37-маркерном варианте) остается всего 11, из 18 G2a остается 5, из 18 J1 остается 2, из 72 гаплотипов гаплогруппы R1b остаются 12, полностью из списка исчезают гаплотипы гаплогрупп Q и Т. Какой будет результирующий баланс качества, надежности и достоверности выводов — заранее предсказать нельзя, поэтому надо анализировать все разумные варианты, в данном случае — все три формата гаплотипов, и сопоставлять выводы и заключения.



**Рис. 29.** Дерево из 622 гаплотипов русских гаплогруппы R1a из базы данных IRAKAZ Русской равнины в 37-маркерном формате. Приведены наименования двух суперветвей Z280 (субклад Русской равнины, 76 % от всей гаплогруппы) и M458 (европейский субклад, 19 % от всей гаплогруппы) и несколько принципиальных подветвей — субклад CTS11962 (центральноевропейская ветвь субклада M458), L260 (западнославянская ветвь субклада M458), Z92 (североазиатская ветвь субклада Z280), CTS3402 (балто-карпатская ветвь), Y2902 (восточнокарпатская ветвь субклада Z280), остальные Z280 — относительно небольшие ветви этого субклада (пояснения в тексте)

## Гаплогруппа R1a

ше коммерческих заказов персонального ДНК-анализа. Поэтому тщательное исследование вопросов ДНК-генеалогии обычно требует анализа нескольких выборок или нескольких деревьев гаплотипов. Как правило, статистика лучше на более коротких гаплотипах, но глубина анализа лучше на более протяженных гаплотипах. Мы видим (см. подписи к рис. 28–30), что в базе данных Русской равнины было 622 гаплотипа в 37-маркерном формате (из них 611 с идентифицированными снипами), 454 — в 67-маркерном и 174 гаплотипа — в 111-маркерном формате. Но во всех трех случаях наиболее представленные в численном отношении ветви были одни и те же — две суперветви, Z280 и M458 (восточнославянская и общеевропейская соответственно), в соотношении 77 и 19 % соответственно, плюс еще две небольшие веточки — ветви Z93 (2,6 %), прямых потомков древних южных ариев, и скандинавской ветви Z284, в которой были всего три гаплотипа (0,5 %).



**Рис. 30.** Дерево из 454 гаплогрупп русских гаплогруппы R1a из базы данных IRAKAZ Русской равнины в 67-маркерном формате. Приведены наименования двух суперветвей Z280 (субклад Русской равнины, 76 % от всей гаплогруппы) и M458 (европейский субклад, 19 % от всей гаплогруппы) и несколько принципиальных подветвей — субклад CTS11962 (центрально-европейская ветвь субклада M458), L260 (западнославянская ветвь субклада M458), Z92 (североевразийская ветвь субклада Z280), CTS3402 (балто-карпатская ветвь), Y2902 (восточно-карпатская ветвь субклада Z280), остальные Z280 — относительно небольшие ветви этого субклада (пояснения в тексте)

Кстати, все три скандинавских гаплотипа были относительно короткими и выпали из 111-маркерной выборки. В ней две суперветви были в соотношении 80 и 17 % (Z280 и M458 соответственно), то есть примерно таком же, что и в короткой, 37-маркерной выборке. Гаплотипов субклада Z93 в 111-маркерной выборке было 2,3 %, и еще несколько гаплотипов (в численном выражении менее процента) были без указания субклада и снипа.

Еще одна проверка репрезентативности выборок в 37- и 111-маркерных форматах. Для всех 622 гаплотипов в 37-маркерном формате общий предок жил  $4300 \pm 440$  лет назад, для 454 гаплотипов в 67-маркерном формате —  $4200 \pm 420$  лет назад, для 174 гаплотипов в 111-маркерном формате —  $3600 \pm 370$  лет назад. Формально — все они находятся в пределах погрешности друг с другом, но все-таки есть тенденция к уменьшению датировок с переходом к меньшему числу гаплотипов. Основная причина в том, что с переходом к 111-маркерным гаплотипам серия гаплотипов все больше искажается, «перекашивается» и общий предок становится всё более «фантомным», потому что соотношение ветвей меняется. Для правильных датировок надо изучать серию гаплотипов с одним субкладом или с разными субкладами, но представленными с одинаковым «весом». Хотя все три предковых гаплотипа формально практически одни и те же (в пределах протяженности гаплотипов), но при переходе к более протяженным гаплотипам пропорции между субкладами меняются. Проверим это.

Во-первых, приведем сами предковые гаплотипы:

в 37-маркерном формате (622 гаплотипа):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 38 13 11;

в 67-маркерном формате (454 гаплотипа):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10  
11 11 24 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23 16  
16 18 19 35 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11  
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11  
13 11 11 12 13;

в 111-маркерном формате (174 гаплотипа):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23 16 16

18 19 35 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15  
19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Мы видим, что несмотря на разницу в числе гаплотипов, все аллели (числа при маркерах) одинаковы без исключения в своих панелях (37- и 67-маркерных). Эти панели отражают вклад наиболее представленных серий субкладов во всех выборках.

Во-вторых, посмотрим, какие это серии субкладов. В 37-маркерном формате наиболее представлен — по численности — субклад Z280 > Z92, это — североазиатская ветвь, в нем 155 гаплотипов из 472 гаплогруппы R1a-Z280, то есть 33 % от всех Z280 (в этой ветви присутствуют субклады Y4459, CTS9551, YP270, Z685, YP350, YP569, YP682).

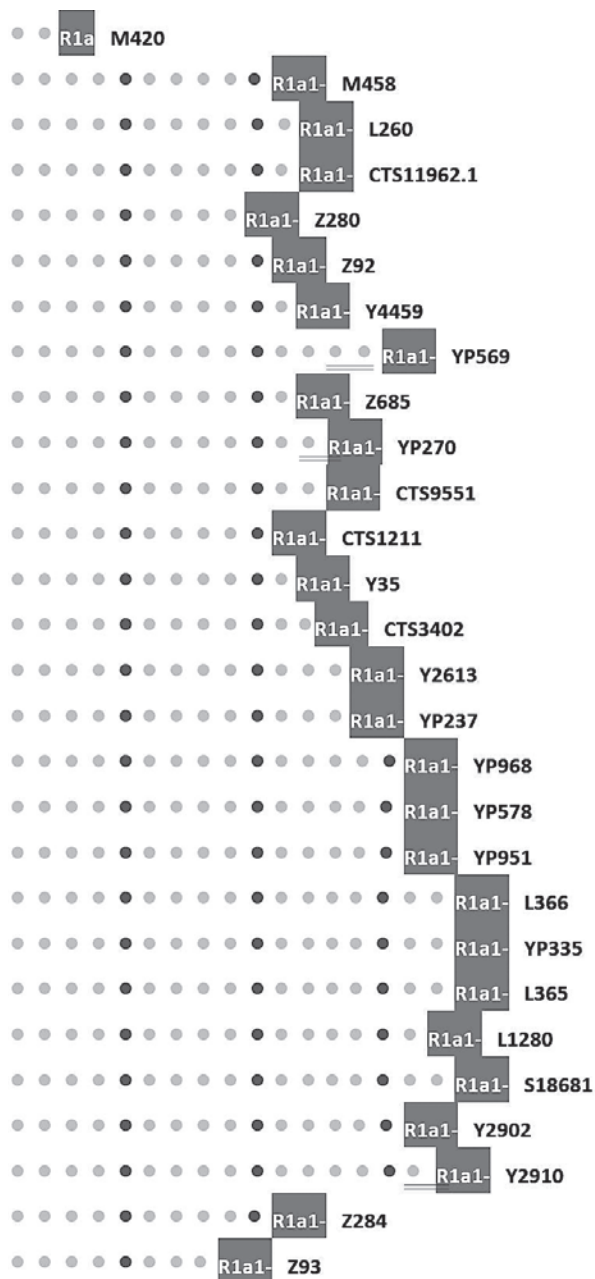
На втором месте — субклад Y2902, восточно-карпатская ветвь, в ней присутствуют субклады YP2910, YP3219, и на ее долю приходится 134 гаплотипа из выборки, то есть 28 % от всех Z280.

На третьем месте — субклад CTS3402, балто-карпатская ветвь, в нем присутствуют субклады YP237, YP234, YP335, L365 (североазиатская ветвь), L366 (балтийская ветвь), Y2613, YP968 (западноазиатская ветвь), L1280 (северокарпатская ветвь-1), S18681 (северокарпатская ветвь-2), YP951, YP578. В балто-карпатской ветви — 125 гаплотипов, то есть 26 % от всех Z280.

Таким образом, на три этих субклада приходится 87 % от всех Z280, то есть подавляющее большинство от основного субклада Русской равнины. Остальные 13 % приходятся на малые по численности ветви — западнокарпатская ветвь YP340, которой мало среди русских, по понятным причинам, и ее нижестоящие снипы P278.2, YP371, YP971, YP372, YP380; центральноазиатская ветвь-1, S24902, и центральноазиатская ветвь-2, YP997, их нижестоящие снипы L784 и YP561, YP568, YP469. В субкладе R1a-M458 — центральноазиатская ветвь занимает 74 % от общего числа гаплотипов от M458, и на долю западнославянской ветви приходится остальные 26 %.

Чтобы лучше представить взаимоотношения между перечисленными субкладами, приведем диаграмму их иерархии.





**Рис. 31.** Диаграмма субкладов гаплогруппы R1a (в сокращенном виде). Буквенно-цифровые наименования субкладов не показаны (они меняются каждый год), поэтому почти во всех субкладах приведено R1a1

Проверим, что наблюдается в этом отношении в серии 67- и 111-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a в базе данных Русской равнины, и сведем эти данные в общую таблицу (табл. 3).

Таблица в контексте методологии этой книги имеет важное значение. Она показывает, что при увеличении протяженности гаплотипа в три раза (от 37- до 111-маркерного гаплотипа), как и в промежуточном случае 67-маркерного гаплотипа, и при соответствующем уменьшении размера выборки в 3–4 раза, основные результаты и выводы сохраняются. Разумеется, имеют место некоторые колебания в процентном отношении, но они несоизмеримы с колебаниями численности самой выборки. Основные по численности субклады сохраняются, как и их процентные соотношения, малые субклады остаются по численности малыми, могут даже исчезать из выборки при увеличении протяженности гаплотипов, но принципиальные выводы все равно сохраняются. Что с того, что среди 1218 гаплотипов Русской равнины в 37-маркерном формате только три были «скандинавскими», среди 868 гаплотипов в 67-маркерном формате те же три были скандинавскими, а в 111-маркерном формате их не осталось ни одного?

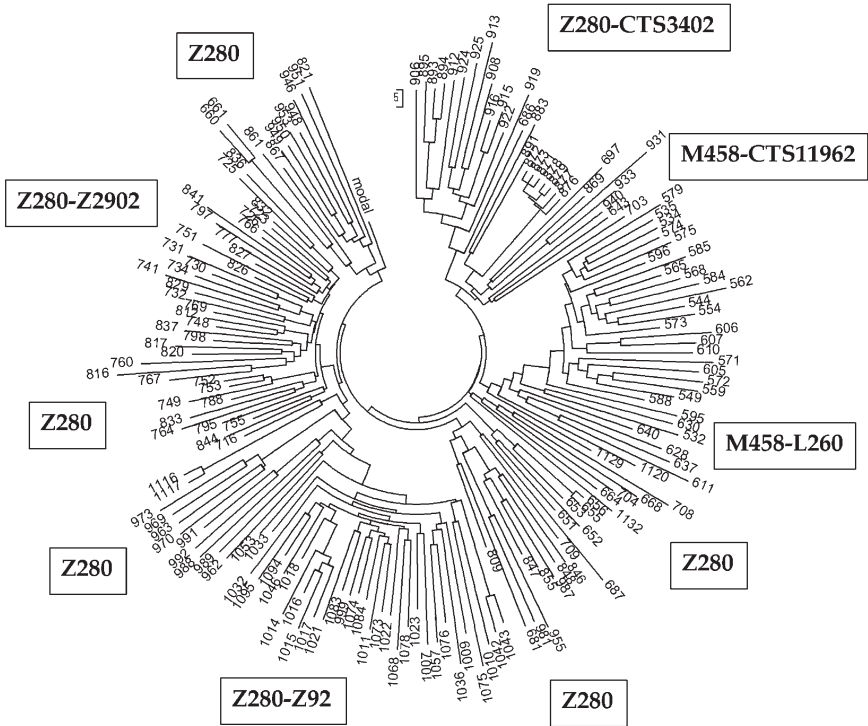
Принципиальный вывод тот же самый, что был сформулирован выше, — среди русских носителей «скандинавского» снипа R1a-Z284 пренебрежимо мало. Ясно, что никаких «видимо-невидимо» скандинавов в Древней Руси не было, и потомков от них практически не осталось, тем более что в данном случае неизвестно, откуда появились предки этих «скандинавских» гаплотипов на Русской равнине — вполне возможно, что в относительно недавнее время, в Средние века или позже. Попытка сопоставления этих трех «скандинавских» (по происхождению) гаплотипов, хотя ничего значимого дать не может (кроме того, что они вдруг оказались бы близкими родственниками), показала, что их (фантомный при такой «выборке») «общий предок» жил  $3500 \pm 630$  лет назад. Это означает, что предки всех трех гаплотипов прибыли на Русскую равнину «бессистемно».



**Таблица 3.** Доля основных субкладов в гаплогруппе R1a в сериях гаплотипов в 37-, 67- и 111-маркерных форматах из базы данных Русской равнины

Субклады	37-маркерные гаплотипы, всего 1218 гаплотипов, из них 611 идентифицированных сний R1a <sup>1</sup>	67-маркерные гаплотипы, всего 868 гаплотипов, из них 450 идентифицированных сний R1a <sup>2</sup>	111-маркерные гаплотипы, всего 325 гаплотипов, из них 173 идентифицированных сния R1a <sup>3</sup>
R1a	51 % (от всех гаплогрупп)	52 % (от всех гаплогрупп)	56 % (от всех гаплогрупп)
Z280	<b>77 % (от всех R1a)</b>	78 % (от всех R1a)	80 % (от всех R1a)
Z92	33 % (от Z280)	33 % (от Z280)	31 % (от Z280)
Y2902	28 % (от Z280)	27 % (от Z280)	29 % (от Z280)
CTS3402	26 % (от Z280)	30 % (от Z280)	32 % (от Z280)
M458	<b>19 % (от всех R1a)</b>	<b>17 % (от всех R1a)</b>	<b>17 % (от всех R1a)</b>
CTS11962	74 % (от M458)	73 % (от M458)	83 % (от M458)
L260	26 % (от M458)	27 % (от M458)	17 % (от M458)
Z93	<b>2,3 % (от всех R1a)<sup>4</sup></b>	<b>3,1 % (от всех R1a)<sup>5</sup></b>	<b>2,3 % (от всех R1a)<sup>6</sup></b>
Z284	<b>0,5 % (от всех R1a)<sup>7</sup></b>	<b>0,7 % (от всех R1a)<sup>8</sup></b>	0 %

<sup>1</sup> Всего 622 гаплотипа гаплогруппы R1a.  
<sup>2</sup> Всего 454 гаплотипа гаплогруппы R1a.  
<sup>3</sup> Всего 174 гаплотипа гаплогруппы R1a.  
<sup>4</sup> 16 гаплотипов Z93 (юго-восточный, степной субклад) в 37-маркерном формате.  
<sup>5</sup> 14 гаплотипов Z93 (юго-восточный, степной субклад) в 67-маркерном формате.  
<sup>6</sup> 4 гаплотипа Z93 (юго-восточный, степной субклад) в 111-маркерном формате.  
<sup>7</sup> 3 гаплотипа Z284 (скандинавский субклад) в 37-маркерном формате.  
<sup>8</sup> 3 гаплотипа Z284 (скандинавский субклад) в 67-маркерном формате.



**Рис. 32.** Дерево из 174 гаплотипов русских гаплогруппы R1a из базы данных IRAKAZ Русской равнины в 111-маркерном формате. Приведены наименования двух суперветвей, Z280 (субклад Русской равнины, 76 % от всей гаплогруппы) и M458 (европейский субклад, 19 % от всей гаплогруппы), и несколько принципиальных подветвей — субклад CTS11962 (центральноевропейская ветвь субклада M458), L260 (западнославянская ветвь субклада M458), Z92 (северо-евразийская ветвь субклада Z280), CTS3402 (балто-карпатская ветвь), Y2902 (восточно-карпатская ветвь субклада Z280), остальные Z280 — относительно небольшие ветви этого субклада (пояснения в тексте)

Рассмотрим базовые (предковые) гаплотипы основных ветвей русских носителей гаплогруппы R1a. В принципе, при дальнейшем изучении ДНК-генеалогии древнерусских племен можно будет привести эти предковые гаплотипы в соответствие с самими племенами. Пока таких данных нет, но они, без сомнения, появятся, возможно, и не в столь отдаленном будущем. Как видно из данных таблицы выше, на все три основные ветви — Z92, Y2902 и CTS3402 — приходится для каждой около трети всех гаплотипов (соответственно 33 %, 28 % и 26 % для 37-маркерных гаплотипов, наиболее представительных в данном случае), остальные приходятся на менее представленные (в численном отношении) ветви, некоторые из которых мы здесь тоже рассмотрим.

Итак, североевразийская ветвь R1a-Z280-Z92. Она расходится по двум нижестоящим субкладам, Z92-Z685 и Z92-Y4459. В 111-маркерном формате базовые гаплотипы этих двух субкладов следующие:

13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 33 12 14 15 16 — 11 12 19 23 16 16  
19 19 34 40 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 14 8 13 23 22 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 14  
19 11 23 16 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11  
(R1a-Z280-Z92-Z685)

и

13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 25 14 20 32 12 14 14 16 — 11 12 19 23 15 16  
18 20 34 38 13 11 — 12 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 23 22 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 33 15 9 15 12 25 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15  
20 11 23 16 12 15 24 12 24 19 10 15 17 9 11 11  
(R1a-Z280-Z92-Y4459).

В русской выборке представлен преимущественно субклад Y4459 и его нижестоящие субклады. Кстати, у потомков А. С. Пушкина найден сноп YP682, который является нижестоящим от Y4459:

R1a-Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > Y5570 > YP682,

и который образовался 13 сноп-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет, назад, в начале нашей эры.

Общие предки обоих субкладов, гаплотипы которых приведены выше, жили  $3600 \pm 370$  и  $2900 \pm 300$  лет назад, но между двумя предковыми

ми гаплотипами — 17 мутаций, что для 111-маркерных гаплотипов эквивалентно разнице между обоими гаплотипами в  $17/0,198 = 86 \rightarrow 89$  условных поколений, или 2225 лет ( $0,198$  — константа скорости мутации для 111-маркерных гаплотипов). Тогда общий предок этих двух гаплотипов жил примерно  $(2225 + 3600 + 2900)/2 = 4400 \pm 400$  лет назад. Сравним с датировкой по снопам — сноп Z685 и Y4459 образовались 28 и 24 сноп-мутации назад, что эквивалентно  $4000 \pm 500$  и  $3500 \pm 400$  лет назад, а их родительский сноп Z92 образовался 30 сноп-мутаций назад, или примерно  $4300 \pm 500$  лет назад. Мы видим, что датировки для Z685 ( $3600 \pm 370$  по гаплотипам и  $4000 \pm 500$  лет назад по снопам) согласуются в пределах погрешности расчетов, как и датировки для Z92 ( $4400 \pm 400$  по гаплотипам и  $4300 \pm 500$  лет назад по снопам), но для Y4459 несколько расходятся, хотя формально и в пределах погрешности расчетов ( $2900 \pm 300$  по гаплотипам и  $3500 \pm 400$  лет назад по снопам). Это может указывать, что русские гаплотипы в выборке Русской равнины происходят в основном не от самого Y4459, а от общего предка, который имел нижестоящий сноп, образовавшийся на рубеже конца II — начала I тыс. до н. э. Такой сноп легко идентифицируется — это YP569, который образовался 21 сноп-мутацию, или примерно 3 тыс. лет, назад. Тогда носители вышестоящих снопов (включая Y4459) у русских почти полностью погибли, и их немногочисленные потомки прошли «бутылочное горлышко» выживания, предположительно  $3000 \pm 300$  лет назад, случайно или нет — во времена троянских войн и битвы на реке Толлензе (3200 лет назад). В целом североевразийский субклад R1a-Z92 (а фактически субклад YP591) называют венедским, исходя из территории его максимального распространения и древности, но это пока только условное название. О битве на реке Толлензе см. <http://pereformat.ru/2020/11/tollense-battle/>.

Следующая — восточнокарпатская ветвь Y2902, с предковым 111-маркерным гаплотипом:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
17 20 36 39 12 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 10 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 25 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 25 13 9 10 19 15  
20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17 9 11 11.



**Рис. 33.** Карта современного расселения североевразийской ветви R1a-Z280-Z92. Светлые и темные фишки относятся к разным подветвям субклада, Z685 и Y4459 соответственно. Карта составлена И. Л. Рожанским

Общий предок этой ветви жил  $2200 \pm 230$  лет назад, на переходе от старой к новой эре (или на пару веков ранее), и это рассчитано на основании гаплотипов наших современников. Сам же сний Y2902 образовался 28 снийов, или примерно 4 тыс. лет, назад, во времена фатьяновской археологической культуры (4,3 тыс. — 3,5 тыс. лет назад), но, как это часто бывало, восточно-карпатский род Y2902 почти весь погиб по неизвестным для нас причинам, и немногие уцелевшие члены рода дали новых потомков, которые выжили и продолжили род, то есть прошли «бутылочное горлышко» выживания.

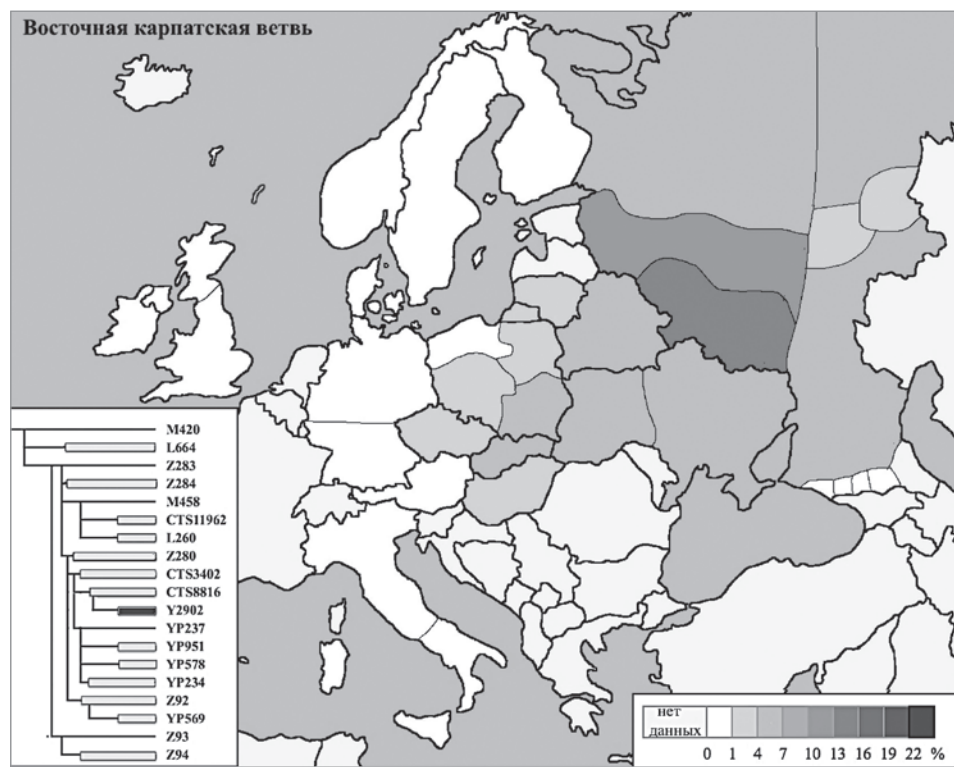
Следующая — балто-карпатская ветвь CTS3402, с предковым 111-маркерным гаплотипом:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 13 15 15 16 — 11 12 19 23 16 16  
18 19 34 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13

11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок этой ветви жил  $3700 \pm 380$  лет назад, хотя сам сний CTS3402 образовался 32 сний-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Но подобная разница между временем образования родительского сния и временем жизни общего предка выборки наших современников часто встречается. В данном случае задача решается просто — наиболее представлены в данной русской выборке нижестоящие (от CTS3402) снии YP951 и YP578, которые являются параллельными и расходятся от сния YP237. Сний YP237 в свою очередь отходит непосредственно от родительского CTS3402 (см. диаграмму на рис. 31), и возник 26 сний-мутаций, или примерно 3740 лет, назад, что практически точно совпадает с датировкой общего предка русских гаплотипов субклада CTS3402 ( $3700 \pm 380$  лет назад).





**Рис. 34.** Карта современного расселения носителей восточнокарпатской ветви R1a-Y2902. Карта составлена И. Л. Рожанским (<http://dna-academy.ru/haplomaps-r1a-subclades/>)



**Рис. 35.** Карта современного расселения носителей балтокарпатской ветви (субклад R1a-Z280-CTS3402) и ее подветвей. Светлые фишки показывают распределение носителей древней родительской ветви CTS3402 (образовалась 32 снипа, или примерно 4,6 тыс. лет, назад), темные фишки — распределение двух дочерних подветвей YP237 и YP234 (образовались примерно 3,9 тыс. и 3,5 тыс. лет назад). Карта составлена И. Л. Рожанским

В суперветви M458 основная по численности — центральноевропейская ветвь, субклад R1a-M458-CTS11962, в которой основной по численности субклад L1029, его предковый 111-маркерный гаплотип:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 9 11  
11 23 14 20 32 12 13 14 15 — 11 11 19 23 17 16  
18 19 34 37 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 — 33 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 12 23 14 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок субклада жил  $2300 \pm 240$  лет назад, сам же снип L1029 образовался 18 снипов, или  $2600 \pm 300$  лет, назад, в середине I тыс. до н. э. Как видно, в этом случае время образования снипа и время жизни общего предка племени практически совпало в пределах погрешности расчетов.

Параллельная центральноевропейской ветви — западнославянская, ее субклад R1a-M458-L260, с 111-маркерным предковым гаплотипом наших современников:

13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 15 16 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 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 — 31 15 9 15 11 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 12 23 14 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок субклада жил  $2400 \pm 300$  лет назад, сам же снип L260 образовался 28 снипов, или  $4000 \pm 450$  лет, назад. Как видно, в этом случае носители снипа L260, западнославянской ветви, прошли «бутылочное горлышко» и боролись за выживание в течение почти 1,5 тыс. лет.



**Рис. 36.** Карта современного расселения носителей субклада R1a-M458, в который входят центральноевропейская и западнославянская ветви. Карта составлена И. Л. Рожанским



Кандидаты на эти ветви — дреговичи-радимичи-волыняне-древляне, то есть более западные славянские племена, но здесь свое слово должны сказать историки. На карте видно, насколько эта ветвь гаплогруппы R1a сместилась с территории древних русских славян на запад. В нее определенно вошли и белорусские славяне, и польские. Есть серьезные основания полагать, что эта ветвь R1a привела к образованию археологической культуры кельтов в Центральной Европе в первой половине I тыс. до н. э., и она же принесла индоевропейские языки в Европу. Эта ветвь, разумеется, не единственный кандидат на столь важную культурную и историческую функцию, но один из основных. Выборка показывает, что потомки той же ветви продолжают жить в России.

Поскольку балто-карпатская ветвь CTS3402 отличается большим разнообразием (диаграмма на рис. 31 показывает два субклада, но схема сокращенная), приведем для большей полно-

ты картины характеристики еще нескольких субкладов, которые входят в эту ветвь. Например, в ветви L365 доминируют поляки — 58 % от всех, далее идут немцы (15 %) и русские (9 %). Ее предковый 111-маркерный гаплотип выглядит так:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 17 9 10 11  
11 23 14 20 34 13 15 15 16 — 11 11 19 23 16 15  
18 19 34 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 21 22 16 10 12 12 13 8 14 24 21 13 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 27 27 19 12 12 12  
12 10 9 13 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 22 15  
20 11 23 15 12 15 24 12 25 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок современных носителей этого субклада жил  $2000 \pm 220$  лет назад, сам же снип L365 образовался 21 снип-мутацией, или  $3000 \pm 350$  лет, назад, в начале I тыс. до н. э. Как видно, в этом случае носители снипа L365 также прошли «бутылочное горлышко» и боролись за выживание в течение тысячи лет.



**Рис. 37.** Карта современного расселения носителей североευропейской ветви (субклад R1a-Z280-L365) и северо-карпатской ветви (R1a-Z280-L1280 и S18681), с которой они полностью перемешаны территориально. Карта составлена И. Л. Рожанским

В балто-карпатскую ветвь CTS3402 входит также субклад западной евразийской подветви YP968, с базовым 111-маркерным гаплотипом:

13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 13 15 15 16 — 11 12 19 23 15 16  
18 19 34 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 14 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 33 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок современных носителей снипа YP968 жил  $3250 \pm 370$  лет назад, сам же снип образовался 23 снипа, или  $3300 \pm 370$  лет, назад, в конце II тыс. до н. э. Как видно, в этом случае время образования снипа и время жизни общего предка племени практически совпало в пределах погрешности расчетов. Ветвь YP968 в основном русская (28 %) и польская (20 %), в меньшей степени белорусская и немецкая (по 8 %), остальные гаплотипы разбросаны в еще меньших количествах по многим европейским странам, от Турции до Италии и Норвегии.

Еще в балто-карпатскую ветвь CTS3402 входит балтийский субклад L366, с базовым 111-маркерным гаплотипом:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 23 14 20 32 13 15 15 16 — 11 12 19 22 16 15  
18 19 33 39 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 12 8 13 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 34 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 18 15  
20 11 23 15 12 15 24 12 24 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок современных носителей субклада L366 жил  $2400 \pm 270$  лет назад, сам же снип L366 образовался 18 снип-мутаций, или  $2600 \pm 280$  лет, назад, в середине I тыс. до н. э. Как видно, в этом случае время образования снипа и время жизни общего предка племени практически совпало в пределах погрешности расчетов.

Еще один субклад, который входит в балто-карпатскую ветвь, идет под индексом YP578. Его 111-маркерный гаплотип следующий:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 13 15 15 15 — 11 12 19 23 16 17  
18 19 34 39 13 11 — 11 8 17 18 8 12 10 8 11 10  
12 21 22 15 10 12 12 14 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 31 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 29 12 14 24 12 9 10 19 15  
19 11 24 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 12 11.

Общий предок современных гаплотипов субклада YP578 жил  $1900 \pm 210$  лет назад, в начале нашей эры, сам же снип YP578 образовался 18 снипов, или  $2600 \pm 400$  лет назад. Но нижестоящий от YP578 снип, Y10802, образовался 12 снипов, или  $1730 \pm 300$  лет назад, так что вполне возможно, что гаплотипы в выборке относятся в основном к снипу Y10802. Очень часто гаплотипы в лаборатории «недотируют», тем самым «удревняя» снип, к которому относятся гаплотипы.

Наконец, еще один субклад балто-карпатской группы CTS3402, под индексом YP335, характеризуется базовым 111-маркерным гаплотипом:

13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 23 14 20 32 13 15 15 16 — 11 12 19 22 15 15  
18 19 33 36 12 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 11  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 33 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 29 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 11 23 15 12 15 24 12 24 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок современных гаплотипов субклада YP335 жил  $2400 \pm 300$  лет назад, сам же снип YP335 образовался 17 снипов, или  $2450 \pm 260$  лет, назад, в середине I тыс. до н. э. Как видно, в этом случае время образования снипа и время жизни общего предка племени практически совпало в пределах погрешности расчетов.

## Гаплогруппа N

В выборке гаплотипов Русской равнины среди 1218 гаплотипов (в 37-маркерном формате) на гаплогруппу N приходится 187 гаплотипов, то есть 15 % от всех. Это то же самое, что в «научной» выборке (15 %).

### N1a2b-P43

Основную часть правой стороны дерева гаплотипов на рис. 28 занимает гаплогруппа N1a, в которую входит относительно малая часть «северного субклада» N1a2b-P43 (на которую приходится 11 % от всех гаплотипов гаплогруппы N в данной выборке в 37-маркерном формате) и остальная часть N1a1 (89 % от всех). N1a2b-P43 встречается в основном на Урале, в Зауралье и в северной части России, она характерна для коми, ханты-мансийских народов, а также татар, башкир, марийцев. В уже упомянутой выше сводке YFull,

в которой приведены в упорядоченном виде снипы гаплогруппы N (<https://www.yfull.com/tree/N/>), примеры субклада N1a2b-P43 приведены для Ханты-мансийского автономного округа, Томской области, Татарстана, Свердловской и Кировской областей, Перского края, Камчатского края, Республики Коми. Все они имеют снипы, нижестоящие от субклада P43, с датировками между 4,5 тыс. и 2 тыс. лет назад. Предковый гаплотип приведенных в базе данных 20 гаплотипов этого субклада следующий:

13 23 13 10 11 12 11 12 10 13 13 30 16 9 9 11 12  
28 14 18 27 13 14 15 16 11 11 18 19 15 14 18 18  
35 38 12 10,

и их общий предок жил  $3900 \pm 470$  лет назад. Эта датировка позволяет предполагать, что их общий предок жил на Урале или на пути с Урала на запад, поскольку сам субклад N1a2b-P43 произошел 55 снип-мутаций, или примерно 7,9 тыс. лет, назад, скорее всего, на территории современных Монголии или Китая, но, может, уже и на Урале. Его относительно близкие потомки не выжили, популяция прошла «бутылочное горлышко» и почти 4 тыс. лет выживала на грани исчезновения. С этой версией согласуются и датировки снипов по списку YFull. Конечно, если будут обнаружены носители субклада N1a2b-P43, рассмотрение гаплотипов которых укажет на значительно более древних общих предков, тогда вывод, приведенный выше, будет пересмотрен.

### N1a1 — общее рассмотрение

167 гаплотипов «средней полосы» субклада N1a1 (который образовался 76 снип-мутаций, или примерно 11 тыс. лет, назад, видимо, в Алтайском регионе, как можно заключить из географии продвижения снипов гаплогруппы N со стороны Китая на север) сходятся к предковому гаплотипу:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 9 9 11 12  
25 14 19 29 14 14 15 15 11 11 18 20 14 15 17 19  
35 36 13 10,

и их общий предок жил  $3200 \pm 330$  лет назад. Можно было бы подумать, что эти две линии субклада N1a1 — северная (базовый гаплотип приведен в предыдущем разделе) и «средней полосы» — разошлись от одного «бутылочного горлышка» выживания, но это совершенно не так. Расхож-

дение между ними произошло намного раньше — обратим внимание на огромное количество мутаций между двумя предковыми гаплотипами, оно равно 23. Это означает, что временное расстояние между этими двумя предковыми гаплотипами равно  $23/0,09 = 256 \rightarrow 366$  условных поколений, то есть примерно 9150 лет, и их общий предок жил примерно  $(9150 + 3900 + 3400)/2 = 8200$  лет назад. Это было или на Урале, или еще на подходе к Уралу, нам пока неизвестно.

### Z1936

Субклад Z1936 образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад. Это первый нижестоящий снип от N1a1, который образовался примерно 11 тыс. лет назад, см. выше, и который имеет множество русских носителей этой гаплогруппы. На своем эволюционном пути он прошел следующие этапы:

N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 и далее Z1934, который образовался 27 снип-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад. Судя по хронологии последних двух снипов в этой цепочке, Z1936 и Z1934, они образовались на Урале, и примерно 3,5 тыс. лет назад их носители вышли на западные отроги Уральских гор, расселились там и в части продвинулись в направлении территории современных Новгорода, Пскова, Твери и заселили эти места в конце прошлой эры. Некоторые группы мигрантов достигли территорий современных Карелии и Финляндии, но это было уже в первой половине I тыс. н. э. Тот же снип и нисходящие от него снипы имеют многие ханты-манси, татары, башкиры и другие жители Поволжья, например, из Самарской области. Нисходящий от него снип Z1934 уже смещен по направлению к большей доле русских — из областей Московской, Тамбовской, Кировской, Тверской, а также Карелии.

Ветвь мигрантов, отделившаяся от носителей субклада L1026 (который образовался 42 снип-мутации, или примерно 6 тыс. лет, назад) несколько позже «параллельного» субклада Z1936 (образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад), образовала в своей среде субклад VL29 (29 снип-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад) и затем, уже к западу от Урала, субклад L550 (20 снип-мутаций, или примерно

2,9 тыс. лет, назад, то есть в начале I тыс. до н. э.), и направилась в сторону Балтики. Их прямые потомки — около половины современных литовцев, латышей и эстонцев и многих финнов, предки которых путем «диффузии» прошли на территорию современной Финляндии. От субклада L550 отошла ветвь L1025 (18 снип-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад), носители которой прошли далее на запад, вплоть до западных окраин Восточной Европы, в частности, территории современной Польши.

На дереве гаплотипов на рис. 28 показан участок (справа вверх) субклада Z1936. Там на самом деле две ветви этого субклада, с базовыми (предковыми гаплотипами):

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 13 13 14 14 — 11 11 18 20 14  
15 18 18 36 36 12 10,  
14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14  
15 18 18 35 36 13 10,

и соответствующими датировками общего предка  $1900 \pm 320$  и  $1900 \pm 280$  лет назад. Интересно то, что у первого предкового гаплотипа «финская» подпись, четверка 13 13 14 14 в конце второй панели маркеров, а у второго — «балтийская» или «славянская» подпись в тех же маркерах, 14 14 15 15. Это самое большое систематическое расхождение между ними, именно систематическое, а не случайное. У всех 9 гаплотипов первой серии (компактная ветвь на дереве гаплотипов) все до одного имеют «финскую» четверку 13 13 14 14, у всех 14 гаплотипов второй, менее компактной серии, эта четверка «балто-славянская». Собственно, вот и объяснение, почему первая ветвь компактная — это фактически финны по происхождению оказались среди русских гаплотипов, у которых эта «финская» четверка «чужеродная», потому «финские» гаплотипы и сгруппировались по принципу «подобное с подобным». Если сложить обе серии гаплотипов субклада Z1936, то их общий предок жил  $2700 \pm 330$  лет назад, по датировке — уже на Русской равнине, после выхода с Урала примерно 3,5 тыс. лет назад.

Сейчас надо пояснить, какие основания есть у предположений, какие сніпы образовались «до выхода на Урал», «на Урале», «к западу от Урала, на Русской равнине». Разумеется, регионы образования сніпов в Y-хромосоме не указаны

и датировки сами по себе тоже не указывают на регионы образования сніпов. Но есть и другие указания на регионы образования сніпов, и здесь датировки и вид гаплотипов важны. Повторим фрагмент цепочки сніпов выше:

L1026 > Z1936 > Z1934,

и далее датировки их образования — 42, 30 и 27 снип-мутаций назад, то есть 6 тыс., 4,3 тыс. и 3,9 тыс. лет назад. Там мы заключили — «Судя по хронологии последних двух сніпов в этой цепочке, Z1936 и Z1934, они образовались на Урале...». Почему так? Потому, что снип L1026, который образовался примерно 6 тыс. лет назад, характерен для якутов и чукчей, а они живут к востоку от Урала. Сніпы с датировками между 3,5 тыс. и 2 тыс. лет назад характерны для их носителей на Русской равнине. Отсюда несложно заключить, что между 6 тыс. — 5 тыс. и 4 тыс. лет назад носители гаплогруппы N1a1 жили на Урале. Разумеется, это оценочные данные и по мере поступления новых данных картина будет уточняться.

### Субклад L708, Y9022 и родственные сніпы

Эти субклады привлекают наше внимание потому, что они относятся к древнейшим линиям гаплогруппы N и позволяют узнать, откуда двигались древние племена носителей этой гаплогруппы в сторону Урала и далее, в Европу, оставляя на всем этом пути предков современных народов России. Цепочка субкладов здесь такая (в сокращенном виде, без приведения боковых нижестоящих ДНК-линий):

N-M231 > L729 > Z1956 > N1a1-M178 (= M46) > L708 > Y9022.

Обратим внимание на хронологический и географический масштаб этой древней миграции. Гаплогруппа N-M231 образовалась 212 снип-мутаций, или примерно 30,5 тыс. лет, назад, следующая за ней — 87 снип-мутаций, или 12,5 тыс. лет, назад, третья, Z1256, и последующая, N1a1, образовались практически в одно время, примерно 11 тыс. лет назад. Все сніпы до последнего в этой цепочке относятся к вьетнамцам, китайцам и японцам, но последний, N1a1, находят уже у хакасов, на Алтае. От L729 отходит и другая линия, параллельная показанной, L729 > L666, и эти сніпы тоже принадлежат вьетнамцам, китайцам



и японцам. Но от снипа L666 отходит N1a2b-P43, описанный в предыдущем разделе, и там уже — гроздь образцов Y-хромосомы народов России, в том числе и этнических русских, в основном живущих на Русском Севере.

В базе данных гаплотипов Русской равнины есть серия гаплотипов субклада L708 (образовался 71 снип-мутацию, или примерно 10,2 тыс. лет, назад) и отдельно его последующего субклада Y9022 (образовался 52 снип-мутации, или примерно 7,5 тыс. лет, назад). Как обычно, современные гаплотипы не показывают столь древних общих предков, потому что многие ДНК-линии пресекаются, выживают немногие потомки (если вообще выживают), и они фактически становятся «ближайшими общими предками» для наших современников. Однако древние снипы в Y-хромосомах тех, кто выжил, сохраняются, они ведь необратимые, как обсуждалось ранее, поэтому и происходит несоответствие между датировками древних снипов и датировками жизни (выживших) общих предков.

Взглянем, к каким результатам (в отношении гаплотипов и снипов) это приводит. Итак, серия гаплотипов снипа L708 показывает следующий предковый (базовый) гаплотип:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 10 10 11  
12 25 14 19 30 14 14 15 15 11 11 18 20 14 15 17  
18 35 36 13 10.

Его носитель, то есть общий предок гаплотипов рассматриваемой серии, жил  $3200 \pm 390$  лет назад.

Мы видим здесь характерную четверку (выделена) потомков древних гаплотипов на этом миграционном пути, которая характерна для носителей субклада M708 и его нижестоящих субкладов и которая полностью перешла в гаплотипы современных жителей Русской равнины, в отличие от современных финнов, у которых эта четверка имеет вид **13 13 14 14**. Специалисты знают, что такой переход у финнов вызван так называемой палиндромной мутацией, в данном случае — двойной палиндромной мутацией, когда мутирует сразу двойка маркеров технически за одну мутацию. Это у одного из будущих финнов произошло при разделении (или после разделения) миграционных «потоков» (хотя «поток» в то время, тысячелетия назад, мог относиться всего к нескольким людям), к буду-

щим финнам и к будущим жителям Русской равнины.

Серия гаплотипов снипа Y9022 показывает следующий предковый (базовый) гаплотип:

13 23 14 10 11 14 11 12 11 14 14 30 17 10 10 11  
12 25 14 20 30 15 15 15 11 11 18 20 14 15 16  
20 36 36 12 10.

Его носитель, то есть общий предок гаплотипов рассматриваемой серии, жил  $3000 \pm 420$  лет назад, то есть практически в то же время, как и общий предок серии гаплотипов субклада L708. Но это совпадение датировок обманчиво и просто означает, что прохождение «бутылочного горлышка» обеих популяций произошло в близкие времена. Может, их накрыл общий катаклизм, или общая эпидемия смертельного заболевания, или истребил общий враг — мы не знаем. Но территориально 3 тыс. лет назад это были довольно далекие племена, на что указывает разница в их предковых гаплотипах, между ними — 11 мутаций (в упомянутой «четверке» между ними прошла всего одна — палиндромная — мутация). Это эквивалентно временному расстоянию между предками, равному  $11/0,09 = 122 \rightarrow 143$  условных поколения, то есть примерно 3575 лет, и их общий предок жил  $(3575 + 3200 + 3000)/2 = 4900$  лет назад. Иначе говоря, носители обоих предковых гаплотипов разошлись от **их** общего предка почти на 3 тыс. лет. Этот их общий предок жил еще на Урале, судя по датировке, а общие предки обеих современных серий гаплотипов были уже на Русской равнине. Возможно, уже осели вблизи Волги, возможно, еще продвигались дальше на запад.

### VL29, L550, Y4338, L1025

Продолжая цепочку снипов, приведенную выше, получаем (в сокращенном виде):

L708 > M2126 > L1026 > VL29 > L550 > Y4341 > Y4338,

и далее, через несколько снипов, идут снипы князей Российского дворянского собрания (VL15, VL11, VL14, VL12), которых (князей) официальные генеалоги считают Рюриковичами. Официальных генеалогических документов, идущих от Рюрика, у них (князей), конечно, нет, но «по совокупности соображений» считается так. В пользу этого, хотя и косвенно, говорит то, что общий



предок одиннадцати князей гаплогруппы N1a1 и нижестоящих снийов жил в конце IX в. н. э., то есть тогда же, когда по летописным данным жил (легендарный) Рюрик. От субклада L550 отходит «параллельная» (можно назвать и перпендикулярной) линия субклада L1025. Иначе говоря, от снипа L550 отходит «вилка», на субклады Y4341 и L1025 (образовались 21 и 18 сний-мутаций, или, соответственно, 3 тыс. и 2,6 тыс. лет назад). Первый, как уже указывалось, почти через 2 тыс. лет дал в Прибалтике линию предполагаемых Рюриковичей, второй прошел широкой полосой по Русской равнине на запад, и его потомки живут сейчас во многих областях России, например, в Московской и Курской (как отмечено в таблице «Глубоких снийов» YFull), в Литве, Латвии, Белоруссии, на Украине, в Польше, в Башкирии, в Казахстане.

Посмотрим на начальную часть приведенной выше цепочки снийов. Первый, L708, мы уже рассматривали выше. Второй за ним, M2126, образовался 50 сний-мутаций, или примерно 7,2 тыс. лет, назад, его имеют многие буряты, башкиры, татары, коми, жители Республики Саха. Последующий сний, L1026 (образовался 42 сний-мутации, или примерно 6 тыс. лет, назад), у русских тоже не выражен, его имеют чукчи и буряты. И только четвертый сний в данной цепочке, VL29, который образовался 29 сний-мутаций, или 4,2 тыс. лет, назад, стал проявляться на Русской равнине, в частности, у карелов и новгородцев.

Сний L550 (образовался 20 сний-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад, в начале I тыс. до н. э.) проходит полосой от Урала до Балтики, часто встречается у литовцев и латышей, у которых по 40 % гаплогруппы N1a1 у всего мужского населения. Практически одновременно с ним образовался сний Y4341, и вскоре появился сний Y4338, 17 сний-мутаций, или примерно 2,4 тыс. лет, назад, и за ним, более чем через тысячу лет, упомянутые (предполагаемые) Рюриковичи.

Посмотрим на предковые гаплотипы описываемых здесь субкладов. Они помогут оценить эволюционную динамику гаплотипов и соответствующих народов в ходе их миграций. Итак, предковый гаплотип современной группы носителей снипа VL29:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 10 10 11  
12 25 14 19 29 **14 14 15 15** 11 11 18 20 14 15 16  
19 35 35 14 10.

Он весьма близок предковому гаплотипу серии гаплотипов субклада L708 и отличается от них всего на 5 мутаций на 37 маркерах. Общий предок этой серии жил всего  $2000 \pm 260$  лет назад, то есть примерно на стыке старой и новой эры, и судя по числу мутаций между их предковыми гаплотипами (что эквивалентно примерно 1475 годам), общий предок рассмотренных серий субкладов L708 и VL29 жил примерно  $(1475 + 2000 + 3200)/2 = 3300$  лет назад, то есть это с хорошей вероятностью и был носитель субклада L708, прошедший «бутылочное горлышко» выживания. Все это было уже на Русской равнине.

Предковый гаплотип современной группы из 13 русских носителей субклада L550:

14 23 14 11 11 13 11 11 9 13 14 28 18 9 9 11 12  
25 14 19 28 **14 14 15 15** 11 11 18 20 14 15 17 18  
36 36 12 10,

и его носитель, общий предок всей группы, жил  $1800 \pm 270$  лет назад. Интересно, что по сравнению с предковым гаплотипом «родительского» субклада VL29 у него 12 мутаций (2 мутации палиндромные), и их общий предок жил примерно 2975 лет назад. Это поздно для начала субклада VL29 (образовался 4,2 тыс. лет назад), но в самый раз для образования самого субклада L550 (образовался 2,9 тыс. лет назад). Мы раз за разом наблюдаем, что современные носители субкладов гаплогруппы N1a1 проходили «бутылочные горлышки» выживания, по-простому говоря, выжили с трудом, теряя свои ДНК-генеалогические корни.

Заметим, что более половины современных гаплотипов русских носителей субклада L550 в базе данных Русской равнины образуют плотную группу, общий предок которой жил всего  $760 \pm 180$  лет назад и имел базовый гаплотип:

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

Он отличается на 7 мутаций от базового гаплотипа субклада L550, приведенного выше, что эквивалентно  $7/0,09 = 78 \rightarrow 86$  условным поколениям, или примерно 2150 годам, между этими общими предками, и **их** общий предок жил

$(2150 + 760 + 1800)/2 = 2400$  лет назад, вскоре после образования снипа L550.

Продвигаемся дальше по эволюционному пути гаплогруппы N1a1 по направлению к Рюриковичам и доходим до субклада Y4338, от которого до Рюриковичей примерно 1200 лет. Сам субклад образовался 17 снип-мутаций, или примерно 2,4 тыс. лет, назад. Его предковый гаплотип современной группы из 15 русских носителей субклада Y4338:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 18 9 9 11 12  
25 14 19 28 14 14 15 15 11 11 18 20 14 15 16 19  
34 35 14 10,

и общий предок этой серии гаплотипов жил  $1500 \pm 225$  лет назад, за три с небольшим века до легендарного Рюрика, если опираться на летописную датировку последнего.

Все 37 маркеров предкового гаплотипа субклада Y4338 полностью совпадают с первыми 37 маркерами предкового гаплотипа «Рюриковичей», показанного ниже в 67-маркерном формате. В этом и есть смысл в нашем показе выше постепенного продвижения носителей гаплогруппы N1a1 с Урала на запад, в частности, на Балтику, от одного предкового гаплотипа до другого. Это и есть «миграционный шлейф гаплотипов».

Раз мы в очередной раз упомянули Рюрика и Рюриковичей, а выше сообщили про одиннадцать князей Российского дворянского собрания, то приведем их гаплотипы в 67-маркерном формате:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 18 9 9 11  
12 25 14 19 **29** 14 **15** 15 15 — **12** 11 18 20 14 15  
16 **18** 34 34 **14** 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
**22** 22 14 10 12 12 18 7 **12** 21 21 **15** 12 11 10 11  
11 12 11 (Гагарин);  
14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 18 9 9 11  
12 **24** 14 19 28 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14 15  
16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
20 22 14 10 12 12 **19** 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 (Кропоткин);  
14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 18 9 9 11  
12 25 14 19 **29** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 (Хилков);  
14 23 14 **10** 11 13 11 12 **11** **13** 14 29 — 18 9 9 11  
12 25 14 19 28 14 14 **14** **14** — 11 11 18 20 14 15

16 19 34 34 15 **9** — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 (Пузына);

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 **31** — 18 9 9 11  
12 25 14 19 **30** 14 14 15 15 — 11 **10** 18 20 14 **14**  
**15** 19 34 **35** **14** 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
20 22 14 10 12 12 **17** 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 (Путятин);

Vad 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 18 9  
9 11 12 25 14 19 **27** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14  
15 16 19 34 **35** **14** 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10  
12 20 22 14 10 12 12 **17** 7 13 21 21 16 12 11 10  
11 11 12 11 (Вадбольский);

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 **31** — 18 9 9 11  
12 25 14 **20** **28** 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14 15  
**17** 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
20 22 14 10 12 12 **19** 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 (Шаховской);

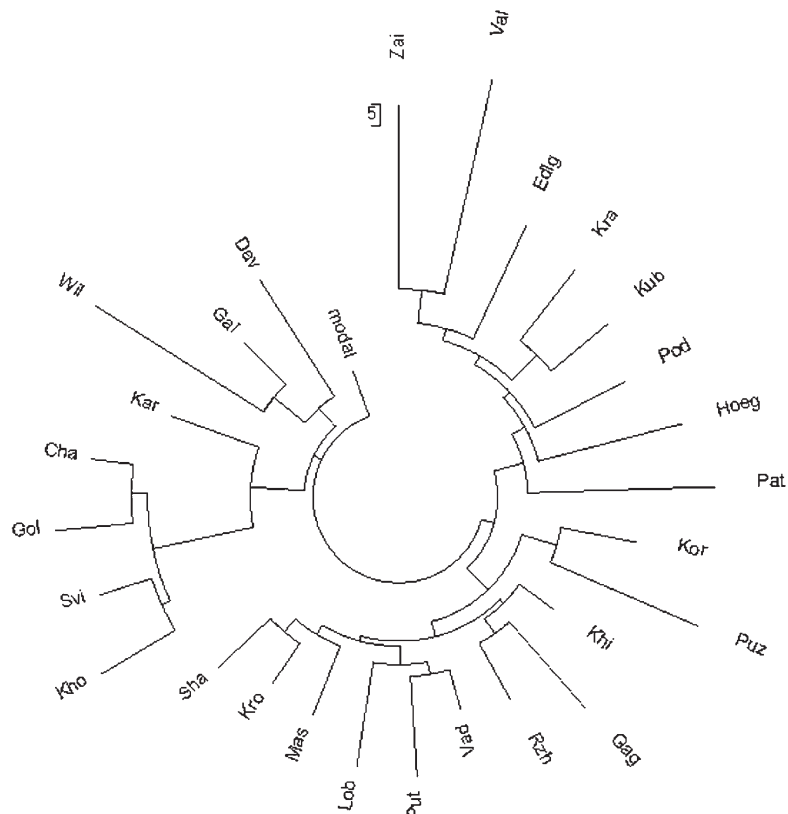
14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 18 9 9 11  
12 25 14 19 **28** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15  
**15** 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 **12** 10 12  
20 22 14 10 12 12 **20** 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 (Массальский);

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 **31** — 18 9 9 **10**  
12 25 14 19 29 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14 15  
16 19 34 34 **14** 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 (Ржевский);

14 23 14 11 **12** 13 11 12 10 14 14 30 — 18 9 9 11  
12 25 14 19 **27** 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14 15  
**16** **18** **35** **35** 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
20 22 14 10 12 12 **17** 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 (Лобанов-Ростовский);

14 23 14 11 11 13 11 12 10 **13** 14 29 — 18 9 9 11  
12 25 14 19 **28** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
20 22 14 10 12 12 **17** 7 13 21 21 **15** 12 **12** 10 11  
11 12 11 (Корибут-Воронецкий).

То, что все одиннадцать «Рюриковичей» образуют довольно плотную ДНК-генеалогическую группу, видно из дерева 67-маркерных гаплотипов, приведенного ниже. Их ветвь — в нижней части дерева. Там же показаны гаплотипы четырех Гедиминовичей (Чарторыйский, Голицын, Сви-стун, Хованский), ветвь слева. Еще 12 гаплотипов на дереве не попадают в ветви Рюриковичей и Гедиминовичей, подробнее об этом — в подписи к следующему рисунку.



**Рис. 38.** Дерево 67-маркерных гаплотипов 27 человек гаплогруппы N1a1, на котором показаны гаплотипы Рюриковичей (ветвь из 11 гаплотипов в нижней части — Гагарин, Кропоткин, Хилков, Пузына, Путятин, Вадбольский, Шаховской, Ржевский, Массальский, Лобанов-Ростовский и Корибут-Воронецкий), которые имеют общего предка, жившего  $1150 \pm 190$  лет назад (примерно  $862 \pm 190$  г. н. э.; Рюрик по летописным данным умер в 879 г.). Четыре гаплотипа слева (плоская ветвь), предположительно «Гедиминовичи», общий предок жил  $520 \pm 170$  лет назад, то есть в  $1499 \pm 170$  г., сам Гедимин, по историческим сведениям, жил в период 1275–1341 гг. Остальные четыре гаплотипа в левой ветви не попадают на ветвь Гедиминовичей. Восемь гаплотипов справа сверху имеют общего предка в середине I тыс. прошлой эры, к Рюриковичам никакого отношения не имеют (это — некто Кубарев со своей «командой», которую подобрал по сходству гаплотипов со своим, и который бурно претендует на линию «Рюриковича», объявил себя «Великим Князем», «членом Российского Императорского дома Рюриковичей» и судился с российским правительством за право на обладание всеми кремлями Российской Федерации, начиная с Московского Кремля; впрочем, юродивых на Руси всегда хватало)

Базовый (предковый) гаплотип всех одиннадцати «Рюриковичей»:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 18 9 9 11  
 12 25 14 19 28 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15  
 16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12  
 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11  
 11 12 11.

Все они отличаются по своим гаплотипам от приведенного базового на 58 мутаций (отмечены), то есть их общий предок жил  $58/11/0,12 = 44 \rightarrow 46$  условных поколений (по 25 лет каждое) назад,

или  $1150 \pm 190$  лет от их общего предка. Это примерно  $862 \pm 190$  г. н. э. Напомним, что Рюрик умер предположительно в 879 г.

В этом и замечательная особенность ДНК-генеалогии. Если гаплотипы неупорядоченно выбирались из одной популяции, с одним общим предком (а состав князей здесь именно неупорядоченный), то результат почти не зависит от размера выборки. Что зависит — так это погрешность расчетов. Но она умышленно завышена и не может в принципе быть лучше  $\pm 10\%$ , так заложено

в расчет. Причина этого проста — мы не хотим создавать ложную иллюзию точности расчетов, потому что порой и популяция на самом деле смешанная (то есть в выборку попали гаплотипы другой ДНК-генеалогической линии), и гаплогрупп на самом деле мало. Пусть лучше точность показана «с резервом», чем ее преувеличивать.

Еще один важный субклад на миграционном пути с Урала по Русской равнине — это N1a1-L550-L1025. Выше уже указывалось, что L1025 образовался 18 снип-мутаций, или 2,6 тыс. лет, назад и прошел широкой полосой по Русской равнине на запад, его потомки живут сейчас во многих областях России, например, в Московской и Курской (как отмечено в таблице «Глубоких снипов» YFull), в Литве, Латвии, Белоруссии, на Украине, в Польше, в Башкирии, в Казахстане. В Казахстан носители L1025, скорее всего, перебрались из центральной части России, но до Польши предки-носители субклада L1025 дошли. Предковый гаплотип этого субклада имеет вид:

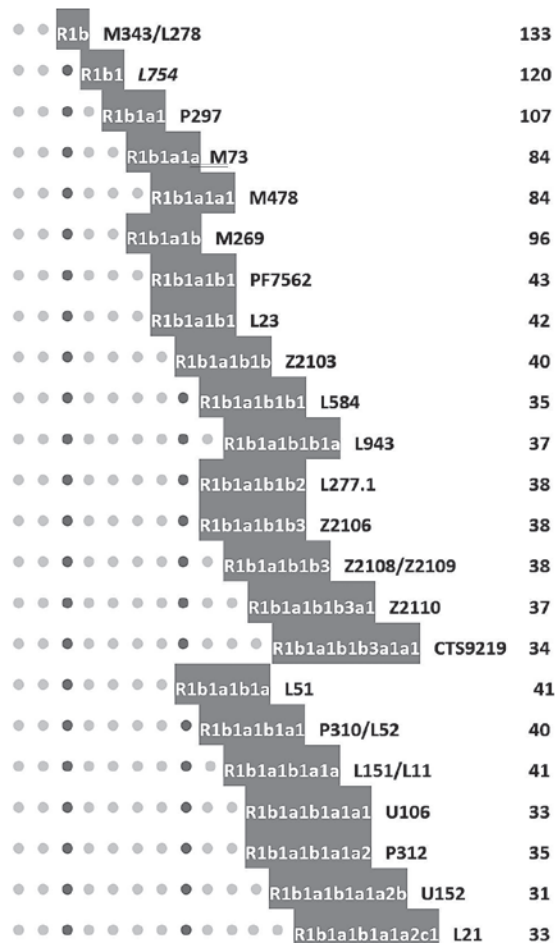
14 23 15 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 9 9 11 12  
25 14 19 28 14 14 15 15 11 11 18 20 14 15 16 19  
36 36 14 10,

и его общий предок жил  $2500 \pm 280$  лет назад, что почти совпадает с датировкой снипа L1025. То есть это тот редкий случай, когда носители снипа L1025 не проходили «бутылочное горлышко» выживания и расселились по Русской равнине без драматических событий.

### Гаплогруппа R1b (M73, Z2103, P312 и U106 и родственные субклады)

В независимой, «коммерческой» выборке 37-маркерных гаплотипов Русской равнины тех, которые относятся к R1b, содержится 6 % от всех, что в целом согласуется с известными оценками. Это 72 гаплотипа из 1218 во всей выборке. К тому же эти гаплотипы не однородны (то есть не происходят от одного общего предка, если не считать исходного R1b около 20 тыс. лет назад), а рассеяны по разным субкладам, которые можно представить двумя цепочками, расходящимися от субклада L23.

Все снипы гаплогруппы R1b, приведенные в диаграмме выше, найдены на Русской равнине, но обычно они разбросаны по территориям совершенно неупорядоченно. Более того, снипы верхней



**Рис. 39.** Иерархия снипов в гаплогруппе R1b (сокращенно; полный список снипов в гаплогруппе R1b насчитывает 1114 наименований в классификации ISOGG по состоянию на сентябрь 2020 г.), которые обнаружены у русских, согласно базе данных Русской равнины. В колонке справа указано количество снип-мутаций в Y-хромосоме, образованных от данного снипа до настоящего времени. Чтобы перевести эти числа в хронологические датировки, надо умножить их на 144. Например, гаплогруппа R1b образовалась  $133 \times 144 = 19\,152$  года назад, или, округленно, 19 тыс. лет назад. Округлять необходимо, поскольку погрешность в числе снипов обычно не менее  $\pm 10\text{--}15\%$ . Это происходит потому, что количество снипов — средняя величина, определенная в Y-хромосомах выборки из 100 человек, и часто меньше (для более редких снипов)

и нижней цепочки имеют совершенно разное происхождение в течение последних 42 сний (начиная с субклада L23), или в течение последних 6 тыс. лет. Есть еще важная закономерность — вся верхняя цепочка сний относится к территории современной России — от Байкало-Алтайского региона, где с большой вероятностью появилась гаплогруппа R1b (133 сний-мутации, или примерно 19 тыс. лет, назад), с заходом ее наиболее древних мигрантов далеко на запад, на территорию современной Украины, Балкан и Прибалтики. Самый древний образец гаплогруппы R1b, хотя и единичный, найден в Италии, с археологической датировкой около 14 тыс. лет назад, ряд образцов найдены в Сербии (10 835, 10 425, 9,8 тыс., 9,6 тыс., 8,6 тыс., 8450, 7,9 тыс. лет назад), в Румынии (9335 лет назад), на Украине (9,2 тыс. и 7,1 тыс. лет назад), на Пиренейском полуострове (7130 лет назад), в Болгарии (6,4 тыс. лет назад), в Латвии (9222, 7689, 7500 и 6064 лет назад). В России, в Самарской области, найден образец R1b с археологической датировкой 7549 лет назад.

В некотором роде историческая загадка состоит в том, что древнейшие носители гаплогруппы R1b, с субкладами L754 (образовалась 120 сний-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад), P297 (107 сний-мутаций, или 15,4 тыс. лет, назад) и M73 (84 сний-мутации, или 12 тыс. лет, назад) оказались в Восточной Европе и Западной Европе уже 10 тыс. — 14 тыс. лет назад, через несколько тысяч лет после возникновения самой гаплогруппы, предположительно в Южной Сибири, и родительская гаплогруппа R была обнаружена на Байкале с археологической датировкой 24 тыс. лет назад. Видимо, эта группа носителей R1b вымерла в те далекие времена, хотя они связаны цепью субкладов с более поздними носителями гаплогруппы R1b. Эта новая волна прошла от Сибири или Южного Урала, оставив за собой афанасьевскую культуру в Сибири, ботайскую культуру Казахстана, хвалынскую и ямную культуры в волжских степях, со сниями M269 (образовался 96 сний-мутаций, или около 14 тыс. лет, назад), PF7562 (43 сний-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад), L23 (42 сний-мутации, или примерно 6 тыс. лет, назад) и ее последующей Z2103 (40 сний-мутаций, или примерно 5,8 тыс. лет, назад). Сний Z2103 обнаружен в большинстве костных

остатков ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), и последующая серия нижестоящих сний была унесена потомками ямной культуры на Кавказ и в Малую Азию, это снии L584 и далее, до конца верхней цепочки сний на диаграмме выше, в диапазоне времени их образования между 5,8 тыс. и 4,9 тыс. лет назад. Сами же миграции состоялись позже, хотя датировка ямной культуры, на которую ориентируются археологи, может оказаться заметно заниженной.

Вторая цепочка сний на диаграмме выше начинается по времени параллельно первой цепочке, начиная со сния Z2103, сния ямной культуры. Где образовался сний L51 — пока неизвестно, возможно, на Кавказе или в Малой Азии примерно 5,9 тыс. лет назад, мы знаем только, что он образовался у носителя сния R1b-L23. И далее пошла разворачиваться цепочка сний, прибывших на Пиренейский полуостров примерно 5 тыс. — 4,8 тыс. лет назад, тогда, когда образовались снии U106 (4750 лет назад) и P312 (5 тыс. лет назад). Последний сний сопровождал культуру колоколовидных кубков с Пиреев в континентальную Европу и на Британские острова, все это было в основном заселено в ходе III тыс. до н. э., между 4,8 тыс. и 4 тыс. лет назад. Последний сний, L21, в списке выше (образовался примерно 4750 лет назад) встречается преимущественно на Британских островах. Все это могло не иметь отношения к народам России, но некоторые из этих сний попали на Русскую равнину, и знание истории этих сний позволяет понять, откуда они появились в России.

Самый многочисленный сний гаплогруппы R1b у современных русских — это Z2103, сний ямной культуры. Таких среди 72 гаплотипов в базе данных Русской равнины — 12 образцов, но если учесть, что только для 57 образцов известны снии (помимо самой гаплогруппы R1b), то современных носителей субклада Z2103 — 21 % от всех. Если же добавить нисходящие снии L584, L277 и CTS9219, то в сумме их уже 32 гаплотипа, то есть 56 % от всех. Иначе говоря, прямые потомки древней ямной культуры на Русской равнине составляют более половины от всех носителей гаплогруппы R1b среди русских. К ним следует добавить носителей древнейших сний L754 (один), M73 (шестеро), PF7562 (двое), и в сумме коренных русских носителей гаплогруппы



R1b насчитывается 41 человек из 57, то есть 72 %, почти три четверти от всех.

Остальные 16 человек — это потомки европейских носителей гаплогруппы R1b, из них — 7 носителей снипа U106 и 9 носителей снипа P312. Из последних есть 6 носителей нисходящего снипа U152 и 1 — британского (в основном) снипа L21. Это определено потомки европейцев, прибывавших на службу русскому царю в XVII–XIX вв. — военных специалистов, ремесленников, промышленников и представителей других родов занятий и специальностей.

Посмотрим на предковые гаплотипы нескольких групп русских, снипы которых приведены на диаграмме на рис. 39. При этом надо напомнить, что датировки в колонке справа — это датировки образования соответствующего снипа, а гаплотипы общих предков рассматриваемой группы людей (с тем же снипом) — относятся к выжившим предкам. По сути, разница между датировками образования снипа и датировками жизни общих предков серий гаплотипов отражает, насколько общие предки были оторваны от времени образования своего предкового снипа.

Начнем со снипа R1b-M73, который образовался примерно 12 тыс. лет назад. Шесть гаплотипов этого снипа, разбросанные среди современных русских, собираются на дереве в одну ветвь из пяти гаплотипов субклада M478 (образовался тогда же), и один гаплотип M73 находится в отдалении. Пять гаплотипов имеют предковый гаплотип:

13 19 14 11 13 13 12 12 13 14 13 30 17 9 9 11 11  
23 15 19 32 12 14 15 16 10 10 19 25 15 16 16 17  
30 35 12 10,

и их общий предок жил всего  $1950 \pm 395$  лет назад, то есть на границе старой и новой эры. Понятно, что это относительно недавняя группа потомков, но они тем не менее несут снипы M478 и M73, как и самый предковый R1b-M343. Родительский снип M73 имеет носитель одиночного гаплотипа:

13 21 14 10 13 18 12 12 12 13 13 30 15 9 9 11 11  
23 15 21 30 12 15 15 17 12 10 19 24 15 14 17 17  
35 38 12 10.

Показанные два гаплотипа, предковый и современный, колоссально расходятся по мутациям, между ними 31 мутация (!), причем на 37-маркерных гаплотипах. Это эквивалентно

расстоянию между гаплотипами  $31/0,09 = 344 \rightarrow 570$  условных поколений, то есть 14 250 лет, и их общий предок жил  $(14\,250 + 1950)/2 = 8100$  лет назад. Видно, куда тянется история миграций носителей снипа M73 в Евразии, с тем чтобы в наше время жили прямые потомки разных ветвей этого снипа.

Здесь уместно привести предковый гаплотип субклада M73, который был опубликован еще в 2012 г. в журнале *Advances in Anthropology* (Klyosov, 2012) и который был основан на совершенно другой выборке, в которую входили пятеро русских, три казаха, узбек, тувинец, уйгур, два таджика, китаец, француз, итальянец, испанец и один житель Люксембурга:

13 19 14 11 13 13 12 12 13 14 13 30 — 17 9 9 11  
11 23 15 19 33 12 15 15 16 — 10 10 19 25 15 16  
16 17 30 36 12 10 — 11 8 16 16 8 10 10 8 11 10  
12 23 23 16 10 12 12 16 8 12 24 21 13 12 11 13  
11 11 12 11.

Примечательно, что этот последний предковый гаплотип при совершенно другой выборке отличается от приведенного выше предкового гаплотипа пяти русских всего на 3 мутации при 37 маркерах. Это — ответ скептикам на то, что выборки слишком малы, чтобы их вообще рассматривать. Скептики не понимают, что дело не в размере выборки (хотя, понятно, чем выборка больше, тем данные точнее), а в том, насколько перемешаны гаплотипы. Критерий надежности тот, что если разные выборки по разным людям и разным территориям дают близкие результаты, то выборки приемлемые.

Перейдем к современным носителям снипа ямной культуры, R1b-Z2103. Двенадцать русских из базы данных имеют предковый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 19 30 14 15 16 17 11 11 19 23 15 16 18  
17 36 37 12 12,

его носитель жил  $4100 \pm 530$  лет назад. Поскольку археологи датируют ямную культуру 5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад, то полученная датировка по гаплотипам пересекается с нижней частью диапазона, даваемого археологами. Если добавить к этой выборке еще гаплотип нижестоящего субклада L584, 11 гаплотипов последующего нижестоящего субклада L277.1 и 8 гаплотипов нижестоящего субклада CTS9219, то вся группа из 32 гаплотипов русских имеет предковый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 19 30 14 15 16 17 11 11 19 23 15 16 18  
17 36 38 12 12,

который практически идентичен предковому родителскому гаплотипу снипа Z2103, за исключением единственного перехода от 37 к 38 в третьем маркере справа, да и то последний маркер при усреднении по 32 числам равен 37,78. Датировка общего предка всех 32 гаплотипов  $4900 \pm 540$  лет назад, то есть прямо в середине археологической датировки ямной культуры. Иначе говоря, со времен ямной культуры ее потомки на Русской равнине «бутылочного горлышка» не проходили. Резкие кризисы на грани выживания их миновали.

Наконец, остановимся на потомках европейских R1b среди русских. Более 90 % европейских носителей гаплогруппы R1b имеют субклады P312 или U106 и их нижестоящие субклады. Сами P312 и U106 образовались соответственно 5000 и 4750 лет назад. Первый составил основу археологической культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 3,8 тыс. лет назад), второй образовал народы северной Европы с преимущественным количеством гаплогруппы R1b. Девять русских носителей субклада R1b-P312 и нижестоящих субкладов (16 % от всех 57 носителей гаплогруппы R1b, о которых известны снипы гаплогруппы) имеют следующий предковый (базовый) гаплотип:

13 24 14 10 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 17 10 11 19 23 16 15 18  
17 36 38 12 12,

общий предок которого жил  $3460 \pm 500$  лет назад. Это разумная датировка, поскольку снип P312 образовался примерно 5 тыс. лет назад, видимо, на Пиренеях, и потомкам нужно было еще дойти до Русской равнины. Датировка разумная еще и потому, что ее можно проверить другим способом. Показанный предковый гаплотип русских R1b-P312 отличается от предкового гаплотипа русских R1b-Z2103 на 8 мутаций, то есть на  $8/0,09 = 89 \rightarrow 100$  условных поколений, или 2,5 тыс. лет, и общий предок этих двух предковых гаплотипов (который, как видно из рис. 39, относится к субкладу L23, который образовался примерно 6 тыс. лет назад) жил  $(2500 + 3460 + 4900)/2 = 5430$  лет назад, что вполне согласуется с данными рис. 39.

Семь русских носителей субклада R1b-U106 и нижестоящих субкладов (12 % от всех 57 носителей гаплогруппы R1b, о которых известны снипы гаплогруппы) имеют следующий предковый (базовый) гаплотип:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 24 15 19 29 15 15 16 18 11 11 19 23 16 15 18  
17 36 37 12 12,

общий предок которого жил  $3750 \pm 560$  лет назад, то есть в пределах погрешности с датировкой общего предка субклада P312. Показанный предковый гаплотип русских R1b-P312 отличается от предкового гаплотипа русских R1b-Z2103 на 9 мутаций, то есть на  $9/0,09 = 100 \rightarrow 114$  условных поколений, или примерно 2850 лет, и общий предок этих двух предковых гаплотипов (который, как видно из рис. 28, относится к субкладу L23, который образовался примерно 6 тыс. лет назад) жил  $(2850 + 3750 + 4900)/2 = 5750$  лет назад, что вполне согласуется с данными рис. 39.

Таким образом, среди русских гаплогруппы R1b примерно три четверти составляют древние субклады потомков ямной культуры и нисходящих субкладов и примерно четверть — потомки более поздних европейских субкладов, прибывших на Русскую равнину с запада.

## Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа для русских нехарактерна. Даже в базе данных «Русская равнина», в которой носители гаплотипов были те, кто просто называли себя «русскими», без прохождения критерия «этнический русский», имеется всего 8 гаплотипов гаплогруппы J1. Часто ошибочно считается, что носители гаплогруппы J1 — евреи, но это не так. На Кавказе, например, живет большое количество носителей гаплогруппы J1, которые к евреям не имеют никакого отношения. То же и большинство тех русских, 8 гаплотипов которых (гаплогруппы J1) попали в базу данных «Русская равнина», как мы сейчас покажем. Это 0,7 % от всех 1218 гаплотипов русских на Русской равнине.

Из упомянутых восьми человек шесть имеют снип Z1828 (с подветвями, как показано ниже) и двое — ZS2919, но это — разные ветви в иерархии снипов гаплогруппы J1a. Первая ветвь имеет следующую цепочку снипов (сокращенно):

J1 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z1828 > ZS3114, Z1842, ZS3128,

причем из шести трое имели снип ZS3128.

Вторая ветвь:

J1 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1884 > Y2919 (= YSC0000076) > Y6094 > Y6096 > ZS1682.

Как видно, обе ветви расходятся от снипа Z2217, который образовался 110 снип-мутаций, или примерно 15,8 тыс. лет, назад. Первая ветвь уходит в «несемитскую» сторону, ее нисходящие снипы имеют многие чеченцы, а также албанцы, греки, французы, кабардино-калкарцы, некоторые словаки, украинцы и русские. Вторая ветвь уходит к снипу P58, который образовался примерно 78 снип-мутаций, или 11,2 тыс. лет, назад, и через 7 тыс. лет этот снип вошел в большинство еврейских и арабских линий гаплогруппы J1. Но это — параллельные линии по отношению к показанной цепочке, в ней хотя и попадают ближневосточные гаплотипы из Саудовской Аравии и Катар, но в основном — из Армении, Нидерландов, Италии и совсем немного русских.

Общий предок шести гаплотипов русских снипа ZS3128 жил  $4400 \pm 660$  лет назад, и его гаплотип выглядел примерно следующим образом:

12 23 14 10 13 19 11 13 12 14 11 30 19 8 10 11  
11 27 14 21 30 14 15 16 17 11 10 20 22 15 13 18  
18 33 37 12 10,

а если объединить все восемь гаплотипов гаплогруппы J1, то их общий предок жил  $6000 \pm 800$  лет назад, то есть задолго до образования евреев как этно-конфессиональной группы. Его гаплотип был примерно такой:

12 23 14 10 13 19 11 14 12 13 11 30 19 8 9 11 11  
26 14 21 29 14 15 16 17 11 10 21 22 15 13 18 18  
33 37 12 10.

Здесь можно сделать простую проверку расчетов — оба этих гаплотипа различаются на 6 мутаций, то есть временное расстояние между ними равно примерно  $6/0,09 = 67 \rightarrow 73$  условных поколений, или 1825 лет, и их общий предок жил  $(1825 + 4400 + 6000)/2 = 6100$  лет назад, что практически совпадает с датировкой общего предка второго гаплотипа. Разумеется, особой точности здесь ожидать не приходится, поскольку все датировки имеют определенную погрешность, но общая картина правильна.

## Гаплогруппа J2

Как и гаплогруппа J1, гаплогруппа J2 для русских нехарактерна, и в базе данных «Русская равнина» имеется всего 21 гаплотип гаплогруппы J2, или 1,8 % от всех. Поскольку основное количество носителей гаплогруппы J2 проживают на Ближнем Востоке, на Кавказе и в Средиземноморье (в частности, в Греции), то по умолчанию принимается, что носители гаплогруппы J2 среди русских — их потомки. Возможно, так оно и есть, но малое число русских с этой гаплогруппой затрудняет провести детальное сравнение с упомянутыми южными популяциями.

Из упомянутого 21 человека шесть имеют снип M67 (с подветвями, как показано ниже), еще шесть — снип L24 (с подветвями), пятеро — снип M102 (с подветвями), и это уже 80 % от всех. По два представителя гаплогруппы J2 имеют снипы L26 и PF5008, и это опять разные ветви гаплогруппы. Иначе говоря, предки с гаплогруппой J2 приходили на Русскую равнину «бессистемно», то есть не одной группой.

Более того, самые древние предки с гаплогруппой J2 разделились на две основные подветви, J2a и J2b, еще до прихода на Русскую равнину, и это разделение произошло примерно 27 тыс. лет назад. На это указывают времена образования гаплогрупп J2a-M410 (189 снип-мутаций назад, то есть примерно 27,2 тыс. лет назад) и J2b-M102 (187 снип-мутаций, или 26,9 тыс. лет назад). Иначе говоря, из упомянутых русских носителей гаплогруппы J2 шестнадцать относятся к J2a (со снипами PF5008, L26, M67 и L24) и пять — к J2b-M102. Интересно, что ископаемые костные остатки в Северном Иране, с археологической датировкой 1,5 тыс. — 2 тыс. лет назад, показали снип PF5008/PF5050, тот самый, который сейчас имеют двое русских.

Первая ветвь (из 16 человек) имеет следующие цепочки снипов (сокращенно), самые глубокие снипы выделены:

J2-M172 > J2a-M410 > **PF5008**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > **M67** > **L556/L560**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > M67 > **Z467**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > M67 > **Y3612**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > Y7687 > **M47**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > **L192**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > L25 > **Z387** > **L70**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > Z6064 > **Z6055**.

Мы видим, что все они разбросаны по разным сницам. Их общий предок, которого можно принять условно, отнеся его к субкладу L26 (который образовался 126 сний-мутаций, или примерно 18 тыс. лет, назад), имел примерно такой гаплотип:

12 23 15 10 13 16 11 16 12 13 11 30 16 9 9 11 11  
24 15 20 30 12 13 15 16 10 10 19 22 15 13 17 17  
35 37 11 9,

и жил  $8800 \pm 990$  лет назад. Из результатов расчетов ясно, что предки русских носителей гаплогруппы J2 прибывали на Русскую равнину, проходя «бутылочное горлышко» своих популяций, и в итоге их общий предок жил значительно позже времени образования не только своей гаплогруппы J2 (образовалась 203 сний-мутации, или примерно 29 тыс. лет, назад), но и времени образования объединяющего их сница (L26).

Вторая ветвь, субклада J2b-M102 (из 5 человек), имеет следующую цепочку сний, самые глубокие снии выделены:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > **Z597** > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > **Z631** > Z1043 > Z8424 > Z8429 > Y12007 > **Y12000**.

Последний в этой цепочке сний образовался 15 сний-мутаций назад, то есть примерно 2,2 тыс. лет назад, в конце прошлой эры. На всем протяжении этой цепочки очень редко попадают русские носители сний — из Омской, Смоленской, Тульской областей, и только начиная с последнего сница, Y12000, и в его десяти нисходящих сниках (они здесь не показаны) гиляндами висят снии жителей Мордовии, башкир, татар, а также единичные снии жителей Рязани и Пензы.

Общий предок упомянутых 5 человек со сницами гаплогруппы J2b имел гаплотип:

12 25 15 10 12 17 11 15 13 12 11 28 16 8 9 11 11  
28 16 19 29 13 15 15 18 11 10 19 20 13 14 16 17  
35 40 11 9,

и жил  $3300 \pm 570$  лет назад.

Можно без труда посчитать, что между гаплотипами выборки гаплогрупп J2a и J2b имеется 31 мутация, что очень много для 37-маркерных гаплотипов. Это эквивалентно временному расстоянию между ними  $31/0,09 = 344 \rightarrow 570$  условных поколений, или примерно 14 250 лет. Тогда общий предок обеих русских выборок гаплогруппы J2 жил примерно  $(14\,250 + 8800 + 3300)/2 = 13\,200$  лет назад. На самом деле гаплогруппа J2 образовалась примерно 29 тыс. лет назад, как было указано выше, но причины таких расхождений мы уже рассматривали выше. Ответ прост — потомки первых предков гаплогруппы J2 просто не доживали до настоящего времени, их линии обрывались значительно ранее. Но сами гаплотипы, даже и «промежуточных» предков, играют большую роль в идентификации направлений древних миграций, как будет рассказано и показано ниже.

## Гаплогруппа I2a

На дереве гаплотипов (см. рис. 28) гаплогруппа I2a представлена двумя ветвями — I2a1a-P37 и I2a1b-M436, на нижней и верхней части дерева. Такое разделение ветвей означает, что предковые (базовые) гаплотипы их значительно различаются. Действительно, I2a1a в своей нижестоящей ветви Y3120 — это южнославянская ветвь, предки которой чуть не исчезли в III тыс. до н. э. в Европе, в ходе расселения там эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, которые прошли туда длинным, кружным путем с Русской равнины, в основном из ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад, по оценкам археологов), и предки носителей I2a1a-Y3120 прошли «бутылочное горлышко» выживания и практически возродились в конце прошлой эры,  $2300 \pm 300$  лет назад. В базе данных Русской равнины есть 89 гаплотипов группы I2a1a, из которых 87 гаплотипов субклада I2a1a-Y3120, с предковым (базовым) гаплотипом:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 10 10 21 21 15 12 18  
18 34 35 11 10,

носитель которого жил  $2100 \pm 230$  лет назад, и 2 гаплотипа древних удаленных субкладов I2a1a-P37 и I2a1a-L161, которые образовались 130 и 47 сний-мутаций назад соответственно, или



примерно 18,7 тыс. и 6,8 тыс. лет назад. Общая схема субкладов южнославянской группы приведена на рис. 24.

Важно понять происхождение двух русских с удаленными снипами. Они по снипам — исключение, но это те исключения, которые подтверждают правило. 98 % носителей гаплогруппы I2a1 происходят от предков южнославянской группы, которая стала возрождаться на Дунае — Балканских Карпатах в конце прошлой эры и предков которой за два тысячелетия до того уничтожили в ходе гибели «старой Европы». Но откуда появились предки двух других русских мужчин той же гаплогруппы, но намного более древних субкладов? К ответу на этот вопрос приближает рассмотрение их гаплотипов:

13 24 16 10 11 14 11 13 10 13 11 28 18 8 9 11 11  
24 15 21 29 14 14 14 15 11 10 11 20 14 12 19 18  
32 33 13 10 (P37),

13 24 16 11 12 18 11 13 11 13 11 29 17 8 10 11  
11 25 15 20 27 12 12 13 14 10 10 21 21 17 13 19  
20 34 34 14 10 (L161).

От южнославянского предкового гаплотипа их отделяют 32 и 29 мутаций соответственно, что эквивалентно временному расхождению в 15 тыс. и 12,9 тыс. лет соответственно, и их общие предки с выжившими предками южных славян (последние жили примерно 2,1 тыс. лет назад) жили примерно 8,6 тыс. и 7,5 тыс. лет назад. Это времена задолго до истребления предков южных славян, и, таким образом, эти два гаплотипа продолжают на Русской равнине древнюю линию, которая либо спаслась в Европе во времена геноцида коренного европейского населения в III тыс. до н. э., либо задолго до того ушла из Европы в другие края, возможно, и на Русскую равнину.

О том, что эти два нехарактерных для современных русских снипа, P37 и L161, разошлись с линией южных славян (Y3120) в очень далекие времена, помимо рассмотрения мутаций в их гаплотипах, свидетельствуют еще два факта. Один — это их субклады P37 и L161, которые в цепочке гаплотипов стоят намного выше, чем Y3120, причем L161 с последним (южнославянским) не связан генеалогически:

I2-M438 > I2a1-L460 > **P37** > CTS595 > M26,

I2-M438 > I2a1-L460 > **P37** > M423 > Y3104 > **L161**,

I2-M438 > I2a1-L460 > **P37** > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966/L147 > **Y3120** > **S17250**, **Y4460**, **Z17855**, **Y18331**.

Здесь мы видим, что от снипа P37 (найденного у русского мужчины) идет развилка на две линии, одна из которых выводит на снип L161 (найденный у другого русского мужчины), и перед ним, от снипа Y3104, опять идет развилка, которая в итоге выводит на южнославянские снипы, Y3120 и далее, выделенные в последней цепочке. Как указано выше, снип P37 образовался 130 снип-мутаций, или примерно 18,7 тыс. лет, назад, и снип L161 образовался 47 снип-мутаций, или примерно 6,8 тыс. лет, назад. Южнославянские снипы образовались между 16 и 12 снип-мутациями назад, как показано на рис. 24, то есть 2,3 тыс. и 1,7 тыс. лет назад.

Второй факт заключается в том, что в гаплотипе древнего снипа P37, цепочка от которого приведена выше в первой строке в сокращенном виде, и теперь ее можно развернуть в более полном виде:

I2-M438 > I2a1-L460 > **P37** > CTS595 > M26 > L160 > PF4088 > CTS1758 > CTS11338 > PF4189 > Z118 > Z102 > Z113,

наблюдается примечательная разница в третьем и четвертом маркере справа (этот двойной маркер называется YCA II) при сравнении с гаплотипами L161 и южнославянским предковым гаплотипом. У первого там 11 20, у остальных — 21 21. Таких различий за счет обычных мутаций не бывает, поскольку константы скоростей мутаций для этих маркеров равны 0,00210 и 0,00233 мутации на поколение, то есть мутируют со скоростью примерно раз в 430–480 поколений, или раз в среднем в 11 тыс. — 12 тыс. лет. Десять мутаций подряд в одном маркере могут осуществиться не менее чем через 100 тыс. лет. На самом деле этого не было, и все оказывается намного проще — в этих маркерах в прошлом прошла палиндромная, или мультикопийная, мутация, о которой рассказано выше. В этом случае исходная пара маркеров была 11 21, но у кого-то из древних носителей гаплогруппы I2a1 маркер 21 удвоился и переписался «сверху» маркера 11 21, получилось 21 21. Затем со временем произошла обычная мутация 21 → 20, и стало 20 21.

Если посмотреть в базы данных, в которых находятся тысячи гаплотипов гаплогруппы I2a,



например, <https://www.familytreedna.com/public/I2aHapGroup/default.aspx?section=yresults>, то увидим, что у наиболее древних субкладов в этих маркерах стоит 11 21 (или близкие значения), а у более недавних субкладов — 21 21 (или близкие значения). Отсюда можно представить, когда перешел переход от 11 21 до 21 21. Гаплотипы с древними значениями YCA II = 11 21 находятся в сочетании со снипами, выделенными и подчеркнутыми в цепочке:

**I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > M26 > L160 > PF4088 > CTS1758 > CTS11338 > PF4189 > PF4190,**

**I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > M26 > L160 > PF4088 > CTS1758 > CTS11338 > PF4189 > Z118 > Z102, Z109, Z98 > Z113.**

На последнем снипе добавляются еще все-го два снипа, Y140451 и A18572, и цепочка заканчивается на последнем снипе с датировкой 6 снип-мутаций назад, то есть примерно 860 лет назад.

Что касается гаплотипов со значениями YCA II = 21 21, то переход к ним произошел в цепочке:

**I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L161,**

поскольку у гаплотипа со снипом L161 эта пара уже равна 21 21, как и у гаплотипов снипа L621 в цепочке:

**I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621.**

Снипы Y3104, L161 и L621 образовались 82, 77 и 47 снип-мутаций назад, то есть примерно 11,8 тыс., 11,1 тыс. и 6,8 тыс. лет назад. Таким образом, переход 11 21 к 21 21 произошел примерно 11 тыс. лет назад. Как минимум, с этого времени и продолжается прямая генеалогическая линия русского носителя снипа P37 на Русской равнине. У второго, со снипом L161, этот переход у прямых предков уже произошел ранее 6,8 тыс. лет назад. Но это все было задолго до геноцида носителей гаплогруппы I2a1 в Европе, и предки упомянутых русских мужчин сумели его избежать.

Это довольно трудоемкое рассмотрение демонстрирует, как можно проводить ДНК-генеалогический анализ в специальных случаях, используя снипы и гаплотипы, даже в случае одиночных гаплотипов и их снипов.

Перейдем к рассмотрению «параллельной» ветви субклада I2a1, а именно субклада

I2a1b-M436, которая отошла от I2a1 вскоре после его образования:

**I-M170 > I2-M438 > I2a1-L460 > I2a1a-P37,**

**I-M170 > I2-M438 > I2a1-L460 > I2a1b-M436.**

Если в первой ветви среди русских в базе данных Русской равнины представлены 89 гаплотипов, из которых 87 относятся к южнославянской ветви Y3120, которая возродилась в конце прошлой эры, и 2 — к древней линии, которая продолжается уже примерно 11 тыс. лет, то ко второй ветви относятся 13 гаплотипов. Все они выстраиваются в три цепочки снипов, расходящиеся от снипа M436:

**I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > M223 > CTS616 > CTS10057 > L701 > P78 > A427,**

**I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > M223 > CTS616 > CTS10057 > Z161 > L801 > Z170 > CTS6433 > S2364 > S2361 > Y9161 > Y13948,**

**I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > Y10705 > L38,**

их предковый (базовый) гаплотип следующий:

14 23 16 10 15 16 11 13 11 13 12 30 16 8 10 11

11 25 14 21 27 13 14 15 15 11 10 19 21 15 15 17

20 34 37 12 10,

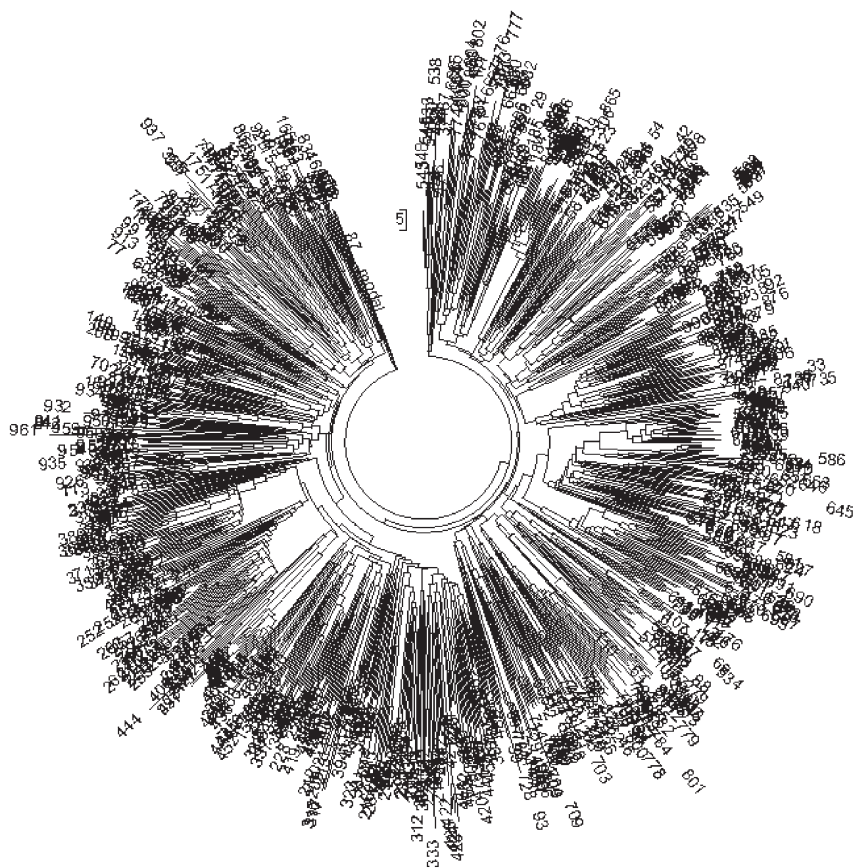
и общий предок этих 13 гаплотипов жил  $7500 \pm 890$  лет назад. Поскольку снип M436 образовался 77 снип-мутаций, или примерно 11,1 тыс. лет, назад, то ясно, что и в этом случае носители показанных субкладов прошли «бутылочное горлышко» выживания и прибыли на Русскую равнину разными путями и в разное время.

Подводя итоги по рассмотрению гаплогруппы I2a среди русских, следует заключить, что наиболее многочисленная их группа — это южные славяне субклада Y3120, которые составляют 85 % от выборки и общий предок которых жил в конце прошлой эры, фактически вернув к жизни и приумножив в потомках эту ныне огромную группу славян, исходно (после выживания) дунайских. Остальные ДНК-линии гаплогруппы I2a относительно малочисленны и расходятся на относительно небольшие группы, с общими предками, которые жили примерно 11–12 тыс., 7,5 тыс. и 6,8 тыс. лет назад. Их предки сумели избежать уничтожения в Европе 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад, при гибели «Старой Европы», но так и не смогли набрать относительно большую численность своей группы за прошедшие тысячелетия.

## Гаплогруппа I1

Эта гаплогруппа не относится к числу крупных среди русских, среди 1218 «русских» гаплотипов в базе данных Русской равнины к ней относятся 86 гаплотипов, то есть примерно 7 %. Характерная и необычная особенность ее в том, что по всей Европе, включая Россию, ее дерево гаплотипов на

редкость симметрично, и практически все гаплотипы сходятся к одному общему предку, который жил  $3686 \pm 369$  лет назад, без округления или, более реалистично и математически более правильно,  $3700 \pm 400$  лет назад. Вот как выглядит дерево из 968 европейских гаплотипов в 111-маркерном формате:



**Рис. 40.** Дерево из 968 гаплотипов гаплогруппы I1 в 111-маркерном формате. Все гаплотипы имеют 24 990 мутаций от базового (предкового) гаплотипа, что дает  $24\,990/968/0,198 = 130 \rightarrow 149$  условных поколений (по 25 лет), то есть  $3725 \pm 370$  лет до общего предка 968 человек гаплогруппы I1. Калькулятор Килина-Клёсова дает  $3686 \pm 369$  лет до общего предка, что практически то же самое (разница составляет 1 %). Гаплотипы взяты из Проекта гаплогруппы I1, ([https://www.familytreedna.com/public/yDNA\\_I1/default.aspx?section=yresults](https://www.familytreedna.com/public/yDNA_I1/default.aspx?section=yresults))

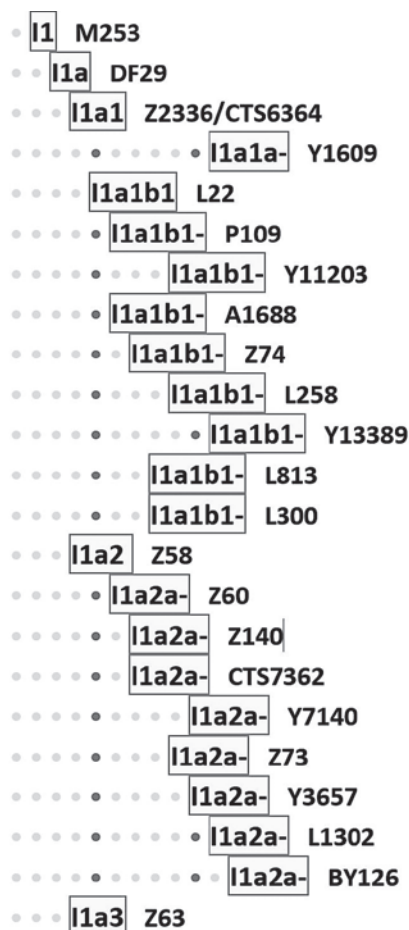
Для 86 гаплотипов из базы данных Русской равнины в 37-маркерном формате общий предок жил  $3170 \pm 340$  лет назад, что согласуется с приведенными выше значениями для значительно большего числа (в 10 раз большего) и более протяженных (111-маркерных в сравнении с 37-маркерными) в пределах погрешности. Предковый гаплотип русских гаплогруппы I1:

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 10 10 19 21 14 14 16 20  
35 37 12 10,

в точности совпадает на первых 37 маркерах с протяженным 111-маркерным предковым гаплотипом, полученным для 968 гаплотипов (Kilin V.V., Klyosov A.A. *Advances in Anthropology*, 2016):

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
 11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
 17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

Это опять к вопросу о репрезентативности выборок в ДНК-генеалогии. Подобные совпадения означают, что гаплотипы гаплогруппы I1 хорошо перемешаны по всей Европе, и не столь важно, где и какие выборки брать, они дают практически одинаковые результаты.



**Рис. 41.** Иерархия снов в гаплогруппе I1, которые имеют русские мужчины, гаплотипы и субклады которых занесены в базу данных Русской равнины. Диаграмма сокращенная, всего в списке снов гаплогруппы I1 имеется 793 наименования (по состоянию на сентябрь 2020 г.), не считая синонимических и дублирующих наименований

Теперь обратим внимание на то, как в иерархии снов располагаются сны русских носителей гаплогруппы I1 в рассматриваемой выборке. Несмотря на ограниченность выборки, их сны находятся во всех трех основных разделах гаплогруппы — I1a1, I1a2 и I1a3 (соответствующие сны Z2336, Z58 и Z63). Это уже показывает, что предки русских гаплогруппы I1 прибывали на Русскую равнину не одной группой, имеющей одного относительно недавнего общего предка, а «неупорядоченно», в разные времена после уничтожения большинства носителей гаплогруппы I1 в Европе, и практически все они происходят от общего предка, который выжил в геноциде и потомки которого прошли «бутылочное горлышко» выживания в конце II тыс. до н. э., примерно 3,7 тыс. лет назад.

Распределение снов русских в иерархии снов неравномерно — более половины их приходится на блок снов с родительским I1a1-Z2336, который образовался 28 снп-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад, и из них треть приходится на снп L22, который образовался 26 снп-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад. Это было именно тогда, когда группа I1 выходила из «бутылочного горлышка» выживания своего рода. На втором месте по численности русских гаплогруппы I1 в выборке находится снп L1302, во втором блоке снов с родительским I1a2-Z58, из которого половина приходится на указанный снп, с подобной историей выживания и прибытия на Русскую равнину. Последний блок снов с родительским I1a3-Z63 представлен в наименьшей степени в выборке, на него приходится только 10 % от всех.

Если мы обратимся к обширному списку снов, представленному группой YFull, с приведением примеров по регионам, то увидим такие же закономерности. Верхний блок снов на диаграмме выше, с родительским сном I1a1-Z2336, представлен русскими из Тамбовской, Ульяновской, Иркутской областей, из Карелии и Алтайского края, из них большинство — со сном L22 и нижестоящего P109. Немало русских и во втором блоке, с родительским сном I1a2-Z58, причем большинство со сном L1302, как и в нашей относительно малой выборке Русской равнины. В списке YFull под этим сном числятся представители из Московской, Рязанской, Кировской

областей, Санкт-Петербурга, под остальными снипами в данном блоке — из Ульяновской, Рязанской, Брянской областей.

Наконец, в третьем блоке снипов, с родительским I1a3-Z63, в списке YFull числятся представители из Московской и Оренбургской областей, а также из Татарстана.

### Гаплогруппа E1b

Эта гаплогруппа также относится к числу минорных по численности среди этнических русских, как и целый ряд других гаплогрупп, помимо трех основных по численности (R1a, I2a, N1a1). В базе данных гаплотипов Русской равнины среди 1218 гаплотипов русских к гаплогруппе E1b относятся 54 гаплотипа, то есть 4,4 %. Почти все они, а именно 49 гаплотипов (91 % от всех), относятся к одному субкладу — E1b-V13. Он образовался 57 снип-мутаций, или примерно 8,2 тыс. лет, назад, и этот снип нашли в ископаемых костных остатках на северо-востоке Испании с археологической датировкой 7 тыс. лет назад. Остальные 5 гаплотипов разбросаны по всей гаплогруппе E1b, как показано ниже.

Судьба гаплогруппы E1b, как и ее снипа V13, похожа на судьбу носителей гаплогруппы I1,

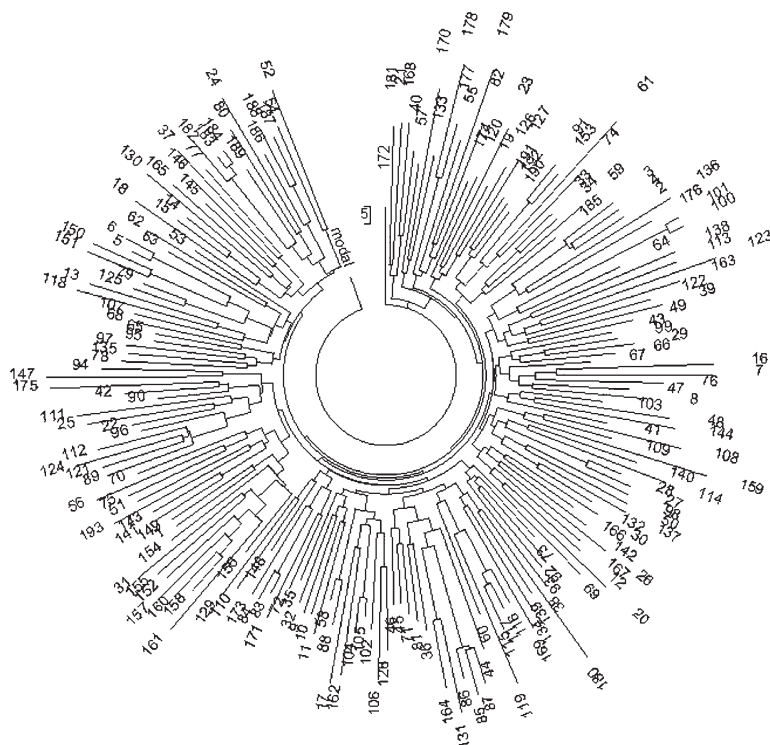
о чем говорится в предыдущем разделе. В середине III тыс. до н. э. ее носители в Европе были почти все уничтожены в ходе расселения эрбинов, и гаплогруппа возродилась только тысячелетие спустя, в основном в виде субклада V13, который сейчас доминирует в Европе. Все 49 гаплотипов субклада V13 русских сходятся к общему предку, который жил  $3300 \pm 360$  лет назад и имел базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 **16** 12 17 20  
31 34 11 10.

Он отличается всего на одну мутацию (в маркере DYS456, выделен) от базового гаплотипа, полученного для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, которые показали время жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад, что то же самое в пределах погрешности расчетов:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Дерево из этих 193 гаплотипов показано ниже. Оно имеет характерную симметричную форму, типичную для линии Y-хромосомы, прошедшей относительно недавнее «бутылочное горлышко» выживания.



**Рис. 42.** Дерево 193 гаплотипов в 67-маркерном формате гаплогруппы/субклада E1b1b1-V13 (см. схему субкладов в тексте). Общий предок показанной серии гаплотипов жил  $3450 \pm 350$  лет назад. Построено по данным проектов: <https://www.familytreedna.com/public/E-V13/default.aspx?section=yresults>, <https://www.familytreedna.com/public/E3b?iframe=yresults>



Остальные 5 гаплотипов в «русской выборке» относятся к следующим ветвям гаплогруппы (первая цепочка — для сравнения, содержит снип V13):

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > **M35 (= L117)**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > **V22**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > Y4972 > **Y4970**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > **Y2947**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > M84 > S11387 > Y5427 > PF6751 > Y6720 > **PF6747**.

Как видно, все пять цепочек снипов расходятся от снипа M35, который образовался 241 снип-мутацию, или примерно 35 тыс. лет, назад. Но все 5 гаплотипов имеют общего предка, который жил «всего»  $6200 \pm 900$  лет назад. Тем не менее этому предку и его потомству удалось избежать истребления в III тыс. до н. э., и часть потомков в итоге прибыла на Русскую равнину, и среди их современных потомков — русские. Гаплотип этого общего предка имел примерный вид:

13 24 13 10 16 17 11 12 12 13 11 31 16 9 9 11 11  
23 14 20 31 14 15 16 16 10 11 19 22 16 13 17 19  
32 34 12 10,

который на 16 мутаций отличается от предкового гаплотипа современных носителей снипа V13 (см. выше), что эквивалентно  $16/0,09 = 178 \rightarrow 226$  условным поколениям, то есть примерно 5650 годам дистанции между древними носителями приведенных базовых гаплотипов. Это означает, что их общий предок жил  $(5650 + 3300 + 6200)/2 = 7575$  лет назад, в древней Европе, еще до гибели ее коренного населения.

## Гаплогруппа G2a

Среди русских эта гаплогруппа малочисленна. В базе данных Русской равнины среди 1218 гаплотипов русских носителей гаплогруппы G2a

насчитывается 18 человек, то есть 1,5 %. В известном списке гаплогрупп по странам и регионам Eupedia носителей гаплогруппы G в России насчитывается 1 %: [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml).

Из этих 18 русских мужчин с гаплогруппой G2a 12, то есть две трети, имеют субклад U1 с подгруппами L1266 и L1264. Еще трое имеют близкий, но параллельный U1 субклад L497 (с подгруппами Z725 и Z726), 1 представитель имеет снип CTS342, и еще двое имеют удаленный субклад Z7940. Субклад последних двоих удаленный, потому что он относится совсем к другой ветви, G2a1, в то время как 17 остальных гаплотипов относятся к ветви G2a2. Соответствующие цепочки субкладов (в сокращении) показаны ниже:

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a1**-Z6552 > Z6553 > Z6653 > **Z7940**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a2**-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3345 > U1 > **L1266** > Y12277 > **L1264 (12 гаплотипов из 18)**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a2**-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3345 > **L497** > **Z725** > **Z726**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a2**-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3345 > **CTS342**.

Самая большая группа из 12 гаплотипов имеет базовый (предковый) гаплотип:

14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 20 29 13 13 14 14 10 11 20 20 16 13 17 18  
35 37 11 10,

обладатель которого жил  $3060 \pm 420$  лет назад. Вопрос, откуда этот гаплотип (или его ближайшие производные), решается довольно просто — почти такие же субклады и гаплотипы характерны для грузин, осетин (как дигорцев, так и иронцев), карачаево-балкарцев, абхазов, черкесов, адыгов, шапсугов и других групп населения Западного и Центрального Кавказа. Например, базовый гаплотип субклада G2a2-P303 в Грузии имеет вид:

14 **22** 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 20 **30** 13 13 14 14 10 11 20 20 **15** 13 **18** 18  
35 **38** 11 10,

и его общий предок жил  $3025 \pm 375$  лет назад (*Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. — М.: Книжный мир, 2016*). Немногие отличия от предкового



гаплотипа русских нижестоящего субклада G2a2-L1266-L12277-L1264 выделены в грузинском предковом гаплотипе, их всего пять, что разводит оба предковых гаплотипа на  $5/0,09 = 56 \rightarrow 60$  условных поколений, что эквивалентно 1,5 тыс. лет расстояния между их предковыми гаплотипами. Это помещает их (русских и грузин) общего предка в гаплогруппе G2a-P303 на  $(1500 + 3025 + 3060)/2 = 3800$  лет назад.

Еще ближе к русскому предковому гаплотипу предковые гаплотипы кавказцев субклада L140, их гаплотип в 17-маркерном формате имеет вид  
14 23 15 10 13 14 11 12 11 **30** 17 16 20 11 16 10 21

и отличается на одну мутацию (выделено). К тому же их общий предок жил  $3100 \pm 350$  лет назад, то есть тогда же, когда жил общий предок русских и грузин. Это соответствует расстоянию между ними  $1/0,0365 = 27 \rightarrow 28$  условных поколений, или 700 лет, и их общий предок жил  $(700 + 3060 + 3100)/2 = 3400$  лет назад. Иначе говоря, все эти современные гаплотипы происходят от одних общих предков, которые жили в конце II тыс. до н. э., несколько больше 3 тыс. лет назад. И вот здесь ископаемые ДНК дают, похоже, ответ об источнике всех этих гаплотипов — почти такой же древний гаплотип найден в некрополе на юге Франции, с археологической датировкой 5 тыс. лет назад (Lacan и др., 2011):

14 23 15 10 13 15 11 12 11 30 18 16 20 11 14 10 21.

На самом деле в некрополе нашли 20 таких гаплотипов, практически одинаковых друг с другом. Французские авторы исследования отнесли их к гаплогруппе G2a-P15, более глубокие субклады не определяли. Но и так ясно, что эти ископаемые гаплотипы — предковые по отношению как к русским, так и кавказским гаплотипам, приведенным выше. Между ископаемым гаплотипом и предковым гаплотипом современных русских — 5 мутаций (в 17-маркерном формате), что помещает их общего предка на 6 тыс. лет назад. Это является вполне приемлемой величиной, учитывая, что датировка ископаемых гаплотипов G2a во Франции — 5 тыс. лет назад.

Вот такая история произошла с ископаемыми гаплотипами гаплогруппы G2a, носители которых жили в Европе шесть и более тысяч лет назад, поскольку в Испании нашли похожие гаплоти-

пы группы G2a, с археологической датировкой 7 тыс. лет назад (Lacan и др., 2011, последующее их исследование). Примерно 4,5 тыс. лет назад их постигла трагедия, которую сумела вскрыть пока только ДНК-генеалогия, когда обнаружила, что гаплотипы гаплогруппы G2a в Европе прошли «бутылочное горлышко» выживания около 4 тыс. лет назад, причем не в Европе, а уже на Кавказе, перейдя в следующий субклад, в основном G2a2-L140. Сейчас они там, на Кавказе, живут, до двух третей и трех четвертей среди абхазов, черкесов (адыгов), шапсугов и осетин — как дигорцев, так и иронцев. Видимо, с Кавказа гаплогруппа G2a и попала на Русскую равнину, судя по относительно малому количеству этой гаплогруппы среди русских.

Два современных гаплотипа другой ветви, G2a1-Z7940, тоже совершенно типичные для кавказских гаплотипов субклада Z6653, родительского по отношению к Z7940. Это два русских гаплотипа имеют вид (дробью показаны варианты в обоих гаплотипах):

14 22 15 10 15 17 11 12 11 12 10 28 17 9 9 11 11  
24 16 21/22 27 13 13 14 14 10 10 19 21 15 15 16  
19 36 38 10 11.

Они весьма близки к предковому гаплотипу ветви G2a1 народов Западного и Центрального Кавказа — грузин, осетин (дигорцев и иронцев), шапсугов и черкесов (адыги), абхазцев. Все они — братья, один и тот же род, хотя доля гаплогруппы G2a у всех разная. Общий их предок жил около 4 тыс. лет назад, предковый гаплотип имеет вид (семь мутационных различий с русскими гаплотипами, выделены):

14 22 15 10 15 17 11 12 11 12 10 **29** 17 9 9 11 11  
24 16 21 **28** 13 13 14 14 10 10 19 21 15 15 **15 18**  
**37 38 11 10.**

Семь мутаций между двумя 37-маркерными гаплотипами эквивалентны  $7/0,09 = 78 \rightarrow 86$  условных поколений, или 2150 лет, и помещают их общих предков на  $(2150 + 4000)/2 = 3075$  лет назад, то есть примерно тогда же, когда и предковые кавказские и русские гаплотипы ветви G2a2 (по разным сериям 3025, 3100, 3400, 3800 лет назад).

Подобные взаимоотношения имеются и у одиночных (субклада G2a2-CTS342) и тройных (G2a2-L497) русских гаплотипов с гаплотипами Кавказа той же ветви G2a2. В целом достаточно ясно, что гаплотипы русских с Русской равни-

ны произошли на Кавказе несколько тысячелетий назад, а на Кавказ их предки прибыли из Европы после гибели там коренного населения в III тыс. до н. э.

Эти выводы-гипотезы поддерживают и данные по сникам гаплогруппы G2a, представленные в списке группы YFull из сотен сников, с примерами по регионам. Там есть всего несколько русских, из Рязанской и Псковской областей. Все остальные, с пометкой «Россия», из Карачаево-Черкесии, Карачаево-Балкарии, Чеченской Республики, Дагестана, Ингушетии, Осетии, Адыгеи, Татарстана, причем они почти поровну разделяются между ветвями G2a1 и G2a2 (см. выше).

### Гаплогруппа Q

В выборке Русской равнины из 1218 гаплотипов только семь представляют гаплогруппу Q, что составляет 0,6 % от всех русских гаплотипов. Поскольку гаплогруппа Q характерна для монголов, ясно, что монголы не внесли практически никакого следа в генофонд русских, во всяком случае по мужской линии. Более того, эти 7 гаплотипов рассыпаны по всей гаплогруппе Q и входят в две принципиально разные линии — Q1 и Q2, а в первой линии они расходятся на две подлинии Q1a и Q1b. Вот как выглядят цепочки их сников (выделены 7 сников гаплогруппы Q у русских):

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > L712 > L715 > **L713**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > L53 > L54 > **L330** > YP771 > **L332**,

Q-M242 > Q2-L275 > F1213 > M378 > L245 > Y2998 > Y2209 > Y2225 > **Y2200**.

Ясно, что их общий предок жил совсем в древние времена, потому что субклады Q1a-F1096, Q1b-L56 и Q2-L275 жили, соответственно, 184, 174 и 229 сник-мутаций, или примерно 26,5 тыс., 25 тыс. и 33 тыс. лет, назад. Однако эти 7 гаплотипов имеют (фантомного) общего предка  $5200 \pm 730$  лет назад, с (фантомным же) базовым гаплотипом:

13 24 13 10 14 16 12 12 12 13 15 31 16 9 9 11 11  
26 13 19 29 14 15 16 16 10 10 19 22 15 14 17 17  
35 38 12 11.

Гаплотип фантомный, потому что он является продуктом экстраполяции обрывков ДНК-генеалогических линий с их современными га-

плотипами, предки которых должны уходить на глубину примерно в 30 тыс. лет, но на самом деле уходят на глубину всего 5,2 тыс. лет. Ниже этого времени прямые ДНК-линии оборвались, и реконструкция, которую мы сейчас пытаемся провести, построена только на недавних обрывках этих линий.

Если мы снимем гаплотип удаленного субклада Q2 (третья цепочка выше), то это дела почти не изменит. Базовый гаплотип отличается всего на 5 мутаций:

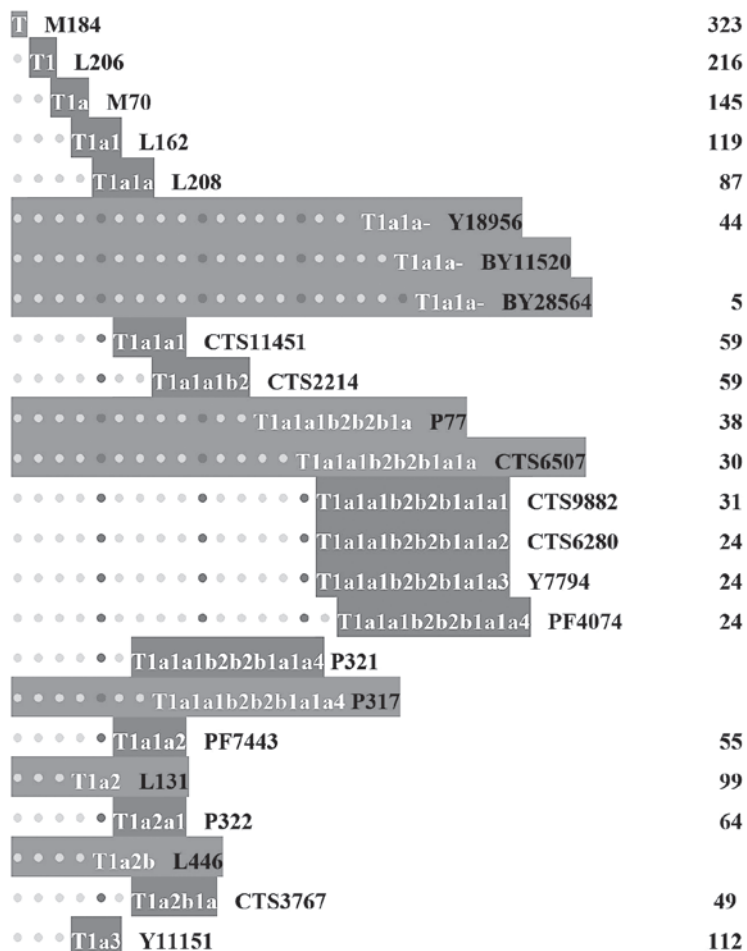
13 24 13 10 **15** 16 12 12 12 13 15 **32** 16 9 9 11 11  
**27** 13 19 29 14 15 16 16 10 10 19 **23** 15 14 **18** 17  
35 38 12 11,

и его общий предок жил  $5100 \pm 750$  лет назад, в пределах погрешности с предыдущей величиной. Тем не менее эти гаплотипы являются полезными для сопоставления с другими гаплотипами, древними и современными, гаплогруппы Q.

То, что гаплогруппа Q не является характерной для русских, показывает и список сников этой гаплогруппы компании YFull. Из многих сотен сников там есть всего несколько сников русских — из Псковской, Новосибирской, Орловской, Томской, Кемеровской областей и с Камчатки. Еще десятки примеров с пометкой «Россия» — из Ханты-Мансийского региона, Дагестана, Чеченской Республики, Кабардино-Балкарии и Татарстана. Они почти полностью относятся к ветви Q1.

### Гаплогруппа T

Гаплогруппа T является минорной в численном отношении среди русских на Русской равнине, что подтверждает ее малая доля в базе данных гаплотипов Русской равнины — 5 гаплотипов из 1218, то есть 0,4 %. Эти гаплотипы относятся к сникам L208: 3 гаплотипа, один из них относится к снику CTS6507 и два — к снику L131. Они определенно недотипированы, но по сведениям базы данных относятся к двум разным ДНК-линиям — T1a1 (L208) и T1a2 (L131). Поэтому их общий предок довольно древний и жил  $5100 \pm 790$  лет назад. Эта датировка в данном случае слишком общая, поскольку объединяет линии T1a1 и T1a2, которые образовались 119 и 99 сник-мутаций назад, то есть более 14 тыс. лет назад. Опять мы имеем обрывки древних ДНК-



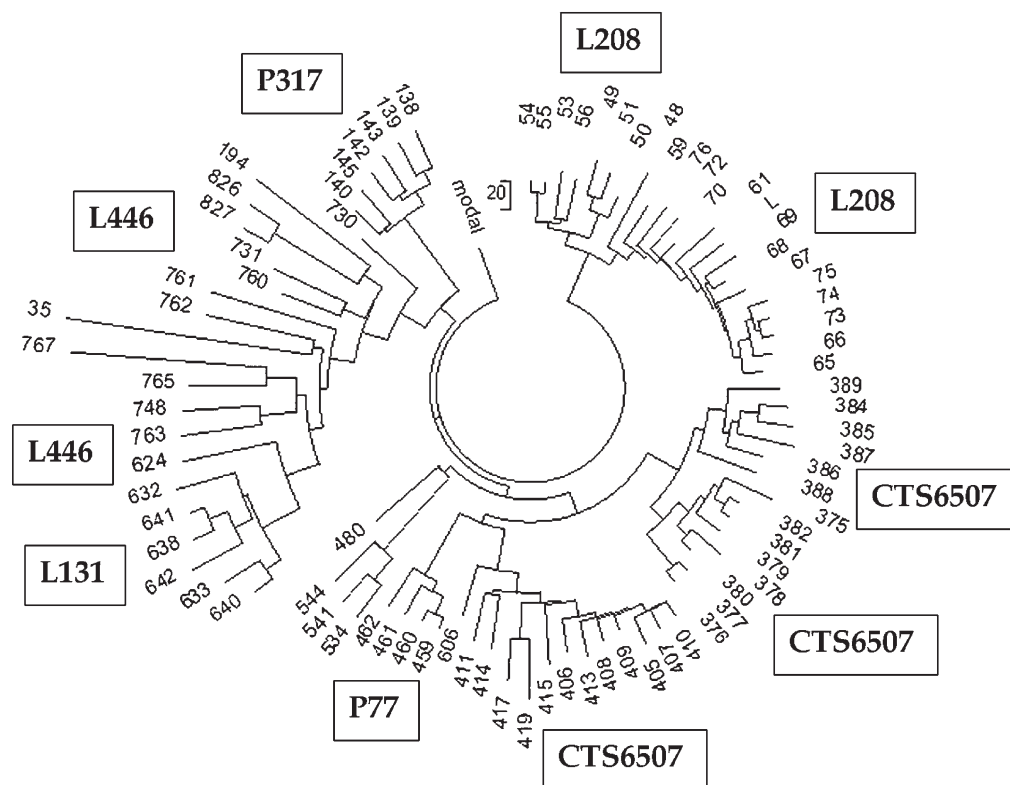
**Рис. 43.** Ієрархія сніпов в гаплогруппе Т, які мають російські чоловіки, гаплотипи і субклади яких занесені в базу даних Російської рівнини. Діаграма скорочена, всього в списку сніпов гаплогруппи Т існує 84 найменування (по стану на вересень 2020 р.), не рахуючи синонімічних і дублюючих найменувань. Колонка справа показує датировки субкладів/сніпов гаплогруппи Т, які в основному древні — для датировок в роки потрібно показані числа помножити на 144, оскільки сніп-мутації утворюються в середньому раз в 144 роки. Розташування субкладів наведено за даними ISOGG-2019: <https://docs.google.com/spreadsheets/d/1u3cF3HCCzrxuJdmpslQQF4NRhN4I82shPyGfVhSRMUQ/edit#gid=2049772122>, і даними групи YFull, і датировки наведені за даними групи YFull: <https://www.yfull.com/tree/T/>. Виділені субклади/сніпи, в яких наші сучасники — в основному євреї

ліній, які дають фантомного загального предка. Але навіть якщо виключити з розрахунків лінію T1a2-L131, то залишилися 3 гаплотипа лінії T1a1-L208 всі рівно мають загального предка, який жив 4100 ± 800 років тому.

Це досить незвичайно для гаплогруппи Т, для якої відома на сьогоднішній день картина дуже специфічна. Справа в тому, що їх відносно нещодавні носії в Європі походять, як правило, від євреїв, які жили в Європі 1 тис. — 1,5 тис. років тому, тобто вже після Розсіяння, в нашій ері. Інакше кажучи, вони утворили свої відносно нещодавні гілки, предки яких, як показує аналіз, вийшли з Близького Сходу. В результаті ми маємо досить характерну картину, показану на рис. 44, де самі сніпи утворилися між 46 тис. і 14 тис. років тому, але в єврейські спільноти вони ввійшли

лише в нашу еру. Саме тому давність загальних предків для п'яти російських носіїв гаплогруппи Т потребує пояснень. З однієї сторони, те, що вони назвали себе російськими — це «вербальна» інформація, вони могли і не знати свого справжнього походження, але давність їх загальних предків змушує сумніватися і припускати, що вони єврейського (або ближньосхідного) походження.

Взглянемо спочатку на відомі єврейські лінії гаплогруппи Т в Східній Європі. Їх єврейські предки проживали ще нещодавно, до еміграції за межі СРСР, Росії і в цілому Східної Європи, і в попередні століття, на територіях Польщі, Литви, Латвії, Чехії, Німеччини і інших країн Східної Європи. Це ясно з імен і прізвищ їх найближчих предків (яких і заносять в бази даних). Імена такі,



**Рис. 44.** Дерево из 83 гаплотипов гаплогруппы Т стран Восточной Европы в 37-маркерном формате. На дереве видны семь относительно недавних ветвей, и одна древняя ветвь (слева). Последняя имеет общего предка, который жил  $5300 \pm 600$  лет назад, и почти все ее гаплотипы, за исключением нескольких безымянных, принадлежат типично еврейским именам и фамилиям. Здесь представлены страны: Россия, Литва, Германия, Хорватия, Молдавия (единичный гаплотип), Венгрия, Украина, Белоруссия, Чехия. Относительно недавние ветви имеют общих предков, которые жили  $790 \pm 250$ ,  $910 \pm 200$ ,  $1020 \pm 245$ ,  $1120 \pm 260$ ,  $1130 \pm 190$ ,  $1175 \pm 250$  и  $1370 \pm 220$  лет назад. У ветвей приведены их снипы. Гаплотипы взяты из проекта: <https://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-K2/default.aspx?section=yresults>

навскидку — Лейб, Сруль, Эфраим, Гершель, Саул, Борух, Мордехай, Шломо, Израэль, Реувен, Шимон, Янкель, Хаим, Авраам, Элиезер, Шмуль, Гершон, Моисей, Иеремия, Юфим, Бер, Саломон, Хирш, Иезекиль, Лазарь, Менахем, Ицхак, Аарон. Гаплотипы из этих стран были объединены, оставлены только те, которые имеются в 37-маркерном формате, и из них было построено дерево гаплотипов, показанное на следующем рисунке.

Отсюда несколько раскрывается картина появления носителей гаплогруппы Т (и ее субкладов) в Восточной Европе. Тысячелетия назад субклады Т-L131 и/или Т-L208 (образовались

99 и 87 снип-мутаций, или примерно 14 тыс. и 12,5 тыс. лет, назад соответственно) попали с Ближнего Востока к евреям или их предкам, те принесли их или нижестоящие субклады во времена Рассеяния в Европу, и в интервале 800 лет — 1,4 тыс. лет назад, то есть в I–II тыс. н. э., они разошлись по Восточной Европе. Поскольку евреи обычно держались замкнуто в своих сообществах, гаплогруппа не разошлась по нееврейским жителям и так и осталась в окружении евреев. В последняя время ситуация с замкнутостью евреев в Европе изменилась, но передаваемые гаплотипы так и остались в соответствующих ветвях.

Чтобы еще лучше понять историю гаплогруппы Т (почти исключительно субклада Т1) среди русских и вообще в Восточной Европе, мы привели дерево гаплотипов гаплогруппы Т в Восточной Европе (рис. 44). Гаплотипы евреев здесь занимают всю правую половину, и общие предки целого ряда ветвей там жили все в нашей эре, примерно тысячу лет назад. Повторим, что все 5 гаплотипов гаплогруппы Т в базе данных Русской равнины названы их носителями как «русские», и так оно и есть, поскольку они русские по языку, культуре, имеют своих ближайших предков, которые тоже определенно считали себя русскими. Наше исследование вовсе этого не отрицает и направлено на выяснение их древнего происхождения. Поясним, что это означает.

В базе данных FTDNA имеется 15 гаплотипов субклада L208 > Y18956 > BY11520, предковый гаплотип которых имеет вид:

13 24 14 10 15 16 11 12 11 12 13 29 18 9 9 11 13  
26 14 18 34 11 13 15 19 10 9 22 23 16 14 17 17  
37 38 11 9.

В той же базе данных имеется 12 гаплотипов субклада L208 > CTS11451 > CTS2214 > P77 > CTS6507 > Y7794, с предковым гаплотипом:

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31 16 9 9 11 13  
28 14 19 33 11 13 16 16 10 10 23 25 16 13 16 18  
35 36 12 9,

и 8 гаплотипов субклада L208 > CTS11451 > CTS2214 > P77 > CTS6507 > Y7794 > PF4074, с предковым гаплотипом:

13 23 14 10 14 15 11 12 11 14 13 30 17 9 9 11 13  
26 14 20 33 10 11 13 14 10 10 23 24 17 14 17 16  
36 37 11 9.

Общие предки этих серий гаплотипов жили  $1550 \pm 240$ ,  $995 \pm 185$  и  $1250 \pm 250$  лет назад соответственно. Имена близких предков первых 15 человек — Сруль, Игнац, Саломон, Янкель, Дивин, Чарльз, Ледерман, Ицхак, Морис (Розенталь), Ицхак, Аврам, Херш, Самуил, Бер, Майер (Вейсбергер), вторых 12 человек (имена проставлены для 9 человек) — Эйзик, Лейбиш, Израэль, Арье, Янкель, Яков, Элимелис, Пинкус, Яков (Кауфман), и третьих 8 человек — Исаак, Джеймс (Глик), Давид (Зайдман), Эмануэль (Фридман), Самуэль, Иосиф, Бенджамин, Реувен. Ясно, что все или большинство этих предков были евреями.

Но при сопоставлении этих предковых гаплотипов с 5 гаплотипами современных русских из

базы данных Русской равнины оказывается, что они отстоят очень далеко от русских, в среднем на 26, 19 и 21 мутацию на 37 маркерах соответственно, что эквивалентно примерно 10,9 тыс., 7 тыс. и 8 тыс. лет от современных русских гаплогруппы Т и предков евреев в соответствующих субкладах. Иначе говоря, эти пятеро русских от евреев не произошли. Это относится и к 3 гаплотипам со снипом L208 линии T1a1:

13 23 14 10 14 16 11 12 11 13 13 29 17 9 9 11 13  
26 14 20 33 11 11 11 13 10 10 23 24 17 13 17 16  
36 36 11 9,

14 24 15 11 15 16 11 12 11 13 13 30 16 9 9 11 13  
27 13 19 32 11 13 15 16 11 10 23 24 14 14 14 17  
36 36 11 9,

13 23 14 11 15 16 11 12 12 14 13 32 17 9 9 11 13  
27 14 18 34 11 13 16 16 10 12 23 24 16 14 16 17  
37 37 11 9,

и к 2 гаплотипам со снипом L131 линии T1a2:

13 23 13 10 15 16 11 12 12 15 13 31 17 9 9 11 13  
25 15 20 33 11 14 16 16 11 10 23 25 15 13 17 17  
33 36 13 9,

13 23 13 10 13 16 11 12 11 13 13 29 16 9 9 11 13  
26 15 19 33 11 15 15 16 10 11 22 23 15 14 17 17  
35 36 12 9.

Здесь для иллюстрации выделены мутации в сравнении с предковым гаплотипом евреев субклада L208 > BY11520, и подобная картина наблюдается для остальных двух групп евреев в субкладах L208 > Y7794 и L208 > PF4074.

Такое различие объясняется довольно просто — снип L208 образовался примерно 12,5 тыс. лет назад, L131 — примерно 14,3 тыс. лет назад (см. датировки в снип-мутациях на диаграмме 33), и упомянутые пять русских гаплогруппы Т произошли от тех древних предков, хотя их нижестоящие субклады нам пока неизвестны и в базе данных не приведены (за исключением первого гаплотипа выше, в базе данных для которого приведен снип CTS6507, который образовался 30 снип-мутаций назад, его гаплотип наиболее близок к предковому гаплотипу евреев со снипом PF4074, отличаясь от него всего на 8 мутаций). Но и это эквивалентно расстоянию в  $8/0,09 = 89 \rightarrow 100$  условных поколений, или 2,5 тыс. лет, и их общий с евреями предок жил  $(2500 + 1250)/2 = 1875$  лет назад, то есть до времени образования данной группы евреев.





**Рис. 45.** Дерево из 40 гаплотипов в 37-маркерном формате гаплогруппы Т, из которых гаплотипы 1–15 относятся к субкладу Y7794, 16–27 — к субкладу Y7794, 28–35 (гаплотип 33 — вряд ли еврей, он из Ирака) — к субкладу PF4074 (все три группы — восточноевропейские евреи) и 36–40 — русские носители гаплогруппы Т. Видно, что вся левая половина дерева — гаплотипы субклада Y7794, нижняя ветвь справа — субклад Y7794, верхняя ветвь справа — субклад PF4074, в то время как русские гаплотипы (36–40) не относятся ни к одной из этих ветвей

Наконец, покажем, как дерево гаплотипов подтверждает, что пятеро русских с гаплогруппой Т далеки по происхождению от трех ветвей гаплогрупп евреев, обсуждаемых выше. На следующем рисунке приведено дерево из 40 гаплотипов — 35 из них относятся к евреям гаплогруппы Т, и 5 — русские.

Таким образом, приведенные расчеты и построения показывают, как гаплотипы помогают в выяснении происхождения как целых групп носителей определенных гаплотипов и снийпов, так и отдельных людей.

### Гаплогруппа С

Эта гаплогруппа для русских нехарактерна. Среди 1218 гаплотипов русских в базе данных Рус-

ской равнины к ней относятся только два гаплотипа (0,16 % от всех):

13 24 15 9 12 12 11 13 11 14 11 31 19 8 8 11 11  
26 14 20 31 11 12 12 16 11 9 22 23 15 15 19 18  
33 35 12 10,

13 24 17 9 12 12 11 13 11 13 11 29 19 8 8 11 11  
28 14 20 27 12 12 16 16 11 9 22 22 16 15 19 17  
33 40 12 10.

Эта гаплогруппа получила всплеск известности, когда она была найдена в скелетных остатках древнего человека в Костенках Воронежской области, с археологической датировкой 38,7 тыс. — 36,3 тыс. лет, назад, и возрастом древнейшего слоя стоянки 40 тыс. — 42 тыс. лет назад. И это была не просто гаплогруппа С, а ее древнейшие снийпы, P255 и V183. Гаплотип того древнего че-

ловека не определяли, поэтому сопоставить с ним гаплотипы современных русских мы не можем, хотя понятно, что они бы очень далеко отстояли друг от друга.

Тем не менее сравнить с современными гаплотипами гаплогруппы С мы их можем, чтобы понять, откуда два (современных) русских гаплотипа гаплогруппы С попали на Русскую равнину. Всё, что мы пока о них знаем, это их гаплотипы, приведенные выше, и сніпы, C2-M217, и нижестоящий M86.

<b>C</b>	<b>M130/M216</b>	<b>471</b>
•	<b>C1</b> <b>Z1426</b>	<b>326</b>
• •	<b>C1a</b> <b>CTS11043</b>	<b>320</b>
• •	<b>C1b</b> <b>F1370</b>	<b>320</b>
• • •	<b>C1b1</b> <b>K281</b>	<b>329</b>
• • • •	• <b>C1b3a1</b> <b>M38</b>	<b>272</b>
• • • •	• <b>C1b3b</b> <b>M347</b>	<b>303</b>
•	<b>C2</b> <b>M217</b>	<b>346</b>
• • • •	<b>C2a1a</b> <b>F4032/F1699</b>	<b>107</b>
• • • • •	<b>C2a1a2</b> <b>M48</b>	<b>107</b>
• • • • •	• <b>C2a1a2a</b> <b>M86</b>	<b>30</b>
• • • • •	• <b>C2a1a3a3</b> <b>F1918</b>	<b>96</b>

**Рис. 46.** Иерархия сніпов в гаплогруппе С, которые имеют русские мужчины, гаплотипы и субклады которых занесены в базу данных Русской равнины (M217 и M86). Диаграмма сокращенная, всего в списке сніпов гаплогруппы С имеется 394 наименования (по состоянию на сентябрь 2020 г.), не считая синонимичных и дублирующих наименований. Колонка справа показывает датировки субкладов/сніпов гаплогруппы С, которые в основном древние — для датировок в годах надо показанные числа умножить на 144, поскольку сніп-мутации образуются в среднем раз в 144 года. Расположение субкладов приведено по данным ISOGG-2020: <https://docs.google.com/spreadsheets/d/1XTMjVnybYFfj4mL1UwzDACTy9fZoJdCbENwdfvKWETQ/edit?gid=928240711> и данным группы YFull, датировки приведены по данным группы YFull: <https://www.yfull.com/tree/C/>. Выделены субклады/сніпы, распространенные в Казахстане, Киргизстане, Узбекистане, Монголии, а также среди калмыков, ногаев и индийцев

После рассмотрения диаграммы сніпов имелось, казалось бы, простую ситуацию — сніпы рус-

ских гаплотипов, M217 и M86, попадают в ареал казахских (и родственных) сніпов (в нижней части диаграммы). Отсюда, если ориентироваться только на сніпы (что и делают обычно популяционные генетики, которые гаплотипы, как правило, не рассматривают), можно было бы заключить, что упомянутые двое русских произошли от казахов, даже если они (ни те ни другие) об этом не знают. Но это не так, и рассмотрение гаплотипов отвергает такую версию. Казахские гаплотипы происходят от относительно недавних общих предков — например, типичные гаплотипы у казахов гаплогруппы C2 имеют вид (в 12-маркерном варианте) (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. — М.: Книжный мир, 2016):

13 25 16 10 12 12 11 13 11 14 11 31,  
13 25 16 10 12 13 11 14 10 13 11 29.

Общий предок первой серии гаплотипов жил  $1250 \pm 230$  лет назад, второй серии —  $900 \pm 170$  лет назад. С такими недавними датировками гаплотипы в каждой серии очень похожи друг на друга, например, в первой серии из 42 гаплотипов 20 гаплотипов идентичны друг другу, остальные отличаются друг от друга в среднем на 2 мутации на гаплотип. Во второй серии картина подобная — из 57 гаплотипов 29 идентичны друг другу, и остальные отличаются друг от друга в среднем на 1,4 мутации на гаплотип. Но если мы посмотрим на два русских гаплотипа выше, то увидим, что они весьма отличаются друг от друга, между ними — 20 мутаций, что эквивалентно расстоянию между ними в 6,4 тыс. лет, и их общий предок жил примерно 3,2 тыс. лет назад. Калькулятор Килина-Клёсова дает величину  $3209 \pm 786$  лет назад, что практически то же самое. Ясно, что предки русских с гаплогруппой C2 получили ее намного раньше казахов и как минимум на полтора тысячелетия до набега степняков на Русь, что получило у историков с легкой руки историка П. А. Наумова название «татаро-монгольского вторжения», которое было введено в научный оборот только в 1823 г. (Наумов П. А. Об отношениях российских князей к монгольским и татарским ханам от 1224 по 1480 год. СПб., тип. Деп. нар. просвещения, 1823.) Правда, и Наумов, после введения такого оборота, перешел далее в своей книге на «нашествие татар», «порабощение татарское», «татарское владычество». Н. М. Карамзин в сво-

ей «Истории государства Российского» монголов вообще не упоминал, называя их «моголы». Да и татар в историографии правильно было бы называть «степняки». Но это другая тема.

Наконец, если мы посмотрим на гаплотипы казахов и двух русских, гаплотипы которых приведены выше, то мы не увидим сходства между ними. Здесь — перекрестные мутационные различия на первых 12 маркерах:

13 25 16 10 12 12 11 13 11 14 11 31,

13 25 16 10 12 13 11 14 10 13 11 29,

13 25 16 10 12 12 11 13 11 14 11 31,

13 25 16 10 12 13 11 14 10 13 11 29.

В среднем это составляет различие в 5,5 мутации на 12-маркерный гаплотип, что эквивалентно  $275 \rightarrow 355$  условным поколениям, или около 9 тыс. лет расстояния русских от казахских гаплогруппы С. Это означает, что общие предки русских и казахских гаплогруппы С жили примерно 5 тыс. лет назад. Ни о каком «татаро-монгольском иге» речи здесь быть не может — ни по времени, ни по менее чем следовым количествам этой гаплогруппы среди русских.

В обширном списке сний гаплогруппы С компании YFull (<https://www.yfull.com/tree/C/>) среди множества сний, отнесенных к китайцам, корейцам, японцам, индийцам, пакистанцам, а также сниям казахов и азербайджанцев, есть всего пара сний с пометкой «Россия» — Хабаровский край и Рязанская область, это та же группа сний, выделенная в нижней части на рис. 46, нисходящая от F1699. Помимо этого, в списке YFull есть еще три сния калмыков, два сния бурят и один сний татарина, все в той же группе сний.

## Гаплогруппа О

Гаплогруппа О тоже находится в следовых количествах среди русских на Русской равнине, носителей этой гаплогруппы — двое среди 1218 гаплотипов русских в базе данных Русской равнины, это 0,16 % от всех. Примечательно, что эти два гаплотипа колоссально отличаются друг от друга, а именно на 41 мутацию на 37-маркерных гаплотипах, что эквивалентно 15,6 тыс. лет разницы между ними. Это в свою очередь показывает, что их общий предок жил примерно 7,8 тыс.

лет назад, и калькулятор Килина-Клёсова дает  $7802 \pm 1147$  лет назад (без округления). Понятно, что предки этих двух гаплотипов прибыли на Русскую равнину совершенно независимо друг от друга. Сами гаплотипы имеют вид:

14 23 15 11 12 12 11 12 12 13 13 29 18 9 9 11 11  
27 14 18 29 11 14 15 15 11 9 19 22 15 14 18 16  
35 36 12 10,

13 24 14 11 13 20 11 10 11 12 14 28 17 9 9 11 9  
24 15 19 34 12 12 12 14 9 10 19 21 16 15 19 19  
37 37 11 11.

По записям в базе данных, первый гаплотип относится к субкладу/снипу O1b-F1252, второй — к снипу O2a-CTS10738. Видно, что это две разные ДНК-линии, потому и такое большое различие между ними.

Выяснить, откуда именно прибыли предки упомянутых русских носителей гаплогруппы О, представляется затруднительным, поскольку эта гаплогруппа широко распространена в Юго-Восточной Азии, см. диаграмму на рис. 48.

Среди носителей гаплогруппы О в базе данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/o3/default.aspx?section=yresults> из 250 человек имеется только один результат со снипом F1252, это и есть один из двух русских в базе данных Русской равнины, второй, со снипом CTS10738, делит этот сний с японцем, других таких сний среди тех же 250 человек нет.

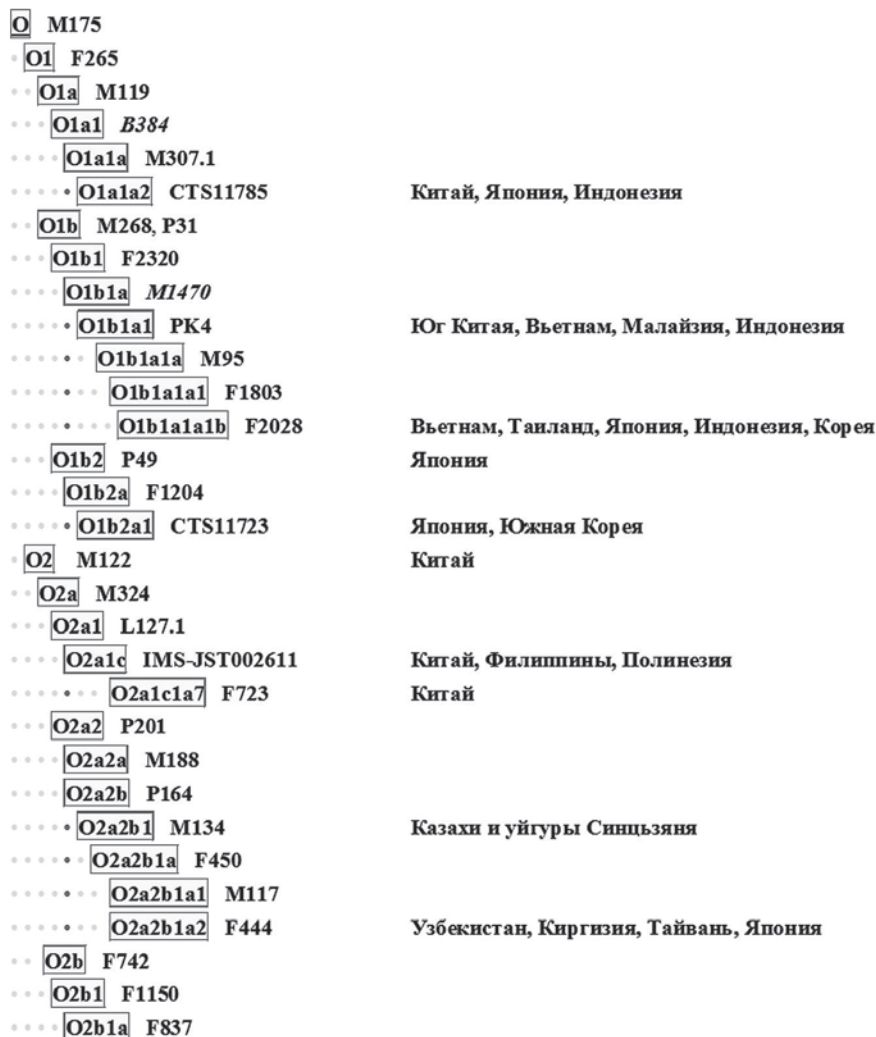
Наконец, в протяженном списке сний гаплогруппы О, составленном компанией YFull, среди многих сотен китайцев и десятков японцев есть вкрапления результатов из Кореи, Филиппин, Индии, Пакистана, Камбоджи, Вьетнама, и там же присутствуют только трое с пометкой «Россия». Один — из Рязанской области (F5504), один из Татарстана (MF14338) и один просто «Россия» (CTS7634). Тот, кто из Рязанской области, имеет нисходящий сний по отношению к F1252 (см. рис. 47):

O1b1 > F1252 > F5504.

Этот сний образовался 63 сний-мутации, или примерно 9 тыс. лет, назад. При такой древности это, конечно, не очень информативно. Но то, что его, как и сния F1252, нет в базе данных, показывает, что это относительно редкая ДНК-линия. Остальные два сния из списка YFull, из Татарстана и общероссийский, находятся в другой ДНК-линии:

<b>O</b>	<b>M175</b>	<b>244</b>
•	<b>O1</b> <b>F265</b>	<b>207</b>
••	<b>O1a</b> <b>M119</b>	<b>197</b>
••	<b>O1b</b> <b>M268</b>	<b>208</b>
••••	<b>O1b1a</b> <b>M1470/K18</b>	<b>196</b>
•••••	<b>O1b1a1</b> <b>PK4</b>	<b>164</b>
••••••	<b>O1b1a1a</b> <b>M95</b>	<b>92</b>
•••••••	<b>O1b1a1a1</b> <b>F1803/M1348</b>	<b>76</b>
•••••••	<b>O1b1a1a1a</b> <b>F1252</b>	<b>76</b>
••••	<b>O1b2</b> <b>P49</b>	<b>194</b>
•••••	<b>O1b2a</b> <b>F1658</b>	<b>182</b>
••••••	<b>O1b2a1</b> <b>CTS9259</b>	<b>85</b>
•••••••	<b>O1b2a1a</b> <b>K10</b>	<b>77</b>
•••••••	<b>O1b2-</b> <b>47Z</b>	<b>44</b>
•	<b>O2</b> <b>M122</b>	<b>203</b>
••	<b>O2a</b> <b>M324</b>	<b>184</b>
•••	<b>O2a2</b> <b>P201</b>	<b>162</b>
••••	<b>O2a2b</b> <b>P164</b>	<b>158</b>
•••••	<b>O2a2b1</b> <b>M134</b>	<b>136</b>
••••••	<b>O2a2b1a</b> <b>F450/M1667</b>	<b>н/о</b>
•••••••	<b>O2a2b1a1</b> <b>M117</b>	<b>н/о</b>
••••••••	<b>O2a2b1a1a</b> <b>M133</b>	<b>н/о</b>
•••••••••	<b>O2a2b1a1a5</b> <b>CTS10738/M1707</b>	<b>51</b>
••••••••	<b>O2a2b1a2</b> <b>F122</b>	<b>117</b>
••	<b>O2b</b> <b>F742</b>	<b>н/о</b>
•••	<b>O2b1</b> <b>F1150</b>	<b>н/о</b>
••••	<b>O2b1a</b> <b>F837</b>	<b>н/о</b>

**Рис. 47.** Иерархия сний в гаплогруппе О, которые имеют русские мужчины, гаплотипы и субклады которых занесены в базу данных Русской равнины (F1252 и CTS10738). Диаграмма сокращенная, всего в списке сний гаплогруппы О имеется 929 наименований (по состоянию на сентябрь 2020 г.), не считая синонимичных и дублирующих наименований. Колонка справа показывает датировки субкладов/сний гаплогруппы О, которые в основном древние — для датировок в годах надо показанные числа умножить на 144, поскольку сний-мутации образуются в среднем раз в 144 года. Расположение субкладов приведено по данным ISOGG–2019: [https://docs.google.com/spreadsheets/d/1ZeJnMPDMQ1TjwP2QGyayfULPosn0Qdxc9ozWZJ\\_pDWE/edit#gid=57047053](https://docs.google.com/spreadsheets/d/1ZeJnMPDMQ1TjwP2QGyayfULPosn0Qdxc9ozWZJ_pDWE/edit#gid=57047053) и данным группы YFull, датировки приведены по данным группы YFull: <https://www.yfull.com/tree/O/>. Сокращение н/о означает «не определяли». Выделены субклады/снии, обнаруженные у четырех русских носителей гаплогруппы О — два указаны выше и еще два (P201 и 47z) выявлены при проведении ДНК-теста в Академии ДНК-генеалогии (Москва), см. соответствующий раздел ниже



**Рис. 48.** Сокращенная диаграмма субкладов гаплогруппы О (по данным ISOGG–2020)

O2a2-P201 > P164 > F871 > MF14338,  
 O2a2-P201 > P164 > M134 > F450 > M117 >  
 CTS7634,  
 и расходятся от снипа P164, который образовался  
 158 снипов, или примерно 23 тыс. лет, назад. По-  
 нятно, что они далеко не родственные.

Это подтверждает исходное положение, что  
 гаплогруппа О среди русских исключительно  
 редкая и редкие ее носители бессистемно раз-  
 бросаны по Русской равнине.

### Гаплогруппа Н

Эта гаплогруппа нехарактерна для русских, и на  
 Русской равнине ее имеют в основном цыгане.  
 Среди 1218 гаплотипов русских в базе данных  
 Русской равнины только один относится к гаплог-  
 группе Н, субклад М69:

12 22 13 10 15 17 11 12 11 14 11 30 19 9 9 10 12  
 24 14 19 32 12 12 14 15 11 11 19 21 15 11 19 16  
 35 37 12 9.



Как показано ниже, это по всем признакам цыганский гаплотип, причем есть все основания полагать, что в базе данных он недотипирован и его снип — нижестоящий M82, показанный на диаграмме ниже:

H L901  
- H1 M69  
-- H1a M52  
--- H1a1 M82

**Рис. 49.** Сокращенное дерево субкладов гаплогруппы H по данным ISOGG, включающее субклад M82, распространенный в Европе среди цыган

Цыганские гаплотипы субклада M82 образуют плотную группу, это означает, что общий предок этой группы жил относительно недавно. Принято считать, и к этому есть основания, что субклад M82 был принесен в Европу цыганами, или рома, как их сейчас все чаще называют на Западе, примерно 1 тыс. — 1,2 тыс. лет назад, в IX–XI вв. н. э., и их потомки, многие из которых сейчас уже не цыгане, во всяком случае по жизненному укладу, имеют общих предков (по регионам), которые жили 900–600 лет назад.

В книге «ДНК-генеалогия от А до Т» (Клэсов А. А. М.: Книжный мир, 2016) была подробно описана группа цыганских гаплотипов субклада M82, в которую входят представители Украины, Италии, Англии, Болгарии, Молдовы, остальные по странам и регионам сведений не предоставили. Их предковый гаплотип имеет вид:

12 22 **15** 10 15 17 11 12 11 14 11 30 **18** 9 9 10 12  
24 14 19 **31** 12 12 14 15 11 11 19 21 15 11 **18** 16  
35 **38** 12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 20 21 18  
10 12 12 16 8 14 23 20 16 12 11 12 9 12 14 11,

и общий предок жил  $1200 \pm 230$  лет назад. По сравнению с единственным русским гаплотипом из базы данных Русской равнины у него 6 мутаций, что эквивалентно  $6/0,09 = 67$  условным поколениям между двумя гаплотипами, или примерно 1675 годам, и их общий предок жил  $(1675 + 1200)/2 = 1400$  лет назад с соответствующей погрешностью не менее  $\pm 300$  лет, что согласуется с датировкой общего предка цыганских гаплотипов субклада H1a1-M82. Как упоминалось выше, эти времена действительно соответствуют началу появления цыган в Европе, европейские цыгане в своем большинстве имеют гаплогруппу H, и представленный гаплотип попадает в эту

ветвь. Таким образом, картина достаточно ясна и наглядна. Корни ДНК-линии «нашего» гаплотипа, скорее всего, в цыганах, которые несколько более тысячелетия назад пришли из Индии. Если в семейных преданиях этого русского представителя о цыганах-предках ничего не известно, то этот субклад мог быть приобретен кружным путем или просто тайным. Но ДНК-генеалогия тайное обычно делает явным.

## Гаплогруппа А

Гаплотипы гаплогруппы А исключительно редкие на Русской равнине. Эту гаплогруппу часто называют «африканской», видимо, не зная, что многие носители гаплогруппы А (точнее, гаплогрупп категории А, которых несколько: A00, A00-T, A0, A0a, A0b, A1, A1a, A1b, A1b1, A1b1b) живут далеко за пределами Африки и являются европеоидами, или, как говорят не совсем научным языком, «белыми людьми». Обычно они с изумлением узнают о своей гаплогруппе из категории А.

В базе данных Русской равнины есть один носитель гаплогруппы А-M32, среди 1218 гаплотипов. Этот гаплотип следующий:

13 21 15 9 11 12 12 11 12 14 11 32 19 8 8 9 12  
21 16 21 32 16 16 16 16 10 11 21 22 14 13 18 14  
33 33 11 10.

Чтобы понять, какое могло быть его происхождение, обратимся к гаплотипам снипа M32 в базе данных FTDNA: [https://www.familytreedna.com/public/Haplogroup\\_A/default.aspx?section=yresults](https://www.familytreedna.com/public/Haplogroup_A/default.aspx?section=yresults).

Эти гаплотипы образуют несколько ветвей. Одна, для которой в базе данных есть в основном 12-маркерные гаплотипы (но в которую в базе данных поместили гаплотип русского в 37-маркерном формате), имеет предковый гаплотип:

13 21 15 **10** 11 12 12 11 12 **13** 11 **30**.

Его носитель жил  $4450 \pm 900$  лет назад. Русский гаплотип отличается от предкового гаплотипа ветви на три мутации, что эквивалентно  $3/0,02 = 150 \rightarrow 160$  условным поколениям, или 4 тыс. лет. Это примерно соответствует древности ветви, так что отнесение в базе данных проведено правильно. Гаплотипы, составляющие эту ветвь, происходят из ряда африканских стран (Ливия, Чад, Судан) и стран Ближнего Востока (Саудов-

ская Аравия и Кувейт), так что происхождение современного русского гаплотипа стоит искать в тех краях.

Рассмотрим для проверки остальные три ветви. Одна из них, состоящая из гаплотипов только из Саудовской Аравии, имеет относительно недавнее происхождение,  $825 \pm 190$  лет назад, предковый гаплотип:

13 21 15 9 12 12 11 12 13 11 31 18 8 10 9 11  
23 16 19 35 11 11 14 15 11 11 21 21 15 14 17 15  
30 34 13 10,

но он отличается от русского гаплотипа не менее чем на 27 мутаций, что выводит его из данного рассмотрения.

Вторая ветвь, тоже относительно недавняя, с общим предком, который жил  $470 \pm 90$  лет назад, имеет предковый гаплотип:

13 21 15 9 11 12 12 11 12 13 11 29 16 9 9 9 11  
23 15 21 34 10 11 15 16 10 11 21 21 14 14 18 18  
29 30 11 10,

который тоже отличается на 27 мутаций от русского гаплотипа группы А-М32. Эту ветвь составляют гаплотипы из Англии, Ирландии, Шотландии, Северной Ирландии.

Наконец, третья ветвь, относительно древняя, которую составляют гаплотипы из Саудовской Аравии, Кувейта, Катар, Иордании, Эфиопии, Италии, имеет предковый гаплотип в 67-маркерном формате:

13 21 15 9 12 12 12 11 12 13 11 30 17 8 9 9 11 23  
16 21 34 11 12 15 16 11 11 21 22 15 15 17 17 30  
36 11 10 10 9 12 12 7 11 10 8 10 9 0 24 25 18 13  
11 16 16 10 10 26 22 15 14 9 15,

носитель которого жил  $3850 \pm 600$  лет назад. Но этот гаплотип также далек от гаплотипа А-М32 русского носителя и отстоит от него на 30 мутаций на первых 37 маркерах. Так что мы подтвердили, что отнесение русского гаплотипа к субкладу А-М32 первой ветви (см. выше) проведено верно.

### **«Коммерческая выборка» гаплотипов русских по тестам ДНК в Академии ДНК-генеалогии (Москва)**

С точки зрения скептика, любые выборки являются неверными, искаженными, «кривыми», просто по определению — потому что они представляют часть, а не всё целое. Впрочем, даже скептик,

видимо, не будет настаивать, что анализ крови у него надо производить не по аликвоте объемом в долю миллилитра или даже в несколько миллилитров, а надо непременно выкачать всю кровь. И при дегустации вин надо непременно выпивать (или перекачивать во рту) всю бутылку или бочку, да и то неправильно, надо всю произведенную партию вина выпивать. Примеры можно множить до бесконечности, причем чем более далек скептик от науки, тем более безграмотными представляются его требования.

На самом деле принципы выборки давно отработаны — выборка в своей частности должна отражать характеристику всей системы. Это проводится либо статистически равновероятным отбором образцов из изучаемой системы, либо, если система слишком велика для такого отбора, сопоставлением нескольких опять же неупорядоченных выборок. Так сказать, эмпирическим путем. И если разные выборки согласуются друг с другом по результатам исследования, выборки признаются подходящими для соответствующих выводов и заключений.

Здесь очень важным является понятие «согласуются», и как следствие — понятие «подходящими». В неупорядоченных выборках согласование никогда не бывает абсолютным. Если бросить монету несколько десятков или сотен раз, и даже несколько тысяч раз, то число выпадений орла или решки практически (надо сказать — статистически) никогда не окажется точно одинаковым. Поэтому исследователь должен определить для себя (и других), что такое «согласуются» и «подходящее». Обычно это определяется тем, с какими целями проводится исследование. Если, переходя к теме ДНК-генеалогии, вопрос заключается в том, какая гаплогруппа доминирует среди русских, то здесь критерий «согласования» довольно очевиден. Если «научная» выборка, то есть проводимая по академическим правилам, дала долю гаплогруппы R1a 48 %, I2a — 14 % и N1a1 — 15 %, а «коммерческая» выборка (при которой заказчики сами посылают свои образцы ДНК для анализа в коммерческую лабораторию) — 52 %, 9 % и 16 %, то ответ ясен — доминирует (в численном отношении) гаплогруппа R1a. Если же вопрос ставится так: какая гаплогруппа представлена больше — I2a или N1a1, то указанные две выборки четкого ответа на этот вопрос не дают.

По одной выборке (научной) гаплогруппы N1a1 больше, чем I2a (15 % против 14 %), да и то эти показатели находятся в пределах погрешности определения (что скажет любой специалист), а по другой выборке показатели качественно те же, но количественно существенно расходятся (16 % против 9 %). Значит, ответ на вопрос не получен, надо переходить к другим выборкам, более многочисленным, или менять методологию формирования выборок. Но, собственно, последний вопрос так никто и не ставит, поскольку все специалисты понимают, что соотношение гаплогрупп N1a1 и I2a зависит от региона — так, на севере России больше первой гаплогруппы, на юге больше второй. И вот в тех регионах результаты выборок становятся согласованными и подходящими для выводов и заключений.

Обычно доля той или иной гаплогруппы в том или ином регионе важна не в количественном отношении, а в концептуальном. Например, тот факт, что среди русских практически отсутствует «скандинавская» гаплогруппа-субклад R1a-Z284, снимает основу для заявлений «норманнистов» о том, что на Русской равнине во времена Древней Руси было «видимо-невидимо» скандинавов. Потомков их нет, что совершенно невероятно при наличии даже небольшого количества скандинавов во времена Древней Руси. Карта (см. рис. 27) показывает, что потомков скандинавов не обнаруживается не только в Восточной Европе, но и в Центральной Европе, что позволяет утверждать, что за скандинавов в Европе принимали кого-то другого, тем более что само понятие «скандинавов» в древнее время — это продукт интерпретаций.

Аналогично, тот факт, что среди этнических русских почти отсутствует гаплогруппа-субклад R1a-Z93, которой довольно много у современных татар и народов Средней Азии, позволяет утверждать, что как бы мы ни определяли понятие «татаро-монгольского ига», татары и прочие древние и средневековые степняки не внесли свои ДНК в генофонд этнических русских. То же самое относится и к гаплогруппам Q и C, которые обильно представлены у монголов, но которых практически нет у этнических русских. Далее, поскольку у хазар и скифов пока обнаружены только те же гаплогруппы-субклады R1a-Z93, то можно утверждать, что современные этниче-

ские русские не являются потомками ни тех, ни других.

Вот это и есть концептуальные выводы, которыми столь ценна и важна ДНК-генеалогия. Есть еще немало других критериев воспроизводимости результатов обработки данных, например, при использовании гаплотипов разной протяженности. Это подробно проиллюстрировано на примере табл. 2, в которой показано, что при использовании 37-, 67- и 111-маркерных гаплотипов доля субкладов в гаплогруппах воспроизводится с хорошей точностью.

Мы столь подробно на этом останавливаемся потому, что проблема выборок является буквально основной для скептиков. Надо добавить — для скептиков, которые сами не проводили расчетов ни с одним гаплотипом и руководствуются исключительно соображениями «по понятиям», а не по науке.

Перейдем теперь к выборке гаплотипов по результатам тестов, проводимых Академией ДНК-генеалогии (Москва). Эта работа проводится на протяжении последних четырех лет, и за это время определены 938 гаплотипов Y-хромосомы, в 18- и 27-маркерных форматах, из которых 792 человека указали свою этническую принадлежность (по принципу самоидентификации), из них себя как русские идентифицировали 589 человек, то есть 74 % от всех указавших свою этническую принадлежность. Распределение по гаплогруппам приведено в табл. 2 выше. Мы видим, что самоидентификация не внесла существенных изменений, поскольку в трех совершенно разных базах данных (одна — работа международного коллектива, результаты которой были опубликованы в 2008 г., ссылка дана выше; вторая — база данных Русской равнины, составленная по международным базам данных, в основном компании FTDNA; третья — результаты тестирования гаплотипов и гаплогрупп Y-хромосомы, выполненного в 2016–2020 гг. в Академии ДНК-генеалогии, Москва, по состоянию на август 2020 г.) результаты принципиально согласуются друг с другом.

Поскольку подробное рассмотрение гаплогрупп, встречающихся у русских, уже проведено выше, ограничимся лишь короткими комментариями по результатам тестирования в Академии ДНК-генеалогии, а именно в чем сходство и раз-

личие с уже рассмотренным материалом и могут ли новые данные как-то повлиять на рассмотренные ранее выводы. Порядок рассмотрения гаплогрупп — в порядке уменьшения их численности у русских. Но сначала рассмотрим на примере гаплотипов и субкладов гаплогруппы R1a вопрос о представительстве выборок и о возможности делать выводы и заключения по относительно немногочисленным выборкам и сериям относительно коротких гаплотипов.

### Гаплогруппа R1a

Скептики обычно высказывают опасения, что поскольку стоимость ДНК-тестирования довольно высока, то заказывать тесты могут себе позволить только люди с достаточно высокими доходами, следовательно, выборки будут представлять только таких, относительно состоятельных, людей. Но данные табл. 2 показывают, что это не так — результаты согласуются по всем трем принципиально разным выборкам, первая из которых — «научная», тесты проводили бесплатно, по 12 областям Российской Федерации, по возможности равномерно (по численности) в каждой области. Так что опасения скептиков, как обычно, «по понятиям», точнее — бездоказательны.

Доля гаплогруппы R1a среди русских осталась принципиально такой же, как и в двух других базах данных, составленных, как указано выше, совершенно по другим выборкам, а именно 48 %, 52 % и 47 %. Поскольку погрешности в таких случаях составляют  $\pm 3\text{--}4\%$ , то ясно, что данные получены практически одни и те же.

Субклады носителей гаплогруппы R1a среди русских по результатам тестирования в Академии ДНК-генеалогии получены следующие: самые многочисленные — Z92 (35 % от всех гаплотипов группы Z280), CTS3402 (30 %) и Y2902 (26 %), что вполне хорошо согласуется с результатами по трем сериям данных по базе Русской равнины (31–33 %, 27–29 % и 26–32 %).

Далее, проверим, насколько воспроизводятся предковые гаплотипы из разных баз данных. Как сообщалось выше, 111-маркерный предковый гаплотип русских из базы данных Русской равнины имеет вид:

**13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23 16 16**

**18 19 35 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15  
19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.**

В базе данных Академии ДНК-генеалогии с ним можно сопоставить только предковый гаплотип максимум в 23-маркерном формате, поскольку дополнительных четырех маркеров в 27-маркерном формате гаплотипов Академии (DYS627, DYS518 и пары DYF387S1) не содержится в 111-маркерной панели. Маркеры предкового 23-маркерного гаплотипа выделены в 111-маркерном гаплотипе выше. Мы видим, что они полностью совпадают. Более того, совпадают и расчетные датировки времен жизни общих предков — выше было показано, что для всех 622 гаплотипов гаплогруппы R1a из базы данных Русской равнины в 37-маркерном формате общий предок жил  $4300 \pm 440$  лет назад, для 454 гаплотипов в 67-маркерном формате —  $4200 \pm 420$  лет назад, для 174 гаплотипов в 111-маркерном формате —  $3600 \pm 370$  лет назад, и при переходе к базе данных Академии ДНК-генеалогии, сформированной из совершенно другой выборки гаплотипов, причем в другом, 23-маркерном формате, общий предок группы из 274 наших современников жил  $4300 \pm 450$  лет назад. «Совершенно другая выборка» в данном случае означает, что гаплотипы в 23-маркерном формате, носители которых обратились в Академию ДНК-генеалогии с запросом об определении их гаплотипов и оказались по результатам теста в гаплогруппе R1a, присылали свои образцы ДНК (в виде слюны) из других населенных пунктов Российской Федерации от Калининградской области до Дальнего Востока, в отличие от тех, из которых была сформирована база данных Русской равнины. Общее между ними было только то, что они были русскими людьми, проживающими на территории РФ. Кстати, все эти датировки по времени совпадают с археологическими датировками существования фатьяновской культуры (4,9 тыс. — 3,5 тыс. лет назад), которая располагалась на территориях от современной Белоруссии до Урала.

Такие же воспроизводимости наблюдаются и по другим субкладам гаплогруппы R1a. Например, для восточнокарпатской ветви Y2902 предковый 111-маркерный гаплотип имел вид:



**13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11**  
**11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16**  
**17 20 36 39 12 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 10 10**  
 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 **23** 21 12 12 11 13  
 11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 25 27 19 12 12 12  
 12 10 9 **12** 11 10 11 11 30 12 14 25 13 9 10 19 15  
 20 11 23 15 12 15 24 12 **23** 19 11 15 17 9 11 11,  
 и общий предок этой ветви жил  $2200 \pm 230$  лет на-  
 зад. Выделенные маркеры все в точности соответ-  
 ствуют значениям, найденным по данным в базе  
 данных Академии для 23-маркерных гаплотипов,  
 которые показали, что общий предок для группы  
 носителей этого субклада жил  $2100 \pm 340$  лет назад.  
 Для балто-карпатской ветви CTS3402 пред-  
 ковый 111-маркерный гаплотип выглядел сле-  
 дующим образом:

**13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11**  
**11 23 14 20 32 13 15 15 16 — 11 12 19 23 16 16**  
**18 19 34 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10**  
 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 **23** 21 12 12 11 13  
 11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
 12 10 9 **12** 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
 19 11 23 15 12 15 24 12 **23** 19 10 15 17 9 11 11.

Здесь с 111-маркерным форматом совпада-  
 ют только 21 маркер из 23, в двух маркерах есть  
 небольшие отличия, в десятых долях, которые  
 округлены в окончательном формате гаплотипа.  
 Так, четвертый по счету маркер слева (DYS391)  
 по данным базы Русской равнины имеет вели-  
 чину 10,61, а по данным Академии — 10,32, раз-  
 ница в 0,29, но округление произведено в раз-  
 ные стороны — до 11 в первом случае и до 10 в  
 втором случае. Но в первом случае в серии было  
 109 гаплотипов, во втором — 19 гаплотипов, так  
 что различие несложно объяснить простой стати-  
 стикой. То же и в маркере DYS576 (32-й по счету),  
 в котором по данным базы Русской равнины было  
 число (аллель) 18, а по данным базы данных Ака-  
 демии этот маркер равен 19 (на самом деле окру-  
 глен от 18,73), опять же при числе гаплотипов  
 в серии, равном 19 (против 109 в первом случае).  
 При столь малых сериях подобные разночтения  
 бывают, и их возможность надо иметь в виду.

Датировки общих предков тоже дают неко-  
 торую разницу, хотя формально разница пере-  
 крывается погрешностью расчетов. Для серии  
 гаплотипов базы данных Русской равнины да-  
 тировка времени жизни общего предка равна  
 $3700 \pm 380$  лет назад, хотя сам снип CTS3402

образовался 32 снип-мутации, или примерно  
 4,6 тыс. лет, назад. Но для серии гаплотипов  
 Академии датировка равна  $4600 \pm 600$  лет назад  
 (расчет дал  $4586 \pm 577$  лет назад без округления),  
 так что еще вопрос, какие данные более соответ-  
 ствуют реальности. Надо еще иметь в виду, что  
 выборки гаплотипов разные по своей «структу-  
 ре», потому что ветвь CTS3402 состоит из мно-  
 гих подветвей (например, YP578, YP951, YP335,  
 L1280, Y2613, L365, L366, S18681, YP968, YP237  
 и других), и пропорции между этими субкладами  
 могут различаться между сериями гаплотипов  
 субклада CTS3402 в разных базах данных.

Мы столь подробно об этом рассказываем, что-  
 бы подчеркнуть, что даже при всех этих вариациях  
 как предковый гаплотип, так и датировка общего  
 предка являются довольно стабильными, и при  
 решениях концептуальных вопросов эти вариации  
 обычно не имеют практического значения.

Очередной пример — предковый 111-маркер-  
 ный гаплотип центральноевропейского субклада  
 CTS11962 суперветви M458, который составля-  
 ет примерно три четверти от всей суперветви,  
 и в нем основной субклад L1029:

**13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 9 11**  
**11 23 14 20 32 12 13 14 15 — 11 11 19 23 17 16**  
**18 19 34 37 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 — 33 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
 12 10 9 **12** 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
 19 12 23 14 12 15 24 12 **23** 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок субклада по 111-маркерным  
 гаплотипам жил  $2300 \pm 240$  лет назад, сам же снип  
 L1029 образовался 18 снипов, или  $2600 \pm 300$  лет,  
 назад, в середине I тыс. до н. э. Как видно, в этом  
 случае время образования снипа и время жизни  
 общего предка племени практически совпали  
 в пределах погрешности расчетов. Если взгля-  
 нуть на предковый гаплотип ветви CTS11962 по  
 данным выборки Академии (выборке не в том  
 смысле, что Академия из чего-то выбирала, а в  
 том, что сами заказчики определения своих га-  
 плотипа и гаплогруппы образовывали выборку  
 из миллионов граждан РФ), то его маркеры  
 выделены в гаплотипе выше. Как видно, все  
 23 числа маркеров совпали с соответствующи-  
 ми числами в 111-маркерных гаплотипах базы  
 данных Русской равнины. Датировка времени  
 жизни общего предка по гаплотипам этой серии



из 44 гаплотипов субклада CTS11962 была равна  $2400 \pm 360$  лет назад, то есть опять практически совпала с датировкой по гаплотипам базы данных Русской равнины.

Завершив это обоснование достаточной надежности выборок показом предкового гаплотипа «венедского» субклада YP569, который в базе данных Русской равнины анализировался как его вышестоящий субклад Z92-Y4459, и его предковый гаплотип выглядит следующим образом:

**13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11**  
 11 25 **14 20 32** 12 14 14 16 — **11 12** 19 23 **15 16**  
**18 20** 34 38 13 **11** — 12 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
 12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 **23** 22 12 12 11 13  
 11 11 12 13 — 33 15 9 15 12 25 27 19 12 12 12  
 12 10 9 **12** 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15  
 20 11 23 16 12 15 24 12 **24** 19 10 15 17 9 11 11.

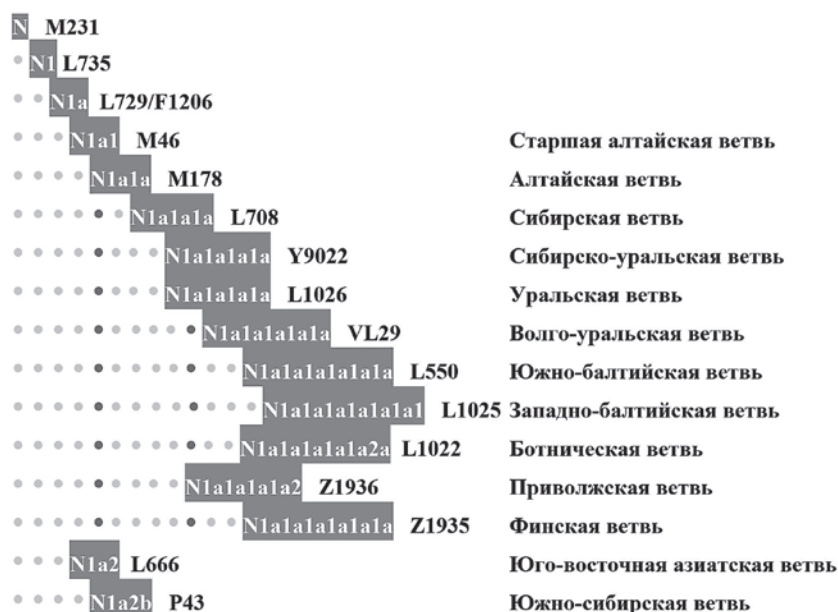
По расчетам, основанным на числе мутаций в гаплотипах, его общий предок жил  $2900 \pm 300$  лет назад, и соответствующий снип YP569 образовался 21 снип-мутацию, или  $3000 \pm 300$  лет, назад. Как видим, в пределах погрешности расчетов наблюдается практически полное совпадение датировок. Рассмотрим результаты по серии из 20 гаплотипов субклада YP569 в 23-маркерном формате из базы данных Академии ДНК-генеалогии. Их маркеры

выделены в 111-маркерном гаплотипе выше, и мы видим полное совпадение между разными сериями гаплотипов, при том, что общий предок, рассчитанный по этим 20 гаплотипам, жил  $2900 \pm 400$  лет назад ( $2934 \pm 404$  лет назад по данным калькулятора Килина–Клёсова без округления).

Перейдем к комментариям по другим гаплогруппам в базе данных Академии ДНК-генеалогии. Поскольку вопрос о воспроизводимости и представительности серий гаплотипов из разных выборок мы уже разобрали, ограничимся коротким изложением по каждой гаплогруппе.

### Гаплогруппа N1a1

По информации, имеющейся в базе данных Академии ДНК-генеалогии, гаплотипы гаплогруппы N1a1 находятся на втором месте по численности, как и в двух других базах данных, обсуждаемых выше, — 18 % по сравнению с 15 % (данные Roewer и др.) и 16 % (база данных Русской равнины). Большинство этих гаплотипов берут свое происхождение в Алтайском регионе, в Сибири и на Урале, следуя миграционному пути древних носителей гаплогруппы N на север и далее на запад, и затем их происхождение смещается от Урала на запад, как показывает диаграмма субкладов гаплогруппы N.



**Рис. 50.** Диаграмма снипов в гаплогруппе N, которые имеют русские мужчины, гаплотипы и субклады которых занесены в базу данных Академии ДНК-генеалогии. Диаграмма сокращенная, всего в списке снипов гаплогруппы N имеется 356 наименований (по состоянию на сентябрь 2020 г.), не считая синонимичных и дублирующих наименований. Справа — условные наименования ветвей, которые основываются на географическом распределении современных носителей снипов. Поскольку в номенклатуре снипов гаплогруппы N имеется значительный разнородный состав, показанная диаграмма составлена из номенклатур ISOGG и YFull

Наиболее представлены в базе данных Академии гаплотипы с сопровождающими снипами приволжской ветви Z1936 (32 % от всех), западной балтийской ветви L1025 (20 %), алтайской ветви M178 (14%), волго-уральской ветви VL29 (12 %) и сибирско-уральской ветви Y9022 (11 %). В сумме это составляет 89 % от всех. Остальные снипы представлены в единичных количествах, такие, как «северная» ветвь P43, производная от юго-восточной азиатской ветви (в которой в основном китайские, вьетнамские, японские гаплотипы), южно-балтийская ветвь L550 (почти все гаплотипы этой ветви вошли в нижестоящую западно-балтийскую ветвь, отражая западное направление древней миграции), ботническая ветвь L1022 и ветвь Z1935, которая находится на излете приволжской ветви Z1936. Древние носители снипа Z1935, миграции которых прошли по территориям современных Новгородской и Псковской областей в I тыс. до н. э. с выходом на территорию современных Карелии и Финляндии уже в начале нашей эры, осели также в потомках, например, на территории современной Чувашии. Носителей ветвей Z1935 и L1022 среди русских в базе данных Академии всего по одному человеку. Два гаплотипа сопровождаются древним снипом L735 (образовался 149 снип-мутаций, или примерно 21 тыс. лет, назад), и еще три гаплотипа относятся к «северной» ветви P43 (образовалась 54 снип-мутации, или примерно 7,8 тыс. лет, назад), но два из них сопровождаются снипом P43 > Y3185, который образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад. Со времени пребывания в Южной Сибири потомки носителей этих снипов разошлись по Уралу и северной части России, и многие из них относятся к коми, ханты-мансийским народам, а также к татарам и башкирам.

За исключением носителей снипов L735 и P43, которые не входят в состав субклада N1a1 (последний образовался 99 снип-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад, видимо, в алтайском регионе), остальные 41 гаплотип гаплогруппы N1a1 имеют предковый (базовый) 23-маркерный гаплотип:

14 23 14 11 11 13 10 14 14 30 17 14 19 30 11 11  
14 17 19 10 20 11 22,

с датировкой жизни общего предка 3800 ± 440 лет назад. Этот предковый гаплотип почти

полностью совпадает в соответствующих маркерах (выделены) с предковым 111-маркерным гаплотипом субклада N1a1-Z1936, который был определен по большой выборке 111-маркерных гаплотипов:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14  
15 18 18 35 35 13 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10  
12 21 22 14 10 12 12 18 7 13 20 21 15 12 11 10  
11 11 12 11 — 40 15 8 15 12 23 27 19 13 13 11  
12 14 9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15  
21 12 22 13 13 14 27 12 22 18 11 13 16 8 13 11.

У этих двух гаплотипов расхождение только в двух маркерах, DYS576 и DYS570, которые имеют число (аллелей) в 111-маркерной серии 18,2 и 18,4 (округленные в гаплотипе выше до 18 и 18), и в 23-маркерном формате их числа 17 и 19. Это неудивительно, поскольку в 23-маркерном формате там смесь субкладов, основной из которых Z1936 (26 гаплотипов), а также L1025 (16 гаплотипов), M178 (11 гаплотипов), VL29 (10 гаплотипов) и так далее, еще по меньшей мере три снипа, с меньшим количеством гаплотипов. Разумеется, при такой смеси снипов их общий предок должен оказаться древнее, чем для одного Z1936 (3300 ± 380 лет назад). Так и оказалось, общий предок серии из 41 гаплотипа в 23-маркерном формате жил, как указано выше, 3800 ± 440 лет назад. Формально, их датировки перекрываются в пределах расчетной погрешности, но на самом деле общий предок этой серии относился не к приволжскому снипу Z1936 (образовался 43 снип-мутации, или примерно 4,3 тыс. лет, назад), а скорее к уральскому снипу L026, который образовался 43 снип-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад. Тогда носители гаплогруппы N1a1 еще жили на Урале.

Полученные данные в совокупности с теми, которые описаны в предыдущих разделах выше относительно гаплогруппы N1a1, показывают, что носители этой гаплогруппы вышли с Урала примерно во II тыс. до н. э., примерно 3,5 тыс. лет назад, часть из них осели в Поволжье и на территориях к северу в II—I тыс. до н. э. и прибыли к Балтике в конце прошлой эры (на территории будущих Литвы, Латвии и Эстонии) и на территорию будущей Финляндии в начале нашей эры. Никаких «древних финских охотников и рыболовов» на Русской равнине не было, и остается

только удивляться, откуда историки и археологи такие представления получили. Если и были, то не финские, а уральские и приволжские, и не в глубокой древности, а во II—I тыс. до н. э., и не одни, а на территориях, уже издавна заселенных носителями гаплогруппы R1a и говоривших на индоевропейских языках. Мигранты, носители гаплогруппы N1a1, переняли эти языки, утратив свои угорские языки, и пришли на территорию южной Балтики, уже говоря на индоевропейских языках, которые со временем стали балтскими языками. Это — будущие литовцы и латыши, у которых сейчас содержание гаплогрупп N1a1 и R1a составляет по 40 %. У современных эстонцев содержание гаплогрупп N1a1 и R1a находится в соотношении 34 % и 32 %, то есть опять практически одинаковом. У финнов — совершенно другая родовая структура, у них гаплогруппы R1a очень мало, примерно 5 % от всех, а гаплогруппы N1a1 — выше 60 % в городах и выше 70 % на периферии.

Остальные, более подробные сведения о гаплогруппе N1a1 и ее субкладах, а также их носителях, приведены выше, в соответствующих разделах.

### Гаплогруппа I2a

Из общего числа в 589 русских, которые обращались в Академию ДНК-генеалогии за тестированием своих гаплогрупп-гаплотипов, у 68 человек оказалась гаплогруппа I2a, то есть 12 % от всех. Это в целом ожидаемое количество, поскольку в «научной» выборке (Roewer и др., 2008) эта доля равна 14 %, в базе данных Русской равнины — 9 %. Опять, учитывая, что погрешность в таких показателях обычно равна  $\pm 2\%$ , все эти доли гаплогруппы I2a пересекаются друг с другом.

Гаплогруппа I2a очень однородна у славян, она в основном состоит из субклада Y3120, как было описано в предыдущих разделах. То же мы наблюдаем и среди гаплотипов этой гаплогруппы, определенных в Академии ДНК-генеалогии: из 68 гаплотипов гаплогруппы I2a 90 % относятся к субкладу Y3120. Остальные, минорные по численности, субклады снийов L621, M223 и M26. Ранее мы уже определяли 111-маркерный предковый гаплотип субклада Y3120 (Клёсов А. А. Происхождение славян. СПб.: Питер, 2019):

**13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11**  
 11 25 **15 20 32** 12 14 15 15 — **10 10** 21 21 **15 12**  
**18 18** 34 35 11 **10** — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
 22 22 16 10 12 12 12 7 **10 30** 21 13 14 10 13 11 11  
 12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 **13**  
 11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
 14 11 16 23 11 **23** 18 10 15 19 9 12 11,

общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад. Серия из 23 гаплотипов в 23-маркерном формате, определенных в Академии ДНК-генеалогии, имеет предковый гаплотип, в точности повторяющий соответствующие маркеры (выделены) в 111-маркерном предковом гаплотипе.

### Гаплогруппа R1b

Среди гаплотипов, определенных Академией ДНК-генеалогии, имеется 45 гаплотипов гаплогруппы R1b, что составляет 7 % от всех русских гаплотипов. Этот показатель разумно воспроизводится, поскольку в двух других базах данных, которые мы используем, этот показатель был равен 5 % (Roewer и др., 2008) и 6 % (база данных Русской равнины).

Из этих 45 гаплотипов поровну приходится на субклады Z2103 (и ближайшие нисходящие) и L51 (и ближайшие нисходящие) плюс два европейских субклада, U106 (один) и P312 > U152 > Z56 (один). Наконец, в той же серии имеется 4 гаплотипа субклада M269, скорее всего, недотипированного (один из них по виду похож на Z2103), и 2 гаплотипа субклада M73, «параллельного» M269. Субклад M73 — видимо, сибирская ветвь, которая редко встречается к западу от Урала и которую могли с востока принести сарматы.

Наиболее распространенные в этой серии гаплотипы субкладов Z2103 и L51 образовались при расхождении их от субклада M269 > L23, причем L51 образовался 43 сний-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад, и Z2103 образовался 40 сний-мутаций, или примерно 5,8 тыс. лет, назад. Последний во множестве найден в захоронениях ямной культуры в волжских степях (археологическая датировка 5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) и в основном унесен потомками на Кавказ и далее в Месопотамию и на Ближний Восток, вплоть до Саудовской Аравии. Саудовцы со снийами, нисходящими от Z2103, в больших количествах встречаются в списке YFull

(<https://www.yfull.com/tree/R1b/>). Но где именно образовался снип L51 и каков маршрут миграции его носителей на запад, остается неизвестным, в археологических культурах его пока не найдено, но наши современники со снипом L51 часто встречаются в европейских странах — Италии, Турции, Германии, Франции, Англии, Португалии. Похоже, что этот субклад появился на Русской равнине, иначе не объяснить его относительно большое количество среди русских, наряду с субкладом ямной культуры Z2103, и продвинулся до Пиренейского полуострова по островам Средиземного моря и по Северной Африке.

Гаплотипы субклада M73 были описаны выше, в составе 37-маркерных гаплотипов из базы данных Русской равнины. Два гаплотипа субклада M73, определенные в лаборатории Академии ДНК-генеалогии, не похожи ни на один из них, хотя по виду они несомненно относятся к указанному субкладу. Это понятно — гаплотипы этого субклада древние по происхождению, редкие и рассеяны по Евразии, поэтому отличия между ними заметны — их общие предки жили многие тысячелетия назад.

В предыдущих разделах была рассмотрена серия из 32 русских гаплотипов в 37-маркерном формате субклада Z2103, предковый гаплотип которых имел вид:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 19 30 14 15 16 17 11 11 19 23 15 16 18  
17 36 38 12 12,

с датировкой общего предка  $4900 \pm 540$  лет назад, то есть прямо в середине археологической датировки ямной культуры. Был сделан условный вывод, что со времен ямной культуры ее потомки на Русской равнине «бутылочного горлышка» не проходили. Резкие кризисы на грани выживания их миновали.

Из гаплотипов того же субклада в выборке Академии ДНК-генеалогии только половина была определена в 23-маркерном формате, остальные — в коротком 18-маркерном формате. В сравнении с 37-маркерным гаплотипом отмечены их идентичные маркеры:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 19 30 14 15 16 17 11 11 19 23 15 16 18  
17 36 38 12 12.

Как видим, только 17 из 23 маркеров показывают такие же аллели, еще трех маркеров нет

в 37-маркерном формате, и в трех маркерах наблюдаются отклонения. Действительно, несколько гаплотипов для анализа — совсем неважная статистика, хотя времена жизни общих предков для 37- и 23-маркерных серий относительно сходны, соответственно  $4900 \pm 540$  лет назад и  $4000 \pm 670$  лет назад, и пересекаются в пределах погрешности расчетов.

Повторим, что наличие такого большого количества носителей снипа R1b-L23-L51 среди русских может указывать на то, что этот снип, который появился 43 снип-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад, появился на территории будущей России, правда, пока неизвестно, в какой археологической культуре. Он несколько старше, чем Z2103 (43 снип-мутации назад по сравнению с 40 снип-мутациями), что, впрочем, может оказаться в пределах погрешности определения числа снипов в двух выборках по 100 носителей этих снипов каждая. Возможно, это была предшествующая ямной хвалынской археологической культуре, которую датируют временами 7000/6700–6500/5800 лет назад, или предшествующая хвалынской самарской культуре (7,5 тыс. — 7 тыс. лет назад), или современная последним днепро-донецкая культура (7,2 тыс. — 6,4 тыс. лет назад). Ямная, хвалынская и самарская культуры были впервые обнаружены в волжских степях, днепро-донецкая — как следует из названия, к северу от Черного и Азовского морей.

Гаплотипы субклада L51 в 23-маркерном формате показали следующий предковый гаплотип:

13 23 14 11 11 14 12 13 13 30 17 15 19 29 11 12  
16 18 17 12 22 12 23 (L51),

обладатель которого, по расчетам, жил  $4200 \pm 690$  лет назад. Между ним и предковым гаплотипом субклада Z2103/Z2106:

13 24 14 11 11 14 12 13 13 30 16 15 19 32 11 12  
15 18 18 12 22 12 23 (Z2103/Z2106),

имеется 7 мутаций, что для 23-маркерных гаплотипов разводит их общих предков на  $7/0,06125 = 114 \rightarrow 123$  условных поколения, или примерно 3075 лет, и их общий предок жил  $(3075 + 4000 + 4200)/2 = 5600 \pm 600$  лет назад. Это, хотя и меньше, чем время образования их родительского субклада L23 (44 снип-мутации, или  $6300 \pm 650$  лет, назад), но согласуется в пределах погрешности расчетов. Так что хотя их предковые гаплотипы и являются скорее оценочными при



столь малой статистике, тем не менее в целом согласуются друг с другом и с родительским предковым гаплотипом.

Датировка общего предка русских гаплотипов субклада L51, определенная как  $4200 \pm 690$  лет назад, намного меньшая, чем время образования субклада L51 (43 снп-мутации, или 6,2 тыс. лет, назад). Обычно такие разногласия возникают по одной из двух причин — либо это действительно гаплотипы субклада L51 (не нижестоящих), носители которого (в России в данном случае) прошли «бутылочное горлышко» выживания, либо это не конечный снп L51, а его нижестоящие субклады, которых на самом деле немного, если приводить наиболее распространенные линии на отдельном фрагменте линии M269 с последующими субкладами:

M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > (U106, P312).

Это не исключено, потому что у основных европейских субкладов, например U106 и P312, предковые гаплотипы которых почти идентичны, не наблюдается существенных различий с определенным здесь предковым гаплотипом субклада L51. Например, предковый гаплотип субклада U106:

13 23 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  
17 17 37 38 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 11  
23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11  
13 12 — 35 15 9 16 12 26 26 19 12 11 13 12 10 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 (U106),

расходится с предковым гаплотипом субклада L51, определенным здесь, всего на 2 мутации (выделены):

13 23 14 11 11 14 12 13 13 **30** 17 15 19 29 11 12  
16 **18** 17 12 22 12 23 (L51).

Это не позволяет сделать вывод, является ли снп L51 конечным в серии русских гаплотипов гаплогруппы R1b или этот снп недотипирован и там должны быть нижестоящие снпы, относящиеся к европейским L151 и последующим U106 и/или P312 субкладам.

Наконец, среди 45 русских гаплотипов группы R1b в базе данных Академии есть один гаплотип «европейского» субклада U106 и один гаплотип субклада P312 > U152 > Z56, но единичные гаплотипы здесь анализировать большого смысла не имеет.

## Гаплогруппа I1

Как и со всеми гаплогруппами, даже при относительно малой численности людей, которые прошли тест на ДНК в Академии ДНК-генеалогии, доля тех, кто показали гаплогруппу I1, соответствует практически той же доле в других, более многочисленных базах данных. Эта доля равна 6 % в Академии, при том, что в «научной» выборке (Roewer и др., 2008) и в выборке Русской равнины было по 7 % носителей гаплогруппы I1. Это несмотря на то что среди протестированных Академией таких было всего 37 человек, из общего числа 589 человек, которые указали «русский» в анкете.

Даже при такой относительно малой выборке гаплотип их общего предка в 23-маркерном формате (выделенные маркеры в 111-маркерном предковом гаплотипе ниже, полученном ранее в относительно большой выборке из 968 гаплотипов, но по всей Европе, см. Kilin V. V., Klyosov A. A. *Advances in Anthropology*, 2016) довольно неплохо согласуется с этим протяженным гаплотипом, хотя отклоняется в маркере DYS570 на 0,5 единицы (19,3 в 23-маркерном предковом гаплотипе, по данным Академии, и 19,8 в 111-маркерном общеевропейском предковом гаплотипе), что округляет их до 19 и до 20 соответственно.

**13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 — 15 8 9 8 11**  
**23 16 20 28** 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 **11**  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 **22** 18 12 14 18 9 12 11.

Это отклонение может быть следствием или малой выборки, или разного набора субкладов в разных русских выборках, потому что в 37-маркерном предковом гаплотипе русских из базы данных Русской равнины число аллелей при маркере DYS570 было равно 19,7, округленном до 20, как и в большой европейской выборке. Датировка общего предка была  $3725 \pm 370$  лет назад для 111-маркерного общеевропейского гаплотипа,  $3170 \pm 340$  лет назад для 37-маркерного предкового русского гаплотипа для базы данных Русской равнины и  $4100 \pm 550$  лет назад для 23-маркерного предкового гаплотипа по тестам русских в Академии ДНК-генеалогии. Мы видим, что все три датировки пересекаются в пределах



расчетной погрешности, хотя, конечно, выборка из 37 гаплотипов в последнем случае уступает выборке в 968 гаплотипов в первом случае. Но для концептуальных выводов эта разница не так важна, потому что все три датировки отражают прохождение «бутылочного горлышка» выживания носителями гаплогруппы I1 в Европе после истребления их предков примерно 4,5 тыс. лет назад, в середине III тыс. до н. э., в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b.

### Гаплогруппа E1b

Среди гаплотипов, определенных в лаборатории Академии ДНК-генеалогии, имеется всего 17 гаплотипов гаплогруппы E1b, из них 1 гаплотип субклада V12 и 16 гаплотипов субклада V13 (94 %). Этим опять подтверждается, что среди русских в этой гаплогруппе доминирует субклад V13, которого был 91 % при рассмотрении базы данных Русской равнины, как показано выше. При сопоставлении предкового гаплотипа этой группы в 23-маркерном формате:

13 24 13 10 16 18 12 13 11 30 16 14 20 32 9 11  
16 18 19 10 22 12 23,

с полученными ранее русскими гаплотипами того же субклада в 37-маркерном формате:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 16 12 17 20  
31 34 11 10,

и в 67-маркерном формате (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. — М.: Книжный мир, 2016):

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11

мы видим, что большинство маркеров из определяемых в них совпадают, но есть различия. Между 23-маркерным и 37-маркерным предковыми гаплотипами есть 3 мутации (в маркерах DYS458, 16 и 15 соответственно; и в паре DYS576 и DYS570, 18–19 и 17–20 соответственно), и между 23-маркерным и 67-маркерным предковыми гаплотипами есть те же 3 мутации. Другими словами, гаплотипы русских стабильно воспроизводятся, хотя выборки совершенно разные, но с европейским предковым гаплотипом есть стабильные различия в тех же маркерах. Это означает, что или предковые гаплотипы русских

гаплогруппы E1b несколько другие, чем европейские, или статистика в русских выборках маловата, хотя, как ни странно для такого случая, данные воспроизводятся. Датировки общих предков не помогают разрешить данную проблему — для 67-маркерных гаплотипов (европейская выборка) общий предок жил  $3450 \pm 350$  лет назад, для 37-маркерных русских гаплотипов он жил  $3300 \pm 360$  лет назад, что практически то же самое в пределах погрешности, и для 23-маркерных гаплотипов общий предок жил  $4000 \pm 700$  лет назад, что тоже в пределах погрешности. Так что приходим к довольно очевидному выводу: столь малое число гаплотипов в серии — неважная статистика, и ведет к значительным погрешностям как в виде предкового гаплотипа, так и при расчете датировок жизни общего предка.

### Гаплогруппа G2a

Современные русские носители этой гаплогруппы среди прошедших тестирование в Академии ДНК-генеалогии насчитывают 1,5 % от всех, что практически совпадает с долей носителей этой гаплогруппы в «научной» выборке (1,8 %, Roewer и др., 2008) и в базе русских гаплотипов Русской равнины (1,5 %), и это при том, что в списке Академии таких всего 9 гаплотипов. Опять приходится повторить положение о выборках — дело не столько в количестве гаплотипов, сколько в степени их перемешивания среди гаплотипов России (в данном случае).

Рассмотрение субкладов этой гаплогруппы, встречающихся в России, по базе данных Русской равнины, приведено выше. Здесь отметим только, что большинство снийов, обнаруженных в Y-хромосоме носителей гаплогруппы G2a, обратившихся за ДНК-тестами в Академию (выделены), те же самые, что и в базе данных Русской равнины (подчеркнуты ниже):

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 >  
G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > **P303** >  
L140 > PF3345 > U1 > **L1266** > **L12277** > **L1264**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 >  
G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > **P303** >  
L140 > PF3345 > U1 > **L13**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 >  
G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > **P303** >  
L140 > PF3345 > **L497** > Z725 > Z726,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > **M406**.

На 9 гаплотипах, тем более разбросанных по четырем линиям субкладов, анализ проводить большого смысла не имеет, поэтому отошлем читателя к более подробному рассмотрению гаплотипов гаплогруппы G2a из базы данных Русской равнины.

### Гаплогруппа J1

Как отмечалось выше, эта гаплогруппа для русских нехарактерна. В «научной» выборке (Roewer и др., 2008) из 542 человек ни один не имел гаплогруппы J1, в выборке гаплотипов Русской равнины из 1218 человек только 8 (0,7 %) имели эту гаплогруппу, и среди 589 русских, прошедших тестирование на ДНК в Академии ДНК-генеалогии, таких было 8 человек, что составило 1,4 %. Таким образом, воспроизводимость данных даже при столь малом числе гаплотипов является концептуально приемлемой. Надо сказать, что часть из них имеют наиболее отдаленных из известных предков в разных концах России — в Алтайском крае, в Кустанайской области, которая затем вошла в состав Казахстана, и в Марийской АССР. Соответственно, сніпы их следующие: L858, YSC234 и Z1828 > L1189.

Как сообщалось выше, при описании гаплотипов группы J1 у русских в базе данных Русской равнины сніп L858 уходит в «несемитскую» ветвь, ее дальнейшие нисходящие сніпы имеют многие чеченцы, а также албанцы, греки, французы, кабардино-балкарцы, некоторые словаки, украинцы и русские. Два других сніпа в базе данных Русской равнины не числятся.

### Гаплогруппа J2

Как и гаплогруппа J1, гаплогруппа J2 для русских нехарактерна, и опять в трех рассматриваемых здесь базах данных процентные показатели носителей этой гаплогруппы почти совпадают — 3 % в «научной» выборке (Roewer и др., 2008), 1,8 % в базе данных Русской равнины и среди прошедших тесты на ДНК в Академии ДНК-генеалогии — 12 человек из 589 русских, что составляет 2 %. Опять приходится повторять, что даже при минимальных выборках показатели почти совпадают или, если угодно, совпадают

концептуально. Никого в таких показателях не интересуют десятки доли процента, ясно, что носителей гаплогруппы J2 среди русских мало.

Эти 12 человек расходятся по двум основным линиям гаплогруппы J2 — 8 человек в линии J2a и 4 человека в линии J2b. Это же наблюдалось и в серии гаплотипов гаплогруппы базы данных Русской равнины, более того, целый ряд сніпов в той базе данных и среди тестированных в Академии пересекались. Рассмотрим цепочки сніпов в базе данных Русской равнины для русских носителей в гаплогруппе J2a (выделены):

J2-M172 > J2a-M410 > **PF5008**,  
 J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > **M67** > **L556/L560**,  
 J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > M67 > **Z467**,  
 J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > M67 > **Y3612**,  
 J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > M67 > M92,  
 J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > Y7687 > **M47**,  
 J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > **L192**,  
 J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > L25 > **Z387** > **L70**,  
 J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > Z6064 > **Z6055**,  
 и в гаплогруппе J2b (выделены):

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > **Z597** > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > **Z631** > Z1043 > Z8424 > Z8429 > Y12007 > **Y12000**,  
 и там же сніпы русских носителей в базе данных Академии (подчеркнуты).

### Гаплогруппа Q

В выборке Академии из 589 гаплотипов русских только три относятся к гаплогруппе Q — со сніпами Q1-L713 и Q2-L275 (выделены ниже). Это — две принципиально разные линии, и оба сніпа были уже отмечены в выборке из семи русских гаплотипов с соответствующими четырьмя сопровождающими сніпами (подчеркнуты) в базе данных Русской равнины:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > L712 > L715 > **L713**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > L53 > L54 > L330 > YP771 > L332,

Q-M242 > **Q2-L275** > F1213 > M378 > L245 > Y2998 > Y2209 > Y2225 > Y2200.

Иначе говоря, среди русских имеется, видимо, относительно небольшой набор снийов гаплогруппы Q, из 427 снийов (по состоянию на сентябрь 2020 г.) в классификации ISOGG–2020 (не считая дублирующих и синонимичных снийов), поскольку даже столь минимальные по численности серии, как 7 и 3 гаплотипа, имеют пересекающиеся снийовы.

### Гаплогруппа Т

Среди гаплотипов, полученных тестированием 589 мужчин, идентифицировавших себя как русские, в Академии ДНК-генеалогии, оказалось 4 гаплотипа гаплогруппы T1a, снийовы L131 (в одном случае с нижестоящим снийовом Y21204). Снийов L131 был найден ранее (база данных Русской равнины) среди русских, так что и в этом случае круг снийовов среди русских относительно невелик (в классификации ISOGG–2020 насчитывается 84 снийова). Ранее было показано, что ни один из 5 гаплотипов в базе данных Русской равнины не относится к линиям евреев, которые охватывают преобладающее количество носителей гаплогруппы Т в Восточной Европе и имеют весьма характерные гаплотипы. Часть евреев имеют снийов L131, но этот снийов настолько древний (образовался 99 снийов-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад), что разошелся по линиям евреев и неевреев. Как и 5 гаплотипов в базе данных Русской равнины, так и 4 гаплотипа в базе данных Академии к еврейским линиям не относятся.

### Гаплогруппа О

Как и в базе данных Русской равнины, среди русских обладателей гаплотипов гаплогруппы О, прошедших тесты в Академии ДНК-генеалогии, имеется всего два таких гаплотипа (в 18-маркерном формате), естественно, принадлежащих разным людям в той и другой базе данных. То, что для четырех человек найдены четыре разных снийова, причем из трех разных ДНК-линий — O1b1, O1b2 и O2a2, говорит о том, что пути соответствующих древних предков этих носителей современных гаплотипов, приведшие к появлению со-

временных русских потомков, были совершенно разными. Проводить какие-либо расчеты с двумя гаплотипами довольно бесполезно. Ограничимся тем, что сообщим: между этими двумя гаплотипами имеется 25 мутаций (!), это для 18-маркерных гаплотипов астрономическая разница:

13 22 15 11 10 18 11 14 13 30 14 18 30 15 19  
13 20,  
13 23 16 10 12 22 12 12 14 27 15 21 32 16 19  
10 21.

Она соответствует разнице между двумя гаплотипами  $25/0,0446 = 561 \rightarrow 842$  условных поколений, или 21 050 лет, и общий предок этих двух гаплотипов жил примерно 10,5 тыс. лет назад. Ясно, что это совершенно разные предковые линии, одна — снийова P201, другая — 47Z (см. рис. 47).

### Гаплогруппа С

Как отмечалось ранее, гаплогруппа С для русских нехарактерна. Среди 542 и 1218 гаплотипов русских в «научной» выборке (Roewer и др., 2008) и в базе данных Русской равнины к ней относится только по 2 гаплотипа (0,4 % и 0,16 % от всех соответственно). Как и можно было ожидать, среди 589 гаплотипов русских в базе данных Академии носителей гаплогруппы С не обнаружено.

### Гаплогруппа Н

Нехарактерна для русских и гаплогруппа Н. Ее не было среди «научной» выборки (Roewer и др., 2008), только один гаплотип имелся среди русских в выборке Русской равнины, и он по происхождению оказался цыганом (см. выше), и ни одного не было среди 589 русских, прошедших тесты в Академии ДНК-генеалогии.

### Гаплогруппа А

Среди прошедших тесты в Академии, не было ни одного носителя гаплогруппы А, как в выборке Русской равнины.

## РУССКИЕ КАЗАКИ

Поскольку в таблице Всероссийской переписи населения Русские казаки идут отдельной строкой, рассмотрим их также отдельно. По данным последней переписи населения России, 2010 г., казаки причислялись к русским, и их численность была определена как 67 573 человека, из

них 38 479 мужчин. Это намного меньше, чем по Всероссийской переписи 2002 г., согласно которой в России проживало 140 тыс. с небольшим человек, которые называли себя казаками. Из этого (последнего) числа 95,5 % проживали в Южном федеральном округе, и в одной только Ростовской области 62,5 % от всех казаков России. Дальше шли Волгоградская область, Краснодарский и Ставропольский края — 14,7 %, 12,5 % и 2,8 % соответственно (Википедия).

Надо сказать, что в ходе переписи 2010 г. казаки сообщили, что вели параллельный подсчет, и, по их данным, только в Ростовской области казаками себя записали 600 тыс. человек, и, по оценкам, всего в Ростовской области проживают более 1 млн человек с казачьими корнями (Википедия), из примерно 4,2 млн жителей области. Мы не будем вдаваться в эти сведения, они даются только для информации. На выводы ДНК-генеалогии это влиять не может.

Мы не будем здесь касаться также и непростой этносоциальной культуры казаков и казачества, это не входит в вопросы ДНК-генеалогии. Остановимся на их гаплогруппах и гаплотипах, где есть соответствующие данные, и, следовательно, на вытекающем из них происхождении тех казаков, к которым эти данные относятся.

Мы не будем здесь рассматривать и даже упоминать многочисленные и противоречивые взгляды на происхождение казаков или их групп, поскольку нас в контексте настоящей книги интересуют факты, а не мнения.

Перейдем к фактам, хотя факты там тоже относительные, потому что при тестировании ДНК приходится опираться на самоидентификацию — человек сам говорит, что его происхождение из казаков. Иногда называют казацкое войско, но в ДНК-тестирующей организации никто проверками, разумеется, не занимается. При полевых выборках, в казацких станицах, вероятно, самоидентификация более достоверна, но тоже никогда не абсолютна.

В любом случае, данных пока немного, но они показывают, что, действительно, состав казаков мало отличается от средних выборок этнических русских, или просто русских, по общей самоидентификации. Так, выборка казаков из 210 мужчин (данные приведены в Википедии, подразделения по казацким войскам нет: [https://en.wikipedia.org/wiki/Cossacks#Genetic\\_evidence](https://en.wikipedia.org/wiki/Cossacks#Genetic_evidence), но указано, что «казаки с Кавказа», то есть, скорее всего, терские казаки) показала максимальное представительство гаплогруппы R1a, 42 %.



Рис. 51. Традиционные (исторически исконные) места проживания казаков, отмеченные синим цветом (из Википедии)



На втором месте по численности находится гаплогруппа I2a, 15 %, это характерная гаплогруппа южных славян, процентное содержание опять характерно для этнических русских; на третьем месте — гаплогруппа G, 11 %, что заметно превышает долю данной гаплогруппы у этнических русских в диапазоне 1,5–1,8 % (см. табл. 2 выше), и, действительно, это соответствует кавказскому компоненту. Доля остальных гаплогрупп приведена в табл. 4.

**Таблица 4.** Выборка из 210 казаков «с Кавказа» (по данным Википедии), здесь определенно имеются в виду терские казаки

Гаплогруппа	Доля в %	Гаплогруппа	Доля в %
R1a	42	I1	5
I2a	15	J2	5
G	11	E	3
N	7	J1	2
R1b	7	L	2

Мы видим, что большинство (по численности) носителей гаплогрупп — R1a, I2a, R1b, I1, E — типично для этнических русских, гаплогруппа N несколько ниже по численности, но это количество типично для южных русских регионов, несколько завышенные значения по численности гаплогрупп G, J2, J1 и L — определенно отражают их кавказский источник (у русских их соответственно 1,5–1,8 %, 1,8–3,0 %, 0,7 % и ~0 %). Из неофициальных источников известны и доли минорных (по численности) гаплогрупп у этой выборки казаков — O (0,8 %), Q (0,6 %), T (0,6 %), и это тоже примерно соответствует доле этих гаплогрупп у этнических русских (0,2–0,5 %, 0,45–0,6 %, 0,4–0,7 % соответственно).

Еще одна выборка — по 90 кубанским казакам (Балановский и др., 2008), см. табл. 5.

**Таблица 5.** Выборка из 90 кубанских казаков

Гаплогруппа	Доля в %	Гаплогруппа	Доля в %
R1a (субклад Z282)	48	E1b	3
I2	20	G2a	1
R1b	9	T	1
N1a	7	N1b	1
I1	4	Q	1
J2	4		

*Примечание:* в таблице в указанном источнике данные в правой колонке приводятся с завышенной точностью, до десятых долей процента. Это нереалистично и математически неверно и соответствовало бы абсолютной точности с нулевой погрешностью при полевом тестировании. Поэтому в табл. 5 данные округлены.

Видно, что все гаплогруппы в табл. 5 соответствуют по численности средним показателям для этнических русских — либо по всей Российской Федерации, либо по ее южным регионам (N1a вдвое занижена и I2 вдвое завышена по сравнению со средними показателями для России, что соответствует ее южным регионам). Ни одна гаплогруппа не показывает каких-либо необычных отклонений от типичных «русских показателей».

Можно обратиться к двум базам данных — IRAKAZ (R1a), в которой из нескольких тысяч гаплотипов есть шесть гаплотипов казаков или их потомков. Один из них проживает в настоящее время в Казахстане, но имеет гаплогруппу R1a-M458, типичный «западноевропейский» субклад CTS11962, с нижестоящими снипами CTS11962 > YP515 > YP4120 > Y23108, последний из которых образовался 11 снип-мутаций назад, то есть примерно 1,6 тыс. лет назад. Еще один — терской казак (по самоидентификации), с гаплогруппой R1a, более глубоких снипов нет, как и у остальных четырех казаков и/или их потомков с гаплогруппой R1a. Все пять казаков гаплогруппы R1a имеют общего предка 4200 ± 680 лет назад, это означает, что они относятся к разным субкладам гаплогруппы R1a.

Еще одна база данных — Русской равнины, — показывает еще шесть гаплотипов казаков и/или их потомков, гаплогрупп I1, N1a1, R1a, R1b и G2a. Гаплотип группы N1a1-L1025 — его носитель — относится к Амурскому казачьему войску, R1b-Z2106 (прямой потомок ямной культуры) и G2a-L497 — к донским казакам, остальные казачьи войска или полки не указали.

Здесь можно отметить статью М. И. Чухряевой и др. «Программа Haplomatch для сравнения STR-гаплотипов Y-хромосомы и ее применение к вопросу происхождения донских казаков» (Генетика. 2016. Т. 52. №5. С. 595–604), в которой проведено исследование гаплотипов 131 казака Верхнего Дона, но ничего нового по сравнению с материалом, описанным выше, в ней нет. Статья в основном



посвящена отработке программы сопоставления гаплотипов, что, по сути, вчерашний день популяционной генетики. Вывод статьи: *«Обнаружена генетическая близость казаков с восточнославянскими популяциями (в частности, с южными русскими, русскими центральных регионов России и украинцами), что подтверждает гипотезу происхождения казаков преимущественно за счет русских и украинских выходцев... Сходства с народами Кавказа у донских казаков не обнаружено».*

Вывод — по имеющимся данным, никаких специфических гаплогрупп или необычно высоких или низких процентов, отличающих казаков от этнических русских, у казаков нет. Их гаплогруппы — типичные для русских, иногда с примесью кавказских народностей (с их типичными гаплогруппами).

## 2. ТАТАРЫ

Перепись населения 2010 г. включает в число татар тех, кто считают себя по самоидентификации татарами, в том числе тех, кто назвался башкирскими татарами, казанскими, караинскими, каринскими, касимовскими, астраханскими, сибирскими татарами, в число татар входят также кряшены, мишари и другие татары, общим числом наименований более сорока. Здесь перечислять их большого смысла не имеет, потому что для большинства их данные ДНК-генеалогии отсутствуют. Общее число татар, по данным переписи, составляет 5,3 млн человек (округленно), из них примерно 2,5 млн мужчин. Астраханскими (алабугатскими) татарами назвались всего 7 человек, кряшенами — около 35 тыс. человек, мишарями — около 800 человек, сибирскими татарами — около 7 тыс. человек.

Все базы данных и прочие источники показывают большое разнообразие гаплогрупп татар, причем ни одна гаплогруппа не превышает трети от общего состава (самая многочисленная — гаплогруппа R1a, но в основном другая, нежели у русских, она у татар на треть имеет субклад Z93, в то время как у русских основные субклады Z280 и M458). Далее, с большим отрывом, идут гаплогруппы N1a, E1b, J2, G, R1b, I1, которые меняются местами в разных выборках и базах данных, и, наконец, минимальными по численности являются гаплогруппы T, I2a, I2b, Q, J1, обычно на уровне единиц процентов.

### Родовой (гаплогруппный) состав татар, по данным Eupedia

Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) — международный (в основном европейский) ресурс, предоставляющий данные по путешествиям, статистике, истории и популяционной генетике (Y-хромосомные и мтДНК данные по различным странам и регионам). Данные по гаплотипам этот ресурс не предоставляет. Согласно ему, распределение гаплогрупп у татар следующее.

**Таблица 6.** Гаплогруппы татар, по данным Eupedia

Гаплогруппа	Доля в %	Гаплогруппа	Доля в %
R1a	24,5	I1	8
N	16	T	5
J2	10,5	I2/I2a/I2b	3
E1b	10	Q	2
G	9	J1	0,5
R1b	8,5		

Конечно, в таком виде, без указания сніпов и гаплотипов, невозможно сказать, откуда прибыли носители этих гаплогрупп на территорию современного Татарстана. Можно только из общих соображений предположить, что предки современных носителей гаплогруппы N прибыли с Урала, гаплогруппы G — видимо, со стороны Кавказа, гаплогруппы R1b — скорее всего, в основном потомки ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) приволжских степей и их потомков сармат, предки гаплогруппы Q прибыли из Сибири, и ниже мы рассмотрим, насколько такие соображения являются правильными или просто стереотипными.

### База данных Русской равнины

Ниже приведена сопоставительная таблица данных, по гаплотипам всех форматов от 37 до 111 маркеров, у русских и татар. Заметим, что отношение количества мужчин у русских и татар, по данным переписи населения 2010 г., составляет  $50\,607\,892 / 2\,473\,990 = 20,5$  раз, но по числу гаплотипов в указанной базе данных их отношение составляет всего 4,2 раза. Иначе говоря, татары в 5 раз более активны в ДНК-тестировании, чем русские.

**Таблица 7.** Распределение основных гаплогрупп и ветвей у русских и татар (%) [по данным И. Л. Рожанского]. Данные базы IRAKAZ — Русская равнина, содержащей 37-, 67- и 111-маркерные гаплотипы

Гаплогруппы и субклады/снпы	Русские, 1218 чел., %	Татары*, 287 чел., %	Гаплогруппы и субклады/снпы	Русские, 1218 чел., %	Татары*, 287 чел., %
R1a в целом	51	32	I1	7,1	4,5
R1a-Z280	39	14	E1b	4,4	3,8
R1a-M458	9,6	5,9	G2a	1,5	3,5
- L1029	7,1	4,5	L	0	2,8
- L260	2,5	1,4	Q	0,6	2,8
R1a-Z93	1,3	9,8	O	0,2	2,1
R1a-Z284**	0,2	0	C	0,2	2,1
N1a1	18	20	T	0,4	1,0
J2a	1,7	16	J1	0,7	0,7
I2a	8,4	3,5	H	0,08	0
R1b	5,9	5,9			

\* Включая 22 гаплотипа литовских татар, у которых более половины гаплогруппы R1a, с большинством R1a-Z93.

\*\* Скандинавский субклад.

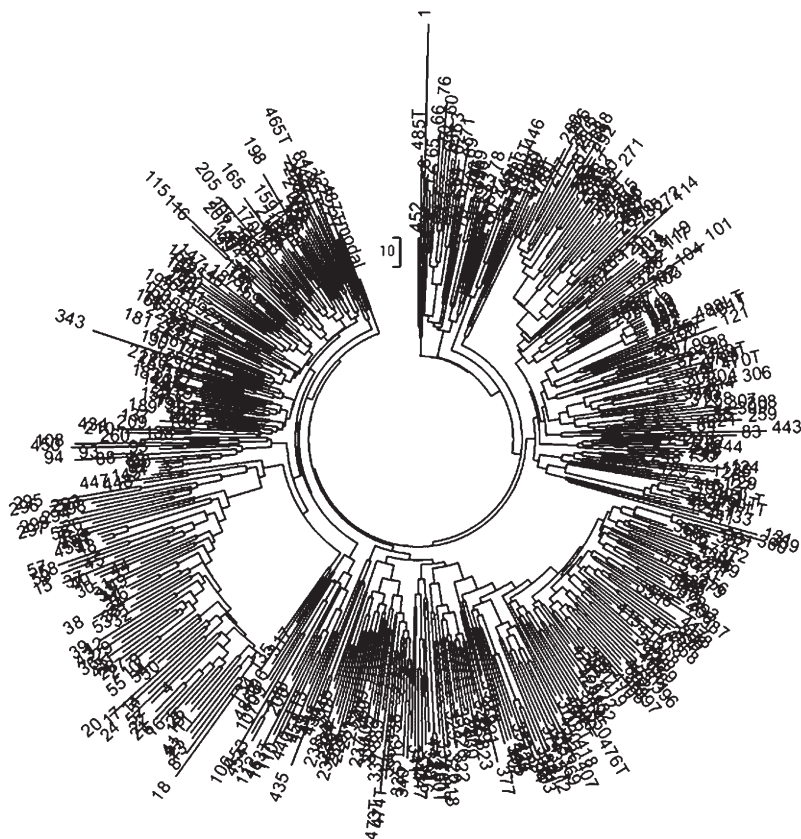
Мы видим, что у татар заметно меньше содержание гаплогруппы R1a, чем у русских (32 % и 51 % соответственно), причем у татар намного больше, чем у русских (в семь раз в данной выборке) субклада R1a-Z93, который типичен у древних степняков. На первый взгляд удивительно, что у татар довольно много западнославянского и европейского субкладов гаплогруппы M458 — всего в полтора-два раза меньше, чем у русских. И вот это обстоятельство дает серьезный повод усомниться, что это не вклад «генофонда» татар в русский, как многие считают под навязыванием средств массовой информации и некоторых историков, а, наоборот, вклад русского в татарский? Иначе откуда у татар гаплотипы карпатских ветвей, южнославянские гаплотипы I2a и прочие субклады, которые вряд ли находятся в основе происхождения татар? Есть и другое объяснение — это вклад не русских, а древних носителей гаплогруппы R1a, населявших Русскую равнину тысячелетия назад, когда русских как таковых еще не было. Например, насельников фатьяновской культуры, которая занимала огромные территории от нынешней Смоленской области до нынешних Татарстана, Мордовии, Чувашии.

Для получения информации к размышлению по данному вопросу построим смешанное дерево гаплотипов в 67-маркерном формате русских

и татар и посмотрим, какие ветви у них раздельны, какие пересекаются и в каких пропорциях (рис. 52).

Описание дерева приведено в подписи к диаграмме. Главный вывод анализа дерева гаплотипов в том, что подавляющее большинство гаплотипов татар гаплогруппы R1a, не считая «степных» по происхождению гаплотипов субклада Z93 (и нижестоящих субкладов), вошли к татарам вместе с русскими. «Заимствование» степных гаплотипов русскими от татар является минимальным и составляет буквально доли одного процента.

Давайте разбирать более внимательно. Итак, рассматриваем гаплотипы «по часовой стрелке», от вершины дерева и далее направо и вниз. Первый по порядку гаплотип, под номером 485T, это татарский (как следует из буквы в нумерации) гаплотип субклада Z93-Z94, видимо, потомок древних скифов, для которых Z93 характерны, как можно судить по известным ископаемым гаплотипам скифов и прочих степняков (в том числе древних хазар). Рядом с ним русский неопознанный (по субкладу) гаплотип под номером 452, но между ними огромное мутационное расстояние, 24 мутации, что эквивалентно примерно 6225 годам между ними. Их общий предок жил (если русский гаплотип относится к субкладу Z93) примерно 3,1 тыс. лет назад.



**Рис. 52.** Дерево из 495 гаплотипов русских и татар гаплогруппы R1a в 67-маркерном формате. Гаплотипы взяты из базы данных «IRAKAZ — Русская равнина», подготовленной членом Академии ДНК-генеалогии И. Л. Рожанским. Ветви по часовой стрелке — справа сверху последовательно субклады M458-L260 (западнославянская ветвь) и Z280-CTS3402 (балто-карпатская ветвь); в самом конце большой ветви справа (CTS 3402) — небольшая ветвь Z93 (субклад древних степняков). Далее, после разрыва, большая ветвь в правой нижней части Z280-Z92 (североевразийская ветвь), которая доходит до нижней точки дерева, за ней следуют фрагменты других субкладов балто-карпатской ветви (CTS3402), одинокий гаплотип скандинавской ветви (Z284, под номером 435, он выпадает из своего окружения как нехарактерный для русских субкладов). Далее еще несколько малых ветвей, субкладов Z280, потом узкая ветвь Z93 (субклад древних степняков, на 8 часов). Далее, после очередного разрыва, в левой нижней части — широкая ветвь субклада M458-CTS11962 (европейская ветвь), очередной субклад, нижестоящий к Z280-CTS3402. Далее — малые субклады Z280, и всю верхнюю половину левой части дерева занимает восточнокарпатская ветвь, субклад Z280-Y2902. Номера гаплотипов в данном случае безотносительны, просто для информации можно сообщить, что гаплотипы русских пронумерованы от 1 до 454, гаплотипы татар имеют номера от 455T до 495T, включая 8 литовских татар, отмеченных LT. Повторяем, что на данном дереве эта маркировка в основном не видна, да она и не нужна в таких деталях. Она была нужна для детального анализа дерева гаплотипов

Кстати, гаплотип под номером 1 — это редкий случай архаичного, реликтового гаплотипа, субклада M459-YP1272, который образовался 92 снипа, или примерно 13,2 тыс. лет, назад.

Далее идет серия русских гаплотипов восточнославянской ветви (M458-L260) из 24 гаплотипов, и в них имеется вкрапление из 3 татарских

гаплотипов (458T, 459T, 460T) того же субклада M260. Общий предок всех 21 русских гаплотипов жил  $2800 \pm 330$  лет назад, это — типичное время для предка современных гаплотипов группы L260. Три татарских гаплотипа почти одинаковые, на  $67 \times 3 = 201$  аллель у них всего 6 мутаций, что дает  $6/3/0,12 = 17$  условных поколений

назад, то есть их общий предок жил примерно  $17 \times 25 = 425 \pm 180$  лет назад.

Подобная же картина является типичной и для остальных славянских, или русских (в данном контексте это эквивалентные понятия), ветвей дерева гаплотипов. Как правило, в большой русской ветви имеется малое вкрапление татарских гаплотипов, с относительно недавним общим предком. Обратных примеров мало, но они есть. Так, после западнославянской ветви на дереве есть малая ветвь из 6 гаплотипов субклада Z93-Z94-Z2124-Z2125-S23592, в ней 3 татарских (один из них литовский татарин — 483T, 484T и 489LT) и 3 русских гаплотипа. При этом пять из этой шестерки более близкие родственники, у них у всех наблюдается относительно редкая мутация — один очень стабильный маркер (DYS425) у этих пяти (русские и один татарин) равен 0, а у одного русского там стоит 12. Эту мутацию он перенял, видимо, у других татар, не очень родственных этим.

Но если ограничиться только пятью более родственными носителями этого субклада гаплогруппы Z93-S23592, то у трех татар общий предок жил всего  $600 \pm 200$  лет назад (если не округлять, то  $639 \pm 222$  лет назад, но такая точность здесь не имеет смысла), то есть это примерно вторая половина XIV в., а если добавить двух русских с такой же характерной нулевой мутацией, то их общий предок сдвигается на  $1300 \pm 300$  лет назад, это уже начало VIII в. н. э. Поскольку гаплотипы R1a-Z93 для русских нехарактерны, то понятно, что эти трое русских (как и трое татар) приобрели данную мутацию исходно от древних степняков, но разными путями. По датировкам все пятеро имеют общего предка субклада R1a-Z93-S23592, который жил  $1300 \pm 270$  лет назад, то есть примерно в начале VIII в., определенно раньше времен нашествия степняков и их союзников на Русь (что у историков принято называть «татаро-монгольским нашествием»). Шестой, русский, происходит от еще более древнего прямого предка, тем более что сам субклад S23592 образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад. Так что в отношении наличия снипа S23592 у русских предки современных татар, похоже, ни при чем.

Первую ветвь замыкают два татарских гаплотипа (478T и 479T) субклада Z93, очень похожие

друг на друга, между ними всего 3 мутации — суммарно на 134 маркера в их гаплотипах. Это разводит данные гаплотипы на  $3/0,12 = 25$  условных поколений, то есть на 625 лет, и их общий предок жил на половине этого срока, то есть примерно 310 лет назад. Рядом с ними русский гаплотип того же субклада Z93, явно не русского происхождения, но он удален от предыдущих двух гаплотипов на 21 мутацию, что эквивалентно примерно 5,3 тыс. лет, с поправкой на возвратные мутации. Их общий предок жил примерно 2650 лет назад, в середине I тыс. до н. э. Был, видимо, степняком в те времена, и от него пошли как редкие русские (в последующем), так и более частые татарские (в последующем) гаплотипы.

После этого на дереве идет широкая ветвь балто-карпатского (по происхождению) субклада Z280-CTS3402, занимающая половину правой стороны дерева гаплотипов. Понятно, что балто-карпатские гаплотипы вряд ли окажутся «автохтонными», или «коренными», у татар. И действительно, татарские гаплотипы оказываются там малыми вкраплениями. Два татарских гаплотипа (467T и 468T) проявились в ветви субклада CTS3402-YP237-YP951, они различаются всего на 4 мутации друг от друга, что для 67-маркерных гаплотипов эквивалентно  $4/0,12 = 33 \rightarrow 34$  условным поколениям, то есть 850 годам, и что помещает их общего предка на половину этой дистанции, то есть примерно на 425 лет назад. Здесь стрелка — поправка на возвратные мутации, что в данном случае почти не имеет значения. Эти поправки либо берут как табличные величины, либо рассчитывают по формулам, как описано в соответствующем разделе книги «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (М.: Концептуал, 2018). Сам субклад YP951 образовался 25 снип-мутаций, или примерно 3,6 тыс. лет, назад и довольно широко распространен среди этнических русских и литовцев. Ясно, что в данном случае те два человека, которые называли себя татарами в базе данных (то есть при заказе на определение гаплогруппы и гаплотипа), в прошлом имели русских (или славянских, или литовских) предков, возможно, сами того не зная.

В некотором отдалении от них находится гаплотип литовского татарина (488LT) того же субклада CTS3402-YP237-YP951, но общий предок всех трех гаплотипов жил уже  $1460 \pm 360$  лет



назад. Иначе говоря, этот литовский татарин субклада YP951 удален от двух других татар того же субклада. Можно было бы предположить, что у литовского татарина унаследован литовский же субклад YP951, но это не так, его гаплотип весьма удален от группы литовских гаплотипов того же субклада и находится ближе к русским гаплотипам. В целом ясно, что это не татарские гаплотипы по происхождению, что они пришли с запада, скорее всего, из России или Руси.

В этой ветви, R1a-Z280-CTS3402, есть еще два единичных (то есть отдельных, не в группе) татарских гаплотипа, Z280-CTS1211 (гаплотип 461T) и Z280-CTS1211-YP1034 (гаплотип 462T), и группа из четырех татарских гаплотипов (469T — 472T) субклада L280-CTS3402-YP237-YP235-YP234-YP295-YP335, с общим предком  $640 \pm 200$  лет назад. Рядом — уже русская ветвь тоже субклада YP335, общий предок жил  $2600 \pm 340$  лет назад. Как мы видим, картина повторяется, татарский предок группы современных гаплотипов имеет русское происхождение.

Ветвь заканчивается небольшой ветвью из 6 гаплотипов литовских татар (490LT — 495LT) субклада R1a-Z93-Z94-Z2124-Z2125-S23592. Она изолирована в том смысле, что к ней русские гаплотипы не примыкают, так что русских потомков этой ветви в выборке нет. Общий предок этой ветви жил опять сравнительно недавно,  $670 \pm 170$  лет назад.

Далее на дереве идет обширная ветвь субклада Z280-Z92, североазиатская ветвь. Ее иногда называют венедской, хотя доказательств к этому никто не представил. В ней — более 120 гаплотипов, ветвь занимает левую нижнюю часть дерева гаплотипов. Среди них — около десятка татарских гаплотипов, все — единичные, разрозненные. Один — в субкладе Z280-Z92-YP4459-YP617-YP573-YP569 (гаплотип 477T), еще два единичных (475T и 476T) — в том же субкладе, но на другом конце ветви Z92, еще два (473T и 474T) — в субкладе Z280-Z92-Z685-YP270, «параллельные» предыдущему. Последние — не очень родственные, между ними 18 мутаций, что для 67-маркерных гаплотипов эквивалентно  $18/0,12 = 150 \rightarrow 176$  условным поколениям, или примерно 4,4 тыс. лет, назад. Общий предок этих двух татарских гаплотипов жил на половине этой дистанции, то есть примерно 2,2 тыс. лет назад,

в конце прошлой эры. Он тоже определенно унаследовал славянский гаплотип «венедской» ветви, так эта специфическая мутация и продолжилась в современных татарах.

В этой же ветви оказалась пара татарских гаплотипов (480T и 481T) субклада Z93-Z94-Z2124-Z2122, почти одинаковых по гаплотипам — между ними всего 1 мутация, что разводит их всего на 200 лет, то есть их общий предок жил всего 100 лет назад. Рядом с ними сидит русский гаплотип, нижестоящего субклада Z2122-Y57, но он удален от предыдущих двух на 24 мутации, то есть на тысячи лет, и их общий предок жил примерно 3,1 тыс. лет назад.

Далее — еще один единичный татарский гаплотип (463T) субклада Z280-CTS1211-YP343, опять в окружении русских гаплотипов, и отдельно сидящий и в этом смысле изолированный гаплотип (486T) субклада Z93-Z2123-Y934-Y7094-Y5992-Y5977, который у русских пока не встречался.

После этого на дереве идет протяженная ветвь субклада R1a-M458-CTS11962, которая получила название центральноевропейской. Ее гаплотипы наблюдаются на значительной территории — от центральной части Русской равнины до центральной Европы. Понятно, что это не автохтонные татарские гаплотипы. Действительно, татарские гаплотипы идут там незначительными вкраплениями. Первое вкрапление — три татарских гаплотипа (455T — 457T) субклада M458-PF7521-Y2604-CTS11962, гаплотипы почти одинаковые, между ними всего 2 мутации, общий предок их жил  $2/3/0,12 = 6$  условных поколений назад, или  $150 \pm 100$  лет назад. Иначе говоря, все три татарских гаплотипа принадлежат довольно близким родственникам и имеют явно «внешнее» происхождение.

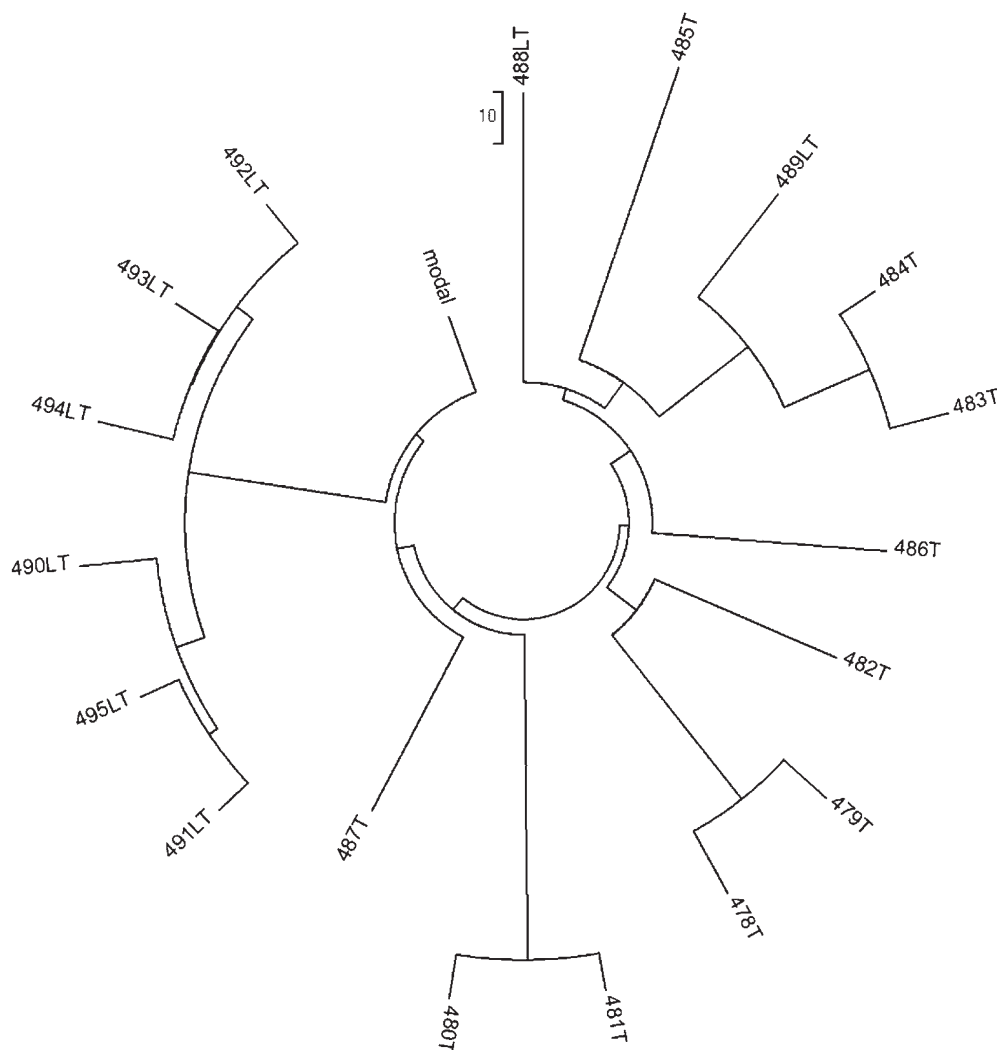
Последняя ветвь на дереве — также широкая, занимает почти половину левой стороны дерева и относится к восточнокарпатскому субкладу R1a-Z280-CTS1211-Y35-CTS3402-Y33-CTS8816-Y2902. Это — одна из самых распространенных ветвей у этнических русских, уходящая корнями, видимо, в фатьяновскую археологическую культуру (4,9 тыс. — 3,5 тыс. лет назад). Сам субклад Y2902 образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад, действительно, во времена фатьяновской



культуры. В этой обширной ветви наблюдаются три изолированных татарских гаплотипа (464T, 465T и 466T), и к ней примыкает изолированный татарский гаплотип (482T) субклада Z94-Z2124-Z2122-Y57, в окружении русских гаплотипов субкладов Y2902 и неклассифицированного Z280.

Итак, приходим к выводу — «коренные» татары гаплогруппы R1a относятся к субкладу R1a-Z645-Z93 и далее расходятся на подветви со своими снипами. Дерево гаплотипов татар этого субклада в 67-маркерном формате имеет следующий вид (рис. 53).

Слева — плоская (значит, недавняя) ветвь литовских татар, их общий предок, как уже указывалось выше, жил  $670 \pm 170$  лет назад. В базе данных они все отнесены к субкладу R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2125-S23592. Сам последний субклад образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, но ветвь литовских татар в базе данных отложилась от основного субклада в середине XIV в. (с погрешностью почти  $\pm 2$  века). Это совпадает с историческими оценками, приведенными И. Л. Рожанским («Исторический Формат», №4, 2016): «По многочисленным



**Рис. 53.** Дерево гаплотипов татар (индекс LT относится к литовским татарам) субклада R1a-Z645-Z93 в 67-маркерном формате

документальным данным, они (литовские татары — ААК) — потомки уроженцев Золотой Орды, переходивших на службу в Великое княжество Литовское преимущественно в конце XIV — начале XV в.». Остальная часть дерева гаплотипов датируется по мутациям временем общего предка  $4200 \pm 530$  лет назад, что соответствует арийским временам, на что и должен указывать снип R1a-Z645-Z93 (образовался 33 снип-мутации, или 4750 лет, назад). Сами же гаплотипы татар на правой и нижней части дерева относятся к снипам Z2122, Y57, S23592.

Вывод по этим татарским гаплотипам — они не скифские, как, например, гаплотипы киргизов (см. ниже), а арийские, то есть уходят корнями в древние арийские времена. Возможно — в фатьяновскую культуру, в которой найдены снипы Z93. Гаплотипы литовских татар имеют то же происхождение, но они «отложились» от татар в Средние века и начали свою ДНК-генеалогию фактически заново, происходя от патриарха-«эмигранта» в Великое княжество Литовское. Это в свою очередь означает, что «эмиграция» не была массовой, иначе общий предок литовских татар гаплогруппы Z93 имел бы такую же древнюю арийскую датировку, как у татар в «метрополии».

Здесь так подробно и в деталях описывается картина ДНК-генеалогии татар и взаимоотношений русских и татарских гаплотипов на ДНК-генеалогическом дереве, чтобы представить данные, а не общие слова, типа «поскреби русского — найдешь татарина». Одно дело — вбросить этот мем, не утруждая себя никакими доказательствами, чтобы в результате этот мем застрял в ментальности народов на века, другое — показать, как обстоит дело в действительности. Вывод очевидный — Y-хромосомы татар в русский «генофонд», если за последний расхожий термин принимать четкие данные ДНК-генеалогии, не входили, во всяком случае в количествах не более долей одного процента. Напротив, Y-хромосомы русских в «генофонд» татар входили в неизмеримо более высокой степени, и это было не в результате захватничества, «ига», а путем нормального мирного сосуществования.

Так что ДНК-генеалогия закрыла этот мем, неважно, кто его впервые вбросил — Наполеон,

Карамзин или кто-то другой. Все они были неправы, не обладали соответствующей информацией.

### Тесты Академии ДНК-генеалогии

В Академии ДНК-генеалогии прошли тесты на свои гаплогруппы-субклады-гаплотипы всего 13 татар, по сравнению с 589 русскими, разница — в 45 раз. В то же время отношение численности татарских мужчин по сравнению с русскими по данным переписи населения 2010 г. составляет  $50\,607\,892 / 2\,473\,990 = 20,5$  раз.

Иначе говоря, репрезентативность татар в списке тестируемых в Академии ДНК-генеалогии является вдвое более низкой по сравнению с русскими. Разумеется, для 13 человек статистика по гаплогруппам совершенно неудовлетворительная, но тем не менее данные опять показывают широкий разброс татар по гаплогруппам, как было показано и по выборке в базе данных Русской равнины, с ее 287 представителями татар. Гаплогруппы-субклады этих 13 татар следующие:

Четверо с гаплогруппой R1b (M269, M73, Z2103 и Z2106).

Трое с гаплогруппой J2 (двое J2a, снипы PF5050 и YSC235, и один J2b, снип L283-Y12000).

Двое с гаплогруппой N1a (один N1a1-M2019 и один N1a2b-P43).

Двое с гаплогруппой R1a (CTS11962 и M198, недотипирован).

Один с гаплогруппой Q (YP4500).

Один с гаплогруппой T (L208-P77).

В отношении гаплогруппы R1b ситуация в целом понятная — субклад M269 недотипирован (он образовался 97 снип-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад, и у него есть тысячи нижестоящих снипов), субклад M73, «параллельный» первому субкладу, который образовался 73 снип-мутации, или примерно 10,5 тыс. лет, назад, является в настоящее время относительно редким на Русской равнине, и обычно понимается, что он принесен со стороны Сибири сарматскими племенами. У него известны полтора десятка нижестоящих снипов, которые в данном случае не определялись. Два остальных субклада, Z2103 > Z2106, найдены в ямной археологической культуре в приволжских степях и являются типичными для носителей гаплогруппы R1b на Русской равнине.

В отношении гаплогруппы J2a снип PF5050, один из самых поверхностных, образовался 114 снип-мутаций, или примерно 16 тыс. лет, назад, и более никаких сведений о его носителях не дает. В гаплогруппе J2b снип L283 образовался 70 снип-мутаций, или примерно 10 тыс. лет, назад, и на 15 снипов ниже находится субклад Y12000, который нашли в Татарстане и который образовался всего 15 снип-мутаций, или примерно 2,2 тыс. лет, назад, в конце прошлой эры. Этот снип распространился по Русской равнине, поскольку, по данным компании YFull, он был найден в Пензенской, Рязанской, Московской областях, в Татарстане и Башкортостане. Столь глубокие снипы определяют весьма редко, и тот факт, что в Московской области таких уже нашли восемь человек, говорит о распространенности этого снипа.

Из двух татарских носителей гаплогруппы N1a один относится к самому распространенному субкладу N1a1, с его нижестоящими снипами N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > M2019, последний образовался примерно 6 тыс. лет назад, видимо, еще на Урале. Второй субклад, N1a2b-P43, подробно описан выше, это в основном «северный» субклад Русской равнины.

Субклад R1a-CTS11962, или так называемый «европейский» субклад родительской гаплогруппы R1a-M458, пришел в татарскую среду, скорее всего, с запада Русской равнины. В предыдущем разделе были рассмотрены три татарских 67-маркерных гаплотипа этого субклада (из базы данных Русской равнины), которые оказались практически близкими родственниками, их гаплотипы были почти одинаковыми (между ними всего 2 мутации), их общий предок жил всего  $150 \pm 100$  лет назад, и они имеют явно «внешнее» происхождение. В 37-маркерном формате гаплотипов субклада CTS11962 уже 10, все имеют в сумме 85 мутаций (то есть по 8,5 мутации на гаплотип), и их общий предок жил  $2700 \pm 400$  лет назад, в начале I тыс. до н. э. Это, конечно, намного позже времени образования субклада (33 снип-мутации, или примерно 4750 лет, назад). Общий предок этой группы татар имел следующий гаплотип в 37-маркерном формате:

**13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 9 11  
11 23 14 20 32 12 14 14 16 — 11 11 19 23 17 16  
18 19 34 36 14 11.**

Если к ним добавить четвертый гаплотип, определенный в Академии ДНК-генеалогии, то по 17 маркерам, на которых с 37-маркерными гаплотипами пересекается последний 18-маркерный гаплотип, общий предок всех 11 татар субклада R1a-CTS11962 жил  $1900 \pm 400$  лет назад. На гаплотипе выше выделены его совпадающие маркеры, их 14 из 17. Технически, эти датировки пересекаются в пределах погрешности, но принципиальный вывод не меняется — общий предок этих 11 татар жил на тысячелетия после образования самого субклада. Или татары этого субклада прошли «бутылочное горлышко» выживания, или, что более вероятно, этот субклад вошел в татарскую среду с запада, где и образовался почти 5 тыс. лет назад.

Остальные две гаплогруппы данной выборки татар, Q и T, находятся по одному представителю, и явно случайны в контексте происхождения татар.

### Проект Татарстана в базе данных FTDNA

Напомним, что FTDNA (Family Tree DNA) — американская коммерческая компания, с отделениями в Техасе и Аризоне, получившая известность еще в 2000-х гг. в отношении проведения массовых тестов на Y-хромосому и мтДНК. Сейчас это самая большая компания в мире в этом направлении, определяющая сотни снип-мутаций и гаплотипы от 37- до 111-маркерных и до 500-маркерных в экспериментальном варианте.

Обширная база данных этой компании разделена на десятки проектов, в каждом от десятков до многих тысяч гаплотипов. Одним из них является Проект Татарстана, в котором 98 татарских гаплотипов, от 12-маркерных до 111-маркерных. Распределение по гаплогруппам там следующее (табл. 8).

Помимо данных Проекта Татарстана, в табл. 8 приведены еще четыре серии данных по татарам, включая базу данных Русской равнины, что обсуждалось выше, данные по казанским татарам с сайта «Переформат», данные из Википедии, собранные из нескольких источников популяционных генетиков, датированные 12–18 лет назад, и небольшая сводка данных по крымским татарам (22 определения), хотя крымские татары не являются субэтносом татар.

**Таблица 8.** Распределение основных гаплогрупп и некоторых субкладов у татар (%) [по данным компании FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Tatarstan/default.aspx?section=yresults>, и Википедии: <https://en.wikipedia.org/wiki/Tatars> (цитирует Переформат и Проект Татарстана FTDNA, устаревшие данные). Крымские татары не являются субэтнотомом татар, и данные по ним (последняя колонка) внесены в таблицу для сравнения с татарами по другим базам данных

Гаплогруппы и субклады/снипы	Проект Татарстана FTDNA* (апрель 2019 г.), 98 чел., %	База данных Русской равнины**, 287 чел.	Казанские татары (Переформат)*** 128 чел., %	Википедия (данные 2001–2007 гг.), 450 чел., %	Крымские татары, Википедия (2016 г.), 22 чел., %
R1a в целом	27	32	33	19	32
R1a-Z280	14	16	12,8	–	–
R1a-M458	2	5,9	6,2	–	–
-- L1029	0	4,5	3,9	–	–
-- L260	2	1,4	2,3	–	–
R1a-Z93	10	9,8	14	–	–
R1a-Z284****	1	0	0	–	–
N1a1 + N1a2	21	20	25,8	34	–
J2a + J2b	10	16	9,3	8,1	14
I2a + I2b	8	3,5	6,3	4,6	–
R1b	2	5,9	4	6	9
I1	6	4,5	6,3	13,2	5
E1b	8	3,8	3,9	4	5
G2a	4	3,5	2,3	1	–
L	0	2,8	1,6	1	–
Q	4	2,8	2,4	1	–
O	1	2,1	2,3	3	10
C	3	2,1	1,6	2,7	9
T	1	1	0,8	1	–
J1	2	0,7	0	1	–
R2	1	0	0,8	–	–
F	–	–	–	–	18
	0	0	–	–	–

\* Включая 6 гаплотипов литовских татар, у которых пять носителей гаплогруппы R1a и один носитель гаплогруппы E1b.

\*\* Включая 22 гаплотипа литовских татар, у которых более половины гаплогруппа R1a, с большинством R1a-Z93.

\*\*\* Сумма процентных показателей превышает 100 %, так приведено в Википедии.

\*\*\*\* Скандинавский субклад.

Данные в целом неплохо согласуются между собой, за исключением данных по генетикам из старых источников, которые со всей очевидностью выпадают из общей тенденции. Такого быть не должно, если определение проводилось корректно, но в этом можно усомниться. По их данным, доля гаплогруппы R1a значительно занижена по сравнению со всеми другими источниками (19 % по сравнению с  $32 \pm 2$  %), доля

гаплогруппы N1 значительно завышена (34 % по сравнению с  $23 \pm 3$  %), завышена и доля гаплогруппы I1 (13,2 % по сравнению с  $5 \pm 1$  %), занижены доли гаплогрупп G2a, Q и так далее. Видимо, это результат неверного типирования гаплогрупп, а жаль, потому что выборка этих авторов самая многочисленная — 450 результатов.

Тем не менее, поскольку в наличии имеется совокупность разных выборок татар, общие

заклучения сделать можно, и они вполне воспроизводимы. По сравнению с выборками славян (русских, белорусов, украинцев, поляков), у которых доля гаплогруппы R1a является преобладающей и достигает от 45 % (у украинцев) до 50–55 % (у белорусов и поляков) и до 67 % (у русских в южных областях: Орловская, Белгородская, Курская), у татар доля гаплогруппы R1a в среднем находится на уровне 30–33 %, включая крымских татар. Но помимо «количественного» различия, более характерным является различие по субкладам. Если у этнических русских наблюдаются почти исключительно субклады R1a-Z280 (39 %) и R1a-M458 (10 %), то у татар главным является субклад R1a-Z93 (от 10 до 14 %), R1a-M458 занимает от 2 до 6 %. Остальные в гаплогруппе R1a-Z280 у татар приходится на оставшиеся 9–14 %.

Рассмотрение этого распределения субкладов приводит к выводу, что татарам присущ именно субклад R1a-Z93. Субклады Z280 и M458 пришли в татарскую среду с запада, от славян, или имеют более раннее происхождение. Как показано выше, у этнических русских и вообще у славян доля гаплогруппы R1a-Z93, характерной для татар, наблюдается на уровне 1 %. Опять приходится повторить, что поговорка «поскреби русского — найдешь татарина» неверна в принципе.

Итак, татарские мужчины на треть имеют гаплогруппу R1a, в которой поровну представлены субклад Z93, «южноарийский» или «степной» по происхождению, и субклад Z280, «Русской равнины». Это было в деталях рассмотрено выше. В субкладе Z280 у татар в основном западнославянские ветви, как опять же рассмотрено выше. На третьем месте — субклад M458, с его центральноевропейской и западнославянскими ветвями. Это, скорее всего, приобретено у славян, поскольку идет вкраплениями в серии исторически татарских субкладов гаплогруппы R1a, но нельзя пока исключать и более раннего источника у татар субклада M458. Скандинавского субклада R1a-Z284 у татар практически не обнаружено, и это неудивительно — его на Русской равнине вообще практически нет.

На втором месте у татар — гаплогруппы N1a1 и N1a2, последняя расходуется на субклады N1a2-L666 и N1a2b-P43, это юго-восточная азиатская ветвь и южно-сибирская ветвь (см.

рис. 50). Их — примерно по 4 % каждой. Первая, N1a1, у татар расходуется на основные субклады — M178 (Алтайская ветвь), L708 (Сибирская ветвь), L1026 (Уральская ветвь), Z1936 (Приволжская ветвь), VL29 (Волго-уральская ветвь), L550 (Южно-балтийская ветвь), все примерно по 3–4 % от всех. Суммарно гаплогруппы N1a1 и N1a2 у татар — между 20 и 25 %, то есть приближается к доле гаплогруппы R1a. Но происхождение этих двух основных гаплогрупп совершенно разное — носители R1a в последние 5 тыс. лет пришли с запада, с Русской равнины, как арии, и затем, после завершения гигантской по протяженности и по времени миграции до Урала и далее до Алтая, возвратились как степные, кочевые племена, сохранив, тем не менее, южноарийский/степной субклад Z93, с низжестоящими снип-мутациями, например, R1a-Z645-Z93-Z94- Z2124-Z2125-Z2123, включая Z2123, который образовался еще до ухода ариев в Индию, а именно 27 снип-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад.

Далее, у татар наблюдается умеренно выраженная гаплогруппа J2, по разным базам данных от 9 до 16 %. Большая часть приходится на субклад J2a, с субкладами, которые характерны для Кавказа, особенно у (северных) осетин, чеченцев, ингушей, другая серия субкладов J2a во множестве наблюдается у татар и башкир с корнями, уходящими на Ближний Восток — в Ливан, Сирию, Турцию. Условный общий предок их по 37-маркерным гаплотипам жил  $9700 \pm 1400$  лет назад, что только показывает: это — не упорядоченный набор гаплотипов, и не некая группа относительно близких родственников, прибывших на территорию современного Татарстана несколько сотен лет назад или даже одну-две тысячи лет назад.

Гаплотипы гаплогруппы I2a, которых у татар от 4 до 8 %, опять показывают, что это «пришельцы» с запада, точнее, с юго-запада. Это — типичные гаплотипы южных славян, гаплогруппы I2a-Y3120, которые далее расходятся на четыре основных субклада южных славян от Греции до Балтики. В базе данных FTDNA они недотипированы и обозначены как I2a-P37. Это — принципиальная недоработка, поскольку P37 — это далекий родительский субклад, он образовался 138 снип-мутаций, или примерно 19 тыс. лет, назад



(!), в то время как субклад Y3120 образовался всего 17 снип-мутаций, то есть примерно 2450 лет, назад. Все шесть гаплотипов татар гаплогруппы I2a показывают базовый гаплотип (в 12-маркерном формате):

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31.

Это — в точности первые 12 маркеров субклада I2a-Y3120, южнославянской ветви. Все шесть гаплотипов имеют всего 11 мутаций от базового гаплотипа, что дает  $11/6/0,02 = 92 \rightarrow 102$  условных поколения до общего предка, или  $2550 \pm 800$  лет. Это, разумеется, и есть субклад I2a-Y3120.

Это — очередной пример того, как славянские Y-хромосомы входили в татарское сообщество. Понятно, что они не вошли сразу 2,5 тыс. лет назад, входили они неупорядоченно, но все имели общего предка в середине I тыс. до н. э., после прохождения «бутылочного горлышка» выживания носителей гаплогруппы I2a-Y3120, которые далее и положили основу южным славянам.

Гаплогруппы R1b у татар относительно немного, по разным данным, от 2 до 6 %, в основном это потомки ямной археологической культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад). Проект Татарстана показывает всего два гаплотипа группы R1b из 98, и оба имеют субклад R1a-Z2103, который был найден в захоронениях ямной культуры.

Остальные гаплогруппы для татар нехарактерны, составляют единицы процентов, как показано в табл. 8. Здесь можно сделать несколько кратких комментариев. Так, гаплогруппа I1 у татар в Проекте FTDNA представлена шестью гаплотипами из 98, и их предковый гаплотип:

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 — 10 10 19 21 14 14  
**17 19 35 37 12 10** — 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12  
23 **24** 15 10 12 12 16 8 13 25 20 13 13 11 12 11  
11 12 11,

почти полностью идентичен общеевропейскому предковому гаплотипу, за исключением 3 маркеров (выделены), которые у общеевропейского 67-маркерного предкового гаплотипа имеют аллели 16, 20 и 24 соответственно. Это соответствует примерно 625 годам разницы между общим предком общеевропейского I1 и общим предком татарских I1. При расчете по 968 гаплотипам в 67-маркерном формате общий их предок жил  $3600 \pm 400$  лет назад (Kilin V. V., Klyosov A. A. Advances in

Anthropology, 2016), расчет по шести гаплотипам татар в 67-маркерном формате дает время жизни их общего предка  $2400 \pm 400$  лет назад, что в целом не противоречит разнице между этими временами в 625 лет, в пределах погрешности расчетов. Видимо, общий предок общеевропейских I1 жил в Европе и добрался до Поволжья через несколько веков. Представительство этой гаплогруппы у татар невелико и по разным базам данным составляет 4–6 %.

В отношении гаплогруппы E больше половины татар в Проекте FTDNA относятся к субкладу E1b-V13, который был почти полностью истреблен в Европе в III тыс. до н. э., прошел «бутылочное горлышко» выживания через тысячелетие, примерно 3450 лет назад, и к настоящему времени его носители заселили Европу, хотя и в относительно небольших количествах. Пятеро татар субклада V13 в Проекте FTDNA имеют предковый гаплотип, практически идентичный общеевропейскому E1b-V13, и их общий предок жил  $3100 \pm 900$  лет назад, что не противоречит временам «бутылочного горлышка» выживания V13 в Европе. Наибольшее количество носителей субклада E1b-V13 живут на Балканах, и, возможно, оттуда этот субклад прибыл в татарскую среду.

Доля гаплогруппы G2a среди татар составляет 2–4 %, и их субклады характерны для жителей Кавказа, в частности, для Грузии, Чечни, Адыгеи, Ингушетии. Это необязательно означает, что Y-хромосомы попали к татарам из этих регионов, есть вариант, что источник был общий. Но других вариантов такого источника, кроме Кавказа, мало, хотя нельзя исключать скифские или сарматские варианты I тыс. до н. э. или I тыс. н. э. Более детальная проверка показала, что общий предок татарских гаплотипов гаплогруппы G2a жил  $5300 \pm 1000$  лет назад, во времена, типичные для кавказских носителей гаплогруппы G2a и слишком древние для скифов-сарматов. Во времена, предшествующие этим, гаплогруппа G2a была одной из наиболее распространенных в Европе, но их носители были почти полностью истреблены в ходе расселения эрбинов (носителей гаплогруппы R1b) в Европе в III тыс. до н. э., и остатки бежали в Малую Азию и далее на Кавказ. Носители гаплогруппы G2a были также обнаружены в захоронениях предполагаемых алан на Дону, но это уже в I тыс. н. э.

Остальные гаплогруппы, обнаруженные у татар, — L (тоже возможен кавказский источник), Q (видимо, сибирское происхождение), O (типичный источник — Юго-Восточная Азия), C (типичные источники — Средняя Азия и Монголия), T (обычен ближневосточный вариант), J1 (Кавказ и Ближний Восток), R2 (Кавказ и Индостан) — наблюдаются в малых количествах, единицы и доли процента, и для татар в целом нехарактерны.

Данные по крымским татарам рассматриваются и обсуждаются в отдельном разделе. Они, как было указано выше, не рассматриваются как субэтнос татар, и свое название «татары» получили в ранние Средние века, когда тюркоязычные народы обычно назывались «татарами».

### Дерево гаплотипов Проекта Татарстана FTDNA

На рис. 54 приведено дерево гаплотипов, взятых в Проекте Татарстана FTDNA. Это дерево состоит из 209 гаплотипов, хотя в Проекте имеется всего 98 гаплотипов самих татар (по их самоназванию). Дело в том, что администраторы Проекта по какой-то причине включили в Проект также гаплотипы карачаевцев (7 гаплотипов), казахов (4), марийца (1), ногаев (2), русских (11), удмурта (1), узбека (1), «негруппированных» (84) и «других этносов» (18), последние мы вообще не рассматривали. Но такая неразборчивость администраторов (возможно, желание «укрупнить» Проект) оказалась кстати, поскольку дала возможность построить дерево из 209 гаплотипов и посмотреть, с какими «нетатарскими» гаплотипами татарские образуют совместные ветви. Это могло бы позволить понять происхождение ряда татарских гаплотипов.

Гаплотипы на дереве только 12-маркерные из-за того, что в Проекте несколько десятков 12-маркерных гаплотипов, и при переходе к 37-маркерным, не говоря о переходе к 67- или 111-маркерным гаплотипам (последних из 209 гаплотипов Проекта только 48), разрешающая способность дерева в отношении ветвей резко уменьшается. Поэтому по рис. 54 можно сделать только несколько комментариев, в дополнение к тому, что отмечено выше.

Первой на дереве, в верхней правой части, идет небольшая веточка гаплогруппы C. По составу она сводная и отражает скорее диффузию средне-

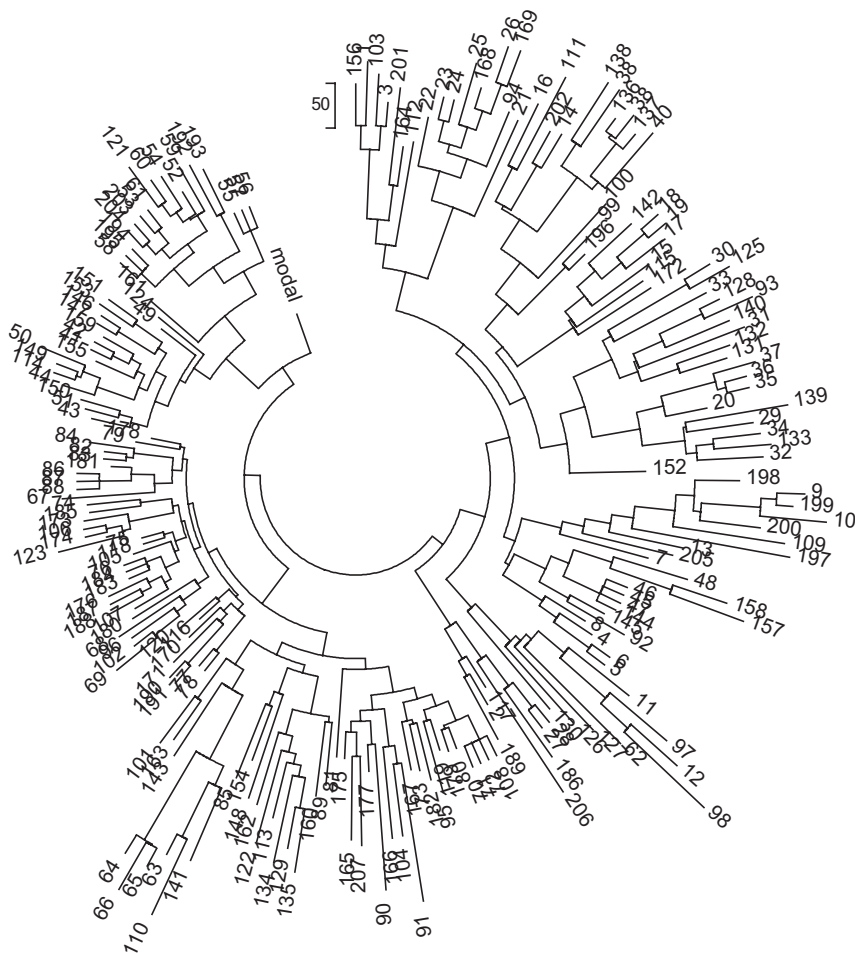
азиатских гаплотипов в разные части Европы. На этой веточке два гаплотипа татарина, по одному гаплотипу казаха, поляка и итальянца. Далее, по часовой стрелке, идет группа татар, носителей южнославянской гаплогруппы I2a, которую (группу) мы уже описали выше, и среди них находится гаплотип хорвата, что характерно, потому что у хорват такой гаплогруппы около 40 %, и один карачаевец. У татар этой гаплогруппы 4–6 %.

За ветвью гаплогруппы J2, на 2 часа, идет гаплогруппа I1, среди которой гаплотипы шести татар, русского и украинца. Мы уже обсуждали выше, что гаплогруппа I1 не является специфической для татар, это скорее общеевропейская гаплогруппа. Далее, на 3 часа, идет сводная гаплогруппа J2 (другая ветвь), J1 и J, среди которых несколько татар, крымский татарин, русский, карачаевец и несколько турок. В маленькой веточке гаплогруппы E1b несколько татар, русский, грек, поляк. Единственный гаплотип гаплогруппы O у татарина идет в паре с гаплотипом той же гаплогруппы из Азербайджана. Единственный гаплотип гаплогруппы T идет в паре с гаплотипом той же гаплогруппы из Румынии. Единственный гаплотип гаплогруппы Q идет в паре с единственным гаплотипом той же гаплогруппы у марийца. Все эти «парности» показывают случайный характер попадания единичных гаплогрупп в татарскую среду.

Происхождение гаплогрупп R1a и R1b у татар мы обсуждали выше. Гаплотипы гаплогруппы R1a занимают протяженную ветвь от нижней части дерева (от гаплотипа под номером 189) до конца ветви на 9 часов, и после этого дерево завершается довольно большой ветвью гаплогруппы N1a, сначала идут несколько гаплотипов группы N1a2b-P43 и затем, до верхней части дерева, гаплотипы гаплогруппы N1a1.

### Глубокие снип-мутации Y-хромосомы татар в Проекте YFull

Поясним, что такое «глубокие снип-мутации». Каждая гаплогруппа характеризуется уникальной, специфической снип-мутацией, например, гаплогруппа R1b — мутацией M343, гаплогруппа R1a — мутацией M420, I1 — мутацией M253, I2 — мутацией M438, I2a — мутацией CTS1799, E1b — мутацией P177, G2a — мутацией P15 и так далее. Затем, все эти «гаплогруппо-образующие»



**Рис. 54.** Дерево гаплотипов татар и других этносов (см. текст) в 12-маркерном формате. Дерево построено по данным Проекта Татарстана: <https://www.familytreedna.com/public/Tatarstan/default.aspx?section=yresults>

мутации расходятся на сотни и тысячи нижестоящих снип-мутаций, или снипов, которые являются уже более «глубокими» снипами. Все они технически могут быть определены у каждого мужчины как нисходящие, или нижестоящие от «основного» снипа, который в свою очередь отходит от «родительского» снипа, так что технически же задача определения всех «глубоких» снипов является практически бесконечной. Она практически бесконечная еще и потому, что в ходе определения максимально «глубоких» снипов специалисты определяют еще более глубокие снипы, расширяя классификацию снипов. Но никто не определяет у отдельно взятого человека все эти сотни и тысячи снипов по одному, обычно задача так и не ставится, хотя за последние годы появи-

лись приемы массового определения снипов у отдельного человека, по несколько десятков тысяч, причем, большинство их еще не получили своего места в классификации.

Тем не менее чем «глубже» определены снипы, тем точнее отнесение Y-хромосомы этого человека на филогенетическом дереве и тем точнее его отнесение к современникам той гаплогруппы, также и при изучении ДНК из древних захоронений. Обычно при тестировании своей гаплогруппы заказывают весьма «поверхностные» снипы, поскольку заказы «глубоких» снипов проводят для решения заранее поставленной специальной задачи, да и стоит такое определение недешево. Но есть энтузиасты, которые заказывают себе «глубокие» снипы даже

без постановки какой-либо задачи. Просто из общего интереса. Но поскольку такие «глубокие» сніпы часто заносят в базы данных, это идет на пользу науке.

Проект YFull собирает такие данные и их систематизирует, вносит в списки и каталоги. В этом разделе мы приведем некоторые данные по глубоким сніпам татар и попытаемся сопоставить их с глубокими сніпами других этносов, чтобы еще лучше понять происхождение татарских ДНК. Иллюстрация этого подхода приведена в табл. 9, хотя надо понимать, что числа в этой таблице зависят от двух основных факторов — насколько данный этнос (татарский и другие в данном случае) активен в определении своих глубоких сніпов (1) и насколько эти сніпы представлены у тех людей, которые эти сніпы определяли (2). Иначе говоря, более корректно сравнивать число сніпов между собой в одной колонке, чем между двумя колонками, хотя оценочно, полуколичественно, сравнивать можно и между колонками.

Иначе говоря, сравнение цифр по разным гаплогруппам у татар показывает, какие гаплогруппы более представлены у них в отношении определения глубоких сніпов, при общем числе таких определений 42. Тогда видно, что наиболее представленные в этом отношении гаплогруппы у татар — R1a и N1a, на них приходится 69 % от всех определений глубоких сніпов. Важно, что это согласуется с тем, что именно эти гаплогруппы преобладают у татар, как показывает табл. 8. Другими словами, данные табл. 9 можно рассматривать как полуколичественную проверку того, какие гаплогруппы доминируют у татар, а такие являются в количественном отношении минорными.

Колонка «Количество сніпов у представителей РФ» фактически означает все этносы в РФ, кроме татарского. Дело в том, что в международной научной печати индекс RUS обычно означает все этносы Российской Федерации, так это обозначено и в списке «глубоких сніпов» YFull. Для минорных (в количественном отношении) гаплогрупп для этнических русских эти показатели в табл. 9 намного завышены (за счет других этносов), и в ряде случаев в таблице даны соответствующие отнесения.

**Таблица 9.** Количество «глубоких» сніпов по гаплогруппам, приведенных в таблице данных YFull, для татар и для остальных этносов Российской Федерации

Гаплогруппа	Количество приведенных «глубоких» сніпов у татар	Количество приведенных «глубоких» сніпов у представителей других этносов РФ, включая русских
R1a	16	196
N1a	13	110
J2	11	240
I2	2	30
G2a	3	32
I1	3	32
R1b	1	30
Q	2	17
C	1	10
L	0	18
E	0	19
O	1	3
T	0	2
H	0	0
Суммарно	42	499

В целом, нельзя сказать, что представительство татар занижено в данной таблице, оно составляет 7,8 %, в то время как численность татар-мужчин (2,47 млн) по переписи 2010 г. составляет 3,7 % от всего мужского населения РФ (66,05 млн). Так что, напротив, представительство татар в данной таблице более чем вдвое превышает их долю в Российской Федерации. Другими словами, татары весьма активны в изучении своих глубоких сніпов.

Взглянем на гаплогруппы у татар в отношении глубоких сніпов этих гаплогрупп. Это — лоскутки большого полотна истории формирования татарского этноса. Но без таких лоскутков полотна не воссоздать.

### Гаплогруппа R1a

Данные табл. 8 (см. выше) и ее интерпретация показывают, что историческое ядро татарского этноса — гаплогруппы R1a-Z93 и N1a (несколько основных субкладов), но они сопровождаются вхождением других субкладов гаплогруппы

R1a, в основном современных славянских, с запада. В итоге суммарная доля гаплогруппы R1a превышает суммарную долю гаплогруппы N1a.

В списке глубоких снийпов есть всего один пример гаплогруппы R1a-Z93 и 15 примеров гаплогрупп R1a-Z280 и R1a-M458. Рассмотрим их, несмотря на ограниченность информации, они на данных примерах показывают, как собирался татарский этнос.

Итак, один субклад гаплогруппы R1a-Z93 (образовался 33 снийп-мутации, или примерно 4750 лет, назад) у татар имеет следующую Y-хромосомную историю:

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1558 > S23201 > S21872 > YP5505 > S10438 > FGC56440 > Y80316 > Y65081.

Последний снийп в списке YFull — один и тот же у татарина и башкира. Это весьма типично, татарские и башкирские снийпы часто ходят парами, что указывает на близкое происхождение обоих этносов. Примеры будут даны ниже.

Эта цепочка снийпов показывает, как произошло расхождение ДНК-линий, которые ушли на Южный Урал и в Индию, и тех, которые в итоге оказались у татар и башкир. На Южный Урал и в Индию ушли две следующие линии:

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 и  
Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657.

Мы видим, что расхождение линий Z2123 и L657 произошло на снийпе Z94 (образовался 31 снийп-мутацию, или примерно 4,5 тыс. лет, назад), с отхождением линии Y3, и в итоге образовался снийп L657 (30 снийп-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад), который сейчас наряду с Z2123 (образовался 27 снийп-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад) преобладает в высших кастах Индии. По оценкам, носители этих снийпов ушли в Индию примерно 3,5 тыс. лет назад.

Снийп S23592, который ведет к представителю современного татарского этноса, сохранил в своей динамике вышестоящие снийпы Z94 > Z2124 > Z2125 и образовался 30 снийп-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад. Выясним, остались ли его носители в Поволжье до образования татарского этноса или они ушли, хотя бы в своей части, на восток, в Зауралье, и со скифами потомки вернулись назад. Но мы уже знаем, что этот снийп найден у современных чеченцев, башкир, казахов, что показывает древние (или относительно

недавние) перемещения между соответствующими регионами. На это же указывает и то, что родительский снийп Z2125 найден у современных чеченцев и в Мордовии, предыдущий снийп Z2124 найден опять у чеченцев, а также у русского (по самоидентификации) в Приморском крае, у уроженца Кабардино-Балкарии, а также у русских в Самарской и Белгородской областях. Снийпы Z94 и Y3 найдены у башкир.

У татар найдены глубокие снийпы общеевропейского субклада R1a-M458, которые выстраиваются в следующую диаграмму:

R1a-M458 > PF7521 > Y2604,

и далее последний снийп расходится на три ветви, ведущие к татарам:

Y2604 > BY32066,

Y2604 > L260 > YP1337 > YP13379 > YP1337A1,

Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP593 > FGC39940 > YP1567,

причем последний снийп, YP1567, находится в списке у двух татар. Снийп BY32066 довольно древний, он образовался 33 снийп-мутации, или примерно 4750 лет, назад, близко ко времени образования самого субклада M458 (35 снийп-мутаций, или примерно 5 тыс. лет, назад), и находится в паре с неидентифицированным русским. Снийп YP1337A1 образовался всего 10 снийп-мутаций, или примерно 1440 лет, назад, и находится в группе с поляком, украинцем и чехом. Наконец, снийп YP1567 образовался всего 7 снийп-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад, и находится в группе с поляками, шведом и белорусом. Все это свидетельствует о том, что указанные снийпы пришли к татарам с запада.

Наконец, еще 11 татар имеют девять снийпов субклада R1a-Z280, которые характерны для типичных русских и славянских носителей гаплогруппы R1a, а именно Z92 (североевразийская ветвь), CTS1211 (карпатская ветвь), CTS3402 (балто-карпатская ветвь), CTS8816 (северокарпатская ветвь) и Y2902 (восточнокарпатская ветвь). Эти снийпы (не включая Z92, он показан ниже) образуют цепочку:

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902.

Все эти снийпы широко представлены среди этнических русских, более того, составляют среди них большинство. Татарские линии идут от них



ответвлениями — от Z92, CTS1211, CTS3402, Y2902 — следующим образом:

Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > Y5570 > Y136466,

(последний снип имеют два татарина, снип отпочковался от Y5570 всего 13 снип-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет, назад, в начале нашей эры). Этот снип, Y136466, идет в группе русских носителей из Тульской, Калужской, Новосибирской областей, Краснодарского края, и его также имеют башкиры и казахи.

От того же снипа Y5570 как родительского отошел и снип YP682, который «в два хода» привел к татарину:

Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > Y5570 > YP682 > YP1698 > YP1696,

который имеет последний снип, образовавшийся 11 снип-мутаций назад, или примерно 1,6 тыс. лет назад. Этот снип идет в группе русских носителей из Комстромской, Пензенской, Саратовской, Челябинской областей, Хабаровского края и Витебской области Белоруссии. Это все — производные от родительского североазиатского снипа Z92, предположительно древнеславянского, снипа древних венедов (*Клёсов А. А. Происхождение славян. СПб.: Питер, 2019*).

Целая гроздь татарских носителей происходит от древнего карпатского субклада, CTS1211, который образовался 35 снип-мутаций, или  $5000 \pm 500$  лет, назад, и его нижестоящих субкладов, но татарские нисходящие линии образовались в основном уже относительно недавно. Рассмотрим эти линии (последний снип в каждой строке найден у татар, выделены):

CTS1211 > YP1034 > Y13467 > **YP4312**,

CTS1211 > YP343 > YP340 > YP371 > YP372 > Y10810 > **BY106096**,

CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP295 > YP335 > YP337 > **YP5306**,

CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP238 > L365 > YP243 > YP389 > **Y28938**,

CTS8816 > Y2902 > Y3226 > Y3219 > YP4863 > YP4966 > **Y35408**,

Y2902 > Y2910 > **Y2915**,

Y2902 > Y2910 > Y2915 > YP310 > Y29593 > **YP5995**.

Все они находятся в окружении носителей снипов этнических русских, как снипов вышестоящих, так и нижестоящих, кроме самого древнего

снипа YP4312, который образовался 27 снип-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад, и находится в окружении литовского, латышского, украинского и польского носителей родственных снипов. Остальные снипы (последние в каждой строке, которые и найдены у татар) образовались 11, 14, 12, 11, 14 и 7 снип-мутаций назад, то есть все в интервале от 2 тыс. до 1 тыс. лет назад, все они находятся в окружении носителей снипов из центральных областей Российской Федерации, к которым также добавляются башкиры, украинцы, венгры, словаки, немцы, итальянцы и другие. Ясно, что эти снипы не являются специфически татарскими.

### Гаплогруппа N1a

Гаплогруппа N у татар представлена двумя основными ветвями — субклад N1a1-M46 и N1a2b-P43, поэтому ее можно обозначить как сводную гаплогруппу N1a. Линии в сторону снипов N1a1-M46 и N1a2b-P43 следующие:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46,  
N-M231 > Z4762 > L729 > L666 > P43.

Расхождение на ветви произошло от субклада Z729, который образовался 119 снип-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад, субклад N1a1 образовался 99 снип-мутаций, или примерно 14,3 тыс. лет, назад, и субклад P43 образовался 54 снип-мутации, или примерно 7,8 тыс. лет, назад. Иначе говоря, это расхождение двух основных ветвей гаплогруппы N1a произошло еще за Уралом, в Сибири, видимо, на территории современных Монголии или Китая. Судя по распределению современных потомков этих ветвей, носители субклада N1a1-M46 расселились на Среднем Урале, субклада N1a2b-P43 — севернее, поскольку многие северяне имеют этот субклад. Оба этих субклада, как отмечено выше, широко представлены у современных татар.

Взглянем на фактические данные. У татар представлены следующие цепочки снипов, нисходящих от N1a2b-P43:

P43 > VL67 > VL73 > Y37153 > BY30476,

P43 > VL67 > VL73 > Y136502,

P43 > Y3195 > 23785 > Y24382 > B226,

P43 > Y3195 > 23785 > Y24382 > B226 > Y64530,

P43 > Y3195 > 23785 > Y24382 > B226 > Y64530 > Y159816,

P43 > Y3195 > Y3185 > VL97 > Y43825.

Снип B226 у татарина идет в группе с жителями Пермского края, Камчатского края и Кировской области, снип Y159816 — с жителями Камчатского края и Кировской области, снип Y43825 — с жителями Пермского края, Республики Коми и с финнами.

Цепочка снипов, нижестоящих от субклада N1a1-M46, представлена следующим образом:

N1a1 > F1419 > L708 > Y9022 > Y23181 > Y23183,

N1a1 > F1419 > L708 > Y9022 > Y23181 > Y143277 > Y143276,

N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > L1034 > L1442 > Y24222,

N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > Y24361 > Y24360,

N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > Y24361 > Y24360 > Y24376,

N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 > Z1927 > Z1933 > VL62 > Z4747 > Z1941 > Y21575 > Y31893.

Конечный снип Z24376 найден у двух татар. Снип Y143276 найден у татарина в группе с башкиром, коми, мордвином и жителем Пензенской области. Снип Y23183 — у татарина в группе с башкиром, коми, мордвином и жителем Пензенской области. Как мы видим, эти снипы опять не являются специфичными для татар, но представлены у них.

Остальные гаплогруппы являются у татар минорными по численности, мы видели это и по базам данных гаплотипов, и в данном случае по числу носителей «глубоких» снипов среди татар. Рассмотрим эти данные, чтобы еще раз понять истоки происхождения этих гаплогрупп среди татар.

## Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа у татар находится по численности на третьем месте. Снипы этой гаплогруппы у татар не дублируют соответствующие снипы у кавказцев, в первую очередь чеченцев, и находятся от них на значительном удалении. Они группируются со снипами у мордвин и жителей Рязанской области. В нескольких случаях они находятся в относительной близости от

турок, пакистанцев и индийцев (два последних варианта — это, в сущности, одно и то же), но не настолько часто, чтобы провести там какую-либо определенную связь.

В списке YFull к татарам относятся следующие конечные снипы и их соответствующие цепочки.

### Линия J2a:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > Y164901 > **FT12693**.

Эта линия вплоть до конечного снипа (FT12693) встречается у башкир.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > YSC0000253 > Y9336 > Z7429 > **YSC0000246**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF5008 > **Y182822**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF5008 > L581 > Z37823 > PF5000 > PF4993 > PH1795 > **Y152335**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF5008 > L581 > Z37823 > PF5000 > PF4993 > PH1795 > **Y154124**.

Эта линия вплоть до конечного снипа (Y154124) встречается у башкир.

J2-M172 > J2a-M410 > PF5008 > L581 > Z37823 > PF5000 > PF4993 > PH1795 > BY114993 > Y164253 > **Y164257** (2 человека),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y18824 > FT6314 > Y85641 > **Y84913** (2 человека).

### Линия J2b:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > Y12007 > Y12000 > Y12936 > Y12400 > **Y136265**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > Y12007 > Y12000 > Y12936 > Y12400 > **Y21460**.

Эта линия встречается у башкир.

## Гаплогруппа I1

Как было показано выше, гаплогруппа I1 является по численности минорной среди татар, у которых носителей этой гаплогруппы от 4,5

до 6,3 %. Действительно, в списке татар с определенными глубокими снипами только для трех из них эти снипы фигурируют в таблице, по сравнению с 32 русскими. Цепочки этих снипов следующие:

I1 > I1a-DF29 > Z2336 > Z2337 > S6346 > L22 > Y3549 > CTS6868 > Z74 > CTS2208 > CTS7676 > L287 > L258 > Y13391 > Y13389.

Последний снип, найденный у татарина, образовался 10 снип-мутаций, или примерно 1440 лет, назад, находится в тесном соседстве с двумя финнами, карелом и русским. Предшествующий снип, Y13391, обнаружен у многих финнов. Это и есть, видимо, путь прибытия этого снипа к татарам.

I1 > I1a-DF29 > Y3866 > S4767 > Y4781 > S4770 > M227 > Y19809.

Последний снип в этой цепочке образовался 21 снип-мутацию, или примерно 3 тыс. лет, назад. Он идет в группе с финном, литовцем, сербом и белорусом.

I1 > I1a-DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > Y2245 > Y7234.

Последний снип в этой цепочке образовался 21 снип-мутацию, или примерно 3 тыс. лет, назад. Он (с предшествующими снипами) идет в группе с немцем, украинцем, чехом, англичанином, поляком, испанцем, норвежцем. Опять мы видим то, о чем высказывалось здесь ранее, при рассмотрении субкладов и гаплотипов — что гаплогруппа I1 у татар не является специфической, она пришла с запада в широком смысле — и с северо-запада, и с юго-запада, и просто с запада.

## Гаплогруппа I2

В таблице «Глубоких снипов» этой гаплогруппы есть только два татарских представителя (по сравнению, например, с 30 представителями России), и оба татарина относятся к двум совершенно разным ветвям гаплогруппы I2. Одна ветвь — это цепочка субкладов/снипов:

I-M170 > I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > I2a1a-P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > Y4460 > Y3106 > Y3118 > Y125625\*, которая идет по линии I1a1a-P37. После ряда последовательных снипов она подходит к снипу Y3120, который маркирует по происхождению

южных (дунайских) славян, и почти все (или все) восточноевропейские носители снипа Y3120 произошли от общего предка, который жил в конце прошлой эры, примерно 2,2 тыс. лет назад. Разумеется, некоторые потомки того общего предка разошлись по разным направлениям и некоторые попали в татарскую среду. Среди них — носитель снипа Y125625. По языку и, возможно, культурным признакам он не славянин, как и, возможно, его предки в обозримое время, но мы говорим о происхождении. Этот снип определенно не специфически татарский, и по снипу его носитель находится в списке глубоких снипов в окружении русского из Орловской области, трех украинцев, литовца, двух венгров, эстонца, молдаванина, поляка. Сам снип образовался 10 снип-мутаций назад, то есть примерно 1440 лет назад, в середине I тыс. н. э.

Другая ветвь — уже не славянская по происхождению, распространена в Западной Европе, среди англичан, ирландцев, голландцев и других носителей гаплогруппы I2a в Европе и относится к линии M223. Эта ветвь соответствует цепочке снипов:

I-M170 > I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > I2a1b-M436 > M223 > CTS616 > CTS10057 > L701 > P78 > A427 > S17511 > Y136556\*.

Последний снип, обнаруженный у татарина, отмечен в списке звездочкой (как и в цепочке выше), это означает, что нижестоящих снипов у него не обнаружено, он — финальный в цепочке. Этот снип образовался 25 мутаций, или примерно 3,6 тыс. лет, назад, и татарин находится в паре (скорее, тройке) с двумя ирландцами. Какими путями его предок попал из Западной Европы в Татарстан и когда это было — вряд ли известно, но может быть установлено при детальном анализе гаплотипа его носителя. Но в списке YFull гаплотипов нет.

## Гаплогруппа G2a

Гаплогруппа G2a тоже является по численности минорной среди татар, у которых носителей этой гаплогруппы от 2,3 до 4 % (см. табл. 8). Действительно, в списке татар с определенными глубокими снипами только для трех из них эти снипы фигурируют в таблице, по срав-

нению с 32 другими этносами России, в основном кавказскими. Среди них — карачаевцы, кабардино-балкарцы, чеченцы, ингуши, осетины, адыги, жители Дагестана, а также русские из Псковской и Рязанской областей. В целом по списку носителей «глубоких» сний гаплогруппа G2a встречается в следующих регионах (в скобках — число носителей этой гаплогруппы в списке YFull):

Италия (60), Саудовская Аравия (29), Германия (21), Греция (18), Армения (14), Нидерланды (13), Грузия (13), Польша (10). Понятно, что при такой географии установить надежный источник прибытия гаплогруппы G2a в Татарстан не представляется возможным.

Цепочки этих сний у татар следующие (как обычно, последний сноп в цепочке обнаружен у представителя Татарстана):

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > L12277 > L1264 > Y142023.

Последний сноп образовался 25 сноп-мутаций, или примерно 3,6 тыс. лет, назад. Его татарский носитель находится в группе близких сний из Англии, Бельгии, Италии, Чеченской Республики, Ингушетии, Адыгеи (три представителя). Место кавказских регионов здесь понятно, потому что сноп P303 характерен для Кавказа.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > Z30503 > BY47090.

Последний сноп образовался 56 сноп-мутаций, или примерно 8,1 тыс. лет, назад. Его татарский носитель находится в группе близких сний из Италии. Заметим тот же сноп P303 в этой цепочке. Это указывает на возможный кавказский след.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > Z6552 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > FGC1159 > BY21464 > Y47534.

Последний сноп образовался 41 сноп-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад. Его татарский носитель находится в группе близких сний из Карачаево-Черкесии, Португалии, Азербайджана.

## Гаплогруппа Q

Эта гаплогруппа тоже является минорной по численности у татар, в списке «Глубоких сний» (YFull) фигурируют всего два татарских представителя, снии которых «диаметрально противоположны», то есть расходятся по линиям Q1 и Q2 следующим образом:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Q1b1-L53 > YP4010 > YP4004 > BZ2199,

причем последний в этой линии сноп, найденный у татарина, весьма древний, образовался 52 сноп-мутации, или примерно 7500 лет, назад, находится в паре татарина с поляком, и ближайшие снии относятся к туркмену, русскому из Томской области и большой группе чеченцев.

Вторая линия, найденная у татар, следующая:

Q-M242 > Q2-L275 > Q2b-Y1144 > Q2b2-YP4500\*.

Последний сноп образовался 42 сноп-мутации, или примерно 6 тыс. лет, назад, и находится в группе с итальянцем и тремя индийцами. Ясно, что эти субклады, между которыми примерно 13 500 лет, попали к татарам совершенно независимо и разными историческими путями.

Для сравнения, в том же списке глубоких сний есть 17 носителей из Российской Федерации, а именно из Дагестана, Чеченской Республики (пять человек), Кабардино-Балкарии (два человека), Ханты-Мансийска, а также из областей Псковской, Томской, Кемеровской, Новосибирской, Орловской и Камчатского края.

## Гаплогруппа R1b

С такой гаплогруппой в списке YFull есть только один татарин, со сном Z2103, который мы рассматривали ранее, и далее с нижестоящим сном BY159318:

R1b-M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > KMS67 > Y20993 > BY159318.

Z2103 — типичный сноп ямной археологической культуры (5,3–4,6 тыс. лет назад), который распространен в Российской Федерации — как на Русской равнине, так и на Кавказе, куда ушли в своей части обитатели ямной культуры. Таких в списке глубоких сний 18 человек из Тамбовской, Ивановской, Белгородской, Курской областей (иногда по несколько человек), из



Республики Коми, Дагестана (три человека) и Чеченской Республики (семь человек). Если посмотреть на европейские ветви гаплогруппы R1b, то в списке глубоких сніпов в подветви R312 есть 10 русских и ни одного татарина, в подветви U106 — двое русских и ни одного татарина.

Сніп BY159318 образовался 31 сніп-мутацию, или примерно 4,5 тыс. лет назад, опять же во времена ямной культуры. Татарский носитель этого сніпа идет в списке в паре с носителем того же сніпа из Республики Коми. Интересно взглянуть, как от приведенной выше цепочки сніпов и от параллельных им отходили нижестоящие сніпы, которые сейчас обнаружены у других этносов. Первым от сніпа L584 отошел сніп A12317, найденный в Дагестане, и сам сніп L584 найден в Чеченской Республике. Там же, у чеченца, найден сніп Z2106, и следующий, сніп Z2108, найден в Дагестане. От того же сніпа Z2108 отошла цепочка сніпов:

Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450,

последний сніп найден в Курской области, датировка его образования 32 сніп-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад, опять времена ямной культуры. Мы видим, как расходились сніпы из ямной культуры, прибывая — в том числе — и на территорию нынешнего Татарстана.

### Гаплогруппа С

Эта гаплогруппа татар по численности минорная, как было показано выше, ее у татар, по разным базам данных, от 1,6 до 3 %. Поэтому неудивительно, что в списке «Глубоких сніпов» (YFull) есть только один татарин со следующей цепочкой сніпов:

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > C2a1-F3447 > C2a1a-F1699 > Y4553 > F1918 > F3796 > Y4580 > Y4541,

причем предшествующий сніп Y4580 обнаружен у китайца, сам сніп Y4541 найден у киргиза, и два близких сніпа найдены у бурята и китайца. Для сравнения, гаплогруппа С в списке глубоких сніпов указана еще для 9 жителей РФ, а именно у 2 бурят, 3 калмыков, чеченца, 2 жителей Рязанской области и у одного из Хабаровского края.

Чтобы оценить масштабы распространения гаплогруппы С по списку глубоких сніпов YFull, сообщим, что в этом списке приведены 78 китайцев, 14 индийцев, 10 жителей Российской Федерации (см. выше), 8 японцев, 5 корейцев, 4 жителя Бангладеш, по 2 украинца, поляка, итальянца, пакистанца, армянина и ряд единичных представителей гаплогруппы С в данном списке (например, Испания, Англия, Австрия, Киргизия и так далее).

### Гаплогруппа О

Гаплогруппа О в списке глубоких сніпов отмечена всего у одного татарина, с конечным сніпом в следующей цепочке:

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > O2a2-P201 > P164 > F871 > MF14338,

который находится в окружении многих китайцев и одного корейца и образовался 46 сніп-мутаций, или примерно 6,6 тыс. лет, назад. В базах данных у татар отмечено всего 1–2 % гаплогруппы О, и понятно, что их предки прибыли из Юго-Восточной Азии.

### Гаплогруппы L, T, E, H

Таких в списке глубоких сніпов у татар нет, хотя у других народов РФ они присутствуют, например, гаплогруппа L — в Дагестане, Чеченской Республике, Ингушетии, в Краснодарском крае (тоже, наверное, кавказского происхождения), общим числом в списке 18. Гаплогруппы Т в списке глубоких сніпов в РФ отмечены две — у чеченца и у жителя Ленинградской области. Нет в списке у татар и гаплогруппы Е, тоже относительно минорной по численности, хотя в РФ ее по списку 19 — в Брянской, Архангельской, Кировской, Рязанской, Ярославской, Смоленской областях, в некоторых по 2–3 человека, а также в Северной Осетии и Чувашии (3 человека в списке). Гаплогруппы Н в списке нет ни у татар, ни у других народов РФ, включая русских.

## 3. УКРАИНЦЫ

Общее число украинцев, по данным переписи населения РФ 2010 г., составляет 1,9 млн человек (округленно), из них примерно 890 тыс.



мужчин. После событий 2014 г. (или непосредственно перед ними) в Россию переехали по официальным российским данным 2,3 млн украинцев, часть из них временно, часть постоянно, но эти неопределенности совершенно не влияют на изложение настоящего раздела и его выводы. Украинцы близки к русским по множеству признаков, в том числе по родовому составу (гаплогруппам и субкладам Y-хромосомы) и по происхождению, и это будет показано в настоящем разделе. Основные (а по сути несущественные) различия определяются географическими показателями. Так, Украина по сравнению с Россией удалена от Урала и Балтики, соответственно на Украине меньше носителей гаплогруппы N1a1 (примерно 6–11 % от общего числа мужчин по сравнению с 15–16 % в России). С другой стороны, Украина ближе к Балканам и Дунайскому региону, потому среди украинцев больше носителей гаплогруппы I2a по сравнению с этническими русскими, примерно 20 % по сравнению с 8–10 % соответственно. Как и у русских, доминирующая гаплогруппа у украинцев — R1a, 40–44 %, по сравнению с 51 % у этнических русских. Минорные по численности гаплогруппы у украинских те же самые, что у этнических русских (табл. 10 и 11).

### Родовой (гаплогруппный) состав украинцев по данным Eupedia

Ссылка на ресурс Eupedia, международный (в основном европейский) ресурс, был дан выше, в разделе о татарах. Согласно ему, распределение гаплогрупп у украинцев следующее.

**Таблица 10.** Гаплогруппы украинцев по данным Eupedia

Гаплогруппа	Доля в %	Гаплогруппа	Доля в %
R1a	44	I1	4,5
I2/I2a/I2b	21	G	3
R1b	8	T	1
E1b	6,5	Q	0,5
N1a1	5,5	J1	0,5
J2	4,5		

Согласно различным базам данных неизменно только одно — что основной по численности гаплогруппой у украинцев является R1a, как и у русских, и ее представительство является практически одинаковым, в пределах погрешности расчетов (табл. 11 и 12). На втором месте у украинцев находится гаплогруппа I2, которая у русских на втором или третьем месте, в зависимости от баз данных, и причина относительно высокого представительства гаплогруппы I2 на Украине — географическая — близость к Балканам. То, что у украинцев относительно мало гаплогруппы N1a1 (6–11 %), по сравнению с 15–16 % у русских, — тоже географическая причина — относительное удаление от Урала и Балтики. Остальные гаплогруппы у украинцев и русских — минорные по численности, и их абсолютные величины меняются по разным базам данных, но остаются относительно минорными. Не надо забывать, что это — средние величины по стране, и внутри страны, по регионам их представительство меняется еще сильнее, чем между Украиной и Россией или Белоруссией. Например, на Украине доля гаплогруппы R1b в среднем составляет 8 %, а если точнее, то  $8 \pm 2$  %, в России —  $6 \pm 2$  %, что совпадает в пределах погрешности расчетов. Более того, и на Украине, и в России происхождение этой гаплогруппы одинаково, а именно из трех источников — древняя ямная культура (5,3–4,6 тыс. лет назад), сарматы (на стыке старой и новой эр) и относительно недавние (обычно XVII–XIX вв.) прибытия из Центральной и Западной Европы на службу к русскому царю. Об этом рассказывалось выше, и некоторые детали будут пояснены в настоящем разделе.

### База данных Русской равнины

Ниже приведена сопоставительная таблица данных, по гаплотипам всех форматов от 37 до 111 маркеров, у русских и украинцев. Заметим, что отношение количества мужчин у русских и украинцев, по данным переписи населения 2010 г., составляет  $50\,607\,892/887\,737 = 57$  раз, но по числу гаплотипов в указанной базе данных их отношение составляет всего 2,4 раза.

**Таблица 11.** Распределение основных гаплогрупп и ветвей у русских и украинцев (%) [по данным И. Л. Рожанского]. Данные базы «IRAKAZ — Русская равнина», содержащей 37-, 67- и 111-маркерные гаплотипы

Гаплогруппа	Русские, 1218 чел., %	Украинцы, 511 чел., %	Гаплогруппа	Русские, 1218 чел., %	Украинцы, 511 чел., %
R1a в целом	51	44*	E1b	4,4	5,3
R1a-Z280	40	25	J2	1,7	4,3
R1a-M458	9,6	17	G2a	1,5	2,9
-L1029	7,1	9,8	L	0	0,4
-L260	2,5	7,2	Q	0,6	0,4
R1a-Z93	1,3	0,6	O	0,2	0,2
R1a-Z284**	0,2	0	C	0,2	0,6
N1a1 + N1a2	18	7,2	T	0,4	0,4
I2a	8,4	20	J1	0,7	1,2
R1b	5,9	6,7	H	0,08	0,4
I1	7,1	5,7			

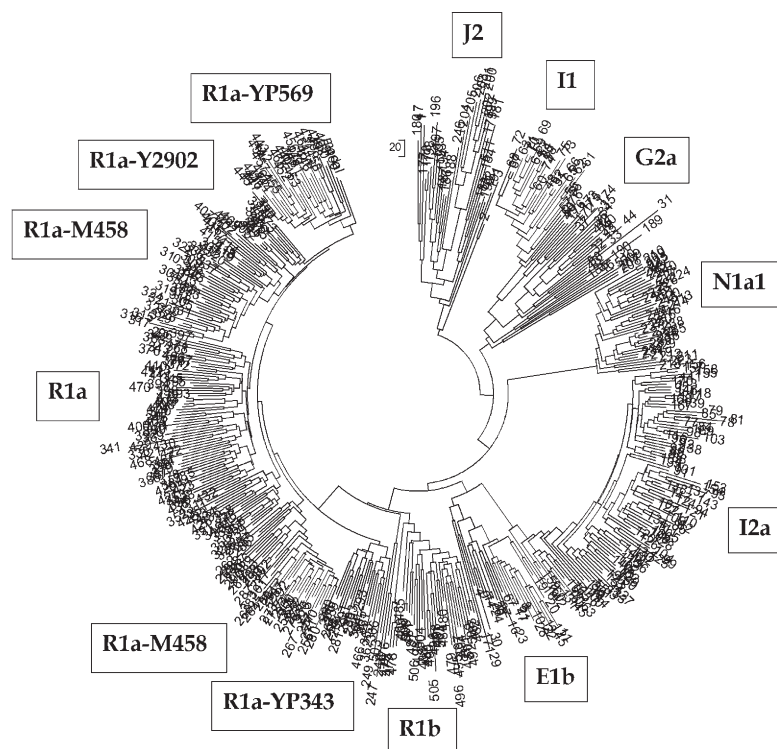
\* У 1,2 % гаплогруппы R1a субклад не определен.

\*\* Скандинавский субклад.

Дерево гаплотипов, иллюстрирующее табл. 11, показано на следующем рисунке.

В дополнение к табл. 11 в разделе «Белорусы» приведено сопоставление числа представителей русских, белорусов и украинцев в списке YFull:

<https://www.yfull.com/tree/>, в котором собраны данные по тестированию на «глубокие» субклады. Хотя, строго говоря, это трудно считать статистической выборкой, но многочисленные данные настоящей книги показывают наличие неплохой



**Рис. 55.** Дерево из 510 гаплотипов украинцев в 37-маркерном формате. Источник — база данных «IRAKAZ — Русская равнина», подготовленная членом Академии ДНК-генеалогии И. Л. Рожанским. Наиболее многочисленные гаплогруппы показаны на полях дерева. Номера гаплотипов в данном случае безотносительны, важна только общая форма дерева и ее ветви. Гаплогруппа R1a занимает всю левую сторону дерева, с ее 225 гаплотипами (44 % от всех). Индексы R1a-M458 слева соответствуют двум нижестоящим субкладам: нижний — центральноевропейскому субкладу R1a-M458-CTS11962-L1029, верхний — западнославянскому субкладу R1a-M458-L260. В гаплогруппе I2a — 100 гаплотипов (20 % от всех). В гаплогруппе N1a — 37 гаплотипов (7,3 % от всех). Доли остальных гаплотипов представлены в табл. 11

корреляции между обычными выборками, как, например, в табл. 11, и числом сипов, отнесенных к представителям этносов, стран и регионов в списке YFull.

Представим некоторые комментарии в отношении дерева на рис. 55 и некоторых его гаплогрупп.

### Гаплогруппа R1a

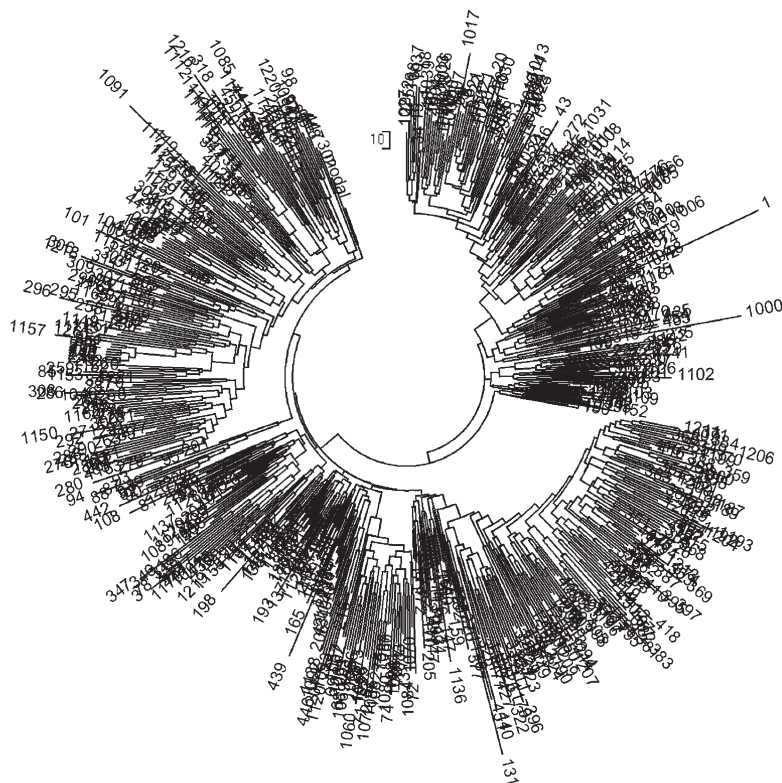
Для начала покажем дерево гаплотипов русских и украинцев гаплогруппы R1a, в 37- и затем 67-маркерном формате.

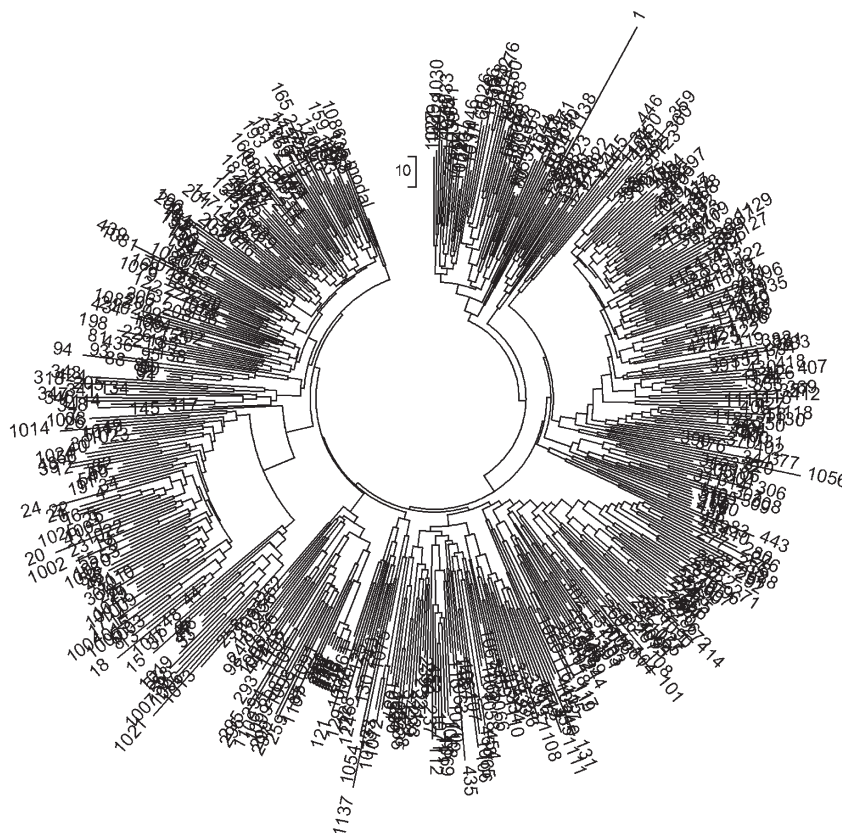
Описание дерева приведено в подписи к диаграмме. Суть в том, что украинцы и русские на дереве гаплотипов неразличимы, их гаплотипы входят в одни и те же ветви, то есть происхождение тех и других одинаково. Предковые гаплотипы тоже практически идентичны у тех и других, на 37 маркерах есть только два легких различия, за счет того, что у украинцев имеется некоторый крен в сторону субклада M458 (см. табл. 11), и четвертый по счету маркер (DYS391) у них равен в среднем 10,43, у русских он равен 10,62, поэтому первый округлен до 10, второй до 11.

Аналогично, в другом маркере (DYS458) у украинцев по той же причине стоит (в среднем) 15,59, у русских — 15,44, поэтому первый округлен до 16, второй — до 15. Вот и вся разница. Вывод простой — украинцы и русские гаплогруппы R1a, которая у обоих доминирует, имеют одно и то же происхождение, и их общий предок в данной гаплогруппе жил  $4600 \pm 480$  лет назад.

Чтобы показать, что формат гаплотипов для целей и задач настоящего исследования не имеет значения, ниже приведено дерево 67-маркерных гаплотипов русских и украинцев, уже несколько другая выборка (не все те, у которых был гаплотип 37-маркерный, имели 67-маркерный гаплотип), не 225, а 140 гаплотипов. Все выводы остаются теми же.

**Рис. 56.** Дерево из 679 гаплотипов русских и украинцев гаплогруппы R1a в 37-маркерном формате. Гаплотипы взяты из базы данных «IRAKAZ — Русская равнина», подготовленной членом Академии ДНК-генеалогии И. Л. Рожанским. Ветви по часовой стрелке — справа вверху последовательно субклады M458-CTS11962 (европейская ветвь), M458-L260 (западнославянская ветвь), Z280-Z92 (североевразийская ветвь). Далее после разрыва (правая ветвь внизу) продолжают другие субклады ветви Z280-Z92; затем, в нижней части и слева внизу (до направления на 8 часов) идет широкая восточнокарпатская ветвь, субклад Z280-Y2902, и далее до верхней части дерева идут, сменяя друг друга, субклады Z280-CTS1211, балто-карпатская ветвь Z280-CTS3402, другие субклады североевразийской ветви Z280-Z92 и балто-карпатской ветви Z280-Y2902, наконец, серия ветвей YP343, CTS1211, CTS3402 и Z92. Номера гаплотипов в данном случае безотносительны, просто для информации можно сообщить, что гаплотипы русских пронумерованы от 1 до 454, гаплотипы украинцев имеют номера от 1000 до 1224. «Тысячные» номера гаплотипов украинцев проходят по всей окружности дерева, распределяясь по всем ветвям и «переплетаясь» с гаплотипами русских. Нет ни одной ветви только украинской или только русской, все на дереве перемешаны





**Рис. 57.** Дерево из 594 гаплотипов русских и украинцев гаплогруппы R1a в 67-маркерном формате. Гаплотипы взяты из базы данных «IRAKAZ — Русская равнина», подготовленной членом Академии ДНК-генеалогии И. Л. Рожанским. Добавление 30 маркеров к каждому гаплотипу сглаживает дерево, делает переходы между ветвями более плавными, но ветви остаются теми же, они просто сдвигаются по окружности дерева. Номера гаплотипов в данном случае, как и ранее, безотносительны, для информации можно сообщить, что гаплотипы русских пронумерованы от 1 до 454, гаплотипы украинцев имеют номера от 1000 до 1139. «Тысячные» номера гаплотипов украинцев проходят по всей окружности дерева, разделяясь по всем ветвям и «переплетаясь» с гаплотипами русских. Нет ни одной ветви только украинской или только русской, все на дереве перемешаны

Теперь обратимся к обширной ветви R1a на сводном дереве украинских гаплотипов (рис. 55). Она занимает почти половину дерева в его левой части. Начинается ветвь с серии гаплотипов субклада YP343, нижестоящих от древнего карпатского субклада, CTS1211, который образовался 35 снп-мутаций назад, или примерно 5 тыс. лет назад.

CTS1211 > YP343 > YP340 > YP371 > YP372.

Сам субклад YР343 образовался 28 снипмутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад. На дереве он расходится на две подветви, из 6 и 12 гаплотипов соответственно, со следующими базовыми (предковыми) гаплотипами:

13 25 15 10 11 15 12 12 11 13 11 29 – 15 9 10 11  
 11 24 14 20 31 12 15 15 16 – 11 13 19 23 18 16  
 17 19 35 38 13 11,  
 13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 30 – 15 9 10 11  
 11 24 14 20 31 12 15 15 16 – 11 12 20 23 17 16  
 18 19 34 37 13 11.

Между ними — 10 мутаций, что разводит эти предковые гаплотипы на  $10/0,09 = 111 \rightarrow 128$  условных поколений, или примерно на 3,2 тыс. лет. Носитель первого гаплотипа жил  $2200 \pm 400$  лет назад, второго —  $2200 \pm 320$  лет назад, иначе говоря, здесь наблюдается «чистый» случай — потомки обоих общих предков выжили до настоящего времени, датировка обеих ветвей одинаково



ва, и общий предок обеих ветвей жил примерно  $2200 + 2200 + 3200/2 = 3800$  лет назад, а если ввести погрешность, то  $3800 \pm 300$  лет назад. Это практически совпадает с датировкой субклада R1a-YP343 по снипам, примерно 4 тыс. лет назад, см. выше. Доля этого субклада в общем составе гаплогруппы R1a невелика, 18 гаплотипов из 225, то есть 8 %.

Следующей идет довольно протяженная ветвь субклада R1a-M458-CTS11962-L1029, который маркирует центральноевропейскую ветвь гаплогруппы R1a. Выше был рассмотрен его 111-маркерный базовый (предковый) гаплотип, полученный при анализе большого количества европейских гаплотипов, который дает датировку общего предка  $3070 \pm 290$  лет назад:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 9 11  
11 23 14 20 32 12 13 15 15 15 16 — 11 11 19 23  
17 16 18 19 34 37 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 — 33 15 9 15 12 26 27 19 12  
12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10  
19 15 19 12 23 14 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9  
11 11 (L1029).

Гаплотипы 86 этнических русских в 37-маркерном формате дают точно такие же первые 37 аллелей и датировку общего предка  $2870 \pm 300$  лет назад. Гаплотипы 50 украинцев в 37-маркерном формате отличаются всего в одном маркере (DYS449), у них аллель в этом маркере равна 33, вместо 32 по всей Европе и у русских. На самом деле там разница небольшая, если не округлять, и у русских там 32,21, у украинцев — 32,58, то есть различие всего на треть единицы. Это в пределах обычной погрешности округлений. Сам же снип R1a-M458-CTS11962-L1029 образовался 18 снип-мутаций, или примерно  $2600 \pm 400$  лет, назад (группа YFull приводит датировку  $3100 \pm 600$  лет назад, что согласуется со всеми данными, приведенными выше, в пределах погрешности расчетов).

Следующая заметная ветвь на ветви гаплогруппы R1a — западнославянская ветвь R1a-M458-L260, которая в 111-маркерном формате для восточноевропейских стран имеет вид:

13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 15 16 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 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 — 31 15 9 15 11 26 27 19 12 12 12 12 10  
9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15 19 12  
23 14 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11 (L260).

Для восточноевропейских стран датировка общего предка для серии из 107 гаплотипов определена как  $2400 \pm 300$  лет назад, в то время как датировка образования снипа L260 составляет 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад. Это, скорее всего, означает, что общий предок серии гаплотипов относится не к самому снипу L260, а к какому-то из нижестоящих субкладов, которых у западнославянской ветви уже обнаружено множество.

Серия из 30 гаплотипов этой ветви в 37-маркерном формате для этнических русских дает время жизни общего предка, равное  $2900 \pm 340$  лет назад, серия из 36 украинских гаплотипов дает  $2800 \pm 320$  лет назад, что практически то же самое.

Следующая — восточнокарпатская ветвь Y2902, с предковым 111-маркерным гаплотипом:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
17 20 36 39 12 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 10 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 25 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 25 13 9 10 19 15  
20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17 9 11 11.

Общий предок этой ветви при расчете по множеству современных восточноевропейских гаплотипов субклада Y2902 жил  $2200 \pm 230$  лет назад, на переходе от старой к новой эре (или на пару веков ранее), сам же снип Y2902 образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад, во времена фатьяновской археологической культуры (4,9–3,5 тыс. лет назад). Столь большая разница в датировках показывает, что изучаемые гаплотипы относятся не к самому субкладу Y2902, но к его нижестоящим снипам, которых у этого субклада уже найдено около сорока. Например, это могут быть снипы Y2910 или его нижестоящий Y2915, оба образовались 14 снип-мутаций, или  $2000 \pm 300$  лет, назад. Почему не сам субклад Y2902 — этому есть несложное объяснение — как это часто бывало, восточнокарпатский род Y2902 почти весь погиб по неизвестным для нас причинам, и немногие уцелевшие члены рода дали новых потомков, которые выжили и продолжили род, то есть прошли «бутылочное горлышко»



выживания. В численный рост пошел, например, род Y2910, его носитель и стал общим предком современных носителей родительского субклада Y2902.

Как украинские носители этого субклада в количестве 18 человек, так и русские в количестве 134 человек показали практически идентичные (в отношении их общего предка) базовые (предковые) гаплотипы, в 37-маркерном формате в точности совпадающие со всеми первыми 37 маркерами 111-маркерного гаплотипа, приведенного выше. Общий предок украинских гаплотипов жил  $2450 \pm 320$  лет назад, русских —  $2200 \pm 230$  лет назад, что, по сути, одно и то же, в пределах погрешности расчетов.

Наконец, подветвь в верхней части ветви гаплогруппы R1a, со снипом YP569, относится к североевразийской группе, которую иногда называют венедской. Его предковый гаплотип выглядит следующим образом, как было показано выше:

13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 25 14 20 32 12 14 14 16 — 11 12 19 23 15 16  
18 20 34 38 13 11 — 12 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 23 22 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 33 15 9 15 12 25 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15  
20 11 23 16 12 15 24 12 24 19 10 15 17 9 11 11.

По расчетам, основанным на числе мутаций в гаплотипах, его общий предок жил  $2900 \pm 300$  лет назад, и соответствующий снип YP569 образовался 21 снип-мутацию, или  $3000 \pm 300$  лет назад. Как видим, в пределах погрешности расчетов наблюдается практически полное совпадение датировок. Серия из 118 русских гаплотипов этого снипа в 37-маркерном формате показала полное совпадение аллелей в первых 37 маркерах гаплотипа выше, с датировкой общего предка  $2300 \pm 240$  лет назад, в то время как серия из 29 украинских гаплотипов показала почти полное совпадение аллелей (в трех из них наблюдались незначительные отклонения в доли единицы аллеля), с датировкой общего предка  $2600 \pm 310$  лет назад, то есть то же самое в пределах расчетной погрешности.

В целом, гаплогруппа R1a на Украине и в России практически имеет одинаковую структуру, содержит одни и те же гаплогруппы. Ее содержание на Украине и в России тоже практически одинаково, на Украине несколько меньше (в среднем

44 %), в России несколько больше (51 %), но это практически перекрывается погрешностями расчетов ( $\pm 4$  %).

## Гаплогруппа I2a

На дереве гаплотипов (рис. 55) гаплогруппа I2a представлена тремя ветвями — широкой I2a1a-Y3120, в которой 94 гаплотипа, узкой I2a2-M223, в которой 6 гаплотипов, и парой гаплотипов I2a2-L596, которые оказались родственными, с общим предком, который жил  $280 \pm 200$  лет назад. В сумме — 102 гаплотипа из 511 гаплотипов, носители которых идентифицировали себя как украинцев, то есть 20 %. Разделение ветвей означает, что предковые (базовые) гаплотипы их различаются, что неудивительно, поскольку они относятся к разным субкладам. Их предковые гаплотипы будут рассмотрены ниже.

Как уже рассказывалось выше, I2a1a-Y3120 — это южнославянская ветвь, которая почти погибла в III тыс. до н. э. в Европе, в ходе расселения там эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, которые прошли туда длинным, кружным путем с Русской равнины, в основном из ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад, по оценкам археологов), и носители I2a1a-Y3120 прошли «бутылочное горлышко» выживания и практически возродились в конце прошлой эры,  $2300 \pm 300$  лет назад. Все 94 гаплотипа этой украинской ветви в 37-маркерном формате имеют предковый (базовый) гаплотип:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 10 10 21 21 15 12 18  
18 34 35 11 10,

носитель которого жил  $2150 \pm 230$  лет назад. Примечательно, что предковый гаплотип украинцев (по самоидентификации) в точности совпадает с предковым гаплотипом русских, приведенным в соответствующем разделе выше. Более того, почти в точности совпадает и время жизни общего предка этих гаплотипов, который у русских жил  $2100 \pm 230$  лет назад. Это означает, что происхождение русских и украинцев гаплогруппы I2a1 одинаково, те и другие произошли от одного и того же общего предка. Вся разница только в том, что у украинцев доля этой гаплогруппы-субклада — 94 из 512 человек, то есть 18 %, а у русских — 87 из 1218 человек,

то есть 7,1 %. Причина понятна — украинцы регионально значительно ближе к южнодунайской территории, чем русские.

Помимо того, среди украинских гаплотипов есть ветвь западноевропейского субклада I2a2-M223 из 6 гаплотипов, общий предок которых жил  $5500 \pm 800$  лет назад и гаплотип которого имел вид:

15 23 14 10 15 15 11 13 10 14 12 30 15 8 10 11  
11 25 14 20 28 12 14 14 15 11 10 19 21 15 14 18  
19 33 39 12 10.

Это — типичный западноевропейский гаплотип, который встречается в Англии, Ирландии, Италии, Германии, Португалии, Испании, Франции и других странах. Его предки в меньшей степени избежали истребления, бежав на Британские острова, в отличие от тех, кто бежал на Балканы, к низовьям Дуная, и последние возродились как род только в конце I тыс. до н. э. Предковые гаплотипы этих двух линий различаются на 33 мутации на 37 маркеров, что есть гигантское расстояние по времени, а именно  $33/0,09 = 367 \rightarrow 631$  условное поколение, или 15,8 тыс. лет, назад. Действительно, субклад I2a-M223 образовался 113 снип-мутаций, то есть примерно 16,3 тыс. лет, назад.

Наконец, среди украинских гаплотипов группы I2 есть пара родственных гаплотипов гаплогруппы I2a2-L596, с общим предком, который жил всего  $280 \pm 200$  лет назад. Между ними всего 2 мутации на 37 маркерах, то есть гаплотипы почти одинаковые:

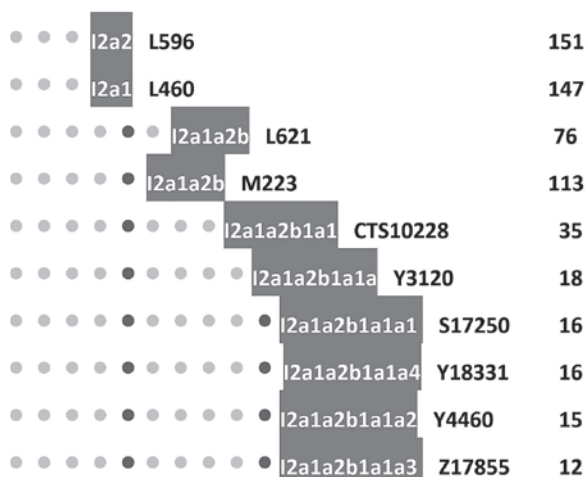
14 24 15 10 12 13 11 13 11 13 11 31 18 8 8 11 11  
25 15 20 33 11 14 16 17 11 10 19 21 14 13 17 18  
34 37 12 10,  
13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 10 10 21 21 15 12 18  
18 34 35 11 10.

Сам субклад I2a2-L596 образовался 151 снип-мутацию, или примерно 21,7 тыс. лет, назад, но в этих двух гаплотипах это явно новое ДНК-приобретение.

Общая схема субкладов южнославянской группы, а также более древних субкладов гаплогруппы I2 приведена на рис. 58 (полный перечень субкладов в гаплогруппе I2 насчитывает 891 наименование по состоянию на сентябрь 2020 г.).

**Рис. 58.** Динамика образования субкладов южнославянской группы I2a1, колонка справа показывает число снип-мутаций до образования соответствующих субкладов от настоящего времени. Одна снип-мутация образуется в среднем раз в 144 года в соответствующем референсном фрагменте Y-хромосомы размером в 8,5 млн пар оснований

#### Гаплогруппа N



В выборке гаплотипов Русской равнины среди 1218 гаплотипов (в 37-маркерном формате) на гаплогруппу N приходится 187 гаплотипов, то есть 15 % от всех. Это то же самое, что в «научной» выборке (15 %). На украинские гаплотипы гаплогруппы N приходится всего 37 из 511, то есть 7,2 %. Это намного меньше, чем у русских, что вполне объяснимо уральским происхождением гаплотипов гаплогруппы N. На Украину они прибыли миграцией (начиная примерно 3,5 тыс. лет назад, с середины II тыс. до н. э.) по территориям будущей России, поэтому все гаплотипы группы N — «русского происхождения», говоря упрощенно. Иначе говоря, какие гаплотипы группы N на Украине — такие и в современной России.

Покажем это на конкретных примерах и напомним основные субклады, наблюдаемые в России. Они были перечислены выше, в разделе гаплотипов у русских. Это — N1a2b-P43 и серия субкладов группы N1a1, образующие цепочки, наиболее представленные в России:

N1a1-M178 (= M46) > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934,

N-M231 > L729 > Z1956 > N1a1-M178  
(= M46) > L708 > Y9022,

L708 > M2126 > L1026 > VL29 > L550 > L1025,

VL29 > L550 > Y4341 > Y4338.

Эти субклады были подробно рассмотрены выше, и здесь мы представим только особенности, присущие «украинским» субкладам и гаплотипам. Надо сказать, что набор этих субкладов на Украине значительно беднее. Например, субклада N1a2b-P43, характерного для Урала и Русского Севера, а также татар и башкир (у русских его имеется 11 % от носителей гаплогруппы N), у украинцев пока не найдено, по понятным причинам. Зато субклада L1025 в базе данных Русской равнины на Украине обнаружено в количестве 30 из 37, то есть 81 % от всех носителей гаплогруппы N1a1. Это — важный субклад на миграционном пути с Урала по Русской равнине, он образовался 18 снип-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад и прошел широкой полосой по Русской равнине на запад, в своей динамике снипов по цепочке:

L1026 > VL29 > L550 > L1025.

Снип L1026 образовался на Урале в глубокой древности, 42 снип-мутации, или примерно 6 тыс. лет, назад. Следующий в этой цепочке, VL29, образовался 29 снип-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад. На Русскую равнину с Урала вышел снип L550, который образовался 20 снип-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад, и его потомки направились в значительной степени на запад, на Балтику и южнее, по территориям современных Белоруссии и Польши, возможно, пройдя и по территории современной Украины, неся и дочерний снип L1025, который образовался 18 снип-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад, в середине I тыс. до н. э.

Все 30 «украинских» гаплотипов субклада L1025 имеют предковый гаплотип:

14 23 15 11 11 13 11 12 10 **13** 14 30 17 9 9 11 12  
25 14 19 28 14 14 15 15 11 11 18 20 **13** 15 **17** **20**  
**35** **35** **13** 10,

который отличается от «российского» (приведен выше) на 6 мутаций (отмечено), поскольку пара 35–35 отличается от 36–36 на 1 мутацию по правилам счета (палиндромные мутации). На самом деле там разница в 5 мутаций, поскольку большинство различий дробные. Пять мута-

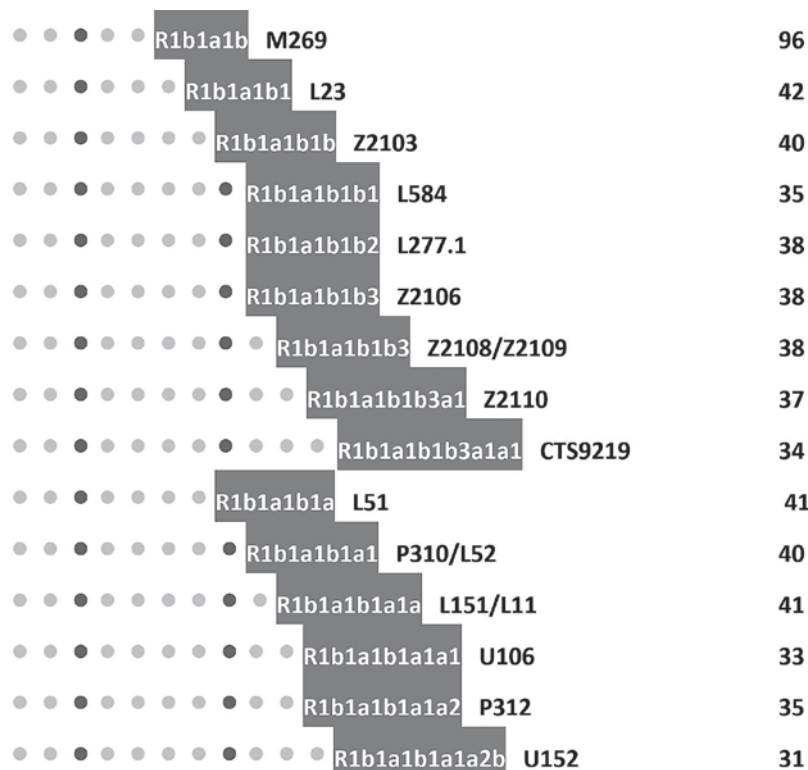
ций между двумя 37-маркерными гаплотипами дает  $5/0,9 = 56 \rightarrow 60$  условных поколений, или 1,5 тыс. лет, разницы между ними, то есть их общий предок жил всего на 750 лет ранее формирования «русского» и «украинского» базовых гаплотипов. Общий предок «русского» L1025 жил  $2500 \pm 280$  лет назад, что почти совпадает с датировкой снипа, общий предок «украинского» —  $2400 \pm 290$  лет назад, практически в то же время. Таким образом, эти общие предки разошлись на  $(2500 + 2400 + 750)/2 = 2825 \pm 300$  лет назад, то есть с начала образования самого снипа L1025.

Как показывает таблица «Глубоких снипов» YFull, носители субклада L1025 и нижестоящих субкладов сейчас живут в России, Башкортостане, Казахстане, Литве, Латвии, Польше, на Украине, в Белоруссии. В Казахстан носители L1025, скорее всего, перебрались из центральной части России, но их обычное продвижение было на запад, до Литвы, Латвии, Польши, Белоруссии и Украины. То, что время жизни общих предков гаплотипов субклада L1025 практически совпадает со временем образования самого снипа L1025, представляет довольно редкий случай, который мы уже обсуждали выше при рассмотрении русских носителей L1025, что их предки того же субклада не проходили «бутылочное горлышко» выживания и расселились по Русской равнине, включая современные Россию и Украину.

Помимо тридцати носителей субклада L1025 на Украине, гаплотипы которых приведены в базе данных Русской равнины, в том же списке есть три носителя снипа L550 и один — его нижестоящего Y4338, два гаплотипа снипа L708 и один — снипа VL29-L1022. Все эти снипы описаны выше.

### Гаплогруппа R1b (M73, Z2103, P312 и U106 и родственные субклады)

В базе данных Русской равнины содержится 34 из 511 «украинских» гаплотипов гаплогруппы R1b, то есть 6,7 % от всех. Это в пределах погрешности равно доле гаплотипов гаплогруппы R1b у русских (6 %). Как обычно, эти гаплотипы неоднородны (то есть не происходят от одного общего предка, если не считать родительский субклад R1b-P297: образовался 114 снип-мутаций, то есть примерно 16,4 тыс. лет, назад, от которого



**Рис. 59.** Иерархия снипов в гаплогруппе R1b (сокращенно; полный список снипов в гаплогруппе R1b насчитывает 1114 наименований), которые обнаружены у украинцев, согласно базе данных Русской равнины. В колонке справа указано количество снипов в Y-хромосоме, образованных от данного снипа до настоящего времени. Чтобы перевести эти числа в хронологические датировки, надо умножить их на 144. Например, гаплогруппа R1b образовалась  $138 \times 144 = 19\,900$  лет назад, или округленно 20 тыс. лет назад. Округлять необходимо, поскольку погрешность в числе снипов обычно не менее  $\pm 10\text{--}15\%$ . Это происходит потому, что количество снипов — средняя величина, определенная в Y-хромосомах выборки из 100 человек, и часто меньше (для более редких снипов)

произошли субклады M73 и M269, оба присутствуют в «украинских» гаплотипах группы R1b: образовался около 20 тыс. лет назад). Они и их нижестоящие субклады рассеяны по разным субкладам, которые можно представить цепочками, расходящимися от субклада P297 и далее от L23 и L51. В диаграмме ниже время образования субкладов показано числом снип-мутаций от настоящего времени, которые образуются в среднем раз в 144 года.

Все снипы гаплогруппы R1b, приведенные в диаграмме выше, найдены и у русских, и у украинцев, но обычно они разбросаны по территориям совершенно неупорядоченно. Есть еще важная закономерность — вся верхняя цепочка снипов относится к территории современной России — от Байкало-Алтайского региона, где с большой веро-

ятностью появилась гаплогруппа R1b (138 снип-мутаций, или примерно 20 тыс. лет назад) с заходом ее наиболее древних мигрантов далеко на запад, на территорию современных Украины, Балкан и Прибалтики. Самый древний ископаемый образец гаплогруппы R1b, хотя и единственный, найден в Италии, с археологической датировкой около 14 тыс. лет назад, ряд образцов найдены в Сербии (10 835, 10 425, 9800, 9600, 8600, 8450, 7900 лет назад), в Румынии (9335 лет назад), на Украине (9,2 тыс. и 7,1 тыс. лет назад), на Пиренейском полуострове (7130 лет назад), в Болгарии (6,4 тыс. лет назад), в Латвии (9222, 7689, 7500 и 6064 лет назад). В России, в Самарской области, найден образец R1b с археологической датировкой 7549 лет назад, хотя таких точностей в археологии не бывает.



Среди 34 гаплотипов современных украинцев в базе данных Русской равнины найдены 4 гаплотипа субклада M73 с предковым гаплотипом:

13 19 14 11 13 13 12 12 **14** 14 13 30 17 9 9 11 11  
23 15 19 **34** 12 **15** 15 16 10 10 19 **24** 15 16 **17** 17  
**31 36** 12 10.

Восемь мутационных различий с предковым «русским» гаплотипом, приведенным ранее, отмечены. Общий предок четырех «украинских» гаплотипов жил  $940 \pm 280$  лет назад, пяти «русских» —  $1950 \pm 395$  лет назад. Ясно, что это группы гаплотипов — от относительно недавних общих предков, поскольку сам субклад M73 образовался примерно 12 тыс. лет назад. Восемь мутаций между ними эквивалентны  $8/0,09 = 89 \rightarrow 100$  условным поколениям, или примерно 2,5 тыс. лет, и их общий предок жил  $(1950 + 940 + 2500)/2 = 2700$  лет назад, то есть в первой половине I тыс. до н. э.

В качестве примера приведем предковый гаплотип субклада M73, который был опубликован еще в 2012 г., в журнале «Advances in Anthropology» (Klyosov A. A., 2012) и который был основан на совершенно другой выборке, в которую входили пятеро русских, три казаха, узбек, тувинец, уйгур, два таджика, китаец, француз, итальянец, испанец и один житель Люксембурга:

13 19 14 11 13 13 12 12 **13** 14 13 30 — 17 9 9 11  
11 23 15 19 **33** 12 15 15 16 — 10 10 19 **25** 15 16  
**16 17 30** 36 12 10 — 11 8 16 16 8 10 10 8 11 10  
12 23 23 16 10 12 12 16 8 12 24 21 13 12 11 13  
11 11 12 11.

Примечательно, что этот последний предковый гаплотип из совершенно другой выборки отличается от приведенного выше предкового гаплотипа четырех украинцев всего на 5 мутаций при 37 маркерах. Повторим, что это — ответ скептикам на то, что выборки слишком малы, чтобы их вообще рассматривать. Скептики не понимают, что дело не в размере выборки (хотя, понятно, чем выборка больше, тем данные точнее), а в том, насколько перемешаны гаплотипы. Критерий надежности тот, что если разные выборки по разным людям и разным территориям дают близкие результаты, то выборки приемлемые.

Следующая группа «украинских» гаплотипов группы R1b относится к следующим цепочкам снийов, расходящимся от снийа Z2103, найденным в ямной археологической культуре

(5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) в Самарской области и в Калмыкии:

M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2109 > Z2110 > CTS9219,

Z2103 > L584,

Z2103 > L277.

Последующая серия нижестоящих снийов была унесена потомками ямной культуры на Кавказ и в Малую Азию. Среди «украинских» гаплотипов в упомянутой базе данных имеются 2 гаплотипа субклада Z2103, 5 гаплотипов со снийом CTS9219 и по одному гаплотипу снийов L584 и L277. Все 9 гаплотипов имели общего предка, который жил  $4150 \pm 570$  лет назад, что соответствует — с определенной погрешностью расчетов — временам ямной культуры. Напомним, что у 15 русских гаплотипов общий предок жил  $4100 \pm 530$  лет назад, то есть практически в то же время. Предковый гаплотип украинцев субклада Z2103:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 19 **31** 14 15 16 **18** 11 11 19 23 15 16 18  
**18 37 39** 12 12,

всего на 5 мутаций отличается от предкового гаплотипа субклада Z2103 среди современных русских (см. выше). Это соответствует временной разнице между ними  $5/0,09 = 56 \rightarrow 60$  условных поколений, или 1,5 тыс. лет. Это означает, что их общий предок жил  $(4150 + 4100 + 1500)/2 = 4875$  лет, именно во времена ямной культуры.

В базе данных есть еще 6 явно недотипированных гаплотипов субклада M269, с общим предком, который жил  $4100 \pm 630$  лет назад.

Помимо этого, в той же базе данных есть еще 15 европейских по происхождению гаплотипов, которые образовались параллельно гаплотипам ямной культуры, разойдясь от снийа L23 отдельной ветвью, которая далее опять расходится (от снийа L151) на две основные европейские ветви гаплогруппы R1b — P312 и U106:

L23 > L51 > L52 > L151 > P312 > U152,

L23 > L51 > L52 > L151 > U106.

У украинцев в базе данных Русской равнины имеются четыре снийа P312, три снийа U152 и восемь снийов U106. Семь гаплотипов снийов P312 > U152 имеют общего предка  $4300 \pm 630$  лет назад, 8 гаплотипов снийа U106 имеют общего предка  $3600 \pm 530$  лет назад, и все 15 гаплоти-

пов —  $4300 \pm 530$  лет назад. Все эти датировки несколько «моложе» датировок образования самих снийпов (35 и 34 снийп-мутации, то есть примерно 5 тыс. и 4,9 тыс. лет назад для P312 и U106 соответственно). Так часто бывает, когда общие предки групп гаплотипов жили позже времен образования самих снийпов, порой на тысячи и десятки тысяч лет позже. В любом случае, здесь это показывает, что носители гаплотипов субкладов R1b-P312 и R1b-U106 приходили на территорию современной Украины не единичными случаями, иначе они бы и оказались общими предками современных украинцев гаплогруппы R1b, а в заметных количествах.

Предковый «украинский» гаплотип субклада R1b-P312 имеет вид:

13 24 14 **11** 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 **30** 15 **16** **17** 17 **11** 11 19 23 16 15 18  
17 36 38 12 12,

что на 5 мутаций отклоняется от предкового «русского» гаплотипа того же субклада. Но «украинский» общий предок несколько «старше»,  $4300 \pm 630$  лет назад, по сравнению с «русским»  $3460 \pm 500$  лет назад. Их общий предок жил примерно 4,6 тыс. лет назад, что близко (в пределах погрешности) к времени образования снийпа R1b-P312.

Аналогично, предковый «украинский» гаплотип субклада R1b-U106 имеет вид:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 **18** 9 10 11  
11 **25** 15 19 29 15 15 16 18 11 11 19 23 16 15 **17**  
17 36 **38** 12 12,

что всего на 4 мутации отклоняется от предкового «русского» гаплотипа того же субклада. Но «украинский» общий предок примерно одинаков по «возрасту» ( $3600 \pm 530$  лет) с «русским» ( $3750 \pm 560$  лет), и их общий предок жил примерно 4,3 тыс. лет назад, что близко (в пределах погрешности) к времени образования снийпа R1b-U106.

Таким образом, среди украинских гаплотипов гаплогруппы R1b примерно половину составляют древние субклады потомков сибирских племен (M73) и потомков ямной культуры (Z2103) и нисходящих субкладов и примерно половину — потомки более поздних европейских субкладов, прибывших на Русскую равнину с запада (P312, U152 и U106).

## Гаплогруппа E1b

Следующая по численности гаплогруппа среди украинцев — E1b, на которую приходится 27 гаплотипов (5,3 %), из которых 24 — субклада V13. Таким образом, эта гаплогруппа относится на Украине к числу минорных, как и целый ряд других гаплогрупп, помимо двух основных по численности (R1a и I2a), на которые приходится почти две трети гаплогрупп на Украине. Опять, в этом отношении украинцы почти идентичны русским, у которых доля гаплогруппы E1b составляет 4,5 %. Более того, если у русских 49 гаплотипов (91 % от всех E1b) относятся к одному субкладу — E1b-V13, то у украинцев таких 24 гаплотипа из 27, то есть 89 %, что практически одно и то же. Субклад E1b-V13 образовался 57 снийп-мутаций, или примерно 8,2 тыс. лет, назад, и этот снийп нашли в ископаемых костных остатках на северо-востоке Испании с археологической датировкой 7 тыс. лет назад. Остальные три украинских гаплотипа из базы данных, а именно относящиеся к субкладам V12, Z830 > PF1962 и L791 > Y6923, разбросаны по всей гаплогруппе E1b и, скорее всего, являются «визитерами». В целом, описание гаплогруппы E1b и ее основного субклада V13 дано выше.

Все 24 «украинских» гаплотипа субклада V13 сходятся к общему предку, который жил  $3600 \pm 430$  лет назад и имел базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 **16** 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 16 12 **18** 20  
31 34 11 10,

который всего на 2 мутации (выделены) отличается от соответствующего базового гаплотипа русских. На самом деле там разница всего в 1 мутацию, поскольку соответствующие усредненные аллели дробные (15,54 и 17,50). Таким образом, различие в «возрасте» общих предков украинских и русских современных гаплотипов составляет всего 11 условных поколений, или примерно 275 лет, и их общий предок жил примерно 140 лет до того. Действительно, общий предок 193 гаплотипов в 67-макернам формате по всей Европе жил  $3450 \pm 350$  лет назад, и от него в пределах погрешности произошли как украинские, так и русские носители субклада E1b-V13. Надо напомнить, что общий предок «русских» гаплотипов субклада V13 жил  $3300 \pm 360$  лет назад, то есть практиче-

ски тогда же, когда и общий предок «украинских» гаплотипов субклада V13, в пределах погрешности расчетов.

Остальные 3 гаплотипа в «украинской выборке» относятся к следующим ветвям гаплогруппы (первая цепочка — для сравнения, содержит сний V13):

E-M96 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13**,

E-M96 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1902 > **V12**,

E-M96 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > **PF1962**,

E-M96 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > **Y6923**.

Как видно, все четыре цепочки сний расходятся от сния M35, который образовался 241 сний-мутацию, или примерно 35 тыс. лет, назад. Но три последних гаплотипа имеют общего предка, который жил «всего»  $6600 \pm 1100$  лет назад. Тем не менее этому предку и его потомству удалось избежать истребления в III тыс. до н. э., часть потомков в итоге прибыла на Русскую равнину, и среди их современных потомков — украинцы и русские, как было показано выше.

## Гаплогруппа G2a

Среди украинцев, как и среди русских, эта гаплогруппа малочисленна, но у украинцев ее доля в два раза выше, чем у русских. В базе данных Русской равнины среди 511 гаплотипов украинцев гаплогруппы G2a насчитывается 15 человек, то есть 2,9 %, по сравнению с 1,5 % у русских. В известном списке гаплогрупп по странам и регионам Eupedia носителей гаплогруппы G на Украине насчитывается 3 %: [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml), то есть практически то же, что показывают наши расчеты. У русских там 1 %.

Хотя выборки малы, по очевидным причинам, но и распределение гаплогруппы по субкладам-снимам смещено относительно друг друга для украинцев и русских, притом что сами снии в целом одни и те же. Из этих 15 украинских мужчин с гаплогруппой G2a шесть имеют сний CTS342 (с нижестоящим снием FGC12126), с общим предком, который жил  $3300 \pm 530$  лет на-

зад, в то время как у русских среди 18 носителей гаплогруппы G2a этот сний был только у одного человека. Напротив, сний U1 у украинцев в базе данных был только у двух человек, а у русских его имели 12, то есть две трети, хотя и там, и там с подгруппами L1266 > L1264. По двое украинцев и русских имели сний Z7940, который относится к ветви G2a1, в то время как все остальные носители гаплогруппы G2a относятся к ветви G2a2. Один украинец и трое русских имели сний L497, параллельный снию U1.

Имеются и некоторые различия. Двое украинцев имели сний M406 > PF3296, которого у русских в базе данных не было, то же и со снием P15 > L1259 > PF3146, который имели двое украинцев, но его не было у русских в той же базе данных.

Чтобы показать взаимоотношения перечисленных сний, ниже приведены соответствующие цепочки субкладов (местами в сокращении):

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a1**-Z6552 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > **Z7940**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a2**-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > **U1** > **L1266** > Y12277 > **L1264**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a2**-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > **L497**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a2**-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > > PF3346 > PF3345 > **CTS342** > **FGC12126** (шесть гаплотипов из 15),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > **G2a2**-L1259 > L30 > CTS574 > M406 > M3317 > **PF3296**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > **G2a2**-L1259 > **PF3146**.

Видно, что конечные снии, найденные у украинцев, расходятся по разным ДНК-линиям и не являются родственными друг другу, хотя и имеют родственных далеких предков, тысячелетия назад. Если определить время жизни условного общего предка для всех украинских 15 гаплотипов, то получим датировку  $6300 \pm 740$  лет назад. Это определено внешний регион, возможно, Центральная Европа, поскольку на Кавказе датировки общих предков более недавние (обычно 4–4,5 тыс. лет назад).

Самая большая группа из 6 гаплотипов (снипы в сокращенном виде G2a2-P15-P303-FGC12126) имеет базовый (предковый) гаплотип:

14 22 15 10 14 15 11 12 11 12 11 28 17 9 9 11 11  
23 16 21 29 12 13 14 14 11 10 20 20 16 13 19 19  
36 39 11 10,

обладатель которого жил  $3300 \pm 530$  лет назад.

В целом, украинские и русские современные гаплотипы группы G2a происходят от одних общих предков, которые жили в конце II тыс. до н. э., в нескольких случаях больше 3 тыс. лет назад. И вот здесь ископаемые ДНК дают, похоже, ответ об источнике всех этих гаплотипов — относительно близкий древний гаплотип гаплогруппы G2a-P15 найден в некрополе на юге Франции, с археологической датировкой 5 тыс. лет назад (Ласан и др., 2011), это было описано выше в настоящей книге. Похожие гаплотипы группы G2a, с археологической датировкой 7 тыс. лет назад (Ласан и др., 2011, последующее их исследование), были найдены в Испании. Примерно 4,5 тыс. лет назад их постигла трагедия, которую сумела вскрыть пока только ДНК-генеалогия, когда обнаружила, что гаплотипы гаплогруппы G2a в Европе прошли «бутылочное горлышко» выживания около 4 тыс. лет назад, причем не в Европе, а уже на Кавказе, перейдя в следующий субклад, в основном G2a2-L140. Этот субклад находится в трех линиях из шести, найденных на Украине. Сейчас они там, на Кавказе, живут, до двух третей и трех четвертей среди абхазов, черкесов (адыгов), шапсугов и осетин — как дигорцев, так и иронцев. Видимо, с Кавказа гаплогруппа G2a и попала на Русскую равнину, судя по относительно малому количеству этой гаплогруппы среди украинцев и русских.

Два современных гаплотипа ветви G2a1-Z7940 — тоже совершенно типичные для кавказских гаплотипов субклада Z6653, родительского по отношению к Z7940. Они весьма близки к предковому гаплотипу ветви G2a1 народов Западного и Центрального Кавказа — грузин, осетин (дигорцев и иронцев), шапсугов и черкесов (адыгов), абхазцев. Все они — братья, один и тот же род, хотя доля гаплогруппы G2a у всех разная. Общий их предок жил около 4 тыс. лет назад.

Подобные взаимоотношения имеются и у других украинских гаплотипов с гаплотипами

Кавказа той же ветви G2a2. В целом достаточно ясно, что гаплотипы украинцев произошли на Кавказе несколько тысячелетий назад, а на Кавказ их предки прибыли из Европы после гибели там коренного населения в III тыс. до н. э.

Эти выводы-гипотезы поддерживают и данные по сникам гаплогруппы G2a, представленные в списке группы YFull из сотен снипов, с примерами по регионам. Там есть всего несколько украинцев, двое из Львовской области, субклада G2, в группе с поляком и румыном, один из Черниговской и один из Винницкой области, оба с нисходящими снипами из упомянутого выше сниса L140, типичного для гаплогруппы G2a на Кавказе, и один из Николаевской области, со снисом U1, также упомянутого выше в данном разделе.

### Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа для украинцев нехарактерна, и в базе данных «Русская равнина» из 511 имеются всего 6 гаплотипов гаплогруппы J1 (1,2 %), по сравнению с 0,7 % у русских. Часто ошибочно считается, что носители гаплогруппы J1 — евреи, но это не так. На Кавказе, например, живет большое количество носителей гаплогруппы J1, которые к евреям не имеют никакого отношения. Это и понятно — гаплогруппа J1 образовалась 201 сноп-мутацию, или примерно 29 тыс. лет, назад, а евреи появились примерно 4 тыс. лет назад, и далеко не все имеют гаплогруппу J1. Они — только небольшой сегмент этой гаплогруппы. Условный общий предок всех 6 гаплотипов гаплогруппы J1 жил  $8400 \pm 1120$  лет назад, когда, конечно, никаких евреев и арабов не было.

Из упомянутых шести человек трое имеют сноп Z1828 (с подветвями, как показано ниже), двое — Y2919 и один с неидентифицированным снисом, но все перечисленные снипы — разные ветви в иерархии снипов гаплогруппы J1a:

J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > **Z1828** > Z18643 > Z18471 > BY94 > **ZS3128**,

J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > **Z1828** > Z1842 > Y4423 > CTS1460 > CTS7188 > BY100 > **ZS2872**,

J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > YCS0000234 > Z1884 > Y2919 > Y6094 > **Y6096**,



J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > **P58** > Z643 > YCS0000234 > Z1884 > **Y2919**.

Как видно, все четыре ветви расходятся от снипа Z2217, который образовался 110 снип-мутаций, или примерно 15,8 тыс. лет, назад. Две первые ветви уходят в «несемитскую» сторону, ее нисходящие снипы имеют многие чеченцы, а также албанцы, греки, французы, кабардино-калкарцы, некоторые словаки, украинцы и русские. Третья и четвертая ветви уходят к снипу P58, который образовался примерно 78 снип-мутаций, или 11,2 тыс. лет, назад, и через 7 тыс. лет этот снип вошел в большинство еврейских и арабских линий гаплогруппы J1. Но далеко не все они являются «еврейскими» ветвями гаплогруппы J1.

Снип украинца ZS3128 (первая цепочка выше) из Полтавской области находится в группе с греком и албанцем. Снип ZS2872 (вторая цепочка выше) находится в группе с представителями Чечни и Дагестана. Снип Y6096 (третья цепочка) группируется с представителями из Нидерландов, Италии и Армении. Снип Y2919 (четвертая цепочка) находится в группе с людьми из Армении, Саудовской Аравии, Катара и Бахрейна. Отсюда можно заключить, что это скорее древняя арабская линия, чем еврейская.

## Гаплогруппа J2

Как и гаплогруппа J1, гаплогруппа J2 для украинцев является по численности минорной, и в базе данных «Русская равнина» имеется всего 22 гаплотипа гаплогруппы J2, или 4,3 % от всех. Кстати, по данным сайта Eupedia, на Украине имеется 4,5 % носителей гаплогруппы J2, по сравнению с 3 % в России. Поскольку основное количество носителей гаплогруппы J2 проживают на Ближнем Востоке, на Кавказе и в Средиземноморье (в частности, в Греции), то по умолчанию принимается, что носители гаплогруппы J2 среди украинцев и русских — их потомки. Возможно, так оно и есть, но малое число носителей гаплогруппы J2 среди украинцев и русских затрудняет возможность провести детальное сравнение с упомянутыми южными популяциями.

Из упомянутых 22 человек восемь имеют снип J2a-L24 (с подветвями, как показано ниже), еще восемь — снип J2b-M102 (с подветвями), трое —

снип J2a-M67 (с подветвями) и двое — снип J2a-L26 (с подветвями). Это все разные ветви гаплогруппы. Иначе говоря, предки с гаплогруппой J2 приходили на территорию Украины «бессистемно», то есть не одной группой и, видимо, в разное время. Надо сказать, что у русских — те же снипы, просто в других пропорциях (см. выше). Условный предок всех 22 носителей гаплотипов гаплогруппы J2 жил 8400 ± 1120 лет, назад, что тоже показывает, что это — разнородные ветви разного древнего происхождения.

Более того, самые древние предки с гаплогруппой J2 разделились на две основные подветви, J2a и J2b, еще до прихода на Русскую равнину, и это разделение произошло примерно 27 тыс. лет назад. На это указывают времена образования гаплогрупп J2a-M410 (189 снип-мутаций назад, то есть примерно 27,2 тыс. лет назад) и J2b-M102 (187 снип-мутаций, или 26,9 тыс. лет назад). Выше показано, что из упомянутых украинских носителей гаплогруппы J2 четырнадцать относятся к J2a (три подветви) и восемь — к J2b-M102.

Первая ветвь (из 14 человек) имеет следующие цепочки снипов (сокращенно), самые глубокие снипы, найденные у украинцев из базы данных, выделены:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > **L558** > **M67** > **Y3612**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > **L558**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > L243 > FGC30343 > **L590**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > L25 > **Z387** > **L70**.

Мы видим, что все они разбросаны по разным линиям, расходящимся от снипа PF5087. Их общий предок, которого можно принять условно, отнеся его к субкладу L26 (который образовался 126 снип-мутаций, или примерно 18 тыс. лет, назад), имел такой гаплотип:

12 23 14 10 13 16 11 16 12 13 11 30 15 8 9 11 11  
26 15 20 31 12 13 15 16 10 10 19 22 16 14 17 17  
34 37 11 9,

и жил 6700 ± 790 лет назад. Расчеты по «русским» гаплотипам дали предковый гаплотип, который отличается от украинского на 9 мутаций, с датировкой 8800 ± 990 лет назад. Из результатов расчетов ясно, что предки украинских и русских но-

сителей гаплогруппы J2 прибывали на Русскую равнину, проходя «бутылочные горлышки» своих популяций, и в итоге их общий предок жил значительно позже времени образования не только своей гаплогруппы J2 (образовалась 203 снип-мутации, или примерно 29 тыс. лет, назад), но и времени образования объединяющего их снипа (L26).

Упомянем, что украинские носители снипа L558 находятся в группе с французами, голландцами и немцами; носители снипа Y3612 — с татарами, чеченцами и ингушами; снипа Z387 — с иорданцем и испанцем; снипа L283 — с итальянцами и турками. Это дает некоторое представление, откуда могли прибыть носители этих снипов на Украину.

Вторая ветвь, субклада J2b-M102 (из 8 человек), имеет следующую цепочку снипов, самый глубокий снип выделен:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > **L283**.

Последний в этой цепочке снип образовался 69 снип-мутаций назад, то есть примерно 9,9 тыс. лет назад. На всем протяжении этой цепочки украинские носители снипов попадают очень редко, в частности, на разветвлении при снипе Z534:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > PF7321  
есть два гаплотипа из Винницкой области. В основном вдоль этой цепочки находятся гроздь арабских гаплотипов — из Йемена, Омана, Ливана, Ливии, Саудовской Аравии, Палестины, Катара и других арабских (в основном) стран.

Общий предок упомянутых восьми человек со снипами гаплогруппы J2b имел гаплотип:

12 24 16 10 14 18 11 15 12 12 11 28 18 8 9 11 12  
27 16 19 28 13 15 15 18 11 10 19 20 13 14 16 18  
36 37 11 9

и жил  $4100 \pm 580$  лет назад. Этот предковый гаплотип очень различается с соответствующим предковым гаплотипом у русских, а именно на 16 мутаций, что эквивалентно расстоянию между двумя предковыми гаплотипами, соответствующему  $16/0,09 = 178 \rightarrow 226$  условным поколениям, или примерно 5650 годам, и общий предок их жил  $(5650 + 4120 + 3300)/2 = 6500$  лет назад. Вот из такого далекого времени происходят прямые предки украинских и русских гаплотипов гаплогруппы J2b.

## Гаплогруппа I1

Эта гаплогруппа не является многочисленной среди украинцев, как и среди русских. У первых ее 5,7 % (29 гаплотипов из 511), у вторых — 7,1 % (86 гаплотипов из 1218). По всей Европе, включая Россию, ее дерево из 968 гаплотипов в 111-маркерном формате очень симметрично (см. рис. 40), и практически все гаплотипы сходятся к одному общему предку, который жил  $3686 \pm 369$  лет назад, без округления или, с округлением и математически более правильно,  $3700 \pm 400$  лет назад. Эти расчеты приведены выше, в разделе русских гаплотипов из базы Русской равнины.

Интересно, что, если рассмотреть только русские или украинские гаплотипы, общий предок тех и других оказывается немного «моложе», хотя и в пределах погрешностей расчетов. Для 29 украинских гаплотипов в 37-маркерном формате общий предок жил  $3040 \pm 360$  лет назад, для 86 русских гаплотипов из той же базы данных Русской равнины в том же 37-маркерном формате общий предок жил  $3170 \pm 340$  лет назад, что в целом согласуется с приведенными выше значениями для значительно большего числа (в 10–30 раз большего) и более протяженных (111-маркерных сравнении с 37-маркерными) в пределах погрешности. Предковый гаплотип украинских носителей гаплогруппы I1:

13 **23** 14 10 13 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 **19**  
35 37 12 10

отличается всего на 2 мутации от предкового гаплотипа русских, как и предкового гаплотипа всех 968 европейских гаплотипов, которые приведены выше. На самом деле здесь различия не на 2 мутации, а на  $0,69 + 0,31 = 1$  мутацию, если считать по усредненным показателям в серии гаплотипов. Это соответствует разнице между украинским и русским (и общеевропейским) предковыми гаплотипами в  $1/0,09 = 11$  условных поколений, или примерно в  $275 \pm 196$  лет. Как видим, это практически одно и то же. Как отмечалось выше, это опять демонстрирует хорошую репрезентативность выборок в ДНК-генеалогии. Подобные совпадения означают, что гаплотипы гаплогруппы I1 хорошо перемешаны по всей Европе, и не столь важно, где и какие выборки брать, они дают практически одинаковые результаты.

Все 29 украинских гаплотипов группы I1 представлены тремя субкладами — I1a1 (CTS6364, 3 гаплотипа), I1a2 (Z58, 7 гаплотипов) и I1a3 (Z63, 16 гаплотипов), и еще 3 гаплотипа без определенного отнесения записаны в базе данных как I1. Все эти три субклада показаны на рис. 41, так что видно, что все они практически покрывают все «поле» субкладов гаплогруппы I1. Это означает, что носители соответствующих ДНК-линий прибыли на Украину без координации друг с другом, фактически неупорядоченно, в разные времена после уничтожения большинства носителей гаплогруппы I1 в Европе, и практически все они происходят от общего предка, который выжил в геноциде и потомки которого прошли «бутылочное горлышко» выживания в конце II тыс. до н. э., примерно 3,7 тыс. лет назад.

Если мы обратимся к обширному списку сніпов, представленному группой YFull, с приведением примеров по регионам, то увидим, что в нем среди многих сотен, если не тысяч, сніпов представлены всего шесть украинских примеров гаплогруппы I1. Это — носитель сніпа I1a1-L22-Y132301 из Полтавской области и сніпа I1a1-L22-Y31081 из Днепропетровской области, двое со сніпом I1a2-Z73-Y12650 из Винницкой области, носитель сніпа I1a3-Z63-Y31029 из Ивано-Франковской области и сніпа I1a3-Z63-Y2245 (регион не указан).

## Гаплогруппа Q

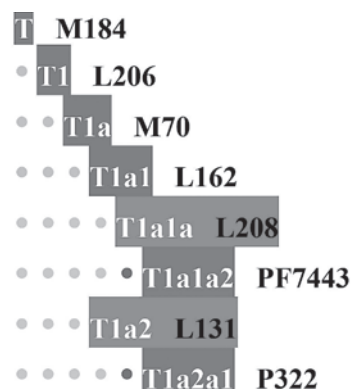
Этой гаплогруппы у украинцев в базе данных Русской равнины всего 2 человека из 511, то есть 0,4 %. Это хорошо стыкуется с данными сайта

Eupedia (0,5 %) и сопоставимо с данными по этой гаплогруппе у русских (0,6 %). Поскольку гаплогруппа Q характерна для монголов, ясно, что монголы не внесли практически никакого следа в генофонд украинцев и русских, во всяком случае по мужской линии. Более того, эти 2 гаплотипа относятся к одному субкладу линии Q1b (сніп L330), цепочка сніпов к которому выглядит следующим образом:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > L53 > L54 > **L330**.

Тем не менее это не близкородственные гаплотипы, между ними 17 мутаций, что соответствует  $17/0,09 = 189 \rightarrow 244$  условным поколениям, или примерно 6,1 тыс. лет, между этими двумя гаплотипами. Ясно, что их предки пришли на территорию нынешней Украины из разных племен или кланов.

То, что гаплогруппа Q не является характерной для украинцев, показывает и список сніпов этой гаплогруппы компании YFull. Из многих сотен сніпов там есть всего восемь сніпов украинцев, из которых семь относятся к линии Q2a и один — к линии Q1b. Из линии Q2a двое из Херсонской области (у обоих сніп Y2747) и один из Одесской области (сніп YP1004), у остальных четверых отнесение по областям не дано (сніпы BZ57, YP1009, Y2752 и BZ35, последние два совсем недавние, образовались всего 600 лет назад, по данным YFull), из линии Q1b один человек со сніпом Y15684, боковая линия в сторону которого отходит от сніпа Q1b-L56 в цепочке, приведенной выше.



**Рис. 60.** Иерархия некоторых сніпов в гаплогруппе T, два из которых имеют украинцы, гаплотипы и субклады которых занесены в базу данных Русской равнины. Диаграмма сокращенная, всего в списке сніпов гаплогруппы T имеется 84 наименования (по состоянию на сентябрь 2020 г.), не считая синонимичных и дублирующих наименований. Колонка справа показывает датировки субкладов/сніпов гаплогруппы T, которые в основном древние — для датировок в годах надо показанные числа умножить на 144, поскольку сніп-мутации образуются в среднем раз в 144 года. Расположение субкладов приведено по данным ISOGG-2020: <https://docs.google.com/spreadsheets/d/1u3cF3HCCzrxuJdmpsiQQF4NRhN4l82shPyGfVhSRMUQ/edit#gid=2049772122> и данным группы YFull, датировки приведены по данным группы YFull: <https://www.yfull.com/tree/T/>. Выделены субклады/сніпы украинцев в базе данных

## Гаплогруппа Т

В базе данных Русской равнины имеются всего 2 гаплотипа украинцев гаплогруппы Т, оба относятся к линии Т1а. Их снипы выделены на диаграмме ниже.

Это довольно необычно для гаплогруппы Т, для которой известная на сегодняшний день картина весьма специфична. Дело в том, что их относительно недавние носители в Европе происходят, как правило, от евреев, которые жили в Европе 1–1,5 тыс. лет назад, то есть уже после Рассеяния, в нашей эре. Именно потому древность общих предков для двух украинцев пока не находит четкого объяснения. С одной стороны, то, что они назвали себя украинцами — это «устная» информация, они могли и не знать своего настоящего происхождения, но древность их общих предков заставляет усомниться, что они еврейского происхождения. А предки их действительно очень древние. Между их 37-маркерными гаплотипами — 39 мутаций, то есть в среднем больше одной мутации на маркер. Это как минимум 21 тыс. лет расстояния между их гаплотипами. Ясно, что это не еврейские линии, тем, повторяем, в Европе 1–1,5 тыс. лет. Поскольку евреи обычно держались замкнуто в своих сообществах, гаплогруппа не разошлась по нееврейским жителям и так и осталась в окружении евреев. В последнее время ситуация с замкнуто-

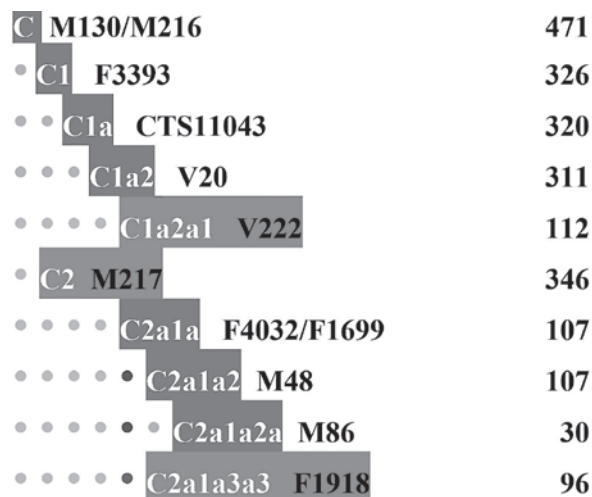
стью евреев в Европе изменилась, но передаваемые гаплотипы так и остались в соответствующих ветвях. Более подробно об этом рассказано в разделе про русских гаплогруппы Т. Кстати, у русских найдены те же снипы L208 и L131, как и у украинцев.

## Гаплогруппа С

В базе данных Русской равнины имеются всего три украинских гаплотипа этой гаплогруппы (0,6 % от всех). Общий обзор гаплогруппы С проведен выше, с обсуждением ископаемых образцов. Три «украинских» снипа выделены на диаграмме ниже:

Все три гаплотипа удалены друг от друга, иначе говоря, не являются родственными. Условный общий предок их жил примерно  $6900 \pm 1150$  лет назад.

В обширном списке снипов гаплогруппы С компании YFull (<https://www.yfull.com/tree/C/>) среди множества снипов, отнесенных к китайцам, корейцам, японцам, индийцам, пакистанцам, а также снипам казахов и азербайджанцев, есть всего два украинских представителя — один из Львовской области, субклада V222 > Y11716 (в сокращенном виде цепочки), и один без указания региона, субклада M217 > Y12782 (тоже в сокращенной цепочке).



**Рис. 61.** Иерархия нескольких снипов в гаплогруппе С, которые имеют украинцы, гаплотипы и субклады которых занесены в базу данных Русской равнины. Диаграмма сокращенная, всего в списке снипов гаплогруппы С имеется 394 наименования (по состоянию на сентябрь 2020 г.), не считая синонимичных и дублирующих наименований. Колонка справа показывает датировки субкладов/снипов гаплогруппы С, которые в основном древние, — для датировок в годах надо показанные числа умножить на 144, поскольку снип-мутации образуются в среднем раз в 144 года. Расположение субкладов приведено по данным ISOGG–2020: <https://docs.google.com/spreadsheets/d/1XTMjVnybYFfj4mL1UwzDACTy9fZojdCbENwdfvKWETQ/edit#gid=928240711> и данным группы YFull, датировки приведены по данным группы YFull: <https://www.yfull.com/tree/C/>. Выделены субклады/снипы, распространенные в Казахстане, Киргизстане, Узбекистане, Монголии, а также среди калмыков, ногаев и индийцев



## Гаплогруппа Н

Эта гаплогруппа нехарактерна для украинцев и русских, и на Русской равнине ее имеют в основном цыгане. Среди 511 гаплотипов украинцев в базе данных Русской равнины только два относятся к гаплогруппе Н, субклады M69 > M82 и M282. Первый — это типичный цыганский гаплотип, как и субклад M82:

Н L901  
- Н1 M69  
-- Н1а M52  
--- Н1а1 M82

**Рис. 62.** Сокращенное дерево субкладов гаплогруппы Н, по данным ISOGG (Международное общество генетической генеалогии), включающее субклад M82, распространенный в Европе среди цыган

Предковый 67-маркерный гаплотип цыган субклада M82 описан в книге «ДНК-генеалогия от А до Т» (Клёсов А. А. М.: Книжный мир, 2016), в эту группу входили цыгане Украины, Италии, Англии, Болгарии, Молдовы, остальные по странам и регионам сведений в 67-маркерном формате не предоставили. Их предковый гаплотип имеет вид:

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 18 9 9 10 12  
24 14 19 31 12 12 14 15 11 11 19 21 15 11 18 16  
35 38 12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 21 21 18  
10 12 12 16 8 14 23 20 16 12 11 12 9 12 14 11,  
и общий предок жил  $1200 \pm 230$  лет назад. По сравнению с единственным 111-маркерным украинским гаплотипом из базы данных Русской равнины у него 4 мутации (отмечены в гаплотипе выше), что эквивалентно  $4/0,12 = 33 \rightarrow 34$  условным поколениям между двумя гаплотипами, или примерно 850 годам, и их общий предок жил  $(850 + 1200)/2 = 1025$  лет назад с соответствующей погрешностью не менее  $\pm 300$  лет, что согласуется с датировкой общего предка цыганских гаплотипов субклада Н1а1а-M82. Как упоминалось выше, эти времена действительно соответствуют началу появления цыган в Европе, европейские цыгане в своем большинстве имеют гаплогруппу Н, и представленный гаплотип попадает в эту ветвь.

Таким образом, картина достаточно ясна и наглядна. Корни ДНК-линии «украинского» гаплогруппы

типа, скорее всего, в цыганах, которые несколько более тысячелетия назад пришли из Индии. Кстати, нулевой маркер во второй строке гаплотипа выше — характерный признак гаплотипов цыган Европы, он же наблюдается и в соответствующем «украинском» гаплотипе.

Среди двух «русских» гаплотипов в той же базе данных был один аналогичный гаплотип, который был надежно определен как цыганский, субклада M82. Он отличается всего на 5 мутаций от «украинского» гаплотипа цыганского происхождения, мутации в котором отмечены:

12 22 15 10 15 16 11 12 11 14 11 30 19 9 9 10 12  
23 14 19 31 12 12 14 15 11 11 19 21 15 11 18 16  
35 38 12 9.

Как отмечалось выше, цыганские гаплотипы субклада M82 образуют плотную группу, это означает, что общий предок этой группы жил относительно недавно. Принято считать, и к этому есть основания, что субклад M82 был принесен в Европу цыганами, или рома, как их сейчас все чаще называют на Западе, примерно 1 тыс. — 1,2 тыс. лет назад, в IX–XI вв. н. э., и их потомки, многие из которых сейчас уже не цыгане, во всяком случае по жизненному укладу, имеют общих предков (по регионам), которые жили 900–600 лет назад. К их числу, скорее всего, относится и описанный выше «украинский» гаплотип.

Второй гаплотип, субклада M282, к цыганским не относится, его отделяет от первого украинского гаплотипа 36 мутаций в 37-маркерных гаплотипах. Это соответствует примерно  $36/0,09 = 400 \rightarrow 729$  условным поколениям, или 18,2 тыс. лет дистанции между этими двумя гаплотипами.

В списке снийов гаплогруппы Н компании YFull (<https://www.yfull.com/tree/H/>) среди множества снийов, отнесенных к индийцам, пакистанцам, непальцам, представителям Бангладеша, Азербайджана, Ирака, Саудовской Аравии, Кувейта, Армении, Италии, Франции и других стран есть всего один сний украинца — из Тернопольской области, субклада Н-L901 > Н2-P96.

## Гаплогруппа L

В базе данных Русской равнины есть всего 2 украинца с гаплогруппой L, конечный субклад которого у обоих представлен цепочкой:

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27.

Эта гаплогруппа редкая на Русской равнине, у русских в той же базе данных ее нет. Но эти два гаплотипа у украинцев неродственные, между их 111-маркерными гаплотипами — 54 мутации. Это дает расстояние между ними  $54/0,198 = 273 \rightarrow 359$  условных поколений, или 9 тыс. лет. Эти гаплотипы определенно пришлые, и как условную подсказку можно упомянуть, что они встречаются на Кавказе. Например, их 5 % среди абхазов, 7 % среди чеченцев и азербайджанцев, 9 % среди аварцев.

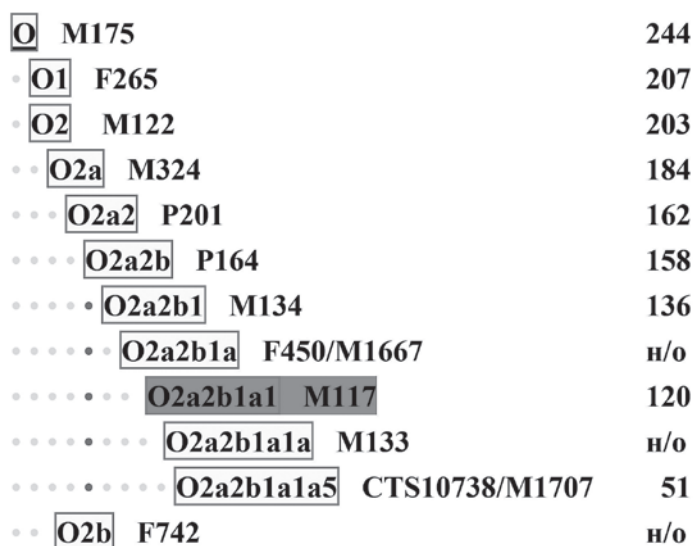
В списке снийов гаплогруппы L компании YFull (<https://www.yfull.com/tree/L/>) среди множества снийов, отнесенных к обитателям Индостана, Ближнего Востока, Турции и Кавказа, нет ни одного представителя Украины.

## Гаплогруппа O

В базе данных Русской равнины находится всего один украинский носитель гаплогруппы O, с конечным снийом следующей цепочки:

O-M175 > M122 > M324 > P201 > P164 > M134 > **M117**.

Это — весьма поверхностный сний, он образовался примерно 17,3 тыс. лет назад, поэтому вряд ли является информативным кроме того, что он гаплогруппы O. Показательно, что среди 1218 гаплотипов русских в той же базе данных носителей гаплогруппы O было всего два человека. Украинский гаплотип не был похож и близко ни на один из них. Положение украинского гаплотипа на схеме иерархии снийов отмечено на диаграмме.



**Рис. 63.** Иерархия снийов в гаплогруппе O, часть из которых имеет украинец, гаплотип и субклад которого занесены в базу данных Русской равнины (M117, выделен на диаграмме). Диаграмма сокращенная, всего в списке снийов гаплогруппы O имеется 929 наименований (по состоянию на сентябрь 2020 г.), не считая синонимичных и дублирующих наименований. Колонка справа показывает датировки субкладов/снийов гаплогруппы O, которые в основном древние — для датировок в годах надо показанные числа умножить на 144, поскольку сний-мутации образуются в среднем раз в 144 года. Расположение субкладов приведено по данным ISOGG–2020: [https://docs.google.com/spreadsheets/d/1ZeJnMPDMQ1TjwP2QGyayfULPosn0Qdxc9ozWZJ\\_pDWE/edit#gid=57047053](https://docs.google.com/spreadsheets/d/1ZeJnMPDMQ1TjwP2QGyayfULPosn0Qdxc9ozWZJ_pDWE/edit#gid=57047053), датировки приведены по данным группы YFull: <https://www.yfull.com/tree/O/>. Сокращение н/о означает «не определяли»

Выяснить, откуда именно прибыли предки упомянутых русских носителей гаплогруппы О, представляется затруднительным, поскольку эта гаплогруппа широко распространена в Юго-Восточной Азии, см. диаграмму на рис. 48.

Наконец, в протяженном списке снийов гаплогруппы О, составленном компанией YFull, среди многих сотен китайцев и десятков японцев, есть вкрапления результатов из Кореи, Филиппин, Индии, Пакистана, Камбоджи, Вьетнама, и там же присутствуют только трое с пометкой «Россия». Ни одного украинского представителя там нет.

Это подтверждает исходное положение, что гаплогруппа О среди украинцев и русских исключительно редкая, и ее немногочисленные носители бессистемно разбросаны по Русской равнине.

### Тесты украинцев в Академии ДНК-генеалогии (Москва)

Рассмотрим серии украинских гаплотипов по результатам тестов, проводимых Академией ДНК-генеалогии (Москва). Эта работа проводится на протяжении последних четырех лет, и за это время (до августа 2020 г.) определены 938 гаплотипов Y-хромосомы, в 18- и 27-маркерном формате, из которых 792 человека указали свою этническую принадлежность (по принципу самоидентификации), из них себя как украинцев идентифицировали 72 человека, то есть около 9 % от тех, кто указал свою этническую принадлежность, русских — 589 человек, то есть 74 %. Распределение по гаплогруппам приведено — для русских в табл. 2, для украинцев в табл. 12. Мы видим, что самоидентификация не внесла существенных изменений, поскольку в трех совершенно разных базах данных (одна — работа международного коллектива, результаты которой были опубликованы в 2008 г., ссылка дана выше; вторая — база данных Русской равнины, составленная по международным базам данных, в основном компании FTDNA; третья — результаты тестирования гаплотипов и гаплогрупп Y-хромосомы, выполненного в 2016–2019 гг. в Академии ДНК-генеалогии, Москва, по состоянию на август 2020 г.), данные принципиально согласуются друг с другом.

Поскольку подробное рассмотрение гаплогрупп, встречающихся у украинцев в базе дан-

ных Русской равнины, уже проведено выше, ограничимся лишь короткими комментариями по результатам тестирования в Академии ДНК-генеалогии, а именно: в чем сходство и различие с уже рассмотренным материалом и могут ли новые данные как-то повлиять на рассмотренные ранее выводы. Гаплогруппы рассмотрены в порядке уменьшения их численности у украинцев.

### Гаплогруппа R1a

Доля гаплогруппы R1a среди украинцев в базе данных Академии несколько меньше, чем в двух других базах данных, составленных, как указано выше, по другим выборкам (база данных Русской равнины и Eupedia, 44 % и 44 %). В базе данных Академии ДНК-генеалогии — 22 носителя гаплогруппы R1a среди всех 58 украинцев, то есть 38 %. Возможно, здесь играет роль меньшая статистическая репрезентативность выборки, впрочем, с погрешностью  $\pm 4$  % данные по украинским R1a совпадают по всем трем выборкам. Русских в той же базе данных — 219 человек из 480, то есть 46 %. В базе данных русской равнины — 51 %, в базе данных Eupedia — 46 %. Опять, в пределах погрешности  $\pm 4$  % все процентные величины доли гаплогруппы R1a у русских тоже совпадают друг с другом.

Не только доля гаплогруппы R1a у украинцев совпадает в пределах погрешности с такой же долей у русских, но и состав субкладов гаплогруппы R1a у них практически одинаковый. Ни у украинцев, ни у русских практически не найдено субкладов, характерных для скифов и их потомков (Z93) и скандинавов (Z284). И у украинцев, и у русских найдены славянские суперветви R1a-Z280 и R1a-M458 (у украинцев соответственно 22 % и 16 % от всех гаплотипов). Соответствующее распределение у русских дано выше.

Основные субклады у украинских R1a-M458 — обычные CTS11962, или центральноевропейский субклад, три гаплотипа из пяти, и L260, западнославянский субклад, остальные два гаплотипа из пяти. В суперветви R1a-Z280 из семи гаплотипов три относятся к восточнокарпатской ветви Y2902:

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > **Y2902** > YP237 > YP235 > YP234 > YP295 > **YP335**,

два — к североевразийской ветви Z92 («венедский» субклад YP569):

R1a-Z280-Z92 > Y4459 > **YP569**,

и его параллельная ветвь:

R1a-Z280 > Z685 > **YP270**,

и два одиночных гаплотипа субкладов YP343 и Y2613, из следующих цепочек снийпов:

R1a-Z280 > CTS1211 > **YP343**,

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y2613.

Все эти субклады описаны в подробностях выше. Из-за малого количества гаплотипов в каждом из них проводить расчеты их предковых гаплотипов и времен жизни общих предков большого смысла не имеет. Все 22 украинских гаплотипа в 17-маркерном формате (только такой формат подходил для всех гаплотипов в списке из-за пропусков в маркерах гаплотипов) имеют условного общего предка, который жил  $5025 \pm 670$  лет назад. Это полностью совпадает с датировками образования снийпов Z280 и M458, которые образовались примерно 5 тыс. лет назад. Предковый гаплотип украинцев в 17-маркерном формате:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 14 20 32 16 18 11 23,

в точности совпадает с соответствующими аллелями в 111-маркерном гаплотипе русских с Русской равнины (отмечены):

**13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23 16 16 18 19 35 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15 19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.**

Это еще раз показывает, что происхождение украинцев и русских гаплогруппы R1a практически одинаково.

### Гаплогруппа I2a

Из 72 украинцев, которые обращались в Академию ДНК-генеалогии за тестированием своих гаплогрупп-гаплотипов, у 14 человек оказалась гаплогруппа I2a, то есть 19 % от всех. Напомним, что в базе данных Русской равнины таких было 20 %, то есть близкая доля. Учтывая, что погрешность в таких показателях при

столь малых числах обычно равна  $\pm 3$  %, эти доли гаплогруппы I2a у украинцев пересекаются друг с другом.

Все 14 украинцев имели один и тот же субклад гаплогруппы I2a, Y3120. Это — ожидаемый показатель, поскольку гаплогруппа I2a очень однородна у славян, как было описано в предыдущих разделах. То же было и у русских — среди гаплотипов этой гаплогруппы, определенных в Академии ДНК-генеалогии: из 71 гаплотипа гаплогруппы I2a, 64 (90 % от всех) относились к субкладу Y3120. Ранее мы уже определяли 111-маркерный предковый гаплотип субклада Y3120 (Клёсов А. А. Происхождение славян. СПб.: Питер, 2019):

**13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11 11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12 18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12 22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11 12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13 11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25 14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11,**

общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад. Серия из 9 украинских гаплотипов в 17-маркерном формате, определенных в Академии ДНК-генеалогии, имеет предковый гаплотип, в точности повторяющий соответствующие маркеры (выделены) в 111-маркерном предковом гаплотипе.

### Гаплогруппа R1b

Среди украинских гаплотипов, определенных Академией ДНК-генеалогии, имеется 10 гаплотипов гаплогруппы R1b, что составляет 14 % от всех. Этот показатель в данном случае явно завышен, поскольку в базе данных Русской равнины он равен 6,7 %, в базе данных Eupedia — 8 %. Но при столь малой статистике отклонения не удивительны.

Из этих 10 гаплотипов семь, то есть 70 %, приходятся на цепочку субкладов:

L23 > **Z2103** > **Z2106**,

и параллельную ей:

L23 > **Z2103** > Y13369 > **L584**,

и еще один гаплотип параллельной линии:

L23 > **L51**.

Здесь выделены обнаруженные снийпы — два Z2103, четыре Z2106 и по одному L584 и L51.



Впрочем, снипы Z2103 могут быть недотипированными Z2106 и/или L584. Здесь важны линии, а не конкретные снипы, их часто недотипируют. Значимость этих Y-хромосомных линий подробно описана выше, но напомним, что снип Z2103 (образовался 40 снип-мутаций, или примерно 5,8 тыс. лет, назад) и нижестоящие снипы обнаружены в захоронениях ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) на Волге и в Калмыкии, снип L51 в захоронениях пока не обнаружен. Но известно, что он образовался 43 снип-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад. Это предковый снип по отношению к подавляющему большинству современных европейских линий гаплогруппы R1b. Где именно он образовался и каков маршрут миграции его носителей на запад, остается неизвестным, но наши современники со снипом L51 часто встречаются в европейских странах — Италии, Турции, Германии, Франции, Англии, Португалии. Похоже, что этот субклад появился на Русской равнине, иначе не объяснить его относительно большое количество среди украинцев и русских.

Условный предковый гаплотип украинцев всех 10 гаплотипов (снипов Z2103 и L51, то есть по сути несколько «перекошенный» предковый гаплотип снипа L23, который образовался 44 снип-мутации, или примерно 6,3 тыс. лет, назад) незначительно отличается от предковых гаплотипов субкладов L23 и Z2103 и показывает время жизни этого условного предка  $6400 \pm 1000$  лет назад. Если оставить в серии только 7 гаплотипов субклада Z2103 с нисходящими субкладами, то их условный предок жил  $5400 \pm 970$  лет назад, то есть во времена ямной культуры.

### Гаплогруппа E1b

Среди гаплотипов, определенных в лаборатории Академии ДНК-генеалогии, имеется всего 7 гаплотипов гаплогруппы E1b (10 % от всех), все они — субклада V13. Аналогично, среди русских гаплотипов гаплогруппы E1b 92 % относятся к субкладу V13. Предковые гаплотипы субклада V13 украинцев и русских практически совпадают друг с другом и с соответствующими маркерами предкового гаплотипа в 67-маркерном формате (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. — М.: Книжный мир, 2016):

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

### Гаплогруппа N1a1

Среди гаплотипов, определенных в лаборатории Академии ДНК-генеалогии, имеется всего 5 гаплотипов гаплогруппы N (6,9 % от всех), из них 4 гаплотипа субклада N1a1-L1025, с общим предком  $3500 \pm 900$  лет назад, и один — субклада N2-P189.2. Последний — один из самых верхних субкладов гаплогруппы N, он образовался 74 снип-мутации, то есть примерно 10,7 тыс. лет, назад и вряд ли является информативным, кроме того, что он не относится к линии N1a1, к которой относятся большинство линий гаплогруппы N Восточной Европы. Субклад L1025 был в подробностях описан выше, он распространен от Балтики к югу, включая Польшу, Белоруссию, Украину.

### Гаплогруппа I1

Как и с многими гаплогруппами, даже при относительно малой численности людей, которые прошли тест на ДНК в Академии ДНК-генеалогии, доля тех, кто показал гаплогруппу I1, соответствует практически той же доле в других, более многочисленных базах данных. Эта доля для украинцев равна 6,9 % в Академии при том, что среди русских она была равна 6,3 %, и в выборке Русской равнины украинцы и русские показали 7,1 % и 5,7 % носителей гаплогруппы I1 соответственно. Это при том, что среди протестированных Академией таких было всего 4 человека из общего числа 58 украинцев.

### Гаплогруппы G2a, J2b, T1a

В гаплогруппе G2a украинцы имели всего 2 представителя, в двух других гаплогруппах — по одному представителю:

G2a-L497 (два человека),

J2b-M241,

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709.

Выделенные снипы подробно обсуждались выше, снип Z709 является нижестоящим от L208, как показано выше.

### Проект Украины в базе данных FTDNA

Основные сведения об американской компании FTDNA приведены выше. Одним из Проектов в рамках этой компании является Украинский проект (<https://www.familytreedna.com/public/ukraine?iframe=yresults>), в котором приведены гаплотипы 233 украинцев в форматах от 12- до

111-маркерного. Распределение по гаплогруппам там следующее (табл. 12).

Таблица Проекта FTDNA исключительно плохо организована, большинство гаплотипов типированы поверхностно, примерно половина гаплотипов вообще не украинские, поэтому мы не будем ее подробно анализировать. Да и в целом никаких неожиданностей Проект

**Таблица 12.** Распределение основных гаплогрупп и ветвей у украинцев (%) в четырех базах данных

Гаплогруппа	База данных Русской равнины, 511 чел., %	Академия ДНК-генеалогии, Москва, 72 чел., %	Проект FTDNA*, 235 чел., %	Eupedia
R1a в целом	44**	38	40	44
R1a-Z280	25	22		
R1a-M458	17	16		
-L1029	9,8	9,6		
-L260	7,2	6,4		
R1a-Z93	0,6	0	0	
R1a-Z284***	0	0	0	
N1a1 + N1a2	7,2	6,9	11	5,5
I2a	20	19	22	21****
R1b	6,7	14	5,2	8
I1	5,7	6,8	4,3	4,5
E1b	5,3	10	6,4	6,5
J2	4,3	1,3	4,3	4,5
G2	2,9	2,7	2,6	3
L	0,4	0	0,9	н/п
Q	0,4	0	0,9	0,5
O	0,2	0	0,5	н/п
C	0,6	0	0,9	н/п
T	0,4	1,3	0	1
J1	1,2	0	2,6	0,5
H	0,4	0	0	н/п

\* Проект крайне низкого качества, представляет смесь гаплотипов и гаплогрупп из разных стран, значительная часть гаплотипов — не украинского происхождения. Данные в таблице относятся только к тем, которые указали себя украинцами. Субклады типированы очень поверхностно, в гаплогруппе R1a в основном указан только верхний субклад M198.

\*\* У 1,2 % гаплогруппы R1a субклад не определен.

\*\*\* Скандинавский субклад.

\*\*\*\* I2/I2a/I2b в совокупности.

н/п — не приведено.

не показывает, доли гаплогрупп примерно согласуются с другими базами данных, как видно из таблицы выше. Приведем всего лишь несколько комментариев.

В гаплогруппе С, нехарактерной для украинцев (обычно это Средняя Азия и Юго-Восточная Азия), оба показанных гаплотипа отнесены (по словам их обладателей) к казакам. Один из них, Кондратьев, известен по научно-популярным статьям 15-летней давности, в которых его (безосновательно) относили к прямым потомкам Чингисхана. Да и в Проекте он записан как «потомок Джучи, сына Чингисхана», субклад С-М217. Оставляем в стороне Джучи как сына Чингисхана, что весьма сомнительно, как знает любой исследователь в этой области, и заметим, что отнесение Кондратьева к «потомкам Чингисхана» базировалось скорее «по понятиям», чем на основании фактов. В широко разрекламированной статье 2003 г., материал которой так и не получил с тех пор научного продолжения, было объявлено, что в Азии существует огромный массив в миллионы гаплотипов, который, скорее всего, оставил в своих потомках не кто иной, как Чингисхан. Единственная мотивация была, по сути, «а кто же еще?». Но, как ни странно, никого, кроме Кондратьева, общественности не представили. Казалось бы, из миллионов гаплотипов можно было бы найти много примеров, но, похоже, или не нашли, или это авторам было неинтересно. Более того, в Проекте рядом с гаплотипом Кондратьева:

13 25 16 10 12 13 11 14 10 13 11 29 18 8 8 11 12  
26 14 22 27 11 11 11 16 10 10 22 23 15 13 17 17  
33 36 11 8 10 9 16 16 8 11 10 8 11 10 12 22 22 15  
11 12 14 15 8 14 25 18 20 14 11 13 11 11 10 11,

который отнесен к поверхностному субкладу С-М217 (образовался 339 снип-мутаций, или примерно 48,8 тыс. лет, назад) [в Проекте почему-то указано 34 тыс. лет назад], находятся еще гаплотипы украинца:

13 25 15 10 12 13 11 14 10 13 11 29 18 8 8 11  
12 25 14 20 27 12 12 16 16 10 10 22 23 15 13 17  
16 33 36 11 10 10 9 16 16 8 11 10 8 11 10 12 22  
22 15 11 12 14 14 8 14 25 18 18 14 11 13 11 11  
10 11,

со снипом С-У12782 и башкира (?):

13 26 17 10 12 12 11 14 10 13 11 29 18 8 8 11  
12 26 14 22 27 11 11 11 11 10 10 23 23 15 13 17  
16 32 35 11 10 10 9 15 16 8 11 10 8 11 10 12 22  
22 15 11 12 14 14 8 14 25 18 19 14 11 13 11 11  
10 11,

со снипом С-FT37001.

Последние два снипа относятся к цепочкам:

С-М130 > М217 > L1373 > F1699 > Y4553 >  
F1918 > Y11098 > Y4580 > Y4541 > **Y12782**,  
и

С-М130 > М217 > L1373 > F1699 > Y4553 >  
F1918 > Y11098 > **FT37001**.

Между двумя последними 67-маркерными гаплотипами имеется 13 мутаций, что разводит эти 2 гаплотипа на  $13/0,12 = 108 \rightarrow 121$  условное поколение, то есть примерно 3025 лет, и их общий предок жил примерно 1510 лет назад. Калькулятор Килина–Клёсова дает для всех трех гаплотипов время жизни общего предка  $1616 \pm 381$  года назад (без округления), что в пределах погрешности практически одно и то же. Разумеется, тому, что это был предок Чингисхана, никаких доказательств нет.

Что касается редких для украинцев гаплогрупп, то неудивительно, что они во многом состоят из евреев. Например, в гаплогруппе G имена Мордехай, Мозес, Иаков, в гаплогруппе J1 — Исак, Меир, Лейб, в гаплогруппе J2a — Мендель, Авраам и подобные. В гаплогруппе E1b из 15 гаплотипов как минимум 5 принадлежат евреям. Разумеется, это не подвергает сомнению, что они являются украинцами, поскольку так они себя идентифицировали при занесении в базы данных. Но при анализе происхождения украинцев это стоит принимать во внимание.

## 4. БАШКИРЫ

Башкиры — очень разнообразный по своему происхождению этнос. В него входят как минимум 40 кланов, или родовых объединений (шежере), описания которых сведены в многотомный труд (<https://bashkirica.com/news/1539/>) и рассмотрены многими авторами. Эти кланы также являются в основном (или только) разнородными

по своему родовому происхождению, то есть по составу гаплогрупп и субкладов, и на этом мы остановимся ниже.

Состав гаплогрупп башкир по нескольким базам данных показан ниже (табл. 13).

Заметен разнотой между первыми тремя базами данных (четвертая — это сводка частоты встречаемости снупов башкир в списке YFull по гаплогруппам). Несмотря на малую статистику, что и является первопричиной разнотой, видно, что по распространенности среди башкир на первом месте стоит гаплогруппа R1a-Z93. По

какой-то причине база Eupedia показала нулевое присутствие гаплогруппы I1 среди башкир, что определенно неверно, как и чрезвычайное завышение доли гаплогруппы R1b, что не подтверждается другими базами данных. Явно занижена в Eupedia и доля гаплогрупп I2a и G2. По минорным по численности гаплогруппам данные относительно сходятся.

Иллюстрацией разнородности башкирских кланов служит диаграмма на рис. 64, построенная по башкирской базе данных «Сораман» (<https://www.familytreedna.com/public/suyun?iframe=yresults>).

**Таблица 13.** Распределение основных гаплогрупп и ветвей у башкир (%) в четырех базах данных

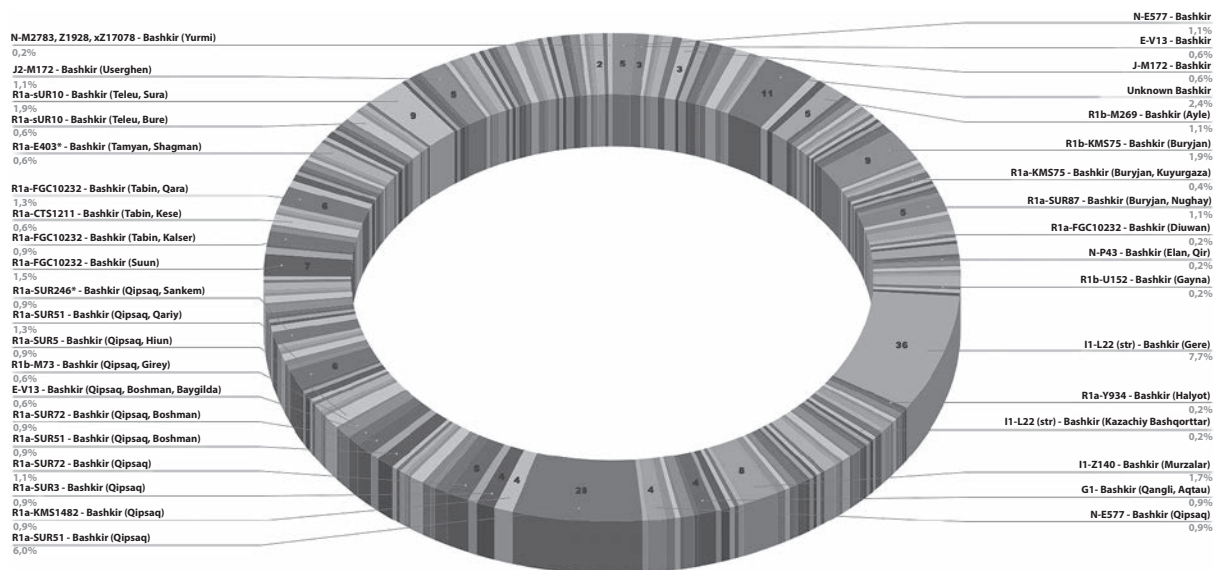
Гаплогруппа	База данных Русской равнины, 42 чел., %	Eupedia (по данным сайта), более 500 чел., %	Проект FTDNA («Сораман»), 76 чел., %	YFull, число снупов
R1a	55	26	36	91
Z280	8	н/п	8	7
M458	0	н/п	0	0
Z93	47	н/п	28	84
Z284*	0	н/п	0	0
N1a1 + N1a2	14	17	9,2	15
I2**	7,1	0,5	2,6	3
I2a-P37-Z27398	н/п	н/п	н/п	1
Y3120-Y4460	н/п	н/п	н/п	2
R1b	7,1	48	24	0
I1	9,5	0	16	0
E1b	0	0,5	н/п	0
J2	2,4	3	6,6	3
G2	4,8	0,5	2,6	3
L	0	н/п	н/п	0
Q	0	0	н/п	0
O	0	н/п	н/п	0
C	0	н/п	2,6	0
T	0	0	н/п	0
J1	0	0	н/п	1
H	0	н/п	1,3	0

\* Скандинавский субклад.

\*\* I2/I2a/I2b в совокупности.

н/п — не приведено.





**Рис. 64.** Диаграмма распределения башкирских гаплотипов по кланам и по гаплогруппам-субкладам ([http://suyun.info/userfiles/img/bashkirs\\_clans\\_ydna\\_sbdna\\_13092017.png](http://suyun.info/userfiles/img/bashkirs_clans_ydna_sbdna_13092017.png)). Согласно авторам диаграммы, она построена по 465 результатам тестирования башкир, хотя в самом Проекте FTDNA под названием «Сораман» имеется всего 76 башкирских гаплотипов, в смеси с гаплотипами по всей Евразии, от Ирландии до Индии. Сумма процентных записей на диаграмме составляет 42,7 %, то есть является выборочной. По данным авторов, каждые 0,2 % соответствуют одному человеку

### Рассмотрение гаплогрупп, субкладов и гаплотипов в базе данных «Сораман» (Проект FTDNA)

К сожалению, в указанной базе данных в Проекте FTDNA находятся только 76 гаплотипов, в основном в 12-маркерном формате. Если их снять, в базе данных остается только 29 гаплотипов в более протяженном формате. Этого мало, поэтому построим дерево из 12-маркерных гаплотипов (рис. 65).

### Гаплогруппы R1b и C

На дереве выделяется одиночный гаплотип под номером 1, это действительно одиночная гаплогруппа R1b-M73, клан Меркит-Менг. В этом клане встречается еще гаплогруппа C-F1918 (<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showtopic=1728&st=280>). Это те Меркиты, которые, по преданиям, сражались еще с Чингисханом:

R1b-M343 > L754 > P297 > M73,

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > C2a1-F3447 > C2a1a-F1699 > Y4553 > F1918.

Ветвь слева наверху, в которой гаплотипы под номерами с 3 по 13 одинаковы, принадлежит гаплогруппе R1b-L23-Z2103, которую нашли в археологической ямной культуре (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) на Волге и в Калмыкии. К той же серии относятся и гаплотипы под номерами 2, 14, 15 и 16. Во всех 16 гаплотипах — всего 6 мутаций, это означает, что их общий предок жил сравнительно недавно, не ранее нескольких сотен лет назад, хотя и с немалой погрешностью расчетов из-за малого числа мутаций. Действительно, калькулятор Килина–Клёсова показывает, что их общий предок жил  $508 \pm 214$  лет назад (без округления). Это, конечно, не ямная культура, хотя корни рода уходят в нее. В основном это клан Бурзян, хотя и с участием кланов Ялан-Тангаур, Ямаш, Янгари, Монаш, Байсари. Предковый гаплотип этой серии:

12 24 14 10 11 14 12 12 12 13 13 30

отличается в первых 12 маркерах на 2 мутации (выделены) от предкового гаплотипа Z2103 из независимой выборки из 204 гаплотипов в 111-маркерном формате:

12 24 14 **11** 11 14 12 12 12 13 13 **29** — 17 9 10 11  
 11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
 10 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 11 11,

общий предок которой жил  $4583 \pm 462$  года назад (без округления). Это тоже времена ямной культуры, в пределах погрешности расчетов. По данным компании YFull, снип Z2103 образовался 40 снип-мутаций, или примерно 5,8 тыс. лет, назад.

Заметим, что первый маркер как в 12-маркерном гаплотипе, так и в 111-маркерном, равен 12. Это — характерный признак субклада Z2103 и нижестоящих субкладов.

Еще 2 гаплотипа башкир, под номерами 17 и 18, разбросаны на дереве, это субклады U152 и R1b-L2. У них первый маркер равен уже 13.

R1b-M343 > M269 > L23 > L51 > P310 > L151 > P312 > U152 > L2.

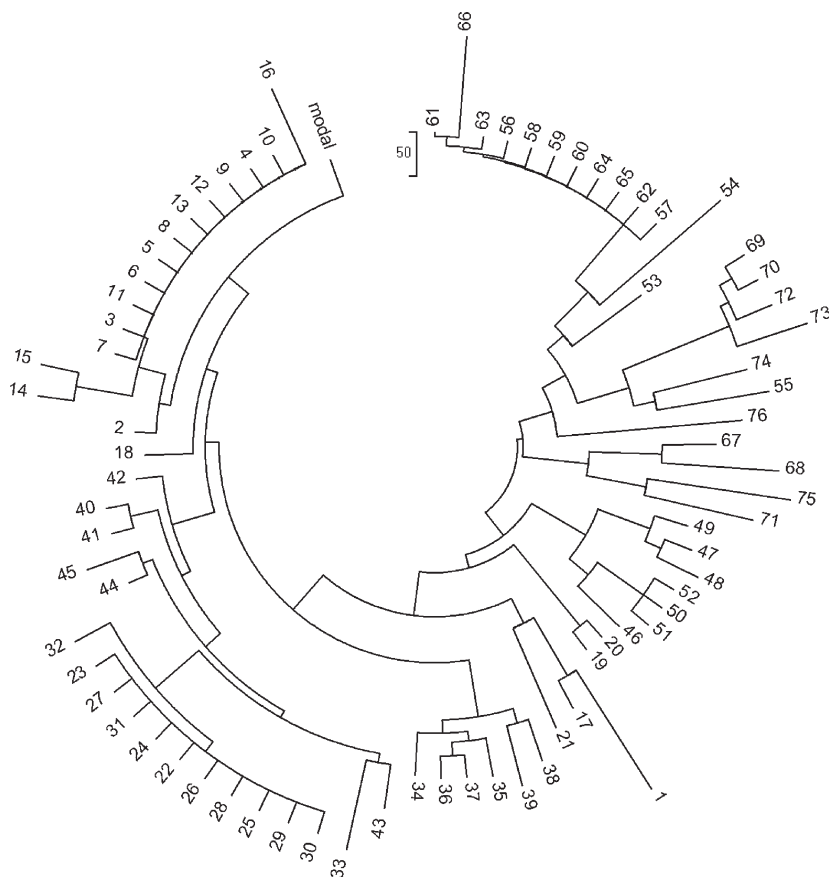
Эти два снипа имеют башкирские кланы Гайна и Вайлар. Происхождение их — центральноевропейское. Датировки общих предков определить невозможно, потому что гаплотипы единичные.

### Гаплогруппа R1a

Следующие гаплотипы на дереве — гаплогруппы R1a, в основном снипов R1a-Z645-Z93-Z94-Z2123. В данной выборке они идут под номерами от 19 до 39, то есть всего 21 гаплотип. Глубокие снипы гаплотипов 19, 20 и 21 неизвестны, у них показан только R1a-Z93. Остальные (под номерами 22–39) имеют букет нисходящих снипов, например:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y20746 > **Y2632** > **Y2633**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > **Y934**.



**Рис. 65.** Дерево из 76 башкирских гаплотипов в 12-маркерном формате, построенное по данным базы данных «Сораман» (<https://www.familytreedna.com/public/suyun?iframe=yresults>)

Здесь обнаруженные у башкир сніпы выделены. Сніп Z2123 образовался во времена срубной археологической культуры, она же срубная культурно-историческая общность, датируется 3,8 тыс. — 3,2 тыс. лет назад. Сам сніп Z2123 образовался 27 сніп-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад, нижестоящие выделенные сніпы — 27 (Y934), 25 (Y2632) и 24 (Y2633) сніп-мутаций, или соответственно 3,9 тыс., 3,6 тыс. и 3,5 тыс. лет назад, то есть в пределах погрешности в одно время с родительским Z2123. Эти же сніпы нашли в захоронениях срубной и синташтинской культуры, на Южном Урале, а также в захоронениях скифов. Все 18 гаплотипов этой группы (под номерами 22–39) имеют общего предка  $4464 \pm 745$  (без округления) лет назад, что в пределах погрешности соответствует датировкам образования соответствующих сніпов. Если к ним добавить гаплотипы под номерами 19–21, то датировка резко удревняется до  $5320 \pm 810$  лет назад (без округления). Это показывает, что добавленные гаплотипы действительно происходят от более древнего общего предка, видимо, сніпа Z93. По-видимому, эти башкиры — потомки срубной культуры или родственных археологических культур того времени. Фактически, это арийские времена, времена миграции на восток древних ариев.

Еще 6 гаплотипов (под номерами 40–45) относятся к цепочке балто-карпатской ветви CTS3402:

R1a-Z645 > Z280 > CTS1211 > Y35 > **CTS3402**,

и североазиатской ветви, начиная от сніпа Z92 и к нижестоящим:

R1a-Z645 > Z280 > Z92 > Y4459 > **YP617 > YP573 > YP569**.

Это — скорее западные по происхождению сніпы, так называемая «венедская» ветвь, хотя прямых доказательств к этому нет. Сніп YP569, в конце цепочки, образовался 21 сніп-мутацию, или примерно  $3000 \pm 400$  лет назад, а все 6 гаплотипов имеют общего предка  $2239 \pm 742$  года назад (без округления), что согласуется в пределах погрешностей расчетов.

Список YFull недавно пополнился новыми данными по башкирам. Теперь там из 91 представителя башкир 84 человека, или 92 %, имеют гаплогруппу Z93.

Гаплотипы группы R1a включают многие башкирские кланы, например, Юрматы, Тамъян, Кипчак, Теляу, Кесе-Табын, Бикатин, Айле, Бишул, Оло-Катай и другие.

### Гаплогруппы N1a2 и N1a1

Семь гаплотипов из 76, то есть 9,2 %, относятся к гаплогруппе N, из них три (под номерами 50, 51 и 52), образующие тройку идентичных гаплотипов, относятся к субкладу N1a2b-P43, который в основном встречается среди северных народов. Это — кланы Кипчак и Елан. Еще один гаплотип (под номером 46) совершенно недотипирован, но на дереве гаплотипов он тяготеет к предыдущим трем субкладам N1a2b-P43. Последние три гаплотипа относятся к субкладу N1a1-L1034, между ними в 12-маркерном формате всего 2 мутации, что показывает их общего предка  $857 \pm 612$  лет назад (без округления). Сам же субклад L1034 образовался примерно 4,2 тыс. лет назад. Ясно, что это или два родственных гаплотипа субклада L1034, или, скорее, они относятся к молодым нижестоящим субкладам, например:

L1034 > L1442 > Y24222,

хотя последний образовался примерно 2,4 тыс. лет назад. Но в этой короткой цепочке каталоги показывают серию башкирских образцов ДНК. Это в данном случае кланы Усерган и Сураш-Усерган.

### Гаплогруппа I1

К этой гаплогруппе в базе данных относится серия из 12 гаплотипов (под номерами 55–66), десять из которых одинаковы:

13 22 15 10 14 14 11 15 10 12 11 28,

(в 11-м гаплотипе есть всего 1 мутация) и отнесены к субкладу Z140, и еще один гаплотип (номер 55):

13 23 14 10 14 14 11 14 12 12 11 28,

который отличается от остальных на 5 мутаций. В базе данных он идет под сніпом M227. Видно, что на дереве гаплотипов гаплотип 55 вынесен далеко за пределы ветви. Эти два сніпа — конечные в соответствующих цепочках сніпов:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8647 > Z60 > **Z140**,

I1-M253 > I1a-DF29 > Z2336 > Y3866 > S4767 > Y4781 > S4770 > **M227**,

и образовались соответственно 29 и 24 мутации назад, то есть примерно 4,2 тыс. и 3,5 тыс. лет, назад. Но серия из 11 гаплотипов, разумеется, является потомком совсем недавнего общего предка, который жил  $114 \pm 115$  лет назад (без округления), этот расчет — результат всего одной мутации в серии из 11 гаплотипов в 12-маркерном формате. Понятно, что приведенный выше (первый) гаплотип, который фактически является предковым, должен отличаться от предкового гаплотипа современных гаплотипов гаплогруппы I1 в первых 12 маркерах, определенного по 968 гаплотипам в 111-маркерном формате:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

Действительно, там 4 мутации. Это следствие прошедших  $3725 \pm 370$  лет со времени предкового гаплотипа, датировка приводилась выше. В 12-маркерном гаплотипе 4 мутации проходят за  $4/0,02 = 200 \pm 102$  условных поколения, то есть за  $5000 \pm 2500$  лет, что не противоречит расчетам по числу мутаций. Столь большая погрешность вызвана малым числом мутаций в 12-маркерном гаплотипе. Математически, она равна  $\pm 50,99\%$ .

Эти гаплотипы были определены у жителей клана Гирей-Кадикай-Киргиз (I1-M227) и в основном клана Мирзалар (I1-Z140, серия недавних одинаковых гаплотипов) и Тирнаклы.

## Гаплогруппа J2

К этой гаплогруппе относились 5 гаплотипов из клана Узерган и комбинаций с кланами Апан-ди, Абати и Бешей. Глубоких субкладов ни в одном случае не сообщалось, во всех пяти случаях определялись только 12-маркерные гаплотипы, и условный предковый гаплотип был следующий:

12 23 14 10 14 19 11 14 13 14 11 31.

Он условный, потому что субклады гаплотипов неизвестны. С другой стороны, это могла быть серия родственных гаплотипов, потому что их общий предок жил относительно недавно (для гаплогруппы J2),  $2727 \pm 904$  лет назад (без округления).

## Гаплогруппа I2a

К гаплогруппе I2 в базе данных относятся всего 2 гаплотипа, один — со снипом A6105, южнославянского происхождения (гаплогруппа I2a-Y3120), конечный в цепочке снипов:

Y3120 > Y4460 > Y3106 > **A3120**,

который образовался 14 снип-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад. Общий предок южнославянских гаплотипов группы I2a жил в конце прошлой эры, примерно 2,3 тыс. лет назад. Для башкир он нехарактерен, содержание на уровне единиц процентов, а сайт Eurpedia дает для него долю всего 0,5 % у башкир. Соответствующий гаплотип в базе данных имеет вид:

13 24 **17** 11 14 15 11 13 **12** 13 11 **30** — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 **35** **36** 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 **15** 10 12 12 12 7 10 **28** 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 **13** 11 **12** 13 11 9 **12**  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 **22** **15** **17** 11 25  
14 11 16 23 11 **21** 18 10 15 **20** 9 12 11.

Здесь выделены 16 мутаций, отделяющих гаплотип башкира от предкового гаплотипа субклада Y3120 (*Клёсов А. А. Происхождение славян. СПб.: Питер, 2019*), носитель которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад. Точно такой же, как и предковый гаплотип Y3120, был определен по 87 гаплотипам русских субклада I2a1a-Y3120, как описано выше в настоящей книге. 16 мутаций на двух 111-маркерных гаплотипах разделяет их на  $16/0,198 = 81 \rightarrow 89$  условных поколений, или на 2225 лет. Это в точности равно времени жизни общего предка субклада Y3120. Таким образом, у башкира именно этот предковый субклад, с нижестоящим A6105. Его клан в базе данных не указан.

Для второго гаплотипа, из клана Мираз-Юрматы, показан только поверхностный снип R37. Гаплотип имеет вид:

13 24 17 11 14 15 11 13 **13** **14** 11 **32**

и отличается от предкового гаплотипа Y3120 на 3 мутации (разница между 13–11–30 и 14–11–32 по правилам счета составляет 2 мутации), что эквивалентно  $3/0,02 = 150 \rightarrow 171$  условному поколению, или примерно 4275 годам. Ясно, что он не относится к гаплотипам южных славян. На дереве гаплотипов (рис. 65) эти два гаплотипа, под номерами 67 и 68, находятся на одной подветви, но явно не родственные.



## Гаплогруппа С

Помимо гаплогруппы С в клане Меркитов, упомянутой в начале этого раздела, в базе данных есть еще 2 гаплотипа той же гаплогруппы, под номерами 75 и 76, из кланов Кипчак и Менг соответственно. На дереве гаплотипов они находятся в разных ветвях. Поскольку оба гаплотипа имеют только поверхностные снип-мутации, анализ их затруднен.

## Гаплогруппа Н

В базе данных есть только один башкирский гаплотип, из клана Туркмен-Кипчак. Снип поверхностный, Н-М69, рассмотрение которого приведено выше, для других этносов.

## База данных Русской равнины

В этой базе данных есть только 42 гаплотипа башкир, но в протяженном формате. Это позволяет уточнять времена жизни общих предков родственных гаплотипов и проводить более надежные отнесения к субкладам.

Поскольку общая родовая структура башкирского этноса во многом проявилась на основании предшествующих разделов, отражающих в немалой степени вклад башкирских исследователей, в данном разделе внимание будет уделено только уточнению и подтверждению (вряд ли отрицанию) уже описанных положений.

## Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа со снипом Z93 и нисходящих субкладов, как было показано выше, является преобладающей среди башкирских мужчин. Из 42 гаплотипов к этой гаплогруппе относятся 23 гаплотипа (55 %), из них всего 3 гаплотипа субклада R1a-Z280, 18 гаплотипов субклада Z93, в основном нисходящего снипа Y5977 (14 гаплотипов), и 2 гаплотипа группы R1a без отнесения по нисходящим снипам.

Как видим, 78 % гаплотипов группы R1a-Z93 у башкир в выборке относятся к снипу Y5977, в цепочке снипов:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > Y7094 > Y5992 > **Y5977**.

Это — в древности арийская линия, снип Z645 относится к южноарийской линии, Z2123 най-

ден в серии древних археологических культур от срубной до синташтинской и в настоящее время наблюдается в высших индийских кастах, наряду со снипом L657, которого у башкир не найдено, но который во множестве наблюдается у арабов Ближнего Востока. Снип Z2123 найден также у скифов.

Остальные 22 % группы Z93 (4 гаплотипа) относятся к снипу Y2632, параллельному снипу Y5977:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y20746 > **Y2632**.

Эти две цепочки разошлись от снипа Z2123 (образовался 27 снип-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад), и конечные снипы в этих цепочках образовались 22 (Y5977) и 25 (Y2632) снип-мутаций, то есть примерно 3,2 тыс. и 3,6 тыс. лет, назад соответственно. Как видим, оба снипа пришли к башкирам.

Общий предок всех 14 гаплотипов субклада R1a-Z93-Y5977 имел базовый гаплотип:

13 24 16 11 11 15 12 12 12 13 11 31 15 9 10 11  
11 24 14 20 31 12 15 15 15 12 11 19 23 16 15 19  
20 35 38 14 11

и жил  $1489 \pm 232$  лет назад (без округления), то есть в середине I тыс. н. э. Это намного позже времени образования снипа Y5977. Скорее всего, этот снип у данной группы башкир недотипирован, хотя нижестоящие к нему снипы пока неизвестны.

Аналогичная ситуация и со снипом R1a-Y2632, с предковым гаплотипом:

13 25 15 11 11 13 12 12 10 13 11 31 15 9 9 11 11  
25 14 20 34 12 15 15 16 11 11 19 23 16 16 18 20  
34 37 13 11,

носитель которого жил всего  $793 \pm 252$  года назад (без округления). Между этими двумя гаплотипами 17 мутаций, что разводит их общих предков на  $17/0,09 = 189 \rightarrow 232$  условных поколения, или примерно 5,8 тыс. лет, назад, и их общий предок жил  $(1489 + 793 + 5800)/2 = 4000 \pm 400$  лет назад. Это практически совпадает с временем образования снипа Z2123, от которого и разошлись ветви указанных двух снипов, что произошло примерно 3,9 тыс. лет назад. В очередной раз видно, что расчеты произведены правильно.

Три одиночных снипа субклада Русской равнины (R1a-Z280) являются конечными в следующих цепочках:

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > **Y2902**,

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP295 > **YP335**,

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > **YP569**.

Все эти три цепочки снийов и конечные снииы были достаточно подробно описаны в предыдущих разделах настоящей книги. Это — восточно-карпатская линия (от Y2902), балто-карпатская линия (от CTS3402) и североевразийская линия (от Z92).

### Гаплогруппы N1a2b и N1a1

База данных Русской равнины включает всего 6 гаплотипов гаплогруппы N у башкир, из которых 4 — со снийом Z1936:

N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > **Z1936**,

один — со снийом N1a2b-P43:

N-M231 > Z4762 > L729 > N1a2-L666 > **N1a2b-P43**,

и один — со снийом L550.

Все четыре 37-маркерных гаплотипа субклада Z1936 имеют предковый гаплотип:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — **18** 10 10  
11 12 25 14 19 **29** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14  
15 **17** 18 **37** **37** 13 10,

который на 4 мутации отличается от первых 37 маркеров в предковом 111-маркерном «референсном» гаплотипе, который был определен по большой выборке, и его общий предок жил  $2650 \pm 290$  лет назад:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14  
15 18 18 35 35 13 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10  
12 21 22 14 10 12 12 18 7 13 20 21 15 12 11 10  
11 11 12 11 — 40 15 8 15 12 23 27 19 13 13 11  
12 14 9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15  
21 12 22 13 13 14 27 12 22 18 11 13 16 8 13 11.

Общий предок четырех башкирских гаплотипов субклада N1a1-Z1936 жил  $1252 \pm 329$  лет назад (без округления). Четыре мутации на двух предковых 37-маркерных гаплотипов разводят их на  $4/0,09 = 44 \rightarrow 46$  условных поколений, или 1150 лет, и ИХ общий предок жил  $(1150 + 2650 + 1252)/2 = 2500$  лет назад. Эта датировка практически совпадает с датировкой

образования «референсного» предкового гаплотипа снийа Z1936. Иначе говоря, или эти четыре башкирских гаплотипа относительно родственные, если они не репрезентативны для башкир и представляют свой отдельный кластер, или, если они репрезентативны, то субклад снийа Z1936 пришел к башкирам относительно недавно, в середине I тыс. н. э.

Снииы N1a2b-P43 и L550 были подробно рассмотрены в предыдущих разделах данной книги.

### Гаплогруппа I1

Среди башкирских гаплотипов в базе данных есть 4 гаплотипа гаплогруппы I1, все относятся к субкладу Z140, в цепочке снийов:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8647 > Z60 > **Z140**,

который образовался 29 снийп-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад. Но в серии из 4 гаплотипов в 37-маркерном формате имеется всего 10 мутаций, что дает время жизни общего предка этих 4 гаплотипов всего  $719 \pm 238$  лет назад (без округления), и его предковый гаплотип:

13 22 **15** 10 **14** 14 11 **15** 11 12 11 28 — 15 8 9 8  
11 **22** 16 **21** **29** 12 14 15 **15** — 10 10 19 21 14 14  
16 **21** **36** **36** 12 10.

Он отличается девятью выделенными аллелями от предкового гаплотипа гаплогруппы I1 в первых 37 маркерах, определенного по 968 гаплотипам в 111-маркерном формате:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11,

общий предок которого жил  $3725 \pm 370$  лет назад. Эти 9 мутаций эквивалентны  $100 \rightarrow 111$  условным поколениям, или 2775 годам, между соответствующими предковыми гаплотипами. Это помещает ИХ общего предка на  $(2775 + 3725 + 719)/2 = 3600$  лет назад, что практически совпадает с предковым гаплотипом гаплогруппы I1 в пределах погрешности расчетов. Так что башкирские гаплотипы группы I1 — европейские, и либо мы видим малый кластер этой гаплогруппы в Башкортостане, либо гаплогруппа I1 пришла в этот регион относительно недавно.

## Гаплогруппа I2a

В базе данных — всего 3 гаплогруппы башкир, все субклада Y3120 (образовался 17 сний, или примерно 2,4 тыс. лет назад), см. рис. 24.

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966/L147 > **Y3120** > S17250, Y4460, Z17855, Y18331.

Это — южнославянский сний, и обычно при более глубоком определении выявляется один из четырех нижестоящих сний, показанных в цепочке выше.

Все четыре башкирских гаплотипа показывают предковый гаплотип:

13 24 **17** 11 14 15 11 13 **12** 13 11 **30** 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 10 10 21 21 15 12 18  
18 **35 37** 11 10,

носитель которого жил совсем недавно, 669 ± 262 года назад. Этот гаплотип на 6 мутаций на первых 37 маркерах отличается от предкового южнославянского гаплотипа группы I2a1-Y3120 (Клёсов А. А. Происхождение славян. СПб.: Питер, 2019):

**13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31** — 17 8 10 11  
11 25 **15 20 32** 12 14 15 15 — **10 10** 21 21 **15 12**  
**18 18** 34 35 11 **10** — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 **30** 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 **13**  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 **23** 18 10 15 19 9 12 11,

общий предок которого жил 2200 ± 230 лет назад. Шесть мутаций между двумя 37-маркерными гаплотипами эквивалентно 6/0,09 = 67 → 73 условным поколениям, или 1825 годам, и их общий предок жил (669 + 2200 + 1825)/2 = 2300 лет назад, что практически совпадает с датировкой общего предка южнославянского гаплотипа в пределах погрешности. Значит, и в этом случае башкирский I2a1 пришел в регион с запада или совсем недавно, если показанные башкирские гаплотипы репрезентативны для Башкортостана, или это просто локальный кластер.

## Гаплогруппа R1b

В базе данных есть три разрозненных башкирских гаплотипа гаплогруппы R1b из разных субкладов. Один — древнего субклада M73, пришедшего, видимо, из Южной Сибири на Русскую равнину, но прошедшего «бутылочное горлышко» выжи-

вания, поскольку пока найдены только недавние общие предки обнаруженных гаплотипов группы M73. Два других — европейские по происхождению субклады U152 и U152-L2:

R1b-M343 > M269 > L23 > L51 > P310 > L151 > P312 > **U152 > L2**,

но соответствующие башкирские гаплотипы совершенно неродственные и различаются на 25 мутаций на 67-маркерных гаплотипах, то есть на 25/0,12 = 208 → 262 условных поколения, или примерно 6550 лет. Иначе говоря, общий предок этих двух башкирских гаплотипов жил более 3 тыс. лет назад. Как было сообщено выше в настоящей книге, снии U152 и L2 имеют башкирские кланы Гайна и Вайлар. Происхождение их — центральноевропейское.

## Гаплогруппа G2a

В базе данных Русской равнины среди башкир есть только 2 гаплотипа, со сниями FGC693 (Z6653) и FGC1159, которые связывает одна цепочка сний:

G2a-P15 > Z6552 > Y34352 > Z6553 > **Z6653** > Z6679 > **FGC1159**.

Чтобы составить представление о временной шкале образования этих сний, отметим, что сний P15 образовался 145 сний-мутаций, или примерно 20,9 тыс. лет, назад, Z6553 — 115 сний-мутаций, или 16,6 тыс. лет, назад и сний FGC1159 — 36 сний-мутаций, или 5,2 тыс. лет, назад. Теперь должно быть понятно, почему два 67-маркерных гаплотипа в базе данных различаются на большое число мутаций, а именно на 19 мутаций, что эквивалентно 19/0,12 = 158 → 187 условным поколениям, то есть на 4675 лет. Разумеется, это вовсе не обязательно должно отражать разницу между датировками данных двух сний, что было бы примерно 11 тыс. лет, но показывает, что это вовсе не родственные гаплотипы.

## Гаплогруппа J2a

Единственный башкирский гаплотип группы J2a имеет сний YSC0000246, который образовался 63 сний-мутации, или 9,1 тыс. лет назад:

J2-M172 > J2a-M410 > L26 > PF5197 > **YSC0000246**,

(цепочка в сокращенной записи). Эта снип-мутация весьма поверхностная и потому малоинформативная в данном случае.

### Тесты башкир в Академии ДНК-генеалогии

Из 938 мужчин, прошедших ДНК-тесты в Академии ДНК-генеалогии, было только 5 башкир с гаплогруппами G2b (клан Актау-Канглы), N1a1-Z1936, O-M133, R1a-M198 (племя Юрматы рода Азнай [Тальтим]) и R1a-Z2123-Y5977. Поскольку гаплотипы единичные, их рассмотрение большой информативности не представляет.

### Башкиры в списке гаплогрупп и субкладов/снипов компании YFull

Список гаплогрупп и субкладов/снипов YFull (<https://www.yfull.com/tree/>) включает сотни снипов почти по каждой гаплогруппе и в качестве примеров показывает представителей разных стран и регионов под конкретными снипами. Это скорее полуколичественный показатель по странам и регионам, так как число представителей зависит от активности тестирования на глубокие снипы в этих регионах. Тем не менее по каждому региону количество представителей в целом отражает структуру популяции в отношении гаплогрупп. Так, в табл. 13 максимальное число башкир было с гаплогруппами N1a и R1a, что в целом, пусть и не количественно, отражает наиболее представленные гаплотипы в Башкортостане. Напротив, минорные по численности гаплогруппы обычно не представлены в списке YFull.

### Гаплогруппа R1a

В гаплогруппе R1a оказалось 13 башкир, из них семь было с субкладом Z93 и шесть — с субкладом Z280. Линии субклада Z93 были следующие:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > F1417 > **Y147630**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1558 > S23201 > S21872 > YP5505 > **Y65081**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > YP1558 > **YP1456**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > **BY30764**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > **Y5977** (3 гаплотипа).

Линии субклада Z280 были следующие:

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP575 > Y5570 > **YP682**,

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > Y5570 > YP682 > **A8987**,

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP953 > YP951 > **YP977**,

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP295 > YP335 > YP337 > **YP5306** > **Y40745** (3 гаплотипа — один YP5306 и два Y40745).

### Гаплогруппа N

В гаплогруппе N оказалось 15 башкир, из них один был с субкладом N1a2b-P43 и нижестоящими снипами и 14 с субкладом N1a1-M46 и далее L708 с нижестоящими снипами:

N-M231 > Z4762 > L729 > L666 > P43 > Y3195 > Y23785 > Y24382 > **B226**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > Y9022 > B181 > **Y23788**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > Y9022 > Y23181 > **Y143277**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > A11940 > **Y143451** (5 гаплотипов),

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > A11940 > Y143451 > **BY40769** (2 гаплотипа),

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > L1034 > L1442 > **Y23732**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > L1034 > L1442 > Y23732 > **Y23733**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > L1034 > L1442 > Y24222 > **Y62987**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 > Z1927 > Z1933 > VL62 > Z1939 > Z2445 > CTS7189 > Z4218 > Y24217 > **Y23730** (2 гаплотипа).

Мы видим, что это, в принципе, те же самые линии, что были описаны выше при анализе башкирских гаплогрупп и субкладов.

### Гаплогруппа J2

Из 3 гаплотипов башкир в списке данной гаплогруппы два относятся к субкладу J2a и один к субкладу J2b:

J2 > J2a-M410 > PF5008 > L581 > Z378823 > PF5000 > PF4993 > PH1795 > **Y154124**,

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > Y164901 > **FT12693**,

J2 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > Y12007 > Y12000 > **Y33540**.

Все три линии встречаются среди русских гаплотипов, как описано выше.

### Гаплогруппа G1

Три башкирских образца (один GG164 и два GG157) в списке YFull являются в определенной степени родственными (выделены):

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124 > GG313 > GG167 > GG162 > **GG164** > **GG157**.

### Гаплогруппа I2a

Два башкирских гаплотипа с одинаковым снипом Y94994 относятся к южнославянской линии:

Y3120 > Y4460 > Y3106 > A6105 > **Y94994**.

Эта линия была в деталях описана выше.

### Гаплогруппа J1

Один башкирский образец со снипом CTS1460 является последним в цепочке снипов:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > **CTS1460**.

Этот снип определенно недотипирован, поскольку образовался 43 снип-мутации, или при-

мерно 6,2 тыс. лет, назад. Нижестоящие снипы в большинстве относятся к чеченцам, поэтому с хорошей вероятностью и башкирский снип имеет то же происхождение.

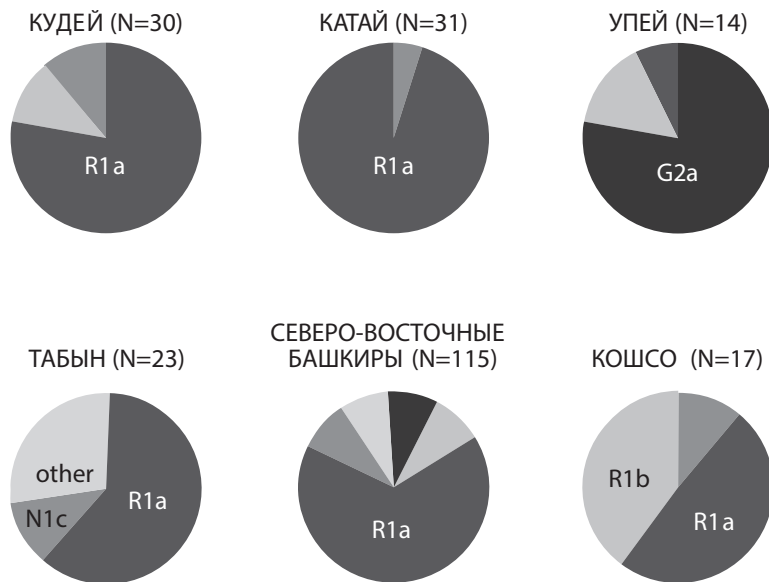
### Еще о разнородной родовой структуре башкирских кланов

Приведем несколько иллюстраций состава башкирских кланов в отношении гаплогрупп. Например, северо-восточные башкирские кланы (Кудей, Катай, Кошсо, Табын) содержат в основном гаплогруппу R1a, кроме клана Упей с основной гаплогруппой G2a. К сожалению, в соответствующей публикации не приведены гаплотипы, которые популяционные генетики не приводят последние много лет, поэтому об истории этой гаплогруппы в клане Упей ничего сказать нельзя. В клане Кошсо около 40 % гаплогруппы R1b, но по той же причине о ее происхождении и истории сказать ничего нельзя. У всех в незначительных количествах присутствует гаплогруппа N1a, но ясно, что вклад уральских источников у этих кланов мал.

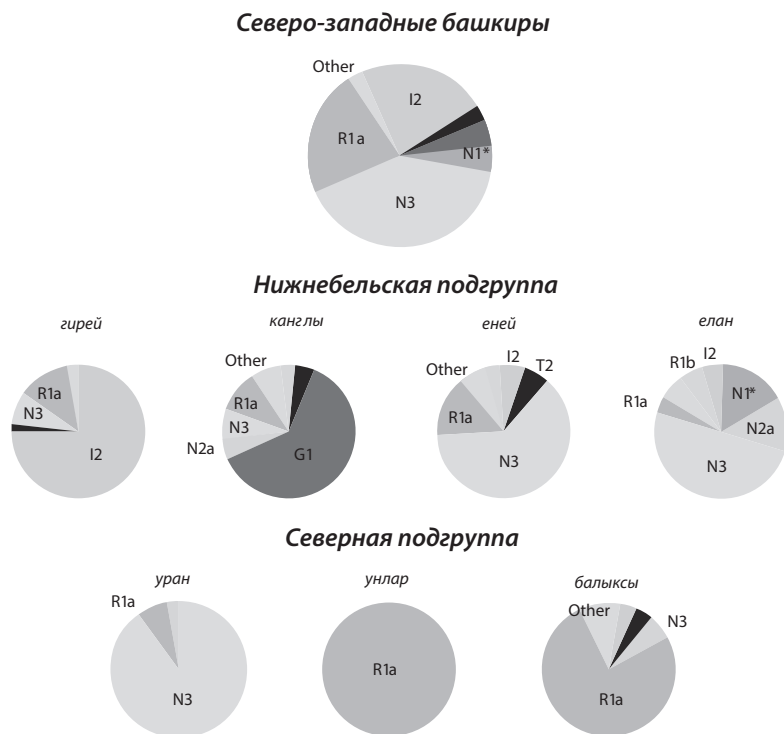
Другая ситуация у кланов северо-западных башкир (рис. 67). У клана Гирей доминирует гаплогруппа I1, но эта гаплогруппа может там быть совсем недавней. Опять, к сожалению, популяционные генетики не представили в цитируемой статье гаплотипы, что обесценивает данные, полученные для клана Гирей, приведенные ниже, в историческом отношении. Именно в этом состоит основное различие между ДНК-генеалогией и «популяционной генетикой» или «генеогеографией». Последние фиксируют то, что видят, но не более того.

Это же относится и ко всем остальным диаграммам. Доля гаплогруппы без исторического анализа мало что дает. То ли это недавние поступления, то ли древние, и в такой ситуации рассуждения в цитированной статье большого смысла не имеют.





**Рис. 66.** Клань северо-восточных башкир ([http://генофонд.рф/?page\\_id=15849](http://генофонд.рф/?page_id=15849)). См. цветную вклейку.



**Рис. 67.** Клань северо-западных башкир ([http://генофонд.рф/?page\\_id=30881](http://генофонд.рф/?page_id=30881)). Несмотря на то что публикация конца 2018 г., в ней использовалась давно устаревшая номенклатура, которая была изменена еще в 2008 г. Вместо N3 следует читать N1a1, вместо N3a — N1a1-P298, вместо N3a4 — N1a1-Z1936. Обозначения N3a1 и N3a2, которые используются в тексте цитируемой здесь статьи, отменили еще в 2012 г. К сожалению, использование давно устаревшей номенклатуры — типично для статей популяционных генетиков (они же «генеогеографы») Е. В. Балановской и О. П. Балановского. См. цветную вклейку.

## 5. ЧУВАШИ

Чуваши относительно малоактивны в проведении тестов на ДНК. При населении в 1,5 млн человек, из которых половину можно принять за мужское население, в базе данных Русской равнины имеются данные всего по 9 чувашским мужчинам, в Академии ДНК-генеалогии из 938 человек ДНК-тестирование прошли всего 6 чувашей, в Проектах FTDNA, в которых обычно сотни и тысячи гаплотипов, у чувашей всего 38 человек, из которых данные по гаплогруппам имеются всего у 31 образца, в списке YFull из тысяч представителей разных народов имеется всего 4 чуваша.

Наиболее показательные сведения о распределении гаплогрупп чувашских мужчин имеются, видимо, в списке Eupedia, и при малой статистике — по данным Проекта FTDNA (табл. 14).

Преобладание гаплогрупп R1a и N1a не противоречит представлениям, принятым в научной

литературе, что происхождение чувашей связано в основном со степным, тюркским компонентом (это могло привести к гаплогруппе R1a-Z93) и уральским компонентом (в значительной степени гаплогруппа N1a). Правда, два образца ДНК чувашей в базе данных Русской равнины показали гаплогруппу R1a-Z280, не типичную для степняков и характерную для русского населения, но по двум образцам делать выводы, конечно, нельзя. Еще два образца ДНК чувашей, анализ которых был проведен в Академии ДНК-генеалогии (Москва), показали поверхностный субклад R1a-M198, который находится в иерархии субкладов «выше» субкладов Z280 и Z93, поэтому в этом отношении информативным не является. Наконец, еще один образец гаплогруппы R1a чувашей показал субклад Z280-CTS1211-YP340 (в сокращенной записи). Остальные три образца (из шести) показали гаплогруппу E1b-V13.

**Таблица 14.** Состав гаплогрупп у чувашей по данным статьи Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139 (p. 20), сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), Чувашского проекта FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/chuvashia?iframe=yresults>) и списка YFull: <https://www.yfull.com/tree/>

Гаплогруппа	Статья Tambets et al., 193 чел., %	Eupedia, 100–250 чел., %	FTDNA, 31 чел., %	Список YFull, число сипов
R1a	30	30	23	4
Z280	н/п	н/п	н/п	3
Z93	н/п	н/п	н/п	1
N1a	34	28		1
N1a1	23	н/п	26	1
Другие	11	н/п	н/п	0
E1b	6	13	19	3
V13	н/п	н/п	н/п	1
J2	11,4*	13	16	1
J2a	н/п	н/п	40	1
J2b	н/п	н/п	0	0
J1	н/п	1,5	3,2	0
I2a	12,4**	4,5	3,2	1
Y3120	н/п	н/п	н/п	1
R1b	3	3	6,5	0
I1	н/п	7	3,2	0
G	1	0	0	0
L	0,5	0	0	0
Q	0	0	0	0
T	н/п	0	0	0

\* Сумма гаплогрупп J1 и J2.

\*\* Сумма гаплогрупп I1 и I2.

В списке YFull среди тысяч субкладов всех гаплогрупп есть четыре представителя чувашей, из них трое с гаплогруппой E:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y2947 > Y2962 > Y40386 > **Y152161** (2 образца),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > S2979 > Z16659 > Y3183 > S2972 > A7135 > **Y18360**.

Первая линия у чувашского представителя — это редкий случай в Европе, когда цепочка снипов не проходит через субклад V13 (как, например, во второй линии).

Четвертый представитель показал гаплогруппу I2a, снип A7134, типичной южнославянской (дунайской) ветви:

Y3120 > Y18331 > A2512 > **A7134**,

в деталях описанной выше. В списке YFull последний снип найден всего у трех человек (включая одного чуваша), хотя обычно «возраст» снипов рассчитывают как среднюю датировку по сотне его носителей, и в округленном виде данные показывают, что снип образовался  $12 \pm 2$  снип-мутаций назад, или  $1700 \pm 300$  лет назад.

По данным Eupedia и Проекта FTDNA (см. табл. 14), гаплогруппа E1b у чувашей находится на третьем месте после R1a и N. Довольно неожиданно, поскольку по данным базы Русской равнины и Академии ДНК-генеалогии, эта гаплогруппа оказалась на первом месте, правда, с недостаточной статистикой. В базе Русской равнины из девяти гаплотипов три оказались гаплогруппы E1b-V13, в Академии ДНК-генеалогии из шести трое оказались носителями той же E1b-V13, это — наиболее часто встречающийся субклад гаплогруппы E1b в Европе и на Русской равнине, в частности. Этот субклад был довольно детально рассмотрен выше в настоящей книге. Интересно, что все три гаплотипа V13 в базе данных Русской равнины были почти одинаковы, в 37-маркерном формате на все три было всего 3 мутации от предкового гаплотипа:

13 24 13 **11** 16 18 11 12 12 13 11 30 **16** 9 9 11 11  
**25** 14 20 **33** 14 16 17 17 9 **12** 19 21 **16** 12 17 **21**  
**33** 35 11 10,

в котором выделены 10 мутаций на первых 37 маркерах от 67-маркерного предкового гап-

типа для 193 европейских гаплотипов, общий предок которых жил  $3450 \pm 350$  лет назад:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Кстати, 10 мутаций на 37-маркерных гаплотипах накапливаются за  $10/0,09 = 111 \rightarrow 128$  условных поколений, или примерно за 3,2 тыс. лет. Это вполне согласуется с датировкой предкового гаплотипа гаплогруппы E-V13 для наших современников —  $3450 \pm 350$  лет назад, в пределах указанной погрешности расчетов.

Три мутации на трех 37-маркерных гаплотипах (от их предкового гаплотипа) соответствуют датировке их общего предка  $282 \pm 165$  лет назад (без округления). Другими словами, эти гаплотипы принадлежат группе фактических родственников. Осталось уточнить, так случайно получилось и остальные гаплотипы группы V13 удалены по числу мутаций, или сама гаплогруппа E-V13 в Чувашии молодая по происхождению. Но если в Чувашии действительно 13 % всех мужчин относятся к этой гаплогруппе, то соображение о ее «молодости» маловероятно.

Для ответа на данный вопрос привлечем 18-маркерные гаплотипы двух носителей субклада E-V13 из Чувашии по данным исследования Академии ДНК-генеалогии:

13 24 13 11 16 18 12 14 11 31 26 14 20 33 16 17  
10 21,  
13 24 13 11 17 18 13 13 11 30 26 14 20 33 16 17  
10 22.

Между их гаплотипами 4 мутации, что эквивалентно расстоянию между ними  $4/0,0446 = 90 \rightarrow 101$  условное поколение, или примерно 2525 лет, и их общий предок жил примерно 1250 лет назад, в конце I тыс. н. э. Это тоже относительно недавняя датировка, но все же не несколько сотен лет назад. Вывод: три гаплотипа в базе данных Русской равнины принадлежат родственникам и не являются репрезентативными для мужского населения Чувашии. Кстати, два последних гаплотипа отличаются на две и три мутации соответственно от недавнего предкового гаплотипа двух чувашей из базы данных Русской равнины.

Остальные 6 гаплотипов чувашей из базы данных Русской равнины разбросаны по разным

гаплогруппам. Среди них два гаплотипа гаплогруппы R1a, но разных ветвей:

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > **YP569**,

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > **CTS11962**.

Первый — типичный восточнославянский гаплотип, североевразийская ветвь, второй — типичный центральноевропейский гаплотип.

В той же базе данных находится единичный чувашский гаплотип гаплогруппы J2b:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > **Z631**.

Точно такой же снип был найден среди русских гаплотипов, и вся цепочка рассмотрена выше в соответствующем разделе.

Наконец, среди чувашских гаплотипов в той же базе данных имеются 3 гаплотипа гаплогруппы N1a, из которых два относятся к субкладу P43 и один — к субкладу N1a1, то есть к двум разным ветвям гаплогруппы N:

N-M231 > Z4762 > L729 > N1a2-L666 > **N1a2b-P43**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > **Z1936**.

## Чуваши в базе данных Проекта FTDNA

Хотя в базе данных имеется всего 31 гаплотип, отнесенный к определенным гаплогруппам из общего числа в 38 гаплотипов, но даже в тех случаях 21 гаплотип описан поверхностными снипами (N-M231, J2-M172, I-M253, R1a-M198, E-M35).

Остальные 10 гаплотипов относятся к следующим линиям:

В гаплогруппе R1a:

Z280 > CTS1211 > YP1034 > YP343 > YP340 > **FGC2555** (2 гаплотипа),

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > **CTS8816**,

(эти линии были рассмотрены выше в этой книге).

В гаплогруппе N1a1:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > **Z1936** > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1927 > Z1933 > VL62 > Z1941 > Z1940 > Z4770 > Z5038 > CTS4303 > **CTS8445**.

В гаплогруппе E:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13** > Z1057 > CTS1273 > Y35953 > **BY5400**.

В гаплогруппе I2a:

I2-M438 > I2a1-L460 > **P37** > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966/L147 > Y3120 > **S17250**.

Последние 2 гаплотипа относятся к южнославянской группе.

В гаплогруппе R1b:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > **Z2103**.

Это — типичный субклад происхождения из ямной археологической культуры.

В гаплогруппе J1:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > **CTS1460**.

Точно такой же субклад (выделен) найден у украинского носителя гаплогруппы J1.

В гаплогруппе J2a:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y7687 > **M47**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > Y164901 > **FT12599**.

## 6. ЧЕЧЕНЦЫ

Чеченцы по численности находятся на шестом месте в РФ, согласно переписи населения 2010 г., по которой их в России примерно 1,4 млн человек.

Наиболее показательные сведения о распределении гаплогрупп чеченских мужчин приведены в табл. 15.

Мы видим, что данные Eupedia практически подчистую списаны из единственной статьи (цитируется под таблицей), но не очень аккуратно, поскольку по гаплогруппам N и Q в Eupedia допущены искажения. В более многочисленной базе данных FTDNA данные несколько различаются, но концептуально ненамного. В любом случае, у чеченцев доминирует гаплогруппа J2a, на втором месте гаплогруппа J1, и далее с большим отрывом идут гаплогруппы L, G, R1a, Q и R1b. Остальных гаплогрупп у чеченцев практически нет.

**Таблица 15.** Состав гаплогрупп у чеченцев по данным Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), статьи, опубликованной в 2011 г., по данным чеченской базы данных FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/chechen-noahcho/default.aspx?section=yresults>) и по данным коллектива YFull. Численность тестированных чеченцев в списке Eupedia — по данным сайта Eupedia

Гаплогруппа	Доля в %			Данные YFull
	Eupedia (250–500 чел.)	Статья* 2011 г. (330 чел.)	FTDNA (928 чел.)	Число чеченских образцов по гаплогруппам (всего 199 образцов)
J2	56,5	56,3	47	83 (42 %)
J2a	н/п	55,2	46 (98 %)	82 (99 %)
J2b	н/п	0,3	1 (2 %)	1 (1 %)
J1	21	21	26	67 (34 %)
L	7	7	13	15 (7,5 %)
G	5,5	5,5	4,1	7 (3,5 %)
R1a	4	4	1,5	10 (5 %)
R1b	2	1,5	1,8	9 (4,5 %)
I	0,5	0,3	0,4**	0
Q	0	3,3	5	6 (3 %)
E1b	0	0	0,1	0
N	0	0,6	0,5	0
R2	0	0	0,3	0
C	0	0	0,2	1 (0,5 %)
T	0	0	0,4	1 (0,5 %)

\* *Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920.*

\*\* Гаплогруппа I2.

В целом Кавказ в отношении доминирующих гаплогрупп делится на две довольно четко выраженные части. В северо-западной и центральной части Кавказа (абхазы, черкесы [адыги], шапсуги [адыги], осетины [иронцы и дигорцы]) доминирует гаплогруппа G2a, в восточной части Кавказа (авары, чеченцы, ингуши, лезгины даргинцы, субэтноты последних кайтагцы и кубачинцы), доминируют гаплогруппы J1 и J2. Естественно, перечисленными народностями население Кавказа не исчерпывается. Но в данной книге это не так важно, мы рассматриваем народы Российской Федерации, хотя среди этих народов немало представителей Кавказа. Чеченцы среди них — одни из самых многочисленных в России.

Преобладание гаплогрупп J2 и J1 у чеченцев неслучайно, эта гаплогруппа характерна, как сообщалась выше, для Восточного Кавказа, как показывает дерево гаплотипов на рис. 68. Видно, что всю правую половину дерева и как минимум

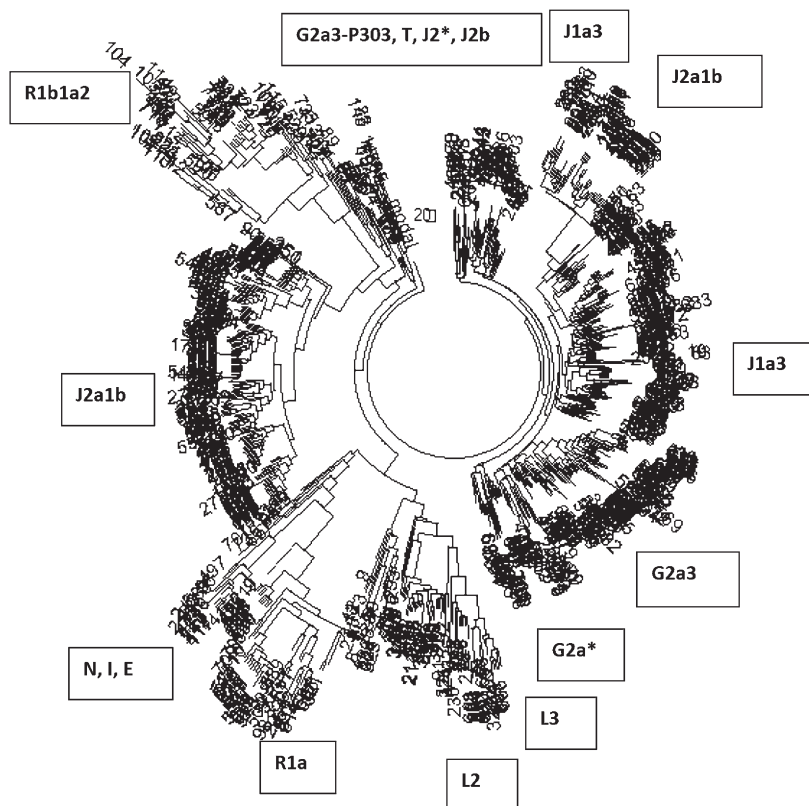
половину левой занимает гаплогруппа J с субкладами.

Последующее описание закономерностей чеченских гаплогрупп и субкладов базируется в основном на цитируемой выше статье, кроме 5 гаплотипов чеченцев, определенных в Академии ДНК-генеалогии, о чем будет специально отмечено.

В Дагестане и Ингушетии доля чеченцев гаплогруппы J2 составляет 58 % и 51 % соответственно.

Правая верхняя ветвь гаплогруппы J2 на восточном Кавказе — почти исключительно чеченская. Она в свою очередь состоит из пяти подветвей, которые демонстрируют, что чеченцы расходятся по пяти группам (не абсолютно, но преобладающе) — верхние две подветви в основном чеченцы в Чечне, далее по часовой стрелке — чеченцы в Дагестане, далее — чеченцы в Чечне, и далее — чеченцы в Дагестане.





**Рис. 68.** Дерево из 736 19-маркерных гаплотипов народов северо-востока и востока Кавказа — аваров, чеченцев, даргинцев, ингушей, кайтаков, кубачинцев, лезгинов. Построено по данным (Balanovsky et al., 2011)

Четыре 19-маркерных гаплотипа классифицированы как принадлежащие «корневой» гаплогруппе J2-M172, с условным предковым гаплотипом:

12 23 14 10 14 16 11 15 11 13 11 30 17 15 20 11  
16 9 23,

и датировкой общего предка  $9450 \pm 1700$  лет назад.

Остальные 182 гаплотипа относились к гаплогруппе J2a1a1a2b2-M67, из которых 175 были в полном 19-маркерном формате, имели предковый гаплотип:

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 30 17 15 20 10  
16 9 23

и датировку общего предка  $6000 \pm 630$  лет назад.

При таком количестве гаплотипов J2a в выборке из 187 гаплотипов гаплогруппы J2, в ней есть только один гаплотип группы J1b.

Для сравнения, среди чеченских гаплотипов есть 70 гаплотипов гаплогруппы J1-M267 с базовым (предковым) гаплотипом:

12 23 15 10 12 18 11 13 11 13 11 30 19 14 21 11  
15 10 21,

и общим предком, который жил  $4800 \pm 540$  лет назад. В этом гаплотипе выделены 6 маркеров, которые в типичном базовом гаплотипе евреев древней гаплогруппы J1 с датировкой примерно 4 тыс. лет назад имеют вид 12 23 14 10 16 11 (так называемый 6-маркерный гаплотип Авраама), которого среди чеченцев нет в предковом гаплотипе выше (разница в 4 мутации на 6 маркерах, что эквивалентно  $4/0,0074 = 541 \rightarrow 797$  условным поколениям, или 19,9 тыс. лет между чеченскими и еврейскими предковыми гаплотипами). Более того, среди 70 чеченских гаплотипов гаплогруппы J1 нет ни одного, в котором были бы эти 6 маркеров «гаплотипа Авраама». Все это означает, что ветви будущих чеченцев и будущих евреев разошлись примерно 10 тыс. лет назад, задолго до формирования евреев и последующего обретения ими иудаизма.

Для чеченских гаплогрупп характерно присутствие довольно необычной гаплогруппы L, в виде субклада L1a2-M357 (= L1307). Этот субклад совершенно поверхностный и образовался 117 снп-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад. Вообще цитируемой выше статье Балановского и других свойственно определение совершенно поверхностных субкладов всех гаплогрупп, что малоинформативно. Среди 330 чеченских гаплогрупп к группе L-M357 относится 23 гаплогруппы, или 7 %, с базовым гаплогруппом:

12 22 15 10 9 16 11 12 11 13 14 30 18 16 17 11  
16 10 22

и временем жизни общего предка всего  $980 \pm 200$  лет назад. Это означает, что гаплогруппа L вошла в чеченское общество сравнительно недавно. Конечно, это не субклад L-M357, а нижестоящий, многими тысячелетиями ближе к нашему времени. Ниже будут показаны более реалистичные субклады этой гаплогруппы.

В отношении гаплогруппы G среди выборки чеченцев в 330 человек есть:

10 носителей субклада G2a1a-Z6653 и 8 — субклада G2a2b2a-P303.

G2a-P15 > Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653.

G2a-P15 > L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303.

Как видно, это две разные ветви родительского субклада G2a-P15. Оба субклада широко распространены на Кавказе, и для чеченцев имеют соответствующие базовые гаплогруппы:

14 22 15 10 15 16 11 12 11 12 10 29 18 16 21 11  
15 10 21,

14 23 15 10 13 15 11 12 12 12 11 29 16 16 20 12  
16 11 22,

носители которых жили  $3035 \pm 570$  и  $3800 \pm 720$  лет назад соответственно, то есть примерно в одно и то же время в пределах погрешности расчетов. Первый гаплогрупп отличается всего на 2 мутации от базового гаплогруппа черкесов и осетин (дигорцев и иронцев) того же субклада G2a-Z6653 возрастом  $2500 \pm 490$  лет:

14 22 15 10 15 16 11 12 12 12 10 29 17 16 21 11  
15 10 21,

второй гаплогрупп относительно близок базовому гаплогрупп аварцев субклада G2a-P303 возрастом  $5975 \pm 890$  лет:

14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 17 — 17 16 20  
12 16 10 21.

Показанные базовые (предковые) гаплогруппы двух чеченских линий (Z6653 и P303) различаются на 13 мутаций. Для 19-маркерных гаплогрупп — это огромное расстояние, соответствующее  $13/0,03681 = 353 \rightarrow 526$  условным поколениям, или примерно 13 150 годам, и общий предок обеих линий жил примерно  $(13\,150 + 3035 + 3800)/2 = 9990$  лет назад. Действительно, огромное расстояние и должно быть, поскольку гаплогруппы относятся к двум разным Y-хромосомным линиям.

Гаплогруппы R1a у чеченцев мало, всего 13 гаплогрупп на 330 человек в выборке. Типирование их в цитируемой статье исключительно поверхностное, они отнесены к субкладу M198 (xM458), то есть нижестоящий субклад M458, в значительной степени славянский, исключается. Скорее всего, у чеченцев окажется в основном R1a-Z93, как у большинства кавказских носителей гаплогруппы R1a. Базовый гаплогрупп этой группы чеченцев:

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

значительно отличался от базового гаплогруппа группы башкир субклада R1a-Z93, что в целом понятно — миграции ариев на восток были другими по сравнению с миграциями ариев на юг, через Кавказ. Тем более что общий предок этой группы из 13 чеченцев жил относительно недавно,  $1700 \pm 360$  лет назад, в первой половине I тыс. н. э. Это на тысячелетия позже времен арийских миграций. Впрочем, и базовый гаплогрупп башкир относился к относительно недавним временам — к середине I тыс. н. э. В любом случае, показанные гаплогруппы предков чеченцев и башкир не свидетельствуют о контактах между ними.

Гаплогруппы Q у чеченцев в выборке из 330 человек мало, но заметно — 11 образцов. Но она тоже относительно недавняя, общий предок данной гаплогруппы с базовым гаплогруппом:

13 24 13 10 13 16 12 12 14 14 14 30 15 14 19 11  
16 12 22

жил всего  $1400 \pm 330$  лет назад, опять примерно в середине I тыс. н. э. Гаплогруппа Q чеченцев в данной выборке была недотипирована, показан только сам «корневой» субклад гаплогруппы Q-M242.

Почти такая же картина с гаплогруппой R1b в данной выборке. Все пятеро чеченцев были обо-

значены как носители субклада M269, который на самом деле образовался 101 снип-мутацию, или примерно 14,5 тыс. лет, назад. Правда, все четыре чеченца, для которых были приведены полные 19-маркерные гаплотипы, имели первый маркер в гаплотипах с числом (аллелью) 12 и базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 13 13 13 29 16 15 19 13  
16 12 24.

Этот первый маркер свидетельствует с максимальной вероятностью о субкладе R1a-Z2103 (или его нижестоящих субкладах), который пришел на Кавказ из ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 лет назад) Поволжья или Калмыкии. Общий предок этих четырех чеченцев жил  $3900 \pm 960$  лет назад, что не противоречит высказанной гипотезе о происхождении их гаплогруппы R1b.

Наконец, в данной выборке чеченцев было еще три одиночных гаплогруппы-субклада — два относились к гаплогруппе N, но были поверхностными и, соответственно, практически неинформативными в данном контексте, и один — к гаплогруппе I-M170, опять «корневого» субклада, тоже практически неинформативного.

### Чеченские гаплотипы в Академии ДНК-генеалогии (Москва)

По обращениям чеченцев у них в Академии определили только 5 гаплогрупп-субкладов-гаплотипов, из 938 образцов представителей, включая другие этносы.

Один из них относился к гаплогруппе J1, снип Z1842:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > **Z1842**,

рассмотренный выше в выборках русских, украинцев, чувашей.

Двое имели снип Y3612 в гаплогруппе J2a, и третий — нижестоящий снип Y17406:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > M67 > **Y3612** > **Y17406**.

Эта линия встречалась у русских и украинцев, как обсуждалось выше.

Наконец, один чеченец (тайп Пхьамто) имел снип Y6266 в гаплогруппе L:

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > Y1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > **Y6266** > FGC23590.

Последний снип в этой цепочке образовался 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад, предпоследний — 26 снип-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад. Где-то в этом диапазоне времен образовался снип указанного чеченца, поскольку его снип (Y6366) мог быть недотипирован.

### Снипы чеченцев в списке снипов YFull

Данные табл. 15 весьма показательны в том отношении, что число чеченских образцов в таблице снипов YFull по гаплогруппам в целом коррелирует с долей чеченских образцов в других базах данных, хотя принцип формирования таблицы снипов совершенно другой. Мы видим, что наибольшее число снипов представлены гаплогруппами J2 и J1 (42 % и 34 % от всех), причем практически все снипы гаплогруппы J2 относятся к J2a, гаплогруппа J2b практически отсутствует. На третьем месте стоит гаплогруппа L (7,5 % от всех). Гаплогруппы R1a, R1b, G, Q выражены относительно незначительно, представительства гаплогрупп C и T практически нет. Такую же картину показывают и другие базы данных.

Но ценность списка YFull, в отличие от других баз данных, в том, что он показывает максимально «глубокие» снипы, что позволяет увидеть динамику их образования, в данном случае у чеченцев. Рассмотрим характерные примеры.

### Гаплогруппы J1 и J2

Мы уже пришли ранее к выводу, что гаплогруппа J1 у чеченцев не имеет никакого отношения к гаплогруппе J1 у евреев и арабов в течение последних многих тысяч лет. Расхождение соответствующих генеалогических ветвей произошло значительно ранее. Теперь, просматривая динамику глубоких снипов у чеченцев, мы замечаем, что снипы у них идут сериями, или гроздьями, если угодно, оставаясь в чеченской среде. Таких практически непрерывных серий в гаплогруппе J2 у чеченцев можно насчитать по меньшей мере пять, в каждой от пяти до десяти снипов подряд.

Пример представляет серия нисходящих снипов на рис. 69, все образовались в диапазоне времен от 1,5 тыс. до 850 лет назад. Подобную серию представляют снипы Y17599, Y32671, Y32674, Y36183, Y54600 (всего 8 образцов, некоторые

идут дублями, то есть два чеченца с идентичным глубоким снипом), в диапазоне времен 2,3 тыс. — 850 лет назад. Есть серии по 11 нисходящих снипов, в которых находятся 17 образцов с дублями и триплетами образцов — Y6961, Y6957, Y11149, Y155407, Y135960, Y152346, Y62374, Y143672, Y24466, Y42163, Y155394, в диапазоне времен образования снипов 2,3 тыс. — 500 лет назад.

Еще пример серий чеченских снипов — Y81589, Y140344, Y36221, Y145223, Y155404, Y157260, Y157780 (9 образцов), в диапазоне времен образования снипов 1,8 тыс. — 700 лет назад, и Y73990, FT18074, Y20905, BY18372, Y7799, Y157656, Y95900, Y78453, Y7798, Y42056, Y66503

(21 образец в серии, включая дуплеты, триплет и квадруплет), в диапазоне времен образования снипов 1,5 тыс. — 350 лет назад.

Если проследить динамику образования предшествующих, родительских снипов, то они уходят в глубину на 12,1 тыс. — 11,3 тыс. лет назад, с представителями из Йемена, Кувейта, Бахрейна, и далее нижестоящие снипы продолжают в Турции (8,1 тыс. лет назад) и переходят в Ингушетию (7,6 тыс. лет назад). Похоже, что это отражение известных урукских миграций, которые двигались на север с Ближнего Востока примерно 7 тыс. лет назад, но датировки, конечно, ориентировочные.



Рис. 69. Серия чеченских снипов (обозначение RU-CE) в гаплогруппе J2, по данным YFull (<https://www.yfull.com/tree/J2/>)

Подобная картина множественных серий глубоких снийпов у чеченцев наблюдается и в гаплогруппе J1, например, серия снийпов ZS3009, Y36737, Y36269, BY37568, Y36270, Y30433, ZS10930, Y129538, BY50885, Y130256, Y16575, FT11364, BY171066, BY169147, Y98761 (30 образцов подряд в дублетах, триплетах и более множественных повторов под одним глубоким снийповом), в диапазоне времен 4,6 тыс. — 150 лет назад.

Еще серия в гаплогруппе J1 у чеченцев — Y166886, BY55308, Y81380, ZS11710, Y86300, ZS113316, Y140354, Y140352, Y140359, Y140345 (13 образцов), в диапазоне времен 4,8 тыс. — 650 лет. В эти времена, как совершенно очевидно, и формировалось объединение предков современных чеченцев гаплогруппы J1.

Еще пример относительно «старой» группы чеченцев, видимо, одного из древнейших тейпов гаплогруппы J1, серия снийпов ZS2910, Z68686, Y128605, Y151410, Y143423, ZS640, ZS1000, ZS7629 (14 образцов, большинство дублетов), в диапазоне времен 4800–1050 лет назад.

Если опять проследить динамику образования предшествующих, родительских снийпов, теперь в гаплогруппе J1, то они уходят в глубину на 11,1 тыс. — 10,8 тыс. лет назад, с представителями из Саудовской Аравии и Кувейта, и далее нижестоящие снийпы продолжают в Кувейте, Ливане и Армении (6,3 тыс. — 5,6 тыс. лет назад) и переходят к предкам современных чеченцев 4,8 тыс. — 4,6 тыс. лет назад.

## Гаплогруппа L

15 носителей гаплогруппы L среди чеченцев относились к восьми глубоким субкладам, поскольку среди них были три дублета и три триплета. Эти субклады в основном связаны друг с другом в цепочках снийпов, как показано ниже:

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > **FGC23590** (3 образца),

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > L6258 > **Y102843**,

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > L6258 > Y102843 > **Y145612** (2 образца),

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > L6258 > Y6257 > Y86295 > **Y112660** (2 образца),

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > L6258 > Y6257 > **L6268** > L6268a > **Y19629** > **Y24497** (L6268 — 3 образца; Y24497 — 2 образца),

L-M20 > L1-M22 > L1b-M317 > SK1412 > Y18366 > Y16187 > Y18413 > **Y18891**.

Надо сказать, что последний субклад Y18891 образовался 13 снийп-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет, назад и находится в таблице снийпов в окружении трех турецких образцов.

Как видно, все шесть чеченских линий относятся к субкладу L1-M22, и пять из них относятся к нижеследующему субкладу Y6266, который образовался 26 снийп-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад. Четыре из них относятся к субкладу L6268, который образовался 8 снийп-мутаций, или примерно 1150 лет, назад. Напомним, что анализ 23 гаплотипов чеченцев гаплогруппы L, в виде поверхностного субклада L1a2-M357 (образовался примерно 17 тыс. лет назад), показал, что их общий предок жил весьма недавно, всего 980 ± 200 лет назад. Это, скорее всего, были субклады, нижестоящие к L6268. Действительно, все 15 чеченских снийпов гаплогруппы L находятся во временном интервале 1450–750 лет назад, то есть вошли в чеченские тейпы относительно недавно, уже в нашей эре, скорее всего, во второй половине I тыс. н. э.

## Гаплогруппа R1a

Из десяти чеченских образцов гаплогруппы R1a шесть относятся к южноарийскому субкладу Z93 и нижестоящим снийпам:

Z645 > Z93 > Z94 > **Z2124** > Z2125 > S23592 > YP1558 > YP5844 > **Y95687** (один Z2124 и два Y95687),

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1558 > S23201 > S21872 > **YP5505**,

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > YP451 > YP449 > **YP450**,

Z645 > Z93 > KMS149 > **Y20793**,

один относится к европейскому субкладу M458 (центральноевропейской ветви L1029),

Z645 > M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP417 > YP418 > YP1013 > **Y41402**,



и еще три — к субкладу Русской равнины Z280 (его североевразийской ветви Z92, балто-карпатской ветви CTS3402 и восточнокарпатской ветви Y2902):

Z645 > Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > Y5570 > YP682 > YP1698 > YP1696 > **YP6187**,

Z645 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP582 > YP578 > Y10802 > YP1078 > A7020 > **A7015**,

Z645 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > **BY32474**.

Это показывает, что у чеченцев гаплогруппа R1a «приходящая», состоит из разрозненных субкладов вышестоящей гаплогруппы R1a-Z645. Это может отражать вклад арийской или более поздней скифской компоненты Z93, а также славянских (в большой степени) компонент Z280 и M458.

### Гаплогруппа R1b

Все 9 образцов чеченской Y-хромосомы в данной гаплогруппе относятся к субкладу Z2103:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > **Z2103**,

который образовался 41 снип-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад. Все ископаемые образцы ДНК из ямной культуры на Волге (современная Самарская область) и в Калмыкии относились к гаплогруппе R1b, и почти все имели субклад Z2103. Это — «прародина» современных чеченцев гаплогруппы R1b. Археологическая датировка ямной культуры 5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад, поэтому интересно взглянуть на датировки чеченских «глубоких» снипов.

Один образец чеченской Y-хромосомы имел снип Z2103, датировка образования которого указана выше, примерно 5,9 тыс. лет назад. Датировки образования остальных 8 снипов у чеченцев (выделены в цепочках снипов ниже) укладываются в интервал 4,1 тыс. — 3 тыс. лет назад, что логично, поскольку на миграцию и на выживание потребовалось время. Датировки ниже относятся к выделенным снипам (по расчетам группы YFull):

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > A12332 > **Y155609** (4,1 тыс. лет назад),

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > A12332 > **Y159888** (4,1 тыс. лет назад),

Z2103 > Z2106 > CTS8966 > CTS347 > **Y37188** > **Y88121** (4,2 тыс. и 3,5 тыс. лет назад соответственно; последний снип — у двух образцов),

Z2103 > Z2106 > CTS8966 > BY3295 > PH4902 > **ZQ621** (4,1 тыс. лет назад),

Z2103 > Y4364 > M12135 > Y86971 > Y81705 > **Y128770** (3,3 тыс. лет назад),

Z2103 > Y13369 > L584 > Y18781 > PH2731 > **BY169242** (3 тыс. лет назад).

Из этого небольшого исследования следуют важные выводы по истории чеченского народа. Мы видим, что небольшая, но компактная (в отношении снипов) группа чеченцев имеет свои корни в ямной культуре, гаплогруппа R1b. Возможно, чеченские носители этой гаплогруппы образуют один или несколько родственных тейпов, весьма древних. Важно и то, что носители гаплогруппы R1b из ямной культуры направились не на запад, в Европу, а на юг, на Кавказ. Наиболее компактные группы носителей R1b-Z2103 и нижестоящих субкладов наблюдаются в Чечне и Армении, а также дальше на юг, в Турции, Саудовской Аравии, Кувейте. В Европе их относительно много в Италии, во всей же остальной Европе это разбросанные, единичные образцы, предки которых могли там появиться в любое время, «диффузным» путем.

К сожалению, популяционные генетики подхватили ошибочные воззрения авторов и последователей «курганной культуры», что насельники ямной культуры направились на запад и якобы принесли туда свою гаплогруппу R1b, а с ней индоевропейские языки. При этом популяционные генетики не смотрели на субклады гаплогруппы R1b и не заметили, что субклада Z2103 и нижестоящих снипов в Европе почти нет, а те, кто есть, передвинулись туда намного позже (армяне, например) и имеют намного более поздних «общих предков», в отличие, например, от чеченцев и других кавказцев. В Европе на 99 % другие субклады гаплогруппы R1b, в первую очередь P312, U106 и их нижестоящие ветви, которые заселяли Европу уже с Пиренейского полуострова, а не с востока, со стороны Волги.

### Гаплогруппа G

Чеченские образцы данной гаплогруппы относятся к линиям G2a1-Z6552 и G2a2-L1259, и пять из них относятся к ветви P303 и далее U1, которая

образовалась 74 снип-мутации, или примерно 10,7 тыс. лет, назад. В те времена носители субкладов G2a1 и G2a2 жили, видимо, в Передней Азии, отсюда в части пришли в Европу, откуда и бежали на Кавказ после их почти полного уничтожения в III тыс. до н. э.

Датировки после выделенных снипов чеченцев показывают, что все эти снипы в основном не столь древние, за исключением одного, который образовался 5,3 тыс. лет назад, остальные образовались в период времени между 3,7 тыс. и 2 тыс. лет назад.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > **Z31459** > Y36736 > Z31461 > **Z45053** (2,3 тыс. лет назад).

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y18370 > PH1780 > PH311 > **Y18376** (2 тыс. лет назад).

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > **Z30715** (3,7 тыс. лет назад).

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > S9409 > Y142068 > **BY53677** (3,2 тыс. лет назад).

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > Z44222 > Z44239 > Z44226 > FT9612 > **FT8464** (2,2 тыс. лет назад).

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L13 > **Z2022** (5,3 тыс. лет назад).

## Гаплогруппа Q

Все 6 снипов гаплогруппы Q расходятся по трем дублям, все относятся к субкладу Q1b1 и к его нижестоящему снипу YP4055, который образовался относительно недавно, 19 снип-мутаций, или примерно 2,7 тыс. лет, назад:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Q1b1-L53 > YP4010 > YP4004 > YP4000 > YP4055 > BZ5214 > **BZ5200**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Q1b1-L53 > YP4010 > YP4004 > YP4000 > YP4055 > YP3952 > **Y151217**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Q1b1-L53 > YP4010 > YP4004 > YP4000 > YP4055 > **YP3952**.

Это может означать, что предки всех шестерых чеченцев прибыли на территорию современной Чечни не ранее первой половины I тыс. до н. э. и их прибытия не были разрозненными, независимыми друг от друга. Опять, эта гаплогруппа должна быть характерна для определенного тейпа или тейпов чеченцев.

## Малочисленные гаплогруппы C и T у чеченцев

В этих гаплогруппах в списке YFull имеется всего по одному образцу. В гаплогруппе C:

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > Z1300 > K700 > CTS3385 > FGC45548 > PH2194 > **Y37829**,

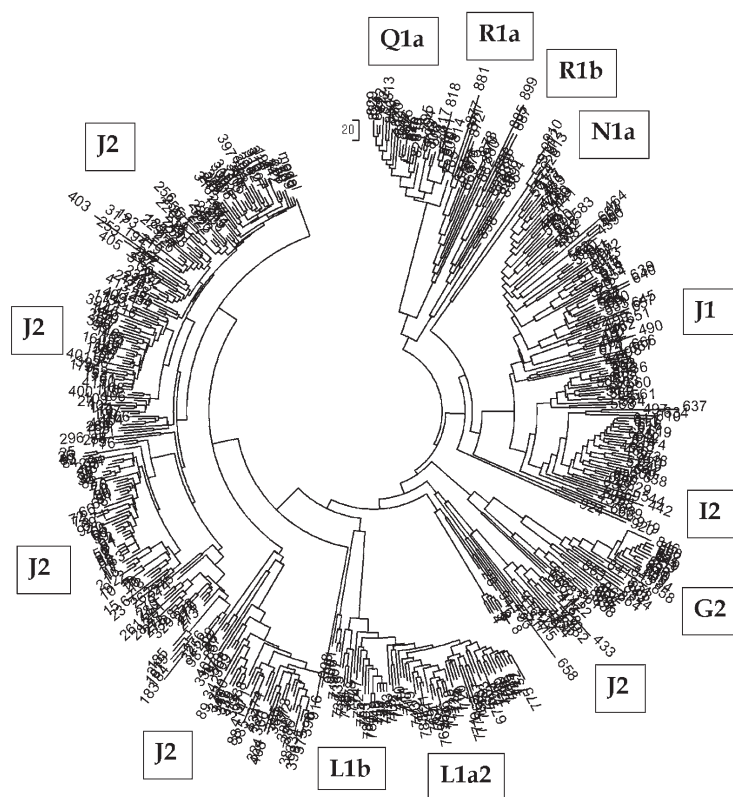
и в гаплогруппе T:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > Y6671 > **Y22559**.

Понятно, что они нехарактерны для чеченцев. Первый снип образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, последний — 49 снип-мутаций, или примерно 7 тыс. лет, назад, и скорее всего, оба недотипированы.

## Чеченская база данных FTDNA

После столь подробного описания структуры и происхождения основных гаплогрупп и субкладов у чеченцев-мужчин, даже столь многочисленная база, как FTDNA с почти тысячей гаплотипов, сюрпризов уже не приносит. Дерево гаплогрупп приведено на рис. 70, и основные ветви перечислены в табл. 15, наряду с информацией по другим базам данных. Основной по численности гаплогруппой продолжает быть J2, с ее 435 гаплотипами из 928, на втором месте — гаплогруппа J1 с ее 240 гаплотипами, на третьем — гаплогруппа L (109 гаплотипов субклада L1a2-M357 и всего 9 гаплотипов субклада L1b-M317). Надо сказать, что в Проекте FTDNA используется устаревшая номенклатура, почти 10-летней давности, и там эти два основных субклада записаны как L3 и L2. Это — типичная проблема популяционных генетиков, которая часто приводит к путанице.



**Рис. 70.** Дерево из 535 гаплотипов чеченцев в 37-маркерном формате. Источник гаплотипов — чеченская база данных FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/chechen-noahcho/default.aspx?section=yresults>). По кругу указаны гаплогруппы и субклады, к которым относятся ветви дерева. Вся левая часть дерева относится к гаплогруппе J2

Положительная сторона проекта FTDNA в том, что там для многих гаплотипов приведены названия тукхумов, тайпов, гар и/или некый, что (отчасти) позволяет ответить на вопрос, важный для понимания истории чеченцев, — действительно ли тайпы являются родовыми образованиями, то есть происходят от одного для тайпа патриарха, или за века и тысячелетия состав тайпов перемешался по гаплогруппам.

Начнем с относительно малочисленных гаплогрупп, чтобы проиллюстрировать высказанные выше положения.

### Гаплогруппа C

Оба представителя этой гаплогруппы — из тайпа Цесий тукхума Шарой. На первых 12 маркерах оба гаплотипа идентичны друг другу:

14 23 15 10 11 17 11 13 10 13 11 29,

но на этом один гаплотип заканчивается, так что 67-маркерный гаплотип второго в данном случае для сравнения ничего не дает. Первый образец типирован совершенно поверхностно, его суб-

клад — верхний в гаплогруппе, C-M130. Второй относится к цепочке:

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > Z1300 > C2b1a2-**K700**,

но и этом случае снип древний по происхождению, образовался 67 снип-мутаций, или примерно 9,6 тыс. лет, назад.

Тайп Цесий включает далеко не только носителей гаплогруппы C, большинство его представителей в базе данных FTDNA имеют гаплогруппы J2, J1, Q, но они из других гаров — Ади, Сунтур, Тсиная и других — либо гары не указаны. Единственный представитель гаплогруппы J1 входит в тайп Ялхорой из Тукхума Орстхой.

### Гаплогруппа R2

В базе данных FTDNA есть два представителя этой гаплогруппы, по какой-то причине объединенных с носителем гаплогруппы R-M207, видимо, недотипированной. Последний представляет общность Мелордой-Саламгир некый. Один из гаплогруппы R2-M124 (это один из самых верх-

них субкладов гаплогруппы, то есть опять принципиально недотипирован) — из общности Жугтий-Багатар некый, другой — из г. Грозный, без указания тайпа. Двое из этих трех имеют только 12-маркерные гаплотипы, что малоинформативно в отношении расчетов. Наконец, ни одно из названий этих общностей, кроме Мелордой, не встречается больше в сочетаниях с другими гаплогруппами. В общество Мелордой, однако, входят носители разнообразных гаплогрупп — R, J1, L1b, G-M201 и G2a.

### Гаплогруппа Т

Из четырех носителей этой гаплогруппы трое представляют тайп Нашхой, не входящий в тукхумы, гар Хилхой, у третьего — Берсан-некий. Четвертый — чеченец из Дагестана, тайп Дишни, тоже не входящий в тукхумы. У первых трех 12-маркерные гаплотипы идентичны друг с другом:

13 22 14 10 15 16 11 12 10 13 14 30,

у чеченца из Дагестана гаплотип существенно отличается, на 8 мутаций:

13 23 13 10 16 17 11 12 12 14 13 31.

Это соответствует временной разнице между гаплотипами  $8/0,02 = 400 \rightarrow 589$  условных поколений, или примерно 14,7 тыс. лет. Их общий предок жил примерно 7350 лет назад. Вот тогда, видимо, разошлись линии гаплогруппы Т, которые в итоге привели к чеченцам тайпы Нашхой и Дишни.

Надо сказать, что в тайп Нашхой-Хилхой входят также носители гаплогруппы J2, а в тайп Дишни — носители гаплогрупп J1, L и Q. Так что и в этих случаях тайпы ДНК-генеалогически неоднородны.

### Гаплогруппа I2

Обычно гаплогруппа I2 в Восточной Европе по происхождению является южнославянской, с четко воспроизводимыми гаплотипами, поскольку их общий предок жил в конце прошлой эры, то есть относительно недавно, и много мутаций в гаплотипах не успели накопиться. Но чеченские гаплотипы к южнославянским не относятся, как можно было подумать. Их в базе данных всего четыре, то есть 0,4 % от всех. Ясно, что это не «коренные» гаплотипы, и сами гаплотипы по-

казывают, что относятся к разным линиям гаплогруппы I2. Два из них относятся к совершенно поверхностным субкладам, да и остальные тоже, хотя и к нисходящим. Никаких расчетов по ним не провести, все гаплотипы разные по структуре, и три из четырех — 12-маркерные. Более того, они относятся к разным тайпам — Гуной-Сакко некый, Ратлой, Барахой и житель Грозного, без обозначения тайпа. Добавим, что к тайпу Гуной относятся многочисленные носители гаплогруппы J1 и меньшее число носителей гаплогруппы J2.

### Гаплогруппа N1a1

Присутствие этой гаплогруппы среди чеченцев довольно неожиданно, хотя их всего пять гаплотипов из почти тысячи, то есть 0,5 %. Обычно такие «вкрапления» характеризуют относительно недавних «пришельцев», которые, тем не менее, вливаются в общество и становятся равноправной частью этноса. Четыре из представленных гаплотипов относятся к тукхуму Орстхой, гар Хайхарой-Гузар, и один — к тукхуму Чантий, гар Хидехарой-Саханхой. Только у последнего определен достаточно глубокой снип (выделен ниже):

N-M231 > L729 > Z1956 > N1a1-M178 (= M46) > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > **Y13850**, у остальных определена просто гаплогруппа N-M231. Но у всех пяти 12-маркерные гаплотипы идентичны, так что с хорошей вероятностью они все имеют идентичные или близкие снипы. Поскольку четыре гаплотипа (типированные поверхностно) представлены в 37-маркерном формате, то можно определить, когда жил их общий предок с базовым гаплотипом:

14 23 14 11 **12** 13 11 12 10 **13** 14 29 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14  
15 18 18 **37 37** 13 10,

в котором выделенные маркеры отличаются от предкового гаплотипа субклада N1a1-Z1936, определенного для большой группы 111-маркерных гаплотипов, как показано выше на с. 163 и 276 в настоящей книге (с датировкой общего предка  $2650 \pm 290$  лет назад):

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14  
15 18 18 35 35 13 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10  
12 21 22 14 10 12 12 18 7 13 20 21 15 12 11 10  
11 11 12 11 — 40 15 8 15 12 23 27 19 13 13 11



12 14 9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15  
21 12 22 13 13 14 27 12 22 18 11 13 16 8 13 11.

Эти четыре гаплотипа имеют всего 9 мутаций (на все  $37 \times 4 = 148$  маркеров), что приводит к датировке их общего предка, равной  $645 \pm 224$  года назад. Действительно, предок этих чеченских носителей гаплогруппы-субклада N1a1-Z1936 (и, возможно, нижестоящего снипа Y13850, который образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, видимо, на Урале, как рассказывалось выше) прибыл на территорию современной Чеченской Республики всего несколько столетий назад.

Четыре мутации базового чеченского гаплотипа от предкового гаплотипа Z1936 эквивалентны по времени  $4/0,09 = 44 \rightarrow 46$  условным поколениям, или 1150 годам, то есть общий предок жил примерно  $(1150 + 2650 + 645)/2 = 2200 \pm 300$  лет назад. Это в пределах погрешности совпадает с датировкой общего предка гаплотипов субклада N1a1-Z1936.

### Гаплогруппа L1b-M317

В этой гаплогруппе в базе данных представлено 9 гаплотипов. Почти все они относятся к разным тайпам — Босхой, Босхой-Апай гар, Мелордой-Асухи гар, Кезеной и Кезеной-Сату гар из тукхума Чеберлой, Ахолой-Утси гар (Дади некый), Дишни-Амирхан гар (Дишни — тайп, не входящий в тукхумы).

Все 9 гаплотипов практически одинаковы в 12-маркерном формате, хотя восемь из них имеют совершенно поверхностные снипы, L20 и M317, и только один имеет снип RH1099:

**L-M20** > L1-M22 > L1b-M317 > SK1412 > Y16366 > Y16187 > Y18413 > **RH1099 (=Y18891)**.

Из этого можно предположить, что все 9 гаплотипов относятся к снипу RH1099 или близкому к нему. Тогда их общий предок жил относительно недавно, поскольку снип RH1099 образовался уже в нашей эре, 13 снип-мутаций, или примерно 1870 лет, назад. Поскольку 4 гаплотипа из этой серии приведены в базе данных в 37-маркерном формате, то можно увидеть, что все они различаются всего на 6 мутаций (во всех 148 маркерах) от базового гаплотипа:

11 23 15 10 13 17 11 12 13 13 13 30 — 16 9 9 11  
11 24 16 20 32 15 15 15 — 10 9 17 21 15 14 17  
16 33 33 11 10,

что дает датировку общего предка  $425 \pm 179$  лет назад (без округления). Опять, мы наблюдаем, что редко встречающаяся гаплогруппа (1 % от всех) вошла в чеченское сообщество всего несколько веков назад, но быстро разошлась по разным тайпам.

### Гаплогруппа L1a2-M357

В этой гаплогруппе уже намного больше гаплотипов — 109, что составляет 12 % от всех чеченских гаплотипов в базе данных FTDNA. Они разбросаны по десяткам тайпов, и найти какую-либо систему по представленным данным не представляется возможным. Больше половины гаплотипов представлены в 12-маркерном формате, но 59 гаплотипов — в 37-маркерном и более протяженных форматах. Если остановиться на 37-маркерных гаплотипах, то их общий предок жил  $1106 \pm 133$  года назад (без округления), то есть большинство (или все) гаплотипов там относительно родственные. Проверим это по снипам, которые представлены в базе данных для 16 чеченцев, если без дублей и триплетов — то 7 снипов:

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > **L6258** > Y6257 > **Y6268** > L6268a > Y19629 > **Y24497** (1, 3 и 2 образца),

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > Y1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > **FGC23590** (3 образца),

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > L6258 > Y6257 > Y86295 > **Y112660** (2 образца),

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > L6258 > Y6257 > **Y86395**,

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > L6258 > **Y102843 (=Y97424)**.

Мы видим, что все эти снипы сходятся к Y6266, и большинство к Y6257, которые образовались соответственно 26 и 10 снип-мутаций назад, то есть примерно 3,7 тыс. и 1,4 тыс. лет, назад. Как мы видели выше, общий предок всех 59 гаплотипов жил  $1106 \pm 133$  года назад, или с округлением  $1100 \pm 130$  лет назад. Это не противоречит временам образования указанных снипов, так как снипы чеченцев являются ниже-



стоящими. Действительно, все конечные сніпы в данных цепочках образовались соответственно 5, 7, 8, 8 и 8 сніп-мутаций, или 720–1150 лет, назад. Это соответствует как раз временам жизни общего предка чеченских носителей гаплогруппы L1a2-M357 ( $1106 \pm 130$  лет назад). Напомним, что их — 12 % от общего количества чеченцев в данной выборке.

### Гаплогруппа R1b

Чеченцев с такой гаплогруппой — 17 в данной выборке (1,8 % от всех). Они — в основном потомки насельников ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) и сопутствующих более древних археологических культур, которые пока не имеют названия и которые оседали на Кавказе и проходили через него в Месопотамию предположительно между 6 тыс. и 5 тыс. лет назад. Характерный признак в гаплотипах тех миграций — наличие первого маркера 12.

Взглянем на гаплотипы чеченцев этой гаплогруппы. Из 17 гаплотипов — у 14 первый маркер равен 12. Это 71 % от всех. В списке — шесть 12-маркерных гаплотипов и 11 более протяженных, в основном 37-маркерных. Образцы рассеяны по меньшей мере по 13 тайпам. У 7 носителей гаплогруппы R1b определены глубокие сніпы, посмотрим на них, действительно ли они потомки носителей субклада R1b-Z2103, преобладающего в ямной культуре, судя по ископаемым ДНК.

Цепочки этих сніпов следующие:

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > A12332 > **BY175662**,

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > CTS8966 > **CTS347** > **BY38973** (1 и 2 образца соответственно),

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > CTS8966 > BY3295 > PH4902 > **ZQ621**,

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > A12332 > **Y159888 (= BY185734)**,

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y4364 > M12135 > Y86971 > Y81705 > Y128770 > **BY64508**,

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y13369 > L584 > Y18781 > PH2731 > **BY35070**.

Да, так и оказалось. Все шесть цепочек расходятся от сніпа Z2103: три по направлению к сніпу L584, два — к сніпу Z2106 и один — к конечному сніпу BY64508. Датировка сніпа Z2103 — 41 сніп-мутация, или примерно 5,9 тыс. лет, назад. Это означает, что передвижение мигрантов из ямной культуры шло разными группами, это и привело к динамике разных нижестоящих линий субклада Z2103 среди чеченцев.

Общий предок 11 гаплотипов в 37-маркерном формате имел базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 **18** — 11 11 19 23 16 15  
**17** 17 36 38 12 12,

который всего на 2 мутации отличается от первых 37 маркеров предкового гаплотипа субклада Z2103, полученного в независимой выборке из 204 гаплотипов в 111-маркерном формате:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10  
11 11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19  
12 11 13 12 10 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 11 11.

На самом деле там не 2 мутации, а суммарно (в среднем) 1,36, поскольку в среднем мутации дробные. Это разводит гаплотипы на  $1,36/0,09 = 15$  условных поколений, или 375 лет. Датировка общего предка 11 чеченских гаплотипов в 37-маркерном формате равна  $4594 \pm 594$  года (без округления), в то время как датировка общего предка 204 гаплотипов в 111-маркерном формате равна  $4583 \pm 462$  года. Как видно, это практически идентичные датировки, хотя и с определенной погрешностью. Общий предок обоих предковых гаплотипов жил  $(4594 + 4583 + 375)/2 = 4800$  лет назад. Это, как, впрочем, и обе датировки, характерно для ямной культуры.

## Гаплогруппа R1a

С этой гаплогруппой у чеченцев мы уже знакомы по предшествующим рассмотрениям в этой главе и знаем, что в основном у них наблюдается субклад R1a-Z93 с нижестоящими снипами, но немало и субклада Z280, в данном случае славянского по происхождению, в частности, балто-карпатского и восточнокарпатского. Это могут быть потомки русских солдат, взятых в плен или дезертировавших во времена Кавказских войн, или славян, переселившихся уже в недавние времена. Это — вопрос чеченских этнографов. Но показательно, что 14 чеченских носителей гаплогруппы R1a разошлись по 12 тайпам или другим родовым общностям.

Из 14 чеченских носителей гаплогруппы R1a в базе данных FTDNA у пяти определены самые поверхностные субклады, у девяти — довольно глубокие, хотя большинство из них уже нам знакомы по предшествующему рассмотрению. Шесть из них относятся к субкладу Z93 и представлены пятью линиями:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1558 > S23201 > S21872 > **YP5505 (= S10885)**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1558 > YP5844 > **Y95687 (= BY72906)** (2 образца среди чеченцев).

Эти две линии были обнаружены у татар и башкир и описаны выше в соответствующих разделах.

R1a-Z645 > Z93 > KMS149 > **Y20793**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > YP451 > YP449 > **YP450**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > **Z2124 (= Z2121)**.

Три чеченских носителя гаплогруппы R1a относятся к славянским линиям, субклад Z280:

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > **Y2902** > BY32474 > **BY32476** (по одному образцу),

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP582 > YP578 > Y10802 > YP1078 > A7020 > **A7015**.

Последнюю линию мы уже видели в списке чеченских снипов компании YFull.

Общий предок всех шести чеченских гаплотипов в 67-маркерном формате группы Z93 жил  $3872 \pm 550$  лет назад, хотя сам субклад Z93

образовался 33 снип-мутации, или примерно 4750 лет, назад. Такое на первый взгляд различие объясняется просто — общий предок чеченских гаплотипов группы Z93 имел нижестоящий субклад, например, уровня YP1558, который образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад. К тому времени основная группа ариев уже покинула Русскую равнину и 4,1 тыс. — 4,3 тыс. лет назад уже была в синташтинской культуре на Южном Урале. Предками чеченских Z93 могли быть те арии, которые направились на юг, в Месопотамию, и путь которых пролегал через Кавказ. Или это могли быть предки будущих скифов.

## Гаплогруппа G2a

Из 38 носителей гаплогруппы G2a, четырнадцать относятся к тайпу Вашандарой из тукхуна Шотой, и 3 носителя этой гаплогруппы относятся к тайпу Вадел в Ингушетии. Правда, в тот же тайп Вашандарой входят многочисленные носители гаплогрупп J1, J2, L, R1b, причем гаплогруппа L образует там довольно заметный кластер.

Ниже приведены цепочки снипов гаплогруппы G2a среди чеченцев, хотя надо отметить, что некоторые снипы показаны более «глубоко» в таблице YFull, и соответствующие цепочки приведены выше в разделе «Снипы чеченцев в списке снипов YFull». Но ниже в основном приведены и новые сведения:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > **Z30715** (3,7 тыс. лет назад),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y18370 > **PH1780 > PH311** (6,9 тыс. и 4,2 тыс. лет назад),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > **Z31459** (3,6 тыс. лет назад),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > S9409 > **Y142068** (3,3 тыс. лет назад),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 >

L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L13 > PF6860 > **Z44912** (3,6 тыс. лет назад),

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Z34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > **Z31459** > Y36736 > Z31461 > **Z45053 (= BY21462)** (2,3 тыс. лет назад),

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Z34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > Z7940 > Z7961 > F2575 > **Z7941** (4,2 тыс. лет назад),

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > Z44222 > Z44239 > Z44226 > **FT9612 (= FT10943)** (3 тыс. лет назад),

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > S9409 > **Y142068** (3,3 тыс. лет назад).

Как видно, все чеченские гаплотипы относятся к субкладу G2a-P15 и далее к субкладам G2a1 или G2a2, и все конечные снипы относятся к временам 6,9 тыс. — 3,6 тыс. лет назад (в одном случае — 2,3 тыс. лет назад). Для 30 гаплотипов в 37-маркерном формате общий предок жил  $4576 \pm 511$  лет назад (без округления), и его базовый гаплотип имел вид:

14 22 15 10 14 16 11 12 12 12 10 29 17 9 9 11 11  
24 16 21 28 13 13 14 14 10 10 20 21 16 14 16 18  
36 37 11 10.

По-видимому, гаплогруппа G2a является одной из древнейшей в чеченских тайпах, хотя ее доля составляет там примерно 4 %.

### Гаплогруппа Q1a

Чеченские гаплотипы гаплогруппы Q1a — одни из самых недотипированных, из 46 гаплотипов только шесть имеют относительно глубокие снипы:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Q1b1-L53 > YP4010 > YP4004 > YP4000 > YP4055 > **YP3952** (1 образец и 2 образца соответственно, 20,2 тыс. и 2,2 тыс. лет назад соответственно). Снип L53 определенно недотипирован.

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Q1b1-L53 > YP4010 > YP4004 > YP4000 > YP4055 > YP3952 > **BY153070 (= Y151217)** (11,5 тыс. лет назад).

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Q1b1-L53 > YP4010 > YP4004 > YP4000 > YP4055 > **Y84199** (два образца, 3,4 тыс. лет назад).

Но в данном случае датировки этих глубоких снипов не имеют большой значимости, потому что общий предок всех 19 гаплотипов, которые определены в 37-маркерном формате, жил всего  $1079 \pm 150$  лет назад (без округления) и имел базовый гаплотип:

13 24 13 10 13 17 12 12 13 14 14 30 15 8 9 11 11  
26 14 19 31 14 14 14 15 11 10 19 23 16 14 18 18  
33 36 11 12.

Выше были рассмотрены 19-маркерные гаплотипы чеченцев выборки из 11 человек гаплогруппы Q, базовый гаплотип которых следующий:

13 24 13 10 13 16 12 12 14 14 14 30 15 14 19 11  
16 12 22,

и общий предок которых жил  $1400 \pm 330$  лет назад. Как видно, датировки двух совершенно разных выборок совпадают в пределах погрешности расчетов. Вывод довольно очевиден — гаплогруппа Q у чеченцев относительно недавняя, пришла к ним 1–1,5 тыс. лет назад, хотя и составила к настоящему времени примерно 5 % от чеченского сообщества. Из 46 образцов чеченцев с гаплогруппой Q1a больше половины приходится на тукхум Энгеной (16 человек) и тайп Гордалой (15 человек), по 3 человека представляют тайп Шуоной и 3 — тайп Дишни, и остальные 9 носителей гаплогруппы Q1a рассеяны по разным тайпам.

### Гаплогруппы J1 и J2a

Это — самые распространенные гаплогруппы среди чеченцев, их количество в данной выборке составило 435 человек в гаплогруппе J2a и 240 человек в гаплогруппе J1 (47 % и 26 % соответственно). Они распределены по десяткам тайпов, перечисление которых дано по ссылке: <https://www.familytreedna.com/public/chechen-noahcho/default.aspx?section=yresults>.

Для всех 257 человек с гаплотипами в 37-маркерном формате базовый гаплотип в гаплогруппе J2a был следующий:

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 30 17 9 9 11 11  
24 15 20 30 12 14 15 16 9 9 19 21 16 14 18 15  
31 37 13 9,

и его носитель, условный общий предок чеченцев этой гаплогруппы, жил  $5865 \pm 593$  года назад (без округления), то есть, более корректно,  $5900 \pm 600$  лет назад.

В гаплогруппе J1 для всех 124 человек с гаплотипами в 37-маркерном формате базовый гаплотип был такой:

12 23 15 10 12 18 11 13 12 13 11 30 — 20 8 9 11  
11 27 14 21 30 15 15 16 16 — 11 10 20 22 15 13  
17 19 34 37 12 10,

и носитель его жил  $5001 \pm 514$  лет назад (без округления).

### Сопоставление с арабскими гаплотипами групп J2a и J1

Поскольку гаплогруппы J1 и J2a самые распространенные на Ближнем Востоке, проведем сжатое рассмотрение, насколько арабские ДНК-линии близки к чеченским. Предварительный вывод был уже сделан выше при рассмотрении снийов, что чеченские и арабские линии весьма далеки друг от друга. Сравним теперь предковые гаплотипы современных чеченцев и арабов. Последние приведены в статье «ДНК-генеалогия арабского мира» (<http://pereformat.ru/wp-content/uploads/2019/08/klyosov-arab-world-1.pdf>).

Базовый гаплотип арабов гаплогруппы J2a следующий:

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 30 — 16 9 9 11  
11 25 15 20 30 12 14 15 16 — 10 10 19 22 15 14  
17 17 35 37 12 9 — 11 7 15 15 8 11 10 8 10 9 12  
17 18 14 10 12 12 15 8 12 23 21 13 12 11 13 11  
12 12 11,

с датировкой общего предка  $8450 \pm 850$  лет назад. На первых 37 маркерах он отличается от базового гаплотипа чеченцев на 13 мутаций, что эквивалентно  $13/0,09 = 144 \rightarrow 174$  условным поколениям, или на 4350 годам, и общий предок чеченцев и арабов гаплогруппы J2a жил примерно  $(4350 + 8450 + 5900)/2 = 9350$  лет назад. Это — времена доурукских миграций, времена гаплогруппы J2 в Месопотамии и на Ближнем Востоке.

Базовый гаплотип арабов гаплогруппы J1 следующий (рассчитан из 663 гаплотипов арабов):

12 23 14 11 13 18 11 17 11 13 11 30 — 18 8 9 11  
11 26 14 20 25 12 14 16 17 — 10 10 22 22 14 14  
18 18 32 35 11 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12

21 22 18 10 12 12 15 8 12 25 21 14 12 11 13 12  
12 12 11,

с датировкой общего предка  $3975 \pm 400$  лет назад. Между этими предковыми гаплотипами арабов и чеченцев на первых 37 маркерах имеется 31 мутация, что чрезвычайно много, и эквивалентно  $31/0,09 = 344 \rightarrow 570$  условным поколениям, или примерно 14 250 годам. Общий предок арабов и чеченцев гаплогруппы J1 жил  $(14\,250 + 3975 + 5000)/2 = 11\,600$  лет назад. Понятно, что происхождение чеченцев практически не имеет отношения к происхождению арабов и евреев (у которых предковый гаплотип одинаков с арабами), если не считать совершенно древнейших времен, когда не было ни евреев, ни арабов.

## 7. АРМЯНЕ

Согласно данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 1,2 млн армян. В базе данных FTDNA представлены четыре основных по численности гаплогрупп армян — R1b, J2, G2a и J1, они составляют почти три четверти (72 %) армянских мужчин. Те же четыре гаплогруппы составляют практически те же 71 % согласно списку YFull, в котором собраны представители народов, для которых известны «глубокие» снийпы (табл. 16). Остальные, относительно минорные по численности, распределены по оставшимся 12 гаплогруппам в базе данных. Так что хотя разнообразие в родовом происхождении армян формально велико, оно смещено только к нескольким гаплогруппам. Большинство остальных родов, как показывает опыт, влились в армянское общество относительно недавно и составляют единицы или доли процентов от общего состава.

Как видим, данные из Eupedia и базы данных FTDNA довольно неплохо совпадают, видимо, эта база данных и использовалась для Eupedia, правда, использованные данные уже немного устарели. К сожалению, в справочных изданиях, в том числе в Википедии: <https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%90%D1%80%D0%BC%D1%8F%D0%BD%D0%B5>, до сих пор используются совсем устаревшие и в основном ошибочные данные (Насидзе, 2003), приведенные в диаграмме на рис. 71.

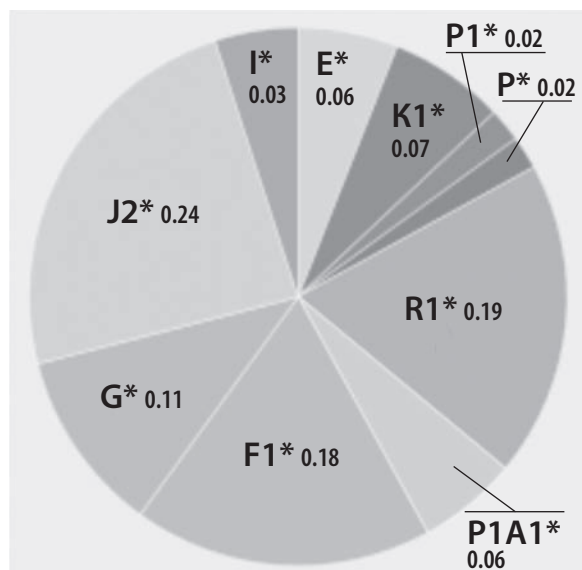
**Таблица 16.** Состав гаплогрупп у армян по данным

Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), по данным армянской базы данных FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/ArmeniaDNAProject?iframe=yresults>)

и по данным коллектива YFull. Численность тестируемых армян в списке Eupedia — по данным сайта Eupedia

Гаплогруппа	Доля в %		Данные YFull
	Eupedia (500–1000 чел.)	FTDNA (891 чел.)	
R1b	30	25	53
Z2103	н/п	н/п	49
P312	н/п	н/п	4
U106	н/п	н/п	0
J2	22	22	21
J2a	н/п	20	20
J2b	н/п	н/п	1
G	11,5	13	13
G1a	н/п	1	7
G1b	н/п	1	0
G2a	н/п	11	4
G2b	н/п	1	2
J1	10,5	12	23
E1b	6	8,3	17
V13	н/п	н/п	6
V12	н/п	н/п	1
Z827	н/п	н/п	2
M34	н/п	н/п	8
R1a	5	2,8	2
I	4,5	3,9	7
I1	н/п	0	0
I2a1-L460	н/п	0,9	0
I2a2-L596 (I2c)	н/п	3	7
T	4	4,5	7
L	3	2,9	1
L1a	н/п	0,4	1
L1b	н/п	2,5	0
Q	1	1,3	2
R2	н/п	2	4
N	0,5	0,2	0
C	н/п	0,3	2
H	н/п	0,8	2
A	н/п	0,2	0
O	н/п	0	0

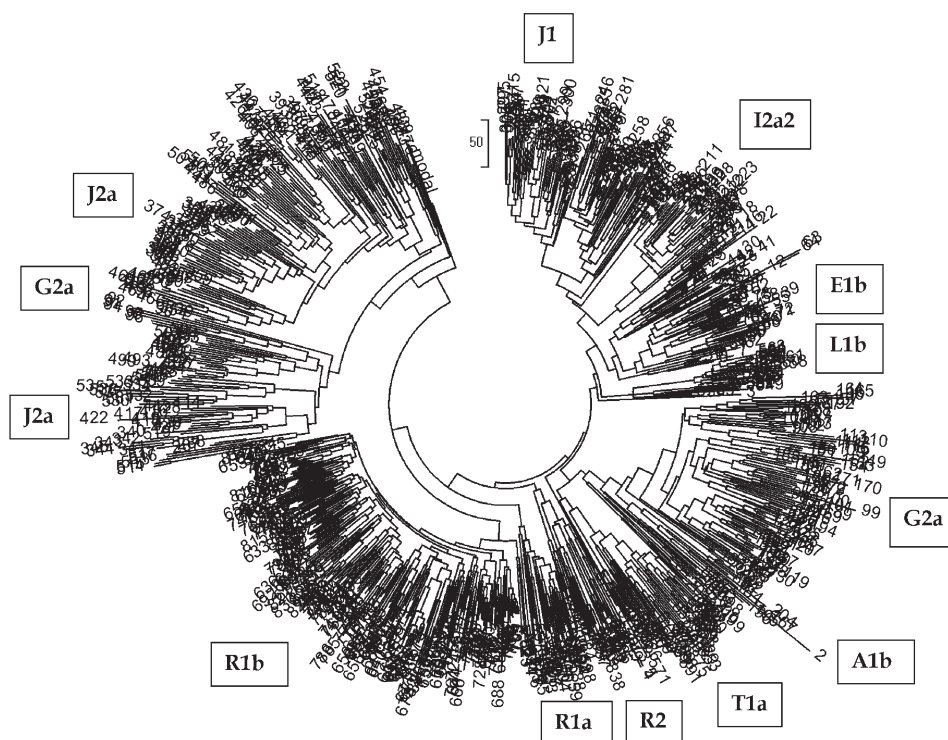




**Рис. 71.** Устаревшая и в основном ошибочная диаграмма (Насидзе, 2003), приведенная в разделах «Генетика армян» и «Данные генетических исследований современных армян» в Википедии (август 2019 г.). Приходится это упоминать, чтобы не вводить читателей и других специалистов, а именно «специалисты» готовили статью в Википедию, в заблуждение. К сожалению, это опять популяционные генетики, с отсутствием у них научной школы и склонностью к непроверенным и ошибочным данным. См. цветную вклейку.

### Армяне в базе данных FTDNA

На рис. 72 приведено дерево гаплотипов.



**Рис. 72.** Дерево из 846 гаплотипов в 37-маркерном формате, построенное по данным базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/ArmeniaDNAProject?iframe=yresults>. Показаны гаплогруппы и субклады основных ветвей. Выпадающий гаплотип группы A1b показан для иллюстрации чувствительности дерева гаплотипов

Как уже было сказано выше, основными в Армении являются четыре гаплогруппы — R1b, J2a, G2a и J1. На них приходится 72 % от всех мужчин Армении. Рассмотрим эти гаплогруппы в Армении в первую очередь.

### Гаплогруппа R1b в базе данных FTDNA

Очень характерно, что это — наибольшая по численности гаплогруппа Армении. Это, видимо, крайне неожиданно для буквально всех исследователей происхождения армян. Как-то это выпало из их внимания. Причина проста — они просто не владели соответствующей методологией. Они рассуждали «по понятиям». Осуждать их за это нельзя — ну, не было у них методологии ДНК-генеалогии.

Посмотрим, что говорят объективные данные.

Носителями гаплогруппы R1b в Армении (и у армян за пределами Армении) являются 25 % в базе данных FTDNA. Еще больше это выражено по данным в списке YFull, что будет рассмотрено ниже. Все 224 гаплотипа группы R1b армян (37-маркерных) и 187 гаплотипов (67-маркерных) имеют базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — **16 9 10**  
 11 11 25 15 19 29 15 15 16 **18** — 11 11 19 23 16  
**16 18 17 36 37** 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 **11**  
**11 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11**  
 13 11 11 12 12,

с датировкой жизни общего предка  $4672 \pm 475$  лет назад (37-маркерные гаплотипы) и  $4727 \pm 479$  лет назад (67-маркерные гаплотипы), что практически одинаково в пределах погрешности расчетов. Если сравнить с независимой выборкой из 204 гаплотипов субклада R1b-Z2103 в 111-маркерном формате, базовый гаплотип которой следующий (с датировкой общего предка  $4583 \pm 462$  года назад):

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
 11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
 10 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 11 11,

то на первых 67 маркерах между ними имеются всего 6 мутаций, что эквивалентно  $6/0,12 = 50 \rightarrow 52$  условным поколениям, или

примерно 1,3 тыс. лет, и их общий предок жил  $(1300 + 4727 + 4672)/2 = 5300$  лет назад. Это — время ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад). То, что у армянского предкового гаплотипа первый маркер равен 12, это тоже показательно для ямной культуры. И не только это, но из 224 армянских гаплотипов 88 % имеют первый маркер 12, 10 % имеют маркер 13, и остальные 2 % имеют маркер 11. Преобладание маркера 12 тоже показательно для гаплотипов ямной культуры.

Кстати, если из обеих выборок (в 37- и 67-маркерных форматах) снять 9 недавних гаплотипов европейского происхождения (субклада R1a-R312-Y42667), описанных ниже, то датировки общего предка получатся соответственно  $4655 \pm 474$  и  $4650 \pm 472$  года назад, что практически одно и то же. Базовые гаплотипы не изменились.

Но мы специально начали с косвенных, хотя и характерных свидетельств принадлежности предков армянских гаплотипов к ямной культуре. Перейдем к прямым свидетельствам.

Из 224 армянских носителей гаплогруппы R1b 17 человек относятся к редким древнейшим линиям:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > **PF7562** > FGC31923 > **FGC73148** (4 человека и 2 человека соответственно),

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > PF7563 > **Y95829** (6 человек),

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > Y36978 > **Y81357**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > Y36978 > **Y90546** (2 человека),

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > **FGC31929**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > V1636 > **Y83069**,

R1b-M343 > PH155 > **PH200**.

Примеры датировок приведенных здесь субкладов следующие: PF7562 — 41 снип-мутация, или 5,9 тыс. лет, назад, PF7563 — 31 снип-мутация, или 4,5 тыс. лет, назад, Y95829 — 28 снип-мутаций, или 4 тыс. лет, назад, Y36978 — 44 снип-мутации, или 6,3 тыс. лет, назад, V1636 — 90 снип-мутаций, или 13 тыс. лет, назад, L389 — 115 снип-мутаций, или 16,6 тыс. лет, назад, PH200 — 55 снип-мутаций, или 7,9 тыс. лет, назад. Все эти линии «параллельны» субкладу

M269 > L23, который является родительским для более чем 99 % всех носителей гаплогруппы R1b в Европе, на Русской равнине, на Кавказе и на Ближнем Востоке. Это определено наследие древнейших миграций, которые шли с севера через Русскую равнину на Кавказ и в Месопотамию. Некоторые осели на Кавказе, и их относительно немногих потомков мы сейчас видим в Армении.

Всего 9 армян из выборки в 224 носителя гаплогруппы R1b имеют европейское происхождение. Точнее, они имеют западноевропейский субклад (в сокращенном виде) R1b-M269-L23-L51-P312-Y41710-**Y42667**, который образовался всего 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад. Он прибыл в Армению всего  $636 \pm 156$  лет назад (без округления), видимо, из Франции, потому что родительский, вышестоящий субклад Y41710 наблюдается во Франции. Так что к глубокой истории Армении он отношения не имеет.

Остальные 198 армян относятся к субкладу ямной культуры Z2103 и нисходящим от него линиям:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > **Z2103**.

Как описано выше, почти все ископаемые ДНК ямной культуры (5,3 тыс. – 4,6 тыс. лет назад) имели снип R1b-Z2103, тот же, что и почти все носители гаплогруппы R1b в современной Армении. Скорее всего, и предки древнейших линий, описанных выше в этом разделе, прибыли на Кавказ вместе с носителями снипа Z2103.

Надо сказать, что в армянской базе данных FTDNA большинство образцов типированы только на поверхностный снип, M269, и «глубокие» снипы у них «предсказаны». Каким образом они предсказаны — не поясняется, видимо, по виду гаплотипов. Конечно, при этом есть немалое число степеней свободы в таком предсказании, поэтому в настоящем разделе мы покажем только снипы, которые были определены напрямую.

Основные линии снипа Z2103 в Армении следующие (выделены снипы, приведенные в базе данных FTDNA Армении и определенные напрямую):

Z2103 > Y13369 > L584 > Y18781 > **A12327** > **Y11912 (= BY11732)** (1 и 5 человек),

Z2103 > Y13369 > L584 > Y18781 > **PH2731** > **PH655** > **PH1732** > **PH3425** > **PH3610** (5, 1, 1, 2 и 2 человека соответственно),

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > **Y18687** (4 человека),

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > Y16852 > **Y23838 (= Y37377)**,

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > **A12332** > **Y159888 (= BY185734)**,

Z2103 > **Y4364** > **BY13762 (= BY13763)**,

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > **Y70805 (= Y60519)**,

Z2103 > **Z2106 (= CTS8966)** > **BY3295 (= Y18961)** > **PH4902** > **FGC48354** > **Y37919** (1, 1, 4, 1 и 2 человека соответственно),

Z2103 > Z2106 > **Z2108 (= Z2109)** > **Z2110 (= CTS7822)** > **S10547 (= Y142667)**,

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > **FGC24408**,

Z2103 > Y4364 > BY13762 > **Y31308** > **Y106670 (= Y100032)** (1 и 2 человека),

Z2103 > Y4364 > **M12135** > **Y86971 (= Y91901)** > **Y81705** > Y128770 > **BY64508** (3, 1, 1, 1 человек соответственно),

Z2103 > Y4364 > M12135 > **Y30217** (3 человека),

Z2103 > Y4364 > **BY3294**,

Z2103 > Y4364 > **Y84551** > **Y88931 (= Y87616)** (2 и 2 человека соответственно).

Автор этой книги многократно получал вопросы от читателей и слушателей, не связаны ли друг с другом гаплотипы армян и басков. Вокруг басков наслоено немало легенд, и это одна из них, что якобы баски — потомки армян, или наоборот. Это, конечно, не так. Большинство армян гаплогруппы R1b имеют субклад ямной культуры — Z2103. До басков этот субклад не дошел, там преобладает «параллельная» линия субклада P312, и предки обоих субкладов имели гаплогруппу R1b-M269-L23, которая образовалась 44 снип-мутации, или примерно  $6300 \pm 700$  лет, назад (погрешности рассчитаны на сайте YFull: <https://www.yfull.com/tree/R1b/>).

Таким образом, к армянам и баскам вели разные ДНК-генеалогические пути — к армянам гаплогруппы R1b через ямную археологическую культуру (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) и снипы L23-Z2103, к баскам — через снипы L23-L51-P312. Даже глядя на соответствующие базовые гаплотипы — армян:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 16 9 10  
11 11 25 15 19 29 15 15 16 18 — 11 11 19 23 16  
16 18 17 36 37 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 11

11 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11  
13 11 11 12 12,

с датировкой жизни общего предка  $4672 \pm 475$  лет назад (см. выше), и басков, с общим предком 3750 лет назад:

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 15  
15 18 17 36 38 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10  
10 11 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11  
13 11 11 12 12,

мы видим характерные отличия в первом маркере — 12 у армян (это характерно для субклада Z2103) и 13 у басков (это характерно для европейских субкладов, P312 и U106, и их нижестоящих субкладов). Между этими гаплотипами 10 мутаций, что разводит их на  $10/0,09 = 111 \rightarrow 128$  условных поколений, или на 3,2 тыс. лет, и их общий предок жил примерно  $(3200 + 4672 + 3750)/2 = 5800 \pm 600$  лет назад. Это в пределах погрешности согласуется с временем образования их родительского снипа L23 ( $6300 \pm 700$  лет назад). Иначе говоря, баски и армяне гаплогруппы R1b связаны друг с другом только через их общего предка, от которого разошлись соответствующие ДНК-генеалогические линии.

### Гаплогруппа R1b в списке группы YFull

Список YFull по гаплогруппе R1b разделен на серию подразделов, и максимальное количество представителей Армении встречается в разделе родительского снипа Z2103 (<https://www.yfull.com/tree/R-Z2103/>), а именно 49 образцов из 53. Многие линии со снипами, построенные на основании базы данных FTDNA, уже показаны выше, мы их не будем здесь дублировать, во всяком случае полностью. Приведем некоторые дополнительные линии, для полноты картины:

Z2103 > Y13369 > L584 > Y18781 > PH2731 > **BY35053**.

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > **A12332** > **A12337**.

Z2103 > Y4364 > **Y84551** > **Y88931** > **88931a** (1, 1 и 2 человека).

Z2103 > Y4364 > M12135 > Y30217 > **Y98819**.

Z2103 > Y4364 > M12135 > **Y86971** > **Y81705** (оба последних снипа наблюдаются также у чеченцев).

Z2103 > Y4364 > BY13762 > **Y35893** > **Y102733**.

Z2103 > Y4364 > Y4366 > **BY13830** > FGC62957 > **Y88647**.

Z2103 > Z2106 > BY3295 > PH4902 > FGC48354 > **BY3296**.

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > FGC24408 > **FGC24396**.

Такие цепочки со снипами, перетекающими один в другой, характерны для древних сообществ, тысячелетиями живущих в одном регионе. К ним, без сомнения, относятся армяне. «Европейские» снипы, R1b-P312 и R1b-U106, у армян почти не представлены, а снип U106 в выборке вообще не обнаружен. Это означает, что заметного притока мигрантов из Европы в Армению в последние тысячелетия не было.

### Гаплогруппа J2 в базе данных FTDNA

Это — вторая по численности гаплогруппа среди армянских мужчин, около четверти от всех, согласно базе данных. Из общего количества в 198 человек 183 относились к субкладу J2a, и 15 (около 8 % от носителей гаплогруппы J2) относились к субкладу J2b. Для всех 183 человек J2a базовый гаплотип был следующий:

12 23 14 10 13 16 11 15 **12** 13 11 30 17 9 9 11 11  
**25** 15 20 30 **13** 14 15 16 **10 10** 19 **22** 16 14 **17 17**  
**35 37 11 9**,

с датировкой общего предка  $8580 \pm 870$  лет назад. В нем выделены 14 мутаций (некоторые мутации считаются по особым правилам, например, переход 10–10 в 9–9 и наоборот происходит в одну «палиндромную» мутацию) по сравнению с базовым чеченским гаплотипом субклада J2a (см. выше в соответствующем разделе):

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 30 17 9 9 11 11  
24 15 20 30 12 14 15 16 9 9 19 21 16 14 18 15  
31 37 13 9,

условный общий предок которого жил  $5865 \pm 593$  года назад (без округления).

Видно, что предковые (базовые) гаплотипы весьма похожи и определенно происходят от одного общего предка, который, впрочем, весьма древний. Дистанция в 14 мутаций на двух 37-маркерных гаплотипах разводит их общих предков на  $14/0,09 = 156 \rightarrow 192$  условных поколения, или примерно 4,8 тыс. лет, и общий предок армянских



и чеченских носителей гаплогруппы J2a жил примерно  $(4800 + 8580 + 5865)/2 = 9600$  лет назад. Эта датировка заметно древнее известных археологам и историкам урукских миграций (примерно 7 тыс. лет назад), и если так, то этот общий предок жил в Анатолии задолго до них. Или это был автохтонный кавказский субклад. Из тех времен разные миграционные потоки привели носителей гаплогруппы J2a на Кавказ, сначала, видимо, в регион центрального Закавказья, где сейчас расположена Армения, и много позже — на Северный Кавказ, в его восточную часть, где сейчас располагается Чечня.

Армянские носители «параллельного» субклада J2b, согласно выборке, имеют базовый гаплотип:

12 24 15 10 15 17 11 15 12 12 11 28 17 8 9 11 12  
25 14 19 30 14 15 15 17 11 10 19 20 14 14 18 18  
34 36 11 9,

с датировкой общего предка  $5324 \pm 638$  лет назад. Как и ожидалось, базовые гаплотипы субкладов J2a и J2b различаются очень значительно, а именно на 22 мутации, что эквивалентно 8,6 тыс. лет, и их общий предок жил примерно 11 тыс. лет назад, видимо, в древнейших племенах Месопотамии и Ближнего Востока или Кавказа.

Как обычно, в базах данных FTDNA снипы определяются весьма поверхностно, как правило, недотипированы, и здесь значительно информативнее список снипов группы YFull. Мы приведем в качестве примеров цепочки снипов представителей субклада J2a в Армении по базе данных FTDNA (выделены ниже), которые дублируются (часто в более детальном виде) в списке YFull (выделены конечные снипы в цепочке), и затем перейдем к последнему списку:

J2 > J2a-M410 > PF4610 > **L26** > PF5087 > PF5116 > PF5119 > **Z6065** > Y7687 > Y9268 > Z43661 > Y37496 > **BY32912**.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y13341 > Z7515 > FGC15895 > FGC15923 > YP879 > Y83702 > **Y93015** > **Y56234**.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y13341 > Z7515 > FGC15895 > FGC15923 > YP879 > Y31162 > **Y36241**.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y13341 > Z7515 >

FGC15895 > FGC15923 > YP879 > **Y83702** (=PH1038).

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y13341 > Z7515 > FGC15895 > FGC15923 > YP879 > **YP879a**.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > **Z1847** > Z500 > **M92** > Z508 > Z504 > PF7412 > SK1344 > Z36892 > **BY22478** (9 человек из линии M92 в базе данных FTDNA).

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > ZS6172 > **FGC64666**.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > **PF5172** > Y47649 > **PH3846**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > **L25** > PF4888 > L243 > FGC30343 > L590 > **CTS8690**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > PF5366 > L264 > **FGC5916** > **FGC5906**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > **M67** > Z1847 > Z500 > Y6240 > PF7394 > Z6264 > Z28602 > **Z28580**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > S11842 > Y15913 > **SK1337**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > **Z7671** > CTS900 > Z7661 > Y3020 > Y11200 > Z30677 > Y17946 > FGC62187 > **Y18397**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > PF5172 > Z7314 > **PF5169**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > Y13534 > FGC9942 > Y14696 > **F3369**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > Y13534 > FGC9942 > Y14696 > Y14699 > Y14698 > **Y14700**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > SK1382 > **L192** > **FGC30635** > **FGC30640** (=FGC30649).



J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > **Z387** > **L70**.

### Снипы субкладов J2a и J2b в списке группы YFull

Некоторые снипы группы J2a в цепочках снипов, не рассмотренных выше:

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > Y5014 > M319 > **Y21862**,

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > L210 > **Z489**,

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > S8230 > **PH2651**,

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > PF5172 > Z7314 > **Y153763**,

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > PF5172 > Z7314 > PF5169 > PF5174 > PF5177 > PF5252 > **Y56835**,

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > Z438 > Z387 > L70 > Z435 > Z2148 > CTS3601 > PF5456 > Y24651 > **Z40772**,

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > Y13534 > FGC9942 > Y14696 > Y14699 > **Z43334**.

Цепочка снипов группы J2b:

J2 > J2b-M102 (= M12) > Z534 > Z1825 > Z2453 > Y18039 > Y31143 > **Y45371**.

### Гаплогруппа J1 в базе данных FTDNA

В гаплогруппу J1 у армян входят разные по численности ветви. Из 107 гаплотипов (все форматы) в подгруппу (субклад) J1a-Z2215 входят 100 гаплотипов, J1a1 — 6 гаплотипов и J1b — один гаплотип. Базовый гаплотип самой многочисленной группы, J1a, на которую приходится 93 % от всех носителей гаплогруппы J1, следующий:

12 23 14 10 13 18 11 15 11 13 11 30 — 19 8 9 11  
11 26 14 21 27 13 15 16 16 — 11 10 20 22 15 13  
18 19 34 36 12 10,

с датировкой общего предка  $7176 \pm 737$  лет назад (без округления). Этот гаплотип отличается на 14 мутаций от базового гаплотипа чеченцев, приведенного в предыдущем разделе, что разво-

дит предковые гаплотипы армян и чеченцев на  $14/0,09 = 156 \rightarrow 192$  условных поколения, или примерно на 4,8 тыс. лет. Их общий предок жил  $(4800 + 7176 + 5001)/2 = 8500 \pm 1000$  лет назад. Это опять доурукские времена в Месопотамии, и предки армян и чеченцев с тех пор практически не смешивались.

Если сравним армянские и арабские (и еврейские) базовые гаплотипы в гаплогруппе J1 (последний базовый гаплотип приведен в предыдущем разделе, с расчетной датировкой общего предка  $3975 \pm 400$  лет назад), то найдем между ними 18 мутаций, что эквивалентно  $18/0,09 = 200 \rightarrow 263$  условным поколениям, или примерно 6575 годам. Их общий предок жил  $(675 + 7176 + 3975)/2 = 8900 \pm 1000$  лет назад, то есть тогда же, когда и общий предок армян и чеченцев гаплогруппы J1. Помимо этого вывода очевиден и тот, что армяне чрезвычайно далеки по происхождению от евреев, хотя и разделяют с ними древние гаплогруппы J1 и J2.

### Гаплогруппа J1 в списке снипов YFull

Как правило, списки YFull дают более глубокие снипы, чем в базе данных FTDNA. В последней в большинстве случаев дается вообще только «входной» снип в гаплогруппу J1, то есть J1-M267. Приведем примеры снипов армянских мужчин, взятые в основном (но не только) из списка FTDNA. Но перед этим приведем для ориентации серию снипов «линии Авраама», где название, конечно, условное, но эти снипы идут вдоль общей линии евреев, арабов и армян, выходя на снип Z1884 (= L858), который образовался примерно 4 тыс. лет назад, и после него ДНК-линии евреев, арабов и армян расходятся. Покажем эту линию в сокращенном виде:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > P58 > Z2317 > Z2313 > Z1884 (= L858).

Почти все гаплотипы группы J1 из выборки арабского мира, для которых субклад (снип) определяли, оказались в узкой, ограниченной серии снипов, приведенной выше. Последний снип образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад. Далее идет гроздь параллельных и параллельно-последовательных снипов, которые все образовались между 4,4 тыс. и 3,5 тыс. лет назад.

Эта цепочка снийов действительно дана в сокращенном виде, там на самом деле между снийом P58 и Z2317 имеется еще ряд звеньев, и от каждого звена-снийа в цепочке расходятся десятки снийов, образуя свои цепочки. В большой выборке у арабов и армян есть немало гаплотипов со снийом Z2217, родительским по отношению к P58, с датировкой 115 сний-мутаций, или примерно 16,6 тыс. лет, назад (образование снийа P58 датируется 79 сний-мутациями, или примерно 11,4 тыс. лет, назад), но это все далекие «доавраамовы» времена.

Возвращаемся к снийам армян. У большинства их цепочка снийов доходит до снийа Z2217 и затем уходит в сторону по линии, не проходящей через сний P58, как показано в ряде цепочек ниже:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > ZS3114 > Y33967 > **Y102610** (у 2 человек в списке Y-Full из 23 армян),

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > FGC6064 > **Y59693**,

J1-M267 > Z2215 > Y29696 > PF7261 > PH128 > Y30278 > **F17410**,

J1-M267 > Z2215 > Y29696 > PF7261 > PH128 > Y30278 > **Y85140**,

J1-M267 > Z2215 > Y29696 > PF7261 > PH128 > Y30278 > S695 > **Y36244** > **BY25332** (у 1 и 2 человек в списке соответственно),

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > ZS3114 > B234 > ZS6558 > FGC45614 > **ZS11222**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > ZS3114 > B234 > ZS6558 > ZS5655 > ZS5644 > **Y128953**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > CTS1460 > **Y83506** > **Y97203** (у 1 и 2 человек в списке соответственно),

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > CTS1460 > **CTS1460a** > Y22665 > **Y22035**.

Сний Y2217 образовался 114 сний-мутаций, или примерно 16,4 тыс. лет, назад. Видимо, тогда и разошлись приведенные выше ДНК-линии будущих арабов и евреев, с одной стороны, и будущих армян гаплогруппы J1, с другой. Другие линии евреев, арабов и армян пошли в другом направлении:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58,

если немного развернуть цепочку, приведенную в сокращенном виде выше. Целяя группа армянских линий проходит через сний P58, который образовался 78 сний-мутаций, или примерно 11,2 тыс. лет, назад, доходит до снийа Z1884 (образовался 28 сний-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад), но потом все равно уходит в сторону от арабо-еврейских линий. Примеры даны ниже:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > **Z1853** > Z2331 > Y15152 > Z18293 > FGC20891 > **Y23173**.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > Y2919 > **Y6094** > Y6096 > ZS1680 > **ZS1680a** (2 человека).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > **YP4763** (= **ZS2518**).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > **Y2919** > Y3441 > BY65 > ZS1559 > BY45935 > **BY129155** (3 и 2 человека).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > Z640 > Z2292 > Z642 > Z2285 > **FGC64266**.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > Z640 > Z2292 > Z642 > FGC30542 > **FGC30545** (= **ZS5770**).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > S21237 > Y4348 > Y4349 > Y6074 > **ZS2121**.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > FGC12834 > L829 > **PF4878** (= **CTS2572**).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > Y2919 > **Y6094** (= **FGC15940**).

Мы видим, что не менее половины носителей гаплогруппы J1a в выборке имеют снип P58, характерный для арабов и евреев той же гаплогруппы, который образовался примерно 11,2 тыс. лет назад, но затем предки современных армян разошлись по другим племенам, и в итоге общий предок семитов (арабов и евреев) и армян датируется временами более 8 тыс. лет назад.

### Гаплогруппа G в базе данных FTDNA и списке YFull

В базе данных FTDNA из 891 армянина гаплогруппу G имеют 118 человек, или 13 % от всех. Это — третья по численности гаплогруппа после R1b и J2a. Она характерна для Западного и Центрального Кавказа и обычно является составной по подгруппам (субкладам), отражая разные направления миграций и разные регионы исходов этих миграций.

В гаплогруппе G армян выражен один субклад — G2a-P15, точнее, его непосредственные нижестоящие субклады G2a1-Z6552, G2a2a-PF3147, G2a2b1—M406, G2a2b2a-P303 и G2a2b2b—PF3359 (к которым из упомянутых 118 человек в базе данных относятся 7 (6 %), 21 (18 %), 39 (33 %), 32 (27 %) и 4 (3 %) соответственно, в сумме 103 человека — 87 % от носителей гаплогруппы G). Остальные субклады, приведенные в базе данных, это G1a-CTS11562 (9 человек), G1b-L830 (2 человека), G2b-M3115 (4 человека), причем в состав последнего входит нижестоящий субклад G2b1-M377 (2 человека), который кардинально отличается от родительского по строению гаплотипа.

Сама гаплогруппа G образовалась 327 снип-мутаций, или примерно 47 тыс. лет, назад, видимо, в Передней Азии, куда уходят корни старейших субкладов этой гаплогруппы (*Клёсов А. А., Саидов Х. С.* Евреи и пуштуны Афганистана. М.: Концептуал, 2015). Все основные субклады, перечисленные выше, — G2a, G2b, G1a, G1b, G2b1 — образовались в интервале 145–130 снип-мутаций, или 21 тыс. — 19 тыс. лет, назад, тоже, видимо, в том же регионе, как показывает анализ гаплотипов в Передней Азии (ссылка та же). Затем древние носители субклада G2a были обнаружены в захоронениях в Европе (Испания и Франция) с археологическими датировками

7 тыс. — 5 тыс. лет назад, и далее они, точнее, их выжившие потомки, прибыли на Кавказ, что мы и видим по современным гаплотипам Кавказа и, в частности, Армении. По совокупности имеющихся в наличии данных, они прибыли на Кавказ примерно 4,5 тыс. лет назад, в середине III тыс. до н. э.

Носители субклада G2a1-Z6552 показали базовый гаплотип:

14 22 15 10 **15 17** 11 12 12 12 10 **28** 17 9 9 11 11  
25 16 21 **30** 13 13 14 **15** 10 11 20 21 16 **15** 16 17  
**37 38 12** 10,

с датировкой общего предка  $4994 \pm 732$  года назад (без округления). Здесь выделены 13 мутаций, отличающие базовый гаплотип армян от базового гаплотипа чеченцев того же субклада, с датировкой общего предка  $4576 \pm 511$  лет назад (без округления). Эти 13 мутаций эквивалентны  $13/0,09 = 144 \rightarrow 174$  условным поколениям, или 4350 годам, и общий предок чеченцев и армян субклада G2a1-Z6552 жил примерно  $(4994 + 4576 + 4350)/2 = 7000$  лет назад. Таким образом, предки армян и чеченцев жили, видимо, разными племенами еще в Европе, но, прибыв на Кавказ, прошли «бутылочное горлышко» выживания примерно в одно время и с тех пор живут отдельно. Сам субклад Z6552 очень древний и образовался 130 снип-мутаций, или примерно 19 тыс. лет, назад.

Самый древний общий предок гаплотипов Армении среди упомянутых выше субкладов имел субклад G2a2a-PF3147 и базовый гаплотип:

14 22 15 11 12 14 11 12 12 13 11 30 17 9 9 11 11  
23 16 21 30 12 13 13 15 11 11 20 20 15 14 18 17  
34 37 12 10

и жил  $7421 \pm 831$  год назад (без округления). Жил он или в Европе, или в Передней Азии, мы не знаем. Сам субклад образовался 112 снип-мутаций, или примерно 16 тыс. лет, назад, так что в интерпретациях миграций возможны варианты.

Армянские носители субклада G1a-CTS11562 имеют базовый гаплотип в 67-маркерном формате:

13 23 15 10 14 16 11 12 12 13 12 29 16 9 9 11 11  
24 15 21 28 12 14 14 15 10 9 20 20 15 13 16 17 34  
37 12 10 11 8 16 16 8 11 10 8 12 10 12 21 22 14  
10 12 12 13 8 11 24 20 14 12 11 14 10 11 11 11,

с датировкой общего предка  $5083 \pm 630$  лет назад (без округления).

Несколько позднее, но в пределах погрешности расчетов жил общий предок субклада G2a2b1-M406 с базовым гаплотипом:

14 21 15 10 13 15 11 12 11 12 11 28 16 9 9 11 11  
23 16 22 29 12 13 14 14 10 10 19 20 16 14 16 18  
34 37 11 10,

и жил он  $4407 \pm 483$  года назад (без округления). Сам субклад образовался 103 снип-мутации, или примерно 15 тыс. лет, назад.

Его последующий в иерархии снипов субклад G2a2b2a-P303 характеризуется у армян базовым гаплотипом:

14 22 15 10 14 15 11 12 11 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 21 30 12 13 14 14 10 11 20 20 15 13 18 18 35  
37 12 10,

с датировкой общего предка  $6211 \pm 680$  лет назад (без округления). Этот субклад распространен по всему Кавказу.

Интересно, что если сгруппировать все 111 гаплотипов гаплогруппы G у армян, доступные в 37-маркерном формате, то датировка условного общего предка получится  $7435 \pm 760$  лет назад, то есть практически равна датировке древнейшего субклада в Армении, G2a2a-PF3147, равной  $7421 \pm 831$  год назад (без округления). Иначе говоря, датировка древнейшего субклада, пусть и в количестве 20 гаплотипов, определяет датировку 111 гаплотипов, включающих более «молодые» датировки общих предков. Правда, его условный базовый гаплотип был уже другим:

14 22 15 **10 13 15** 11 12 12 **12 11 29** 17 9 9 11 11  
23 16 21 **29** 12 13 **14 14 10 10 19** 20 15 14 **17 18**  
34 37 **11** 10,

по сравнению с базовым гаплотипом субклада G2a2a-PF3147 у армян, 11 мутаций выделены. Проводить далее соответствующие расчеты будет некорректным, потому что полученный «суммарный» базовый гаплотип не является предковым.

Посмотрим теперь, какие снипы гаплогруппы G зафиксированы у армян, чтобы понять динамику образования нисходящих снипов в армянском сообществе.

В базе данных FTDNA и в списке YFull числятся следующие снипы:

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124 > **GG313** > GG272 > GG285 > GG265 > **GG266** > **GG264** > **GG260** (1, 4 и 2 человек),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 >

P303 > **L140** > **PF3346** > PF3345 > **U1** > **L1266** > L12277 > **L1264** (1, 1, 2 и 1 человек),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > **CTS342** (2 человека),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > PF3148 > PF3177 > FGC6669 > FGC6663 > Y14935 > **FGC58131**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > PF3359 > F1193 > PF3369 > F872 > PF3378 > Z7016 > Z7022 > **BY63384**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > PF3359 > F1193 > PF3369 > **FGC82036**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > M406 > M3317 > FGC5089 > **M3302**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > **L1259** > **PF3147** > PF3148 > PF3177 > **L91**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > **PF3146** (2 человека),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > M3317 > FGC5089 > FGC5081 > **L14** (2 человека) > Z17887 > **L645** (4 человека),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > **PF3346** (2 человека),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > CTS3359 > **PH488**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 > Y7538 > Z1816 > Z1823 > Z726 > **CTS4803**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y18370 > **PH1780** (2 человека),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > **L140** > **PF3346** > PF3345 > U1 > **L13**,

G-M201 > G2-P287 > G2b-M3115 > FGC3095 > **Y82519** (2 человека).

Мы видим, что из 16 линий здесь представлены одна G1-M342 (7 человек), 14 линий G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 (31 человек) и одна линия G2b-M3115 (2 человека), что наглядно свидетельствует о представленности линий армян в базах данных.



### Гаплогруппа E1b в базе данных FTDNA и списке YFull

Носители гаплогруппы E1b-V13, которые сейчас наиболее распространены в Европе, в основном на Балканах, по сравнению с носителями гаплогруппы E1b в других регионах мира, в настоящее время имеют базовый гаплотип, приведенный ниже, с датировкой общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад. Этот базовый гаплотип был получен при использовании выборки 193 европейских носителей гаплогруппы E1b-V13:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Поскольку Армения находится на периферии Европы, можно ожидать, что состав субкладов гаплогруппы E1b будет отличаться от европейских сообществ. В целом из 891 армянина в базе данных FTDNA гаплогруппу E1b имеют 74 человека, что составляет 8,3 % от всех. Это далеко не самая значительная доля гаплогруппы E1b в Европе. В балканских странах ее доля составляет в среднем 15 % и доходит до 25–30 % (Албания, Греция, Болгария, Черногория), во Франции и Италии — до 21 %.

Посмотрим на состав субкладов гаплогруппы E1b в Армении.

Удивительно, что наиболее представленный субклад у армян — это не V13, как во всей Европе, а M34. Этот снип имеют 42 человека из 74 в гаплогруппе E1b. Это — другая линия гаплогруппы, не проходящая через снип V13, который имеют 12 армян. Девять человек из данной выборки имеют снип V22, шесть — снип V12, и это в сумме уже 69 человек, или 93 % от всех носителей гаплогруппы E1b. Остальные пять человек имеют единичные линии снипов. Вот как выглядят эти цепочки, вплоть до конечных снипов, найденных у армян. Линия снипа V13 (выделен), о котором рассказано выше:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13** > Z1057 > Y30977 > Y30976 > **Y84931** (=BY28615),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13** > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 >

S2979 > Z16659 > Y3183 > S2972 > **A7135** > Y18360 > **A8458**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13** > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > **Z5018** > S2979 > Z16659 > **L241**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13** > Z1057 > CTS1273 > Y30976 > Y35953 > PF6784 > **Z21371**.

Взглянем теперь на линию снипа M34 (снип образовался 126 снип-мутаций, или примерно 18 тыс. лет, назад):

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > **M34** > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > Y4972 > K257 > Y4970 > **PH3893**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > **M34** > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > PF6751 > PF6748 > Y6720 > **PF6747**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z287 > Z830 > PF1962 > M123 > **M34** > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > PF6751 > PF6748 > Y6720 > PF6747 > Z21014 > Y24841 > **BY10977**.

Примеры еще трех линий армян в гаплогруппе E1b:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > L19 > PF2431 > Z21068 > PF2438 > Y10541 > Y10561 > FGC19010 > FGC18981 > **FGC18960** (=BY9849),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > **V22** (5 человек),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1902 > **V12** (2 человека).

Все эти линии расходятся от снипа M35, который образовался 243 снип-мутации, или 35 тыс. лет, назад. Понятно, что при такой древности предки нынешних армян прибыли на территорию современной Армении совершенно независимо друг от друга.

Если мы посмотрим на времена жизни ветвей снипов современных армян, то потомки самого древнего общего предка имеют снип Z849, их общий предок жил  $5796 \pm 751$  год назад (без округления), таких — 10 человек в выборке. Этот



сний входит в группу армян со снием М34 в количестве 42 человек, но за их вычетом остальные 32 человека имеют общего предка  $5166 \pm 570$  лет назад (без округления). Их базовые гаплотипы, соответственно, имеют вид:

14 24 13 9 16 17 11 12 12 13 11 30 16 9 9 11 11  
22 14 20 30 14 15 16 17 10 11 19 22 15 13 17 18  
33 35 13 10,  
13 24 13 10 16 17 11 12 12 13 11 31 17 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 15 16 17 10 10 19 22 15 13 18 19  
31 35 13 10.

Датировки общих предков —  $5796 \pm 751$  и  $5166 \pm 570$  лет назад (без округления) соответственно, для групп из 9 и 31 человека, для которых в базе данных были 37-маркерные гаплотипы.

Мы уже сообщали выше, что носители субклада E1b-V13 прошли «бутылочное горлышко» выживания в Европе и стали приумножаться начиная с середины II тыс. до н. э. Несколько позже они прибыли из Европы на Кавказ, и часть их стали армянами. Историки принимают, что важной частью формирования армянского народа были мушки, которые прибыли в Малую Азию и далее на Кавказ в конце II тыс. до н. э., что не противоречит временам миграции носителей гаплогруппы E1b-V13 после их выживания. Это, конечно, гипотеза, но ее можно рассматривать и проверять.

Все 12 носителей субклада E1b-V13 из Армении имеют базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10,

с датировкой общего предка  $3273 \pm 441$  год назад. Он идентичен базовому гаплотипу E1b-V13, полученному для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, которые показали время жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад, это то же самое, что для E1b-V13 армян, в пределах погрешности расчетов:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Для субклада E1b-V12 в Армении базовый гаплотип имеет вид:

13 23 13 10 16 16 11 12 12 13 11 31 16 9 9 11 11  
25 14 20 34 14 15 15 17 11 10 19 23 16 12 16 18

35 36 12 10 10 8 15 17 8 11 10 8 12 10 0 22 22 19  
12 12 12 17 7 12 24 18 12 12 11 14 11 11 11 11,  
с датировкой общего предка  $2300 \pm 400$  лет назад. Обратим внимание, что в базовых гаплотипах субкладов V13 и V12 имеется «нулевой маркер» DYS425 (выделен в обоих случаях), который остается нулевым во всех современных гаплотипах в этих субкладах. И не только в этих субкладах, но и во всех субкладах гаплогруппы E1b.

Список YFull дает согласующиеся показатели с базой данных FTDNA. Согласно этому списку, субклад V13 тоже не очень выражен у армянских мужчин в выборке, на него приходится только треть от всей гаплогруппы E1b. Максимальная доля гаплогруппы приходится на сний М34, как в базе данных FTDNA.

### Гаплогруппа I2a армян в базе данных FTDNA и в списке сний YFull

Гаплогруппа I2-M438 и ее нижеследующая I2a-CTS1799 в Восточной Европе обычно характерна для южных или дунайских по происхождению славян, и не вся гаплогруппа, а ее субклад I2a1a2b1a1a-Y3120, который образует четыре основных славянских (в основном) подгруппы, как показано на рис. 24. В современной научной литературе эти гирлянды букв и цифр субклада обычно не указываются, тем более что они часто меняются «законодателями номенклатуры субкладов» ISOGG и в коротком варианте записываются I2a-Y3120. Можно еще короче, I-Y3120, но это решили «бюрократы от номенклатуры», которые, видимо, сами ею не пользуются и не понимают, что это серьезно затрудняет поиск субкладов в списках с сотнями «единиц». Особенно когда в последнем варианте номенклатуры ISOGG команда «поиск» не работает.

Таким образом, гаплогруппа I2 расходится на несколько принципиальных по значимости ветвей — субклад I2a1-L460, в котором находятся в основном западноевропейские носители гаплогруппы, у армян, согласно списку YFull, носители отсутствуют, далее идет подгруппа I2a1a-Y3120, которая образовалась 18 сний-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад и в которой находятся в основном славянские (по происхождению и по современному отнесению) носители субклада, у армян они тоже отсутствуют, и I2a2-L596

(в прошлом субклад I2c), в Европе весьма редкий, с нечетким отнесением.

Неожиданным оказалось то, что у армян в базе данных FTDNA и списке YFull преобладает редкий субклад I2a2-L596. К нему относятся все образцы армян гаплогруппы I в списке YFull и 29 из 35 носителей гаплогруппы I2a в базе данных FTDNA. Европейской гаплогруппы I1 у армян вообще не наблюдалось по обоим базам данных.

Все 33 гаплотипа выборки, доступные в 37-маркерном формате, дали датировку условного общего предка гаплогруппы I2a, равную  $3600 \pm 400$  лет назад. Это — относительно малая величина, показывающая, что носители основных субкладов гаплогруппы в Армении прибыли в этот регион относительно недавно. Действительно, общие предки отдельных ветвей гаплогруппы I2a у современных армян жили еще позднее. Например, все три 67-маркерных гаплотипа западноевропейской ветви M223 дали датировку общего предка  $2170 \pm 460$  лет назад, при том, что их снипы в базе данных представлены как M223 > CTS616 > CTS10057 > L701, и три последних снипа образовались соответственно 11,9 тыс., 10,5 тыс. и 10,5 тыс. лет назад. Либо эти снипы значительно недотипированы, либо прошли жесткое «бутылочное горлышко» выживания в ходе прибытия на Армянское нагорье, где оказались только в конце прошлой эры.

Гаплотипы редкого субклада I2a2 представлены в Армении ветвью I2a2b-Y16649 (BY421, RH2569), снип которой образовался 119 снип-мутаций, или примерно 17,1 тыс. лет, назад, и далее образовывались нижестоящие ветви, ряд из которых найдены у армян (выделены):

I-M170 > I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 > Y16419 > **BY3335** (4 человека),

I2a2-L596 > I2a2b-**Y16649** (= **Z26391**) > Y16419 > Y16418 > **BY46947** (1 и 2 человека соответственно),

I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 > **Z26403** > **Y16648** (3 и 1 человек соответственно),

I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 > Y16419 > Y16418 > Y31614 > **Y46459** (2 человека),

I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 > Y16419 > Y16418 > **BY16408** (= **Y31614**).

Большинство этих снипов в базе данных недотипированы, за исключением выделенных снипов

в последних двух строках, датировки образования которых составляют примерно 2,8 тыс. и 3,1 тыс. лет назад. Видимо, остальные после детального типирования достигнут тех же датировок, поскольку время жизни общего предка, рассчитанного по 29 гаплотипам группы I2a2 в 37-маркерном формате, составляет  $2782 \pm 328$  лет назад (без округления), с базовым гаплотипом:

14 24 15 10 12 13 11 13 11 13 11 30 17 8 8 11 11  
24 15 20 32 11 14 15 15 11 10 19 21 15 13 17 18  
34 37 12 10.

Это, видимо, и есть датировка прибытия носителей гаплогруппы I2a на Армянское нагорье. Судя по наличию ископаемых образцов этой гаплогруппы в древней Европе, прибыли они оттуда. Если это и были мушки, то их потомков в современной Армении мало, в выборке менее 4 %.

Надо отметить, что выше мы не привели базовый гаплотип для всех 33 гаплотипов группы I2a у армян. Причина проста — 29 гаплотипов из них представляли гаплотипы субклада I2a2-L596 и выборка была практически полностью искажена в сторону доминирующей ветви L596. И, действительно, базовый гаплотип для всех 33 гаплотипов группы I2a был идентичен приведенному несколькими строками выше базовому гаплотипу L596. Это в очередной раз показывает, что бездумный расчет базового гаплотипа в неоднородных (по субкладам) выборках приводит или к «фантомным» показателям, или к показателям доминирующего субклада (как базовый гаплотип, так и датировка общего предка).

В списке снипов YFull имеется всего 7 представителей Армении. Все они относятся к субкладу I2a2-L596. Их цепочки снипов практически те же, что приведены в базе данных FTDNA (см. выше), хотя как минимум часть их была получена независимо:

I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 > **Y16419** > Y16418 > **Y31614** > **Y46459** (1, 1 и 2 человека),  
I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 > Y16419 > **BY3335**,  
I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 > Y16419 > Y16418 > **BY46947** (2 человека).

В этом списке не было ни одного образца снипов армян с гаплогруппой I1, как это наблюдалось и в базе данных FTDNA.

### Гаплогруппа L (L1a и L1b) армян в базе данных FTDNA и в списке снипов YFull

Очередная минорная по численности гаплогруппа среди армян — это гаплогруппа L, носители которой в описанной базе данных присутствуют в количестве 26 человек из 891, то есть 2,9 %. Это число практически совпадает с показателем 3 %, данным на сайте Eupedia. В базе данных FTDNA ветви L1a и L1b распределяются в количестве 4 и 22 человека, то есть субклад L1b доминирует.

Общий вид цепочек снипов линий L1a и L1b выглядит следующим образом:

**L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27**  
(18 человек),

**L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6249,**

**L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220,**

**L-M20 > L1-M22 > L1b-M317 > L1b1-M349**  
(4 и 2 человека).

К сожалению, в базе данных FTDNA из 26 человек 18 типированы только на M20, снип, образующий гаплогруппу L и возникший 286 снип-мутаций, или примерно 41,2 тыс. лет, назад. Ясно, что в контексте происхождения армян он неинформативен. Остальные снипы, приведенные в той же базе данных, как и единственный снип армян Y11220, приведенный в списке YFull, датируются многими тысячелетиями назад и тоже в данном контексте неинформативны.

Четыре 67-маркерных гаплогруппы группы L1a в базе данных FTDNA имеют следующий базовый гаплотип:

12 22 15 10 12 17 11 12 12 13 14 28 — 18 9 9 11  
12 25 15 19 27 14 15 16 16 — 11 11 19 20 15 14  
18 16 33 35 11 10 — 11 9 16 17 7 11 10 8 10 9 13  
20 20 14 11 12 12 15 8 13 25 22 15 12 11 14 11  
12 12 11,

носитель которого жил  $5623 \pm 817$  лет назад (без округления). Поскольку мы не знаем, к каким именно субкладам относятся эти четыре гаплогруппы, хотя один из них отмечен в базе данных как имеющий Y6249 (образовался примерно 8,4 тыс. лет назад, по данным YFull), полученная датировка имеет только условное значение.

В гаплогруппе L1b у армян двадцать 37-маркерных гаплогрупп сходятся к следующему базовому гаплотипу:

11 23 15 10 13 17 11 12 12 13 13 30 — 15 9 9 11  
11 24 16 19 31 15 15 16 16 — 10 9 18 21 15 14 17  
16 32 33 11 10,

с общим предком  $3913 \pm 467$  лет назад (без округления).

Для сравнения, у чеченских гаплогрупп доминирует субклад L1a2-M357 (= L1307), который образует другую ветвь по сравнению с армянской: L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > M357.

Это тоже поверхностный субклад, образовался 117 снип-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад. Таких среди чеченских мужчин 7 % от всех гаплогрупп, как описано выше в соответствующем разделе, но их общий предок жил всего  $980 \pm 200$  лет назад. Это означает, что гаплогруппа L вошла в чеченское общество сравнительно недавно, в отличие от вхождения в общество будущих армян.

### Гаплогруппа R1a армян в базе данных FTDNA и в списке снипов YFull

Гаплогруппа R1a у армян также числится в разряде минорных по численности, 25 результатов из 891 в базе данных FTDNA, то есть 2,8 %. Исторически, у армян можно ожидать в основном две ветви гаплогруппы R1a — южно-арийская ветвь, R1a-Z645-Z93 и ее подветви, и ветвь Русской равнины, R1a-Z645-Z280 и ее подветви. Первая отражает миграции южных ариев с Русской равнины через Кавказ в Месопотамию и Ближний Восток 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад, а также миграции их дальних потомков-скифов, в I тыс. до н. э. и несколько позже, хотя в исторической литературе тех более поздних потомков (в конце прошлой эры и I тыс. н. э.) скифами не называют, вторая — в основном потомки русских визитеров и переселенцев на Кавказ и Армянское нагорье.

В общем, так и оказалось — в базе данных FTDNA среди 25 армянских гаплогрупп 9 оказались R1a-Z645-Z280 и 16 — R1a-Z645-Z93. Все гаплогруппы Z280 оказались принадлежащими восточнокарпатской группе R1a-Z645-Z280-CTS3402 (образовалась 31 снип-мутацию, или примерно  $4500 \pm 500$  лет, назад), все гаплогруппы R1a-Z645-Z93 далее расходятся на серию нижестоящих ветвей-субкладов:

**Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > CTS7297,**

Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > **YP413**,  
 Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > **YP3920**,  
 Z93 > Z94 > **Y40**.

По оценкам составителей базы данных, у четверти носителей субклада Z93 (4 человека) нижестоящих снийпов не обнаружено, у двоих найден снийп Y40, еще у двоих — снийп Z2122, по одному человеку — найдены выделенные выше снийпы, остальные определения поверхностные, сообщается, что найден снийп Z93, нижестоящие снийпы не проверялись.

У 9 носителей восточнокарпатской ветви общий предок жил  $3600 \pm 500$  лет назад ( $3584 \pm 508$  лет назад, без округления), что в пределах погрешности совпадает со временем образования снийпа CTS3402. Базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 15 — 9 10 11  
 11 24 14 20 33 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
 18 19 35 39 13 11,

также является характерным для восточнокарпатской ветви.

У 16 носителей южной арийской ветви Z93 общий предок жил  $4500 \pm 545$  лет назад, что тоже в пределах погрешности совпадает со временем образования снийпа Z93 (32 снийп-мутации, или 4,6 тыс. лет, назад), и его базовый гаплотип был следующий:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31 — 16 9 10 11  
 11 24 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
 18 19 34 38 13 11.

Между двумя приведенными базовыми (условно предковыми) гаплотипами имеется 6 мутаций, что для 37-маркерных гаплотипов эквивалентно расстоянию между ними в  $6/0,09 = 67 \rightarrow 73$  условных поколения, или 1825 лет. Общий предок обоих гаплотипов жил примерно  $(1825 + 3584 + 4500)/2 = 5000 \pm 500$  лет назад, что в пределах погрешности соответствует времени образования снийпа Z645 (41 снийп-мутацию, или примерно 5900  $\pm$  600 лет, назад). Таким образом, происхождение основных армянских линий гаплогруппы R1a находит свое объяснение.

В списке YFull имеются всего два носителя гаплогруппы R1a из Армении с цепочками снийпов:

R1a-M420 > YP4141 > **YP5018**,

R1a-Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > **CTS7297**.

Первый образец — это архаичная линия, выделенный снийп (который и найден у армянина) образовался 85 снийп-мутаций, или примерно 12,2 тыс. лет, назад. Второй — характерная еврейская (ашкеназийская) линия гаплогруппы R1a до снийпа CTS6, и затем ашкенази с армянами расходятся на две различные линии. У евреев далее идет линия Y2619 (образовалась 18 снийп-мутаций, или 2,6 тыс. лет, назад), которая далее расходится на три основные параллельные линии снийпов Y2630, FGC18222 и BY29826 (в соотношении 60 %, 30 % и 8 % соответственно, образовались 9 снийп-мутаций, или 1,3 тыс. лет, назад), ни одной из которых у армян не обнаружено. У ашкенази, напротив, не обнаружено армянской линии CTS6 > CTS7297 (последний снийп образовался 21 снийп-мутацию, или 3 тыс. лет, назад), несмотря на достаточно глубокие исследования.

### Гаплогруппа Т армян в базе данных FTDNA и в списке снийпов YFull

Армяне — необычны в том отношении, что у них заметное место занимает гаплогруппа Т. Таких — 40 человек среди 891 в базе данных, то есть 4,5 % от всех. Сама гаплогруппа, видимо, ближневосточного происхождения, но в Европе ее в основном имеют евреи-ашкенази. Попробуем в этом разобраться, относятся ли армяне к линии ашкенази. Здесь нам поможет то, что у евреев гаплогруппы Т в Европе есть целая серия ветвей на дереве гаплотипов, общий предок каждой из которых жил примерно  $1000 \pm 200$  лет назад. Одним из примеров может служить ветвь с базовым гаплотипом:

13 23 14 11 14 16 11 12 11 14 13 30 — 17 9 8 11  
 13 26 14 20 33 11 11 12 14 — 10 10 23 24 17 14  
 17 16 35 36 11 9,

с общим предком, который жил  $1175 \pm 201$  год назад.

Более того, в состав носителей гаплогруппы Т в России, на Украине, в Белоруссии, Польше, Литве, Латвии, Чехии, Словакии, Германии почти исключительно входят те, имена ближайших предков которых (занесенные в базу данных) следующие (навскидку) — Лейб, Сруль, Эфраим, Гершель, Саул, Борух, Мордехай, Шломо, Изра-



эль, Реувен, Шимон, Янкель, Хаим, Авраам, Элизер, Шмуль, Гершон, Моисей, Иеремия, Юфим, Бер, Игнатц, Саломон, Хирш, Иезекиль, Лазарь, Менахем, Ицхак, Аарон. У армян в базе данных таких имен нет. Более того, сніпы евреев гаплогруппы Т не пересекаются со сніпами армян той же гаплогруппы, не считая самых древних сніпов. У армян цепочки сніпов следующие (выделены те, что найдены в качестве «терминальных», то есть самых глубоких, представлены в базе данных FTDNA и списке YFull):

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > **FGC63786**,

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > **Z709** > CTS7703 > Z710 > **L906** > **Y20700** (3, 1 и 1 человек),

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4990 > **CTS6507** > Y22256 > **BY169017** (2 и 1 человек),

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4990 > CTS6507 > Y7794 > **Y11596** (2 человека),

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4990 > CTS6507 > Y4963 > **CTS9882** > Y4981 > **Y16136** (2 и 1 человек),

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > **T1a2-L131**.

Мы видим, что у армян в основном наблюдаются линии от T1a-M70 и далее до T1a1-L162 и Z709 (последний сніп образовался 56 сніп-мутаций, или примерно 8,1 тыс. лет, назад), после чего идет расхождение на основную линию сніпа L906 (образовался 41 сніп-мутацию, то есть примерно 5,9 тыс. лет, назад) и далее на линию сніпа CTS6507 (образовался 29 сніп-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад). Имеются варианты разветвлений после сніпа Z709 и после L906, но в целом понятно, что армяне гаплогруппы Т имеют древнюю историю и их предки не пришли недавно группой откуда-то со стороны. В одном случае линия

армян относится не к T1a1, а к T1a2, последняя образовалась 98 сніп-мутаций, то есть примерно 14 тыс. лет, назад и, конечно, в данном случае недотипирована.

Ни одного из конечных сніпов у евреев той же гаплогруппы Т нет. Разумеется, поскольку сама гаплогруппа Т у евреев и армян та же самая, то до какого-то уровня субкладов общие предки были те же самые, но это было в глубокой древности. Посмотрим на соответствующие сніпы у евреев той же гаплогруппы:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > **L208** > Y16897 > Z19971 > Y18956 > Y10641 > **Y28685** (= **BY11520**) > Y34308 > BY28295 > **BY28564** (1, 2 и 1 человек),

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y6671 > Y12643 > PF7443 > Y37311 > Y37800 > **PF7444**,

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > P321 > **P317** (3 человека),

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > **P77** > Y4964 > Y4990 > **CTS6507** > **Y7794** (2, 3 и 1 человек),

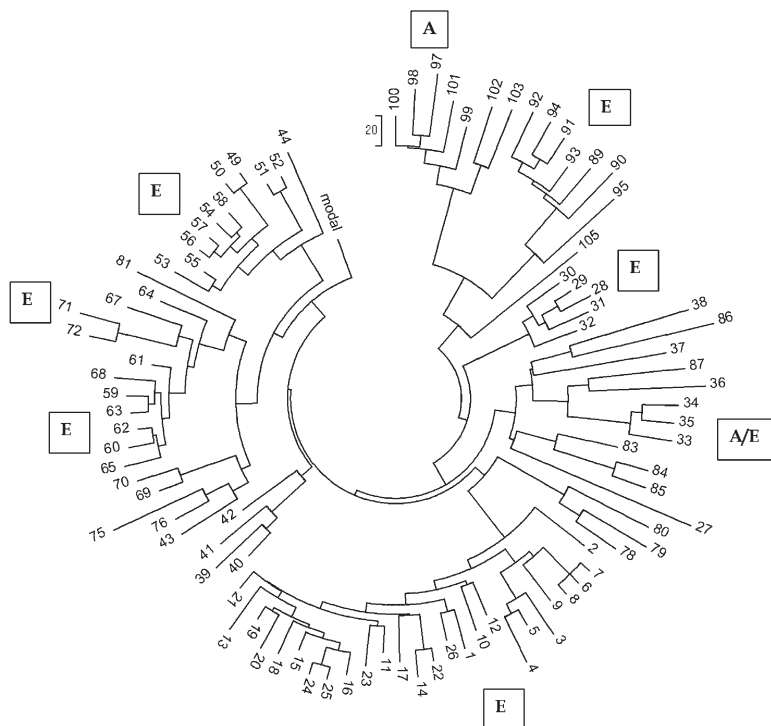
T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4990 > CTS6507 > Y31474 > Y31473 > Y91965 > **Y85388**,

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a2-L131 > L446 > CTS933 > CTS3767 > **CTS8862**.

Они расходятся с армянами в субкладе T1a1 на уровне сніпов L208 и CTS11451, которые образовались соответственно 86 и 58 сніп-мутаций, или примерно 12,4 тыс. и 8,4 тыс. лет, назад. В субкладе T1a2 они расходятся с армянами на уровне сніпа L131, который образовался 98 мутаций, или примерно 14,1 тыс. лет, назад. Понятно, что ни евреев, ни армян тогда не было, но их предки были. Но ясно, что эти предки являются очень удаленными.

Наконец, еще одну иллюстрацию в отношении различных ветвей армян и евреев, расходящихся в древнейшие времена, предоставляет дерево гаплотипов. Здесь на одно дерево нанесены 37-маркерные гаплотипы армян и евреев, взятые из базы данных FTDNA.





**Рис. 73.** Дерево из 93 гаплотипов армян и евреев гаплогруппы Т в 37-маркерном формате, построенное по данным базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-K2/default.aspx?section=yresults>. Показано расположение соответствующих ветвей (А — армяне, Е — евреи). Евреи образуют серию компактных изолированных ветвей с относительно недавними общими предками в каждой. Армяне показывают только одну относительно недавнюю ветвь (на вершине дерева), остальные гаплотипы рассеяны по всему дереву, что указывает на древность их общего предка. Имеется только одна смешанная двойная ветвь евреев и армян, справа на дереве, обозначенная как А/Е, с общим предком  $5400 \pm 700$  лет назад. Остальные датировки приведены в тексте

Большая ветвь из 26 гаплотипов евреев (в нижней части дерева) со снипами L208 > BY11520 > BY28564 (в сокращенном виде) показывает базовый гаплотип:

13 23 14 10 15 16 11 12 12 12 13 28 18 9 9 11 13  
26 14 18 33 11 13 15 19 10 9 22 23 16 14 17 16  
38 39 11 9,

носитель которого жил  $1514 \pm 201$  год назад (без округления).

Гаплотипы недавней ветви армян, со снипами L131, в верхней части дерева (под номерами 97–103) показывают базовый гаплотип:

14 23 14 10 14 17 11 12 11 14 15 31 17 9 10 11 12  
25 15 19 31 11 11 15 16 11 11 22 23 15 13 17 17  
34 37 12 9 11 8 17 17 8 12 10 8 11 9 12 20 20 17  
10 12 12 13 8 11 26 20 15 11 12 13 11 11 12 11,

с датировкой общего предка  $1539 \pm 268$  лет назад (без округления). Хотя приведенные выше

базовые гаплотипы евреев и армян указанных ветвей гаплогруппы Т образовались примерно в одно и то же время, в середине I тыс. н. э., между ними в первых 37 маркерах имеется 35 мутаций, что разводит эти предковые гаплотипы на огромное временное расстояние, эквивалентное  $35/0,09 = 389 \rightarrow 695$  условным поколениям, или примерно 17 тыс. лет. Это не удивительно, потому что здесь не только ветви разные, но армяне относятся к субкладу T1a2-L131, евреи — к субкладу T1a1-BY28564.

Подобный анализ можно было бы провести по всем ветвям дерева, но суть уже ясна. Приведем только датировки ветвей (без округления): у евреев (сверху по часовой стрелке) —  $1226 \pm 274$ ,  $1514 \pm 201$ ,  $929 \pm 250$ ,  $534 \pm 148$ ,  $1175 \pm 359$ ,  $1175 \pm 201$  год назад. Мы видим, что все ветви весьма молодые, и поскольку у каждой своя ли-

ния снипов, то ясно, что они появлялись в Европе практически независимо. Поскольку гаплогруппа Т представлена наибольшим образом на Ближнем Востоке, то, видимо, там и источник гаплогруппы Т у евреев. Общий предок всех этих еврейских линий жил  $6100 \pm 600$  лет назад и имел базовый гаплотип:

13 23 14 10 14 16 11 12 11 13 13 29 17 9 9 11 13  
26 14 19 33 11 12 15 17 10 10 22 24 16 14 16 17  
37 37 11 9.

Общий предок всех армянских линий, обсуждаемых выше, жил примерно в то же время (в пределах погрешности расчетов),  $6700 \pm 700$  лет назад, и имел базовый гаплотип:

13 23 14 10 14 17 11 12 11 14 14 30 17 9 9 11 13  
26 14 19 33 11 13 15 16 11 10 23 23 15 14 17 18  
35 37 11 9,

который отличается от базового гаплотипа евреев гаплогруппы Т на 13 мутаций (выделены), что эквивалентно  $13/0,09 = 144 \rightarrow 174$  условным поколениям, или примерно 4350 годам. Это означает, что общий предок линий евреев и армян гаплогруппы Т жил примерно  $(6100 + 6700 + 4350)/2 = 8575$  лет назад. Это в свою очередь свидетельствует, что гаплогруппа Т у армян пришла непосредственно с Ближнего Востока во времена урукских миграций, примерно 7 тыс. лет назад, в отличие от евреев, гаплогруппа Т которых появлялась в Европе «локально» практически для каждой ветви, независимо друг от друга, хотя источник этой гаплогруппы и у евреев, по-видимому, Ближний Восток.

### Гаплогруппа R2 армян в базе данных FTDNA и в списке снипов YFull

Еще аномалия среди структуры ДНК-генеалогии армян — необычно высокая доля гаплогруппы R2. Хотя сама по себе она относительно невелика, 18 гаплотипов среди 891 в базе данных, то есть 2 % от всех, но это намного выше «европейских стандартов». Например, в списке Eupedia гаплогруппа R2 вообще отсутствует в таблицах по регионам Европы, Кавказа, Ближнего Востока.

В базе данных FTDNA по гаплогруппе R2 (<https://www.familytreedna.com/public/R2/default.aspx?section=yresults>) среди более чем 40 стран максимальная доля носителей этой гаплогруппы проживает в Индии (48 человек, или 24 % от всех 197 в базе данных), на втором месте

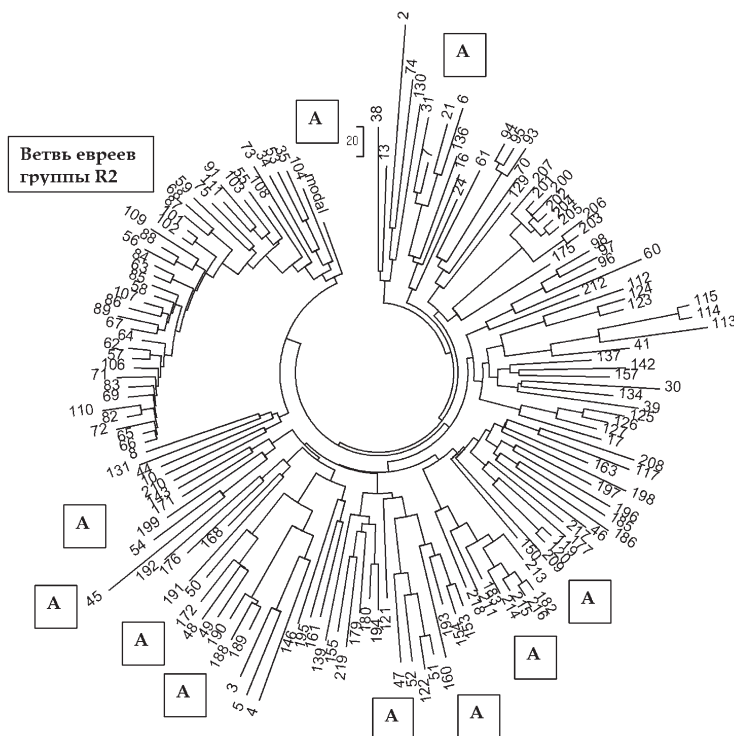
идут евреи с характерными именами их предков (27 человек, или 14 %), хотя понятно, что это число, скорее всего, занижено, потому что не у всех предков евреев были типичные имена, на третьем месте — Саудовская Аравия (13 человек, или 6,6 %), на четвертом месте — Иран (11 человек в выборке, или 5,6 %), на пятом — Армения (10 человек, или 5,1 %). Среди представителей более чем 20 стран в выборке наблюдается 1–2 носителя гаплогруппы R2, и остальные 10–14 стран имеют в выборке от 3 до 8 носителей гаплогруппы R2, в основном это Пакистан, Средняя Азия (Казахстан, Таджикистан, Узбекистан), Кавказ и Закавказье и Ближний Восток. Откуда гаплогруппа R2 попала в Армению или, наоборот, попала в далекой древности в другие регионы из Армении, сказать трудно. Но мы сейчас попытаемся это сделать, хотя бы в общих чертах.

Если построить дерево 37-маркерных гаплотипов для 153 носителей гаплогруппы R2 (а именно столько их из 197 человек имели в базе данных FTDNA 37-маркерные гаплотипы), то получим диаграмму на рис. 74.

Слева — протяженная и компактная ветвь евреев гаплогруппы R2. Ни одного армянина в выборке на этой ветви нет. Единственный гаплотип армянина (под номером 104) находится в основании этой ветви, и в том же основании находятся гаплотипы — в порядке их нахождения в основании ветви — из Туниса (35), Ирана (53), Чехии (34), Германии (73), Кувейта (108), Ирана (55, 103, 91, 111 и 75) и Чечни (59). Ни один из этих гаплотипов не относится к характерным еврейским именам и фамилиям. Начиная со следующего гаплотипа, под номером 68, все остальные гаплотипы ветви относятся явно к евреям. Если провести расчеты по гаплотипам, то все 39 гаплотипов этой ветви имеют базовый гаплотип:

14 23 14 10 13 20 12 12 11 14 10 29 16 9 9 11 11  
25 14 19 33 12 12 15 16 10 10 20 20 15 15 17 19  
34 34 12 11,

с датировкой общего предка  $1713 \pm 206$  лет назад (без округления). Если же в расчеты включить только 27 гаплотипов с характерными именами-фамилиями евреев (большинство их с Украины, из Белоруссии, Литвы, Латвии), начиная с упомянутого гаплотипа под номером 68 (Украина), то базовый гаплотип останется тем же самым, а датировка общего предка ветви станет  $757 \pm 118$  лет назад (без округления).



**Рис. 74.** Дерево из 153 гаплотипов носителей гаплогруппы R2 в 37-маркерном формате, построенное по данным базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/R2/default.aspx?section=yresults>. Плоская (в значительной части) ветвь слева — евреи гаплогруппы R2, но видно, что ветвь выходит из ступенчатой серии предковых гаплотипов, как описано и пояснено в основном тексте. Гаплотипы армян (10 гаплотипов под номерами 7, 45, 48, 49, 52, 104, 122, 150, 176, 182 и обозначенные символами А в квадрате) рассеяны по всему дереву, не образуя отдельных ветвей, что указывает на древность их общего предка

Все 153 гаплотипа дерева имеют базовый гаплотип:

14 23 14 10 13 19 12 12 11 14 10 30 17 9 9 11 11  
26 15 19 32 12 13 15 15 10 11 19 21 15 15 17 18  
33 35 12 11,

с датировкой общего предка  $6100 \pm 620$  лет назад, и 10 гаплотипов армян имеют базовый гаплотип:

14 23 **15** 10 13 **18** 12 12 **10** 14 10 30 **18** 9 9 11 11  
26 15 19 32 **13** **14** 15 15 **11** 11 19 21 **16** 15 17 18  
33 35 12 11,

с датировкой общего предка  $6600 \pm 780$  лет назад, то есть почти такой же в пределах погрешности. Эти базовые гаплотипы различаются всего на 8 мутаций (выделены), что эквивалентно  $8/0,09 = 89 \rightarrow 100$  условным поколениям, или примерно 2,5 тыс. лет, и общий предок армян гаплогруппы R2 в выборке и всего дерева жил  $(6600 + 6100 + 2500)/2 = 7600$  лет назад.

После этого изложения уже неудивительно, что ДНК-линии армян и евреев гаплогруппы R2 совершенно разные. Цепочки снипов армян этой гаплогруппы следующие:

R2-M479 > R2a-M124 (= L381) > Y3399 > Y3370 (= P267) > Y12100 > Y8763 > **FGC64354**,

R2-M479 > R2a-M124 (= L381) > Y3399 > Y3370 (= P267) > Y12100 > Y8763 > V8766 > V3714 > L295 > Y1334 > Y1340 > L294 > Y1349 > V2947 > **Y17473** > **Y52518**,

R2-M479 > R2a-M124 (= L381) > Y3399 > Y3370 (= P267) > Y12100 > Y8763 > **Y130677**.

Линии евреев расходятся на четвертом снипе в начале этой цепочки, снипе Y3370, который образовался 72 снип-мутации, или примерно 10,4 тыс. лет, назад. Если у армян дальнейший переход был по снипу FGC12100, то у евреев той же гаплогруппы — по снипу FGC13203:

Y3370 > FGC13203 > FGC13188 > **F1092** > F2791 > **F1758** > FGC13184 > **FGC13201** (= FGC13211) > BY14642 > **FGC13235**.

Здесь выделены сніпы, найденные у евреев гаплогруппы R2, причем найденные во многих примерах. Ясно, что эти сніпы у евреев недотипированы, потому что, например, сніп F1092 образовался 60 сніп-мутаций, или 8,6 тыс. лет, назад; сніп F1758 — 47 сніп-мутаций, или 6,8 тыс. лет, назад; сніп FGC13201 — 6 сніп-мутаций, или примерно 860 лет, назад; относительно последних сніпов датировки пока остаются неопределенными.

Мы уделили столько внимания этому разбору, чтобы показать, что гаплотипы армян гаплогруппы R2 не имеют практически никакого отношения к гаплотипам евреев той же гаплогруппы, за исключением того, что, возможно, вхождение гаплогруппы R2 в среду евреев было от армян или иранцев, эти два варианта имеют максимальную вероятность, причем это было всего около 800 лет назад ( $757 \pm 118$  лет назад, если без округления).

### Гаплогруппа Q армян в базе данных FTDNA и в списке сніпов YFull

Эта гаплогруппа для армян нехарактерна, из 891 образца в базе данных FTDNA только 12, или 1,3 %, относятся к гаплогруппе Q. В списке Eupedia доля этой гаплогруппы среди армян указана как 0,5 %, и в целом на Кавказе гаплогруппа Q не является специфической и варьируется между 0 и 2 %.

Для двух образцов в списке YFull соответствующие цепочки сніпов следующие:

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > M378 > L245 > **BZ3896** > **BZ3900** (= BZ3897).

В базе данных FTDNA есть еще пять образцов гаплогруппы Q армян:

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > M378 > L245 > YP745 > **YP746**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > **M25**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 (= M346) > **L53**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Y2659 (= **Y4801**).

Как видно, эти образцы расходятся по основным линиям Q2a, Q1a и Q1b, между которыми

десятки тысяч лет временной разницы. Они образовались соответственно 97, 184 и 174 сніп-мутации, или 14 тыс., 26,5 тыс. и 25 тыс. лет, назад. Понятно, что их носители попали на территорию современной Армении независимо друг от друга или в любом случае не были Y-хромосомными родственниками. Да и ряд (выделенных) сніпов выше недотипирован и, соответственно, малоинформативен. Так, сніпы M25, L53 и Y4801 образовались 159, 140 и 132 сніп-мутации, или 23 тыс., 20 тыс. и 19 тыс. лет, назад соответственно. Только сніпы YP746, BZ3896 и BZ3900 образовались 27, 22 и 16 сніп-мутаций, или 3,9 тыс., 3,2 тыс. и 2,3 тыс. лет, назад соответственно, то есть соизмеримы по времени с существованием древнего армянского сообщества.

Если рассмотреть все 12 армянских гаплотипов, все доступны в 67-маркерном формате, то их условный общий предок жил  $8707 \pm 978$  лет назад. Он «условный», потому что на самом деле гаплотипы относятся к совсем разным древним Y-хромосомным линиям и картина отражает только прохождение «бутылочного горлышка» армянских линий предками.

### Гаплогруппа H армян в базе данных FTDNA и в списке сніпов YFull

Образцов этой гаплогруппы в базе данных всего 7 из 891, то есть 0,8 % от всех. Гаплогруппа H имеет, видимо, азиатское происхождение и тяготеет к Индии, хотя и это остается только догадкой. На Y-хромосомах не написано, где они образовались или, скорее, в какой части мира произошли соответствующие мутации. Расчеты по сніпам показали, что гаплогруппа H образовалась примерно 48 тыс. лет назад, и древнейшие ее ветви находятся среди индийских дравидов. Отсюда — происхождение европейских цыган, которые прибыли миграциями в Европу несколько более тысячи лет назад, и большинство их имеют гаплогруппу H с субкладом H-M82.

В выборке из 7 гаплотипов субклада M82 нет. Но, к сожалению, сніпы этой гаплогруппы у армян (первые две строки — из базы данных FTDNA, вторые две строки — из списка YFull) типированы совершенно поверхностно, например:

H-L901 (2 человека),

H-L901 > H2-P96,

H-L901 > H2-P96 > **Y28140** > Z41291  
(= **Z41289**),

H-L901 > H2-P96 > **Y21618** (2 человека).

Все выделенные сніпы образовались более 10 тыс. лет назад. Но уже ясно, что такое разнообразие линий гаплогруппы H всего у нескольких человек показывает, что предки армян этой гаплогруппы прибывали на территорию современной Армении разрозненно. Условный общий предок этих семи человек жил  $8363 \pm 1078$  лет назад (без округления).

### Гаплогруппы C, N и A армян в базе данных FTDNA и в списке сніпов YFull

Это — сугубо минорные по численности гаплогруппы среди армян, в количестве 0,1–0,2 % от всех. Как правило, разрозненные ДНК-линии, не давшие заметных популяций в Армении.

Так, гаплогруппа C представлена в базе данных Армении линиями субкладов C1 и C2, образовавшимися около 50 тыс. лет назад. Примеры этих линий:

C-M130 > C1-F3393 > C1a-CTS11043 > Y11591 > V20 > V86 > F16270 > **F15182**,

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > Z1300 > CTS2657 > CTS11990 > CTS8579 > Y13856 > **M407**.

Гаплогруппа N1a представлена в базе данных FTDNA двумя гаплотипами разных линий, N1a1 (недотипирован) и N1a2-VL67. Первый — типичный сніп Русской равнины, хотя его история уходит вглубь на 16 тыс. лет в Алтайский регион. Второй заканчивает цепочку сніпов:

N-M231 > Z4762 > L729 > L666 > P43 > **VL67**.

Последний сніп более характерен для народов Поволжья и северных народов России. Как он пришел к армянам — пока неизвестно. В списке YFull сніпов армян гаплогруппы C нет.

Неожиданно, в базе данных FTDNA армян имеются 2 образца гаплогруппы A, которая за пределами Африки встречается редко. Оба — из Турции, сніпы M32 и M13. Приводить анализ их гаплотипов большого смысла не имеет, тем более что один из них — короткий, 12-маркерный.

### Отсутствие ДНК-генеалогической связи между армянами и греками

Этот вопрос мы здесь затронем только потому, что среди многих легенд о происхождении ар-

мян есть и та, что армяне якобы происходят от древних греков, или наоборот. Сопоставление показателей ДНК-генеалогии у тех и других показывает, что никаких оснований для такой легенды нет. Ведущая в численном отношении гаплогруппа R1b у армян имеет совершенно другой состав субкладов, нежели у греков (см. раздел «Греки» ниже, под номером 50). У армян основной субклад в гаплогруппе R1b — Z2103, на который приходится 92 % от всей гаплогруппы. У греков такой субклад имеется только в относительно небольших количествах. У тех и других есть небольшая примесь «европейского» субклада R1b-P312, древней культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад), но примесь малая, и никто не знает, когда носители этого субклада попали в Грецию и Армению, возможно, и относительно недавно. Но в любом случае он не является определяющим ни у греков, ни у армян.

Гаплогруппа J2 является одной из численно лидирующих у греков и армян, но она не является специфической и распространена по всей Европе и Азии, от Атлантического до Тихого океана. Скорее всего, эта гаплогруппа прибыла на Кавказ и в Грецию из Малой Азии и стран Ближнего Востока.

Гаплогруппа E1b имеет характерный для Греции субклад V13, в Армении его нет.

### Отсутствие ДНК-генеалогической связи между гаплотипом фараона Тутанхамона и базовым гаплотипом армян

Очередная легенда гласит о том, что предком фараона Тутанхамона в Египте (годы правления, оценочно, 3332–3323 года назад) был один из предков современных армян или если не армян, то современных кавказцев. К этому нет никаких оснований, если исходить из гаплотипа Тутанхамона, который был, по сообщению швейцарской кампании iGenea, отнесен к гаплогруппе R1b и имел гаплотип:

13 24 14 11 11 14 10 13 13 30 16 14 19 10 15 12.

Базовый гаплотип современных армян в том же формате имеет вид (по данным анализа выборки из 224 гаплотипов армян):

12 24 14 11 11 14 12 13 13 29 16 15 19 11 16 12, с датировкой общего предка  $4600 \pm 500$  лет назад (округленно). Как видно, эти два гаплотипа довольно удалены друг от друга, а именно



на 7 мутаций на 16-маркерных гаплотипах. Это разводит гаплотипы на  $7/0,0343 = 204 \rightarrow 260$  условных поколений, или примерно 6,5 тыс. лет, назад, и общий предок их жил примерно  $(6500 + 4600 + 3330)/2 = 7215$  лет назад. Если гаплотип Тутанхамона подтвердят независимо, то это мог быть некий архаичный субклад, например, R1b-L754, R1b-V88 (= V2219) или подобный. Определенно, это не субклад, наблюдаемый у армян.

\* \* \*

На этом мы закончили с народами-«миллионниками» и переходим к последующим по численности народам, которых в составе **Российской Федерации** — от 910 тыс. до 500 тыс. человек (округленно). Они следующие (численность округлена).

**Таблица 17.** Народы в составе Российской Федерации, численность которых составляет от 912 тыс. до 500 тыс. человек

Народность	Численность по переписи населения 2010 г. (мужчины и женщины), тыс. чел.
Аварцы	912
Мордва	744
Казахи	648
Азербайджанцы	603
Даргинцы	589
Удмурты	552
Марийцы	548
Осетины	529
Белорусы	521
Кабардинцы	517
Кумыки	503

## 8. АВАРЦЫ

Разумеется, справочная литература изобилует теориями, гипотезами и предположениями о происхождении того или иного народа, как правило, противоречивыми. Часто они основываются на библейских сказаниях, легендах, высказываниях античных историков и их множественных интерпретациях средневековыми философами и нашими современниками, от академических ученых до откровенных дилетантов. Примеры — в разде-

ле «Аварцы» Википедии — <https://ru.wikipedia.org/wiki/Аварцы>.

Ничего этого мы в данной книге рассматривать не будем. Никакого «навеивания» со стороны других дисциплин, как правило, компилятивных, мы в данной книге не принимаем. Иначе бы это крайне увеличило объем книги, превратило изложение в нечто аморфное, рыхлое и неопределенное, а значит, полностью загубило материал. Мы основываемся исключительно на объективных данных, а именно на картине мутаций в Y-хромосоме, в которых количество и характер интерпретаций минимальное. Это же относится и ко всем последующим разделам книги.

По данным Всероссийской переписи населения, число аварцев в Российской Федерации составляет 912 тыс. человек, из них 93 % проживают в Дагестане, еще 1 % — в Ставропольском крае, и 0,6 % — в Москве.

К сожалению, данных по гаплогруппам-субкладам-гаплотипам аварцев немного. В списке YFull данных по ним нет. Отдельной базы данных (в частности) в FTDNA нет. Есть FTDNA-проект по народам Дагестана: <https://www.familytreedna.com/public/dagestan?iframe=yresults>, но там есть данные только по одному аварцу, гаплогруппы Q2a, субклада YP1231 (образовался 21 снип-мутацию, или примерно 3 тыс. лет, назад):

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > M378 > L245 > YP745 > YP1226 > **YP1231**.

Это та же цепочка снипов, что найдена у армян, но с разветвлением от снипа L245, который образовался 48 снип-мутаций, или примерно 6,9 тыс. лет, назад.

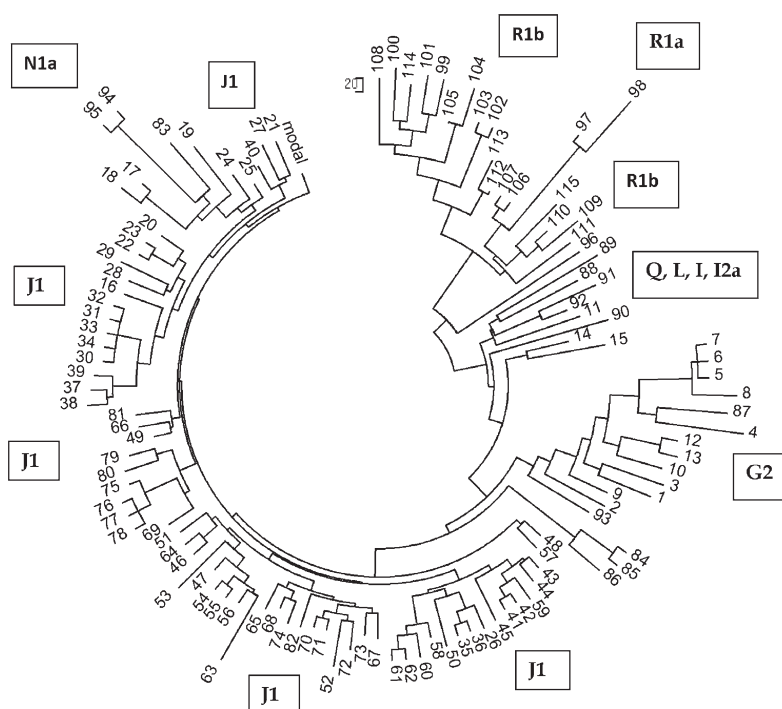
В литературе есть несколько исследований аварцев, см. табл. 18.

Мы видим, что хотя данные двух авторов (авторских коллективов) несколько различаются (особенно в отношении гаплогруппы R1b), но в целом показывают общую картину, которая в целом же согласуется с данными сайта Eurpedia. Ясно, что наиболее распространена среди аварцев гаплогруппа J1, далее данные расходятся, но можно полагать, что следующей идет гаплогруппа R1b и далее гаплогруппы G2a, J2, L, E1b и T. Остальные гаплогруппы среди аварцев — минорные по численности.

**Таблица 18.** Состав аварцев по гаплогруппам, сайт Eupedia: [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml). Сокращение н/п — данные не представлены

Гаплогруппа	Данные Юнусбаева* (42 чел.), %	Данные Балановского и др.** (115 чел.), %	Сайт Eupedia (менее 100 образцов), %
J1	67	59	66,5
R1b	2	15	2,5
G2a	н/п	11	0
J2	5	6	4,5
L	10	3***	9
E1b	7	н/п	7
K2****	5	н/п	4,5 (гаплогруппа Т)
R1a	2	2	2,5
N1	н/п	2	0
R2	2	н/п	н/п
I	н/п	1	0
I2a	н/п	1	н/п
Q	н/п	1	0

\*\*\*\* Устаревшее наименование, сейчас это гаплогруппа Т.



**Рис. 75.** Дерево из 115 гаплогрупп аварцев в 19-маркерном формате, построенное по данным статьи Balanovsky O. et al. (2011), ссылка приведена выше. Показано расположение ветвей ряда гаплогрупп. Гаплогруппа J1, доминирующая у аварцев, занимает почти всю левую и нижнюю части дерева

Рассмотрим кратко примечательные особенности гаплогрупп аварцев.

### Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа имеется у 59–67 % аварских мужчин в выборке. Какие у них снипы в этой группе — опубликованные данные не сообщают, кроме того, что у них (кроме одного аварца, см. ниже) нет снипа P58 (образовался 77 снип-мутаций, или примерно 11,1 тыс. лет, назад). Этот снип примечателен тем, что он имеется практически у всех евреев и у большинства арабов гаплогруппы J1. Получается, что будущие аварцы и будущие евреи разделились по своим линиям Y-хромосомы еще до образования этого снипа. Мы видим, что линия гаплогруппы J1 у аварцев расходится на много малых подветвей (рис. 75). Отчасти это может быть из-за того, что гаплотипы довольно короткие, 19-маркерные, и потому чувствительны даже к отдельным мутациям в гаплотипах. При удлинении гаплотипов эти ветви могут выравниваться и сливаться, поэтому сейчас анализировать каждую из них отдельно большого смысла не имеет. Общий предок всех 68 гаплотипов (включая и одного, отнесенного авторами публикации к снипу P58) жил  $4349 \pm 490$  лет назад (без округления). Если удалить из этой серии носителя P58 (гаплотип под номером 83 на дереве выше), то общий предок жил  $4259 \pm 481$  год назад, что то же самое в пределах погрешности расчетов.

Вообще гаплотип под номером 83 странный и потому, что группируется на дереве с парой гаплотипов гаплогруппы N. Это может быть случайностью или неверным типированием снипа P58. В любом случае, наличие или отсутствие этого гаплотипа в аварской серии практически ничего не меняет. Базовый гаплотип всей серии из 68 или 67 гаплотипов (при удалении гаплотипа снипа P58) один и тот же:

12 23 14 10 12 17 11 13 12 14 11 16 20 14 21 11 15 10 21.

Он заметно отличается от базового гаплотипа евреев и арабов гаплогруппы J1, как и можно было ожидать, поскольку предки аварцев и евреев-арабов разошлись более 11 тыс. лет назад, как сообщено выше. Последний гаплотип в 19-маркерном формате имеет вид:

12 23 14 10 13 18 11 16 11 13 11 17 18 14 20 10 15 10 21.

Между ними — 12 мутаций, что соответствует временному расстоянию между аварским и арабо-еврейским предковыми гаплотипами  $12/0,03681 = 326 \rightarrow 470$  условных поколений, или примерно 11 750 лет. Получается, что их общий предок жил  $(4349 + 4000 + 11\,750)/2 = 10\,000 \pm 1500$  лет назад, что не входит в противоречие с датировкой снипа P58 (11 100 лет назад, см. выше). Строго говоря, наука не знает, откуда на Кавказе появилась гаплогруппа J1 — или, как предполагают археологи, ее носители пришли урукскими миграциями из Месопотамии примерно 7 тыс. лет назад, или, напротив, они перешли древними миграциями с Кавказа в Месопотамию намного раньше, и урукская была «возвратной миграцией». Но в любом случае, как мы здесь показали, разделение между предками аварцев и предками ближневосточных носителей гаплогруппы J1 произошло ранее 11 тыс. лет назад.

### Гаплогруппа R1b

Все 17 гаплотипов в серии были недотипированы, указан только поверхностный снип M269, который образовался 98 снип-мутаций, или примерно 14,1 тыс. лет, назад. Понятно, что в данном контексте это совершенно неинформативно. Но у гаплотипов в серии есть примечательная особенность — почти все они начинаются с маркера DYS393 = 12, что есть указание на их принадлежность к снипу Z2103, как и подавляющее большинство кавказских гаплотипов группы R1b. Это — потомки гаплотипов ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад). Действительно, общий предок всех 17 гаплотипов жил  $5344 \pm 737$  лет назад, что согласуется с временем ямной культуры. Базовый гаплотип серии следующий:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 15 19 12 24.

Он всего лишь на 1 мутацию (в «быстром» маркере DYS458) отличается от предкового гаплотипа субклада Z2103, приведенного выше в данной книге и полученного для выборки из 204 гаплотипов (в 111-маркерном формате), что тоже подтверждает его принадлежность к снипу R1b-Z2103. Таким образом, как в случае почти

всех кавказских гаплотипов, предки аварцев этой гаплогруппы прибыли на Кавказ с севера, из ямной культуры, которая располагалась в значительной части в волжских степях и на территории современной Калмыкии.

### Гаплогруппа G2a

Почти все аварские гаплотипы этой гаплогруппы имеют в процитированной публикации снип G2a-P303, которым заканчивается следующая цепочка в номенклатуре снипов:

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303.

Этот снип образовался 89 снип-мутаций, или примерно 12,8 тыс. лет, назад, так что в данном случае он тоже поверхностный. Общий предок всех 13 гаплотипов в серии жил  $6286 \pm 896$  лет назад (без округления) и имел базовый гаплотип: 14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 16 20 11 17 10 21.

Он практически такой же, как базовый гаплотип русских той же гаплогруппы G2a-P303, приведенный выше в соответствующем разделе (но в 37-маркерном формате, в котором отсутствует последний маркер DYS635 = 21):

14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 20 29 13 13 14 14 10 11 20 20 16 13 17 18  
35 37 11 10,

но у русских общий предок жил  $3060 \pm 420$  лет назад. Как было сказано выше, вопрос, откуда этот гаплотип (или его ближайшие производные), решается довольно просто — почти такие же субклады и гаплотипы характерны для грузин, осетин (как дигорцев, так и иронцев), карачаево-балкарцев, абхазов, черкесов, адыгов, шапсугов и других групп населения Западного и Центрального Кавказа. Например, базовый гаплотип субклада G2a-P303 в Грузии имеет вид:

14 22 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 20 30 13 13 14 14 10 11 20 20 15 13 18 18  
35 38 11 10,

и его общий предок жил  $3025 \pm 375$  лет назад (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. — М.: Книжный мир, 2016). Как видно, базовый гаплотип у аварцев намного древнее.

### Гаплогруппа J2

В серии аварских гаплотипов, опубликованных в статье (Balanovsky O. et al., 2011), есть всего

7 гаплотипов гаплогруппы J2, то есть 6 % от всех. Это — набор разрозненных гаплотипов разного происхождения, разбросанных по трем ветвям. Одна тройка гаплотипов, под номерами 84–86, образующих отдельную малую ветвь на дереве (рис. 75), имеет общего предка  $1688 \pm 660$  лет назад. Условный общий предок всех 7 гаплотипов жил  $8294 \pm 1321$  год назад (без округления). Но это число просто означает, что гаплотипы относятся к разным ДНК-линиям и попадали к будущим аварам бессистемно.

### Гаплогруппы L, R1a, N1, I, I2a, Q

К этим гаплогруппам относятся единичные гаплотипы, которые нет смысла анализировать. Например, у двух гаплотипов гаплогруппы R1a есть всего 4 мутации, что формально помещает их общего предка на  $1700 \pm 660$  лет назад, то есть в I тыс. н. э., но об их происхождении ничего сказать нельзя. То же — и об остальных единичных гаплотипах.

## 9–10. МОРДВА (ЭРЗЯ И МОКША)

Давно идет дискуссия о том, как правильно называть народы, указанные в заглавии данного раздела, о том, что название «мордва» является искусственным, хотя и наиболее широко известным в России, и о том, субэтноты ли эрзя и мокша по отношению к этносу «мордва» или это разные народы, со своими языками и культурными различиями. Как не раз подчеркивалось в данной книге, мы не идем по пути «игры в слова» и не пытаемся занять ту или иную сторону с тем, чтобы утонуть в противоречивых деталях и мнениях, конца которым нет. Мы приводим конкретные данные. Первое в данном случае — сведения, что в ходе переписи населения само-назвались мордвой 744 тыс. человек (округлено), эрзями — 57 тыс. и мокшами — 4767 человек. Так что оставим академические дискуссии уважаемых ученых в стороне и примем к сведению самоназвания. Второе — показатели картины мутаций в Y-хромосоме. Исходя из этого, выясним, какие объективные показатели ДНК в тех, кто называют себя эрзями и мокшами. Для этого привлечем базу данных FTDNA «Эрзя-Мокша»: <https://www.familytreedna.com/public/Erzya-Moksha%20DNA%20Project/default.aspx?section=yresults>.

Всего в этой базе данных 198 человек, но из них эрзя — 46 человек, мокша — 20 человек, а также мешера 42 человека, остальные — этнографически другие группы людей, например, русские, проживающие в регионах эрзи и мокши, татары, потомки кадомских купцов и так далее. Это даст нам дополнительную возможность рассмотреть их ДНК-генеалогические связи (если таковые будут) с эрзей и мокшой.

К сожалению, 8 из 20 гаплотипов (40 %) мокши представлены в базе данных в коротком, 12-маркерном формате. В серии эрзи таких 14

из 46 (30 %). Чтобы учесть все гаплотипы, рассмотрим сначала 12-маркерное дерево гаплотипов эрзи и мокши (рис. 76).

Помимо этого, рассмотрим базу данных IRAKAZ–Русская равнина, в которой из 6507 имеется 27 гаплотипов эрзи. Выборка небольшая, но она дает представление о распределении гаплогрупп среди приведенных 27 образцов.

Для начала отметим, что наиболее представленные гаплогруппы у мордвы, а также эрзи и мокши следующие (табл. 19).

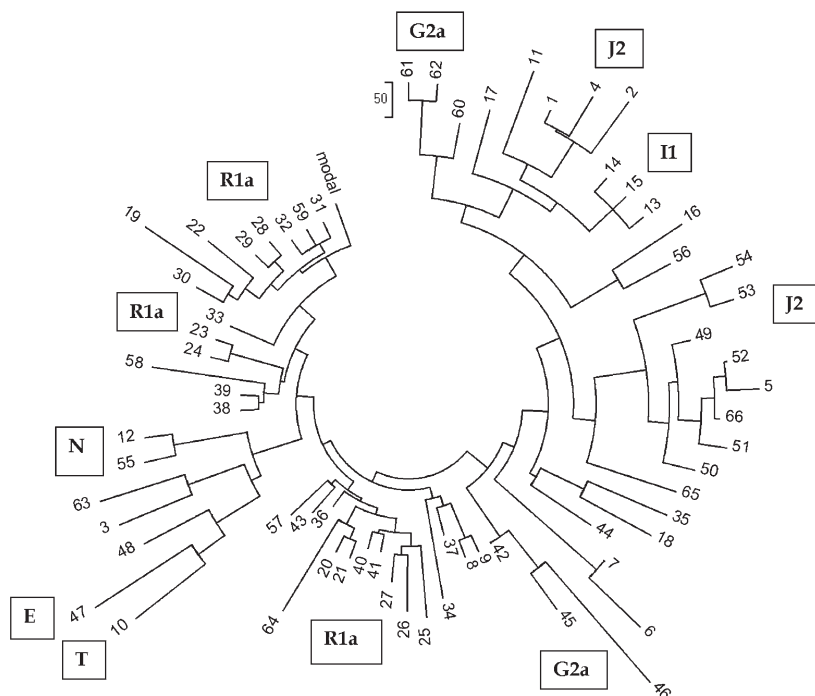
**Таблица 19.** Состав мордвин по гаплогруппам (по данным сайта Eupedia: [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml) и статьи Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139 (20 p.), а также эрзей и мокш (по данным выборки базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Erzya-Moksha%20DNA%20Project/default.aspx?section=yresults>)

Гаплогруппа	Мордвины, по данным базы Eupedia, 100–250 чел., %	Мордвины по статье Tambets et al. (2018), 82 чел., %	Эрзи, 46 чел., %	Эрзи, база данных IRAKAZ–Русская равнина, 27 чел., %	Мокши, 20 чел., %
R1a	36	27	54	67	20
Z280	н/п	н/п	н/п	45	н/п
M458	н/п	н/п	н/п	7	н/п
Z93	н/п	н/п	н/п	11	н/п
Другие	н/п	н/п	н/п	4	н/п
J2	14	12*	13	4	45
I1	8	19,5**	11	15	0
R1b	11	13	6,5	4	5
G2a	3	3,7	6,5	0	15
N	15	18,3	2	7	10
N1a1	н/п	15,9	н/п	7	н/п
Другие	н/п	2,4	н/п	0	н/п
I2	4	н/п	н/п	0	н/п
I2a	1	н/п	2	0	0
I2b	3	н/п	н/п	0	н/п
C	н/п	0	2	0	0
T	0	н/п	2	4	0
E	9	0	0	0	5

\* Сумма гаплогрупп J1 и J2.

\*\* Сумма гаплогрупп I1 и I2.





**Рис. 76.** Дерево из 66 гаплотипов эрзей (гаплотипы под номерами 1–46) и мокш (гаплотипы под номерами 47–66) в 12-маркерном формате, построенное по данным базы FTDNA «Эрзя-Мокша»: <https://www.familytreedna.com/public/Erzya-Moksha%20DNA%20Project/default.aspx?section=yresults>. Показано расположение ветвей ряда гаплогрупп. Гаплогруппа R1a, доминирующая у эрзей, занимает нижнюю и левую части дерева, гаплогруппа J2, доминирующая у мокш, занимает центральную часть правой стороны дерева

Мы видим, что распределение по гаплогруппам у эрзей и мокш разное и по ряду гаплогрупп заметно отличается от совокупной выборки мордвин. Конечно, статистика у эрзей и мокш здесь мала, но даже для малой статистики различия очень заметны. У эрзей наиболее представлена гаплогруппа R1a (более 50 %), у мокш — гаплогруппа J2 (около 50 %). У эрзей в малой выборке гаплогруппа I1 представлена 5 гаплотипами, у мокш — ни одного. Гаплогруппы N у эрзей почти нет, всего 1 образец из 46. У мокш — 2 из 20. Гаплогруппы G2a у тех и других — по 3 образца, хотя у эрзей из 46 человек, у мокш — из 20.

Посмотрим на дерево гаплотипов. Гаплогруппа R1a, доминирующая у эрзей, расходится у них на две ветви — одна внизу дерева, 14 гаплотипов из 25 у эрзей, другая — слева, из 10 гаплотипов, и один гаплотип (под номером 7) ушел в сторону, что наблюдается нередко для 12-маркерных гаплотипов, чувствительным к случайным му-

тациям. Гаплогруппа J2, доминирующая у мокш, находится в правой центральной части дерева.

В базе данных находятся гаплотипы норвежца и финна гаплогруппы J2 под номерами 65 и 66 соответственно. Эта гаплогруппа совершенно нехарактерна для тех и других, и ее доля составляет 0,5 % в Норвегии и ее практически нет в Финляндии ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)). По какой-то причине эти гаплотипы администраторы занесли в базу данных «Эрзя-Мокша». Норвежец стоит особняком и не тяготеет ни к одной ветви, финн в целом попадает в ветвь мокш, в которой находится и один эрзя (гаплотип под номером 5), но это мало что означает.

Итак, при первом же рассмотрении, даже с использованием «укороченного» дерева 12-маркерных гаплотипов, становится ясным, что эрзя и мокша — народности с разным происхождением. Конечно, статистика здесь мала, но вряд ли увеличение выборки изменит этот вывод. А то,

что языки этих двух народностей тоже разные, только поддерживает наш вывод.

### Снипы гаплогруппы R1a у мордвинов

В списке YFull есть 6 представителей мордвинов, без разделения на эрзей и мокш. Соответствующие цепочки снипов следующие:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > **S23592**,

R1a-Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > FGC2555 > BY191239 > **BY191886**.

Последний снип образовался всего 4 снип-мутации, или примерно 580 лет, назад.

R1a-Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > **YP371**.

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > FGC13681 > YP582 > **YP578**.

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y2910 > Y2915 > **Z434** (2 человека).

Мы видим, что эта выборка у мордвы включает одну линию Z93 и пять линий Z280.

### R1a у эрзей

Рассмотрим теперь сами гаплотипы эрзей. Нижняя ветвь на дереве, состоящая из 14 гаплотипов, имеет базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30

и характерна для линии R1a-Z280-Z92 с возможными нижестоящими снипами Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569. Общий предок этих гаплотипов жил  $4167 \pm 773$  года назад (без округления). Это — северная евразийская ветвь, вполне ожидаемая для эрзей. В то же самое время тот же базовый гаплотип характерен для карпатской ветви CTS1211 и нижестоящих снипов: R1a-Z280-CTS1211-CTS3402, где последний — снип балто-карпатской ветви. В 12-маркерном формате эти гаплотипы практически не разделяются.

Действительно, для 6 гаплотипов в данной ветви (под номерами 20, 27, 34, 36, 42 и 43) на дереве определены «глубокие» снипы, которые представлены следующими цепочками (конечные снипы выделены):

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > YP5570 > YP682 > A8998 > **BY29708**,

R1a-Z280 > **Z92**,

R1a-Z280 > CTS1211 > YP1019 > YP1020 > Y35177 (= **BY82934**),

R1a-Z280 > CTS1211 > **CTS3402** > **Y33** > CTS8816 > Y2902 > Y2910 > Y2915 > Z434 (= **PF5327**).

Последний снип (PF5327) образовался 12 снип-мутаций, или примерно 1,7 тыс. лет, назад, снип BY29708 — примерно 1550 лет назад, снип BY82934 — 19 снип-мутаций, или примерно 2,7 тыс. лет, назад, остальные выделенные снипы образовались раньше.

Левая ветвь на дереве, состоящая из 12 гаплотипов, имеет базовый гаплотип:

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

(3 мутации по сравнению с первым базовым гаплотипом выделены). Здесь есть некоторая неопределенность, поскольку четвертый маркер смешанный и число (аллель) при нем равно 10,33. Похоже, что там смесь балто-карпатской ветви (субклад R1a-Z280-CTS1211-CTS3402), центральноевропейской ветви R1a-M458-L1029, западнославянской ветви R1a-M458-L260 и южноарийской ветви R1a-Z93, плюс субклады, которые 12-маркерный гаплотип не может идентифицировать. Действительно, «глубокие» снипы, определенные у 3 гаплотипов (под номерами 22, 29 и 33) данной ветви, следующие:

R1a-**Z93**,

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP1337 > **BY27938**,

R1a-Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > **FGC2555**.

Последний снип образовался 16 снип-мутаций, или примерно 2,3 тыс. лет, назад, снип BY27938 — примерно 1,7 тыс. лет, назад, снип Z93 — 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Далее, 3 гаплотипа в левой ветви, под номерами 31, 32 и 59, почти идентичны, и один из них (мокша, 59) относится к центральноевропейской ветви M458 > L1029 > YP728, см. следующий раздел.

В списке YFull есть шесть конечных («терминальных») снипов мордвин, без указаний, эрзя они или мокша. Они следующие:

R1a-Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > **S23592**,

Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > **FGC2555**,

Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > **YP371**,

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > FGC13681 > YP582 > **YP578**,

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y2910 > Y2915 > **Z434** (2 человека).

Мы видим, что это ветвь южных ариев (Z93) и карпатская ветвь (CTS1211) с нижестоящими субкладами. Они уже были описаны выше.

В базе данных Русской равнины есть 18 гаплотипов R1a (из 27 в выборке), снипы некоторых уже рассмотрены выше. Так, в линии Z93 глубокие снипы есть у двух человек, S23592 (см. цепочку снипов выше). В линии Z280 есть четыре образца со снипом Z92-YP569, цепочка которого тоже рассмотрена выше, как и снипов CTS1211, YP343 (три образца), YP340, Y2902 (три образца), а также YP335 со следующей цепочкой снипов:

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP295 > **YP335**.

В европейской линии M458 у эрзей есть представители двух ветвей — центральноевропейской CTS11962 и западнославянской L260-YP1337:

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > **CTS11962**,

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > **YP1337**.

Общий предок группы эрзей из 12 человек субклада Z280 (гаплотипы в 37-маркерном формате) жил  $3440 \pm 459$  лет назад, и малой группы всего из трех гаплотипов субклада Z93 — жил  $3460 \pm 700$  лет назад. Возможно, это совпадение датировок случайное, но возможно, это времена сложения будущего этноса эрзя.

### Гаплотипы R1a у мокш

У мокш в описываемой выборке из 20 гаплотипов только 4 относятся к гаплогруппе R1a, два в нижней ветви (под номерами 57 и 64) и два — в левой ветви (58 и 59). При этом 2 гаплотипа из этих 4 (58 и 64) далеко «вылетают» за пределы ветвей, то есть содержат необычные для этих ветвей мутации. Гаплотип под номером 59 имеет снип (выделен):

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP417 > YP418 > **YP728**,

и относится к центральноевропейской ветви, маркируемой снипом M458 > L1029.

Остальные гаплотипы типированы поверхностно, и при наличии необычных мутаций их отнесение к снипам по виду гаплотипа не представляется возможным.

### Гаплотипы J2 у мокш

Это — доминирующая гаплогруппа у мокш (см. табл. 19), которая есть почти у половины образцов мокш в выборке, а именно у 9 образцов из 20. Общий предок всех 9 гаплотипов жил  $6200 \pm 1200$  лет назад и имел условный базовый гаплотип:

12 24 15 10 13 17 11 15 12 13 11 29.

У 3 гаплотипов из этой серии известны «глубокие» снипы, которые показаны в следующей цепочке (снипы выделены):

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 (= Z1296) > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > **Z8429** > Y12007 > **Y12000** > Y12936 > **Y12400**.

Первые три выделенных снипа широко распространены у татар, башкир и немного у русских, у которых гаплогруппы J2 мало. То, что все 3 снипа сидят в одной цепочке, показывает, что у мокш это все одна и та же Y-хромосомная линия, причем последний снип, Y12400, образовался всего 7 снип-мутаций, или примерно тысячу лет, назад. От него в списке YFull отходят нижестоящие снипы, которые, согласно списку, найдены в Мордовии, без детализации, это эрзя или мокша. Для того чтобы представить более полную картину, приведем снипы, найденные в соседних регионах:

Y12000 > **Y33540** (мордва × 2, башкиры),

Y12000 > **Y12936** (мордва) > **Y12400** (мордва) > **Y21525** (мордва × 2),

Y12000 > Y12936 (мордва) > Y12400 (мордва) > Y136265 (татары) > **Y136216** (мордва),

Y12000 > Y12936 (мордва) > Y12400 (мордва) > Y21460 (татары) > **Y89650** (мордва, Рязань),

Y12000 > Y12936 (мордва) > Y12400 (мордва) > Y21460 (татары) > Y23720 (Рязань).

Этими снипами исчерпывается список YFull в отношении мордвы гаплогруппы J2.

### Гаплотипы J2 у эрзей

У эрзей всего 6 гаплотипов группы J2, что составляет 13 % от всех. Ни у одного не определен «глубокий» снип, что не позволяет проводить осмысленные отнесения к субкладам. Базовый гаплотип у эрзей отличается на 3 мутации (выделены) от такового у мокш и соответствует:

12 24 15 10 13 **16** 11 15 **13** **12** 11 28.

Условный общий предок у эрзей жил  $5100 \pm 1200$  лет назад, но если снять явно выпадающий гаплотип (под номером 6), то общий предок остальных 5 гаплотипов жил  $4000 \pm 1100$  лет назад. Ясно, что этот выпадающий гаплотип относится к другому, удаленному субкладу. Три мутации для 12-маркерных гаплотипов — это много, и соответствует временно-му расстоянию  $3/0,02 = 150 \rightarrow 171$  условному поколению, или примерно 4275 годам, и общий предок обеих линий, эрзи и мокши, жил примерно  $(6200 + 4000 + 4275)/2 = 7200$  лет назад. Это еще раз показывает, что эрзя и мокша относятся к разным мужским ДНК-линиям.

### Снипы гаплогруппы J2 у мордвы

В списке YFull есть 8 представителей мордвы, без указания, эрзя это или мокша. Все их конечные снипы образовались относительно недавно, от 1440 до 580 лет назад (от 10 до 4 снип-мутаций назад). Иначе говоря, гаплогруппа J2a пришла к мордвинам совсем недавно по историческим меркам. Соответствующие цепочки снипов следующие:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > Y12007 > Y12000 > **Y33540** (2 человека),

Y12000 > **Y12936** > **Y12400** > **Y21525** (2 человека),

Y12000 > Y12936 > Y12400 > Y136265 > **Y136216**,

Y12000 > Y12936 > Y12400 > Y21460 > **Y89650**.

Мы видим, что все эти цепочки проходят через недавний снип Y12000 (подчеркнут), который образовался 15 снип-мутаций, или примерно 2,2 тыс. лет, назад, в конце прошлой эры.

### Гаплотипы R1b у эрзей и мокш

Это — минорные по численности гаплогруппы. У эрзей их 3 образца, у мокш — 1 образец. Два образца (по одному образцу эрзи и мокши) определено относятся к R1b-M269 > L23 > Z2103, субкладу ямной культуры, отнесение двух других неизвестно. Базовый гаплотип тоже неоднозначен. Условный общий предок всех 4 гаплоти-

пов жил  $4700 \pm 1400$  лет назад, что согласуется с датировкой ямной культуры. О том, что это предложение должно быть верно, свидетельствует единственный образец эрзи из базы данных IRAKAZ—Русская равнина, у которого наблюдается следующая цепочка снипов, выходящая из снипа Z2103 ямной культуры:

Z2103 > M12149 > Z2106 > Z2108 (= Z2109) > Z2110 > CTS7556 > **CTS9219**.

### Гаплотипы G2a у эрзей и мокш

В базе данных FTDNA у эрзей и мокш есть по 3 гаплотипа, ни один не типирован на глубокие снипы. Условный общий предок жил  $6300 \pm 1400$  лет назад, что означает, что эти гаплотипы, скорее всего, представляют собой суперпозицию разных ДНК-линий. Три гаплотипа у мокш (под номерами 60, 61 и 62) имеют условного общего предка, который жил  $2200 \pm 1000$  лет назад и имел базовый гаплотип:

14 21/23 15 10 13 15 11 12 11 12 11 30.

Три гаплотипа эрзя (под номерами 44, 45 и 46) имеют условного общего предка, который жил  $6600 \pm 2000$  лет назад и имел базовый гаплотип:

14 22 15 10 14 15/17 11 13 12 12 11 29.

Как видим, и здесь эрзя и мокша представляют разные линии гаплогруппы G2a.

### Гаплотипы гаплогруппы I1 у эрзей

У эрзей в указанной базе данных есть 5 гаплотипов гаплогруппы I1, у мокш их вовсе нет. У эрзей найдены два снипа Z63 и один — FGC21611 (= FGC21612). Это — совершенно две разные линии снипов:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z2336 > Z2337 > S6346 > L22 > Y3549 > S25633 > P109 > Y3664 > **FGC21611**,

I1-M253 > DF29 > **Z63**.

У мокш носителей гаплогруппы I1 в базе данных нет.

### Гаплотипы гаплогрупп N, I2a, C, T, E

Это — единичные гаплотипы, рассеянные по дереву, большинство которых отсутствуют у мокш, и их недостаточно для проведения осмысленного анализа. У эрзей в базе данных IRAKAZ—Русская равнина есть 2 образца со снипом, конечным в следующей цепочке (выделено):

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > **Y9022**.

Такой же конечный снип есть и у марийцев.

Единственный эрзя показал гаплогруппу T с конечным снипом:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > **T1a2-L131**.

Такой же снип есть у белорусов.

### Сопоставление гаплогрупп и гаплотипов эрзи, мокши и мещеры

В той же базе данных, процитированной выше, есть 41 гаплотип мещеры, предположительно потомков древнего племени мещеры, расселявшихся по среднему течению Оки. Как водится, Википедия дает ложные сведения, сообщая, что там «некогда обитали финские племена, с незапамятных времен называют Мещерским краем или просто Мещерой». Никаких «финских племен» в тех местах не было, будущие финны пришли на свои территории как миграции уральцев только в первой половине I тыс. н. э. В Мещере были не «финские», а уральские племена, предки которых вышли с Урала примерно 3,5 тыс. лет назад. И говорили они не на «финно-угорских», а на уральских языках.

Поскольку та же Википедия, веры которой в отношении этногенеза народов нет никакой (к сожалению, Википедия скрывает фамилии исходных авторов текста), сообщает о связях мещеры с эрзями («мещера — древнее финно-

угорское племя, вошедшее в состав Древнерусского государства и растворившееся в русской и эрзянской народности»: [https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%9C%D0%B5%D1%89%D0%B5%D1%80%D0%B0\\_\(%D0%BF%D0%BB%D0%B5%D0%BC%D1%8F\)](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%9C%D0%B5%D1%89%D0%B5%D1%80%D0%B0_(%D0%BF%D0%BB%D0%B5%D0%BC%D1%8F)), то представляется важным сопоставить состав гаплогрупп потомков мещеры и эрзей, а также мокш (табл. 20).

Видно, что мещера по приведенным выборкам не соответствует ни эрзям, ни мокшам, ни русским, у которых, например, нет такого количества гаплогруппы R1b. Так что с ходу найти такую связь не удастся.

Если сходства и есть, то на уровне происхождения отдельных гаплогрупп. Ниже, например, приведен фрагмент дерева гаплотипов мещеры, на котором показаны гаплотипы группы R1b. Из семи гаплотипов у мещеры шесть одинаковы:

12 24 15 11 11 14 12 13 12 12 13 28,

и по внешнему виду относятся к субкладу L23 > Z2103, гаплотипы которых начинаются с маркера DYS393 = 12. Это — превалирующий гаплотип (и его производные) Русской равнины, потомки ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад). По всей Русской равнине цепочка снипов выглядит следующим образом:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > Z2103,

и далее, после снипа Z2103, идут нижестоящие ветви со своими снипами, например:

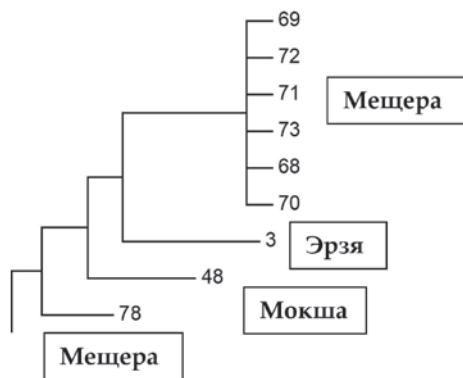
Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110.

**Таблица 20.** Состав эрзей, мокш и мещеры по гаплогруппам (по данным выборки базы данных FTDNA): <https://www.familytreedna.com/public/Erzya-Moksha%20DNA%20Project/default.aspx?section=yresults>

Гаплогруппа	Эрзя (46 чел.), %	Мокша (20 чел.), %	Мещера (41 чел.), %
R1a	54	20	46
J2	13	45	2
I1	11	0	10
R1b	6,5	5	17
G2a	6,5	15	7
N	2	10	5
I2a	2	0	15
C	2	0	0
T	2	0	0
E	0	5	0



Приведенный фрагмент дерева гаплотипов показывает шесть одинаковых гаплотипов, два из которых типированы — это Z2103 (гаплотип под номером 68) и Z2110 (гаплотип под номером 73). Видно, что 12-маркерные гаплотипы не могут разделить эти два субклада. Гаплотип эрзей под номером 3 тоже начинается с аллели 12 (как и в гаплотипе, приведенном выше, но уже содержит мутации), гаплотип под номером 48 (мокши) попадает в ту же группу (начинается с характерного 12), но последующий гаплотип мешеры (под номером 78) уже начинается с аллели 13, что может быть еще Z2103, но может быть уже и намного более поздний европейский гаплотип (R1b-P312 или R1b-U1906). Так что и здесь гаплотип мешеры отличается от гаплотипов эрзей и мокш.



**Рис. 77.** Фрагмент дерева гаплотипов мешеры, который показывает взаимное расположение гаплотипов гаплогруппы R1b. Гаплотипы под номерами 3 и 48 — соответственно эрзя и мокша

Гаплотипы гаплогруппы R1a распределяются по всему дереву гаплотипов мешеры, их базовый гаплотип:

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

Это, скорее всего, смесь гаплотипов балто-карпатской ветви со снипами YP578 и YP237:

R1a-Z280 > CTS1211 > CTS3402 > **YP237** > FGC13681 > YP582 > **YP578**.

Четвертый маркер для снипа YP237 имеет число 10, для снипа YP578 — 11. Но в любом случае, этот базовый гаплотип отличается от базовых гаплотипов обеих ветвей у эрзей.

У мешеры в базе данных есть всего 4 гаплотипа, с глубокими снипами A2382 (в двух случаях) и Z140, с цепочками снипов:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8647 > Z60 > **Z140** > Z141 > A196 > Y6900 > Y7140 > Y7477 > YP1081 > YP1084 > **A2382**.

Эти цепочки отличаются от тех, какие найдены у эрзи, а у мокши гаплогруппы I1 не найдено. Опять мы не видим пересечения мешеры и эрзи (и мокши). Последний снип A2382 образовался 12 снип-мутаций, или примерно 1,7 тыс. лет, назад. Видимо, после этого времени это уже были разные племена. Хотя при столь малой статистике вынести определенный вывод трудно.

В гаплогруппе I2a-P37 у мешеры в базе данных есть 6 гаплотипов, с базовым гаплотипом:

13 24 16 10 14 15 11 13 12 13 11 31

и временем жизни общего предка  $1080 \pm 500$  лет назад. Он несколько отличается от базового гаплотипа (в основном южнославянского) субклада Y3120 (образовался 17 снипов, или примерно 2,4 тыс. лет, назад), который в выборке из 98 гаплотипов в 111-маркерном формате отличается на 2 мутации в первых 12 маркерах:

13 24 16 **11** 14 15 11 13 **13** 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

Две мутации на 12 маркерах эквивалентны разнице в  $2/0,02 = 100 \rightarrow 111$  условных поколений, или примерно 2775 лет, и общий предок обоих базовых гаплотипов жил примерно  $(2400 + 1080 + 2775)/2 = 3100$  лет назад. Либо эта величина находится в пределах погрешностей расчета, и на самом деле базовый гаплотип Y3120 и является предковым для мешерских гаплотипов, которые прибыли на Волгу относительно недавно, либо мешерские гаплотипы произошли от субклада, предкового по отношению к I2a-Y3120. При отсутствии глубоких снипов у потомков мешеры это сейчас определить нельзя.

У остальных гаплогрупп мешеры (J2, G2a, N1a) типирование на снипы только поверхностное, и сами гаплотипы единичные, поэтому они малоинформативные.

## 11. КАЗАХИ

В данном разделе речь идет о жителях России казахского происхождения, которых, по дан-

ным переписи 2010 г., насчитывалось около 650 тыс. человек, из них больше всего проживают в следующих областях: Астраханской (около 150 тыс. человек), Оренбургской (120 тыс.), Омской и Саратовской (около 80 тыс. человек в каждой).

У казахов есть свой Проект (база данных) под эгидой FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/alah/default.aspx?section=yresults>, в котором числится 432 гаплотипа казахов, плюс значительное количество представителей других народностей (крымских татар, киргизов, русских, хакасов, татар и так далее), которые не были включены в данное исследование по казахам. К сожалению, около половины всех гаплотипов представлены только в коротком, 12-маркерном формате, поэтому анализ гаплотипов в основном проведен здесь с ними.

В табл. 21 приведен список гаплогрупп казахов по данным указанного Проекта. Видно, что наиболее представленной гаплогруппой у них является С, на которую приходится более 40 % всех образцов. Далее идут гаплогруппы R1a и G, все остальные уже по численности минорные, менее чем по 10 % и вплоть до десятых долей процента.

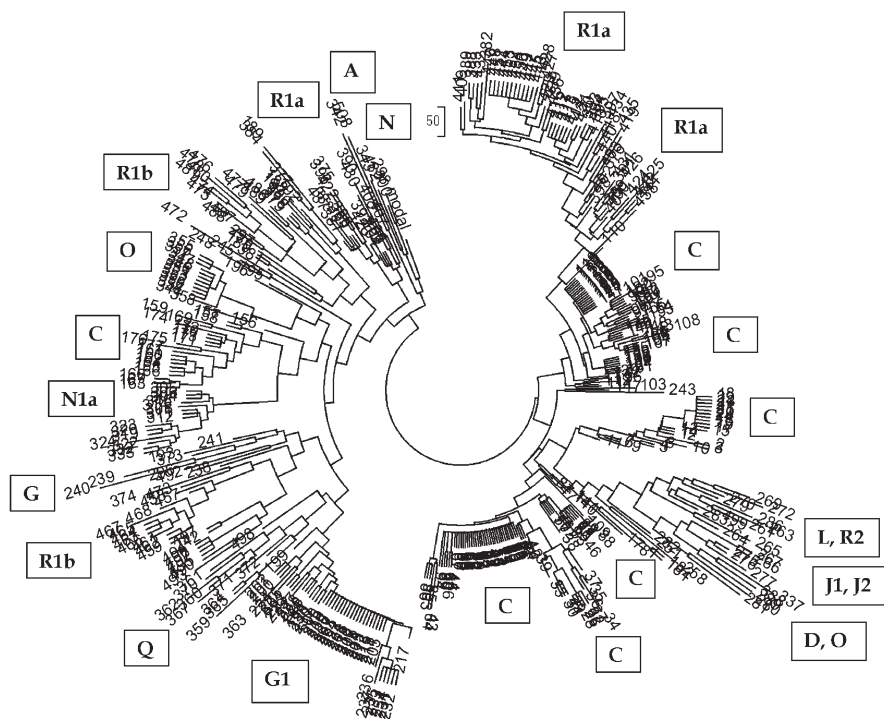
Мы видим, насколько разнородно дерево гаплотипов, сколько в нем минорных (по количеству) гаплогрупп. Это, видимо, напрямую отражает историю племен современного Казахстана, территории, которая с глубокой древности находилась на перекрестках кочевых, торговых и военных путей.

На рис. 78 показано дерево 12-маркерных гаплотипов казахов, построенное по казахской базе данных FTDNA.

**Таблица 21.** Состав казахов по гаплогруппам по данным выборки базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/alah/default.aspx?section=yresults>, и по числу сипов в списке YFull: <https://www.yfull.com/tree/>. Процентные соотношения округлены

Гаплогруппа	Доля от 432 чел., %	Число сипов в списке YFull
C2-M217	42	7
R1a	19	5
Z93	н/п	3
Z280	н/п	2
G*	12	7
R1b	6	0
O	4	0
N1a1	4	4
J2	4	0
Q	3	2
R2	2	0
E1b	1	0
J1	0,9	0
D	0,9	1
I2a	0,5	1
M223	н/п	1
L	0,2	0
I1	0,2	0
T	0,2	0
A	0,2	0

\*G1, G1a и G2



**Рис. 78.** Дерево из 432 гаплотипов казахов в 12-маркерном формате, построенное по данным казахской базы FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/alah/default.aspx?section=yresults>. Показано расположение ветвей ряда гаплогрупп. Гаплогруппа С, доминирующая у казахов, занимает нижнюю, правую и часть левой стороны дерева

## Гаплогруппа С

Поскольку носителей гаплогруппы С в Казахстане большинство, что необычно или почти уникально для народов Российской Федерации, то дадим ее общее описание.

Гаплогруппа С распространена в Средней Азии, особенно в Казахстане, но она там в основном явно пришлая, причем в исторически недавние времена. В целом гаплогруппа С распространена по всему миру, от Средней Азии, Индии, Китая и Филиппин до Полинезии, Микронезии и Новой Зеландии, она представлена и у американских индейцев, и в Европе (Британские острова, Италия, Германия, Испания, Венгрия и другие страны).

Обращает на себя внимание, что более трети казахских гаплотипов представлены на плоских ветвях, в которых все гаплотипы одинаковы. Это — относительно недавние, «молодые» ветви. Между ними — древние, разветвленные ветви. Это определенно разные рода. Самая большая

### С M130, P255, V183

- C1 Z1426
- C1a CTS11043
- C1a1 M8
- C1a2 V20
- C1a2a V182
- C1a2a1 V222
- C1b F1370
- C1b1 K281
- C1b2 Z31885
- C1b2a M38
- C1b2b M347
- C2 M217
- C2a M93
- C2b L1373
- C2b1 F1699
- C2b1b M48
- C2b1c F1918
- C2b1c1 M401
- C2c P53.1

**Рис. 79.** Сокращенная диаграмма субкладов гаплогруппы С по данным Международного общества генетической генеалогии (ISOGG). Снимы M130, P255, V183, V20, V222, M38 — те, которые найдены в древних ископаемых костных останках. Казахские снимы начинаются в основном (или исключительно) с субклада C2-M217. M347 — сним австралийских аборигенов. См. цветную вклейку.

плоская ветвь из 33 гаплотипов, имеющая вид гребенки, характеризуется базовым (предковым) гаплотипом:

13 25 16 10 12 12 11 13 11 14 11 31.

Последующие плоские ветви имеют базовые гаплотипы:

13 25 15 10 12 13 11 14 10 13 11 29,

13 25 16 10 12 13 11 14 10 13 11 29,

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

14 24 15 10 12 14 11 13 12 13 11 29,

13 24 15 9 12 12 11 13 11 14 11 31,

13 24 15 9 12 12 11 13 11 13 11 30.

Все они отражают местные рода, у членов которых сохранился предковый гаплотип. Обычно одна мутация в 12-маркерных гаплотипах происходит в среднем раз в  $1/0,02 = 50 \rightarrow 52$  условных поколений, или раз в 1250–1300 лет. Соответственно, в серии из 10 идентичных 12-маркерных гаплотипов одна мутация происходит в среднем раз в 130 лет.

В данном случае мы имеем семь плоских contemporaneous ветвей, они же базовые гаплотипы в каждом случае, между которыми имеются 24 мутации, с предковым гаплотипом для всех:

13 25 15 10 12 13 11 13 11 13 11 30.

Тогда этот предок жил  $24/7/0,02 = 171 \rightarrow 199$  условных поколений, или  $4975 \pm 500$  лет, назад. Это довольно редкий способ расчета датировки общего предка, по серии базовых гаплотипов, но наиболее правильный. Его можно проверить прямым способом — по всем 73 гаплотипам, образующим плоские ветви, хотя такой способ в данном случае приведет к несколько перекошенным данным, по той причине, что в каждой плоской ветви — разное количество гаплотипов. Поэтому самые многочисленные ветви будут «тянуть датировку на себя». Итог — все 73 гаплотипа содержат 242 мутации, что дает  $242/73/0,02 = 166 \rightarrow 192$  условных поколения, или  $4800 \pm 570$  лет, до общего предка. Как видим, разница в расчетах невелика, всего 3,6 %.

В Казахском Проекте FTDNA среди всех 432 казахов только в нескольких случаях были определены «глубокие» сніпы, и для более чем 95 % гаплотипов типирование было совершенно поверхностным, на уровне самой гаплогруппы C-M130 или C2-M217. Те несколько сніпов, которые представлены в Проекте, следующие (замыкают цепочки сніпов или встроены в них):

C-M130 (= M216) > C2-M217 > **C2a-L1373** > F3447 > F1699 > F3918 > F1756 > **F3830** > F9721 > Z603 > **FGC31362**.

Последний в этой цепочке — очень недавний сніп, он образовался всего 3 сніп-мутации, или примерно 430 лет, назад. Таких в казахской базе данных 2 гаплотипа, и оба встроены в плоскую ветвь из 10 идентичных гаплотипов:

14 24 15 10 12 14 11 13 12 13 11 29,

показанную выше. В этой же плоской ветви находится и носитель сніпа F3830 (FGC28850 = F11787 = FGC28896), но который образовался 37 сніп-мутаций, или примерно 5,3 тыс. лет, назад. Ясно, что этот сніп в базе данных недотипирован, и на самом деле там должен быть FGC31362 (см. выше) или ближайший к нему. Это же относится и к сніпу L1373 (выделен в цепочке выше), который образовался 208 сніп-мутаций, или 30 тыс. лет, назад. Он в базе данных маркирует гаплотипы в плоской ветви из 33 идентичных гаплотипов, показанных ниже:

13 25 16 10 12 12 11 13 11 14 11 31,

но на самом деле он настолько недотипирован, что эта «маркировка» практически неинформативна.

Еще одна плоская ветвь из 17 идентичных гаплотипов:

13 25 16 10 12 13 11 14 10 13 11 29,

маркирована в базе данных сніпом (выделен):

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > M504 > Y11121 > **F3796** (= **F4002**), который образовался 18 сніп-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад. Очередной сніп казахских гаплотипов в базе данных (выделен ниже):

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > **M48** > Y12792 > Y12825 > Y15844 > Y15552 > **BY18743** (= **Y33019**),

образовался всего одну сніп-мутацию, или примерно 140 лет, назад. Ему соответствуют два почти идентичных 37-маркерных гаплотипа, но один указан как из России, другой — из Казахстана, фамилии носителей разные. Сніп M48 (выделен), конечно, недотипирован.

Наконец, еще один сніп в казахской базе данных выделен ниже:

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > F3918 > F1756 > F3830 > F9721 > **F12439**.

Он найден у трех 12-маркерных гаплотипов (различающихся на 3 мутации) и образовался 21 снип-мутацию, или примерно 3 тыс. лет, назад. Общий предок этих гаплотипов жил  $3/3/0,02 = 50 \rightarrow 52$  условных поколения, или примерно 1,3 тыс. лет, назад.

Еще четыре казахских (по факту) снипа представлены в списке YFull. Их цепочки следующие:

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > F3918 > F1756 > Y10420 > **Y147607**,

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > F3918 > F1756 > F3830 > F9721 > F12439 > **BY197432**,

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > M504 > Y11121 > F3796 > Y11098 > Y4580 > Y4633 > Y8818 > Y4541 > Y12782 > **Y12782a**,

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > M48 > Y12792 > Y12825 > Y15844 > Y15552 > **Y22661**.

Как видим, все восемь цепочек снипов казахских гаплотипов начинаются с фрагмента C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 и далее расходятся по трем «параллельным» направлениям — к снипам F3918, M504, M48. Снип F1699 образовался 106 снип-мутаций, или 15,3 тыс. лет, назад, расходящиеся снипы — соответственно 96, 95 и 107 снип-мутаций, или 13,8 тыс., 13,7 тыс. и 15,4 тыс. лет, назад. Все эти три последние линии есть среди казахов. Это означает, что указанные линии появились среди казахов независимо и только потом продолжали развиваться (путем последовательного образования нижестоящих мутаций) среди будущих казахов, в том числе и в самое последнее время.

Надо добавить, что субклад C2-M217 обычен для среднеазиатских и монгольских гаплотипов, и последующие субклады, которые занимают более ста уровней в иерархии (диаграмма субкладов на рис. 79 дана в сокращении), занимают американские индейцы, жители Индии, Китая, Японии, Кореи, Филиппин, все они расходятся по разным подуровням. В субкладе C1 находятся Новая Зеландия, острова Кука и Гавайские острова — C1b2a-M38; центральноевропейские гаплотипы (Англия, Ирландия, Шотландия, Италия, Испания, Венгрия, Греция, Польша) — C1a2a1-V222 и так далее.

## Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа находится у казахов на втором месте, с большим отрывом от гаплогруппы C, и насчитывает 19 % от носителей всех мужских гаплогрупп в казахской базе данных FTDNA. На дереве гаплотипов на рис. 78 имеются несколько ветвей гаплогруппы R1a, в правой и левой части дерева, и это отражает наличие нескольких основных субкладов этой гаплогруппы у казахов.

Нижняя ветвь начинается (справа налево) с серии из 11 идентичных гаплотипов:

13 25 17 11 11 14 12 12 10 13 11 31.

Идентичность гаплотипов означает, что они все происходят от относительно недавнего общего предка. Разумеется, по идентичным гаплотипам датировки общего предка не выяснить, но база данных приводит еще 5 гаплотипов, содержащих мутации, и относит все 16 гаплотипов к северо-казахстанскому роду бабасан, который в свою очередь относится к вышестоящему роду атыгай (Сабитов Ж. О происхождении рода бабасан // The Russian Journal of Genetic Genealogy. 2012. Т. 4. №2. С. 9–12). В указанной статье приводится целый ряд противоречивых версий о происхождении этого рода, но, как мы подчеркивали выше в этой книге, мы не руководствуемся версиями, предлагаемыми разными авторами, а рассматриваем конкретные данные по мутациям в ДНК. Надо сказать, что и при этом подходе приводимые в базах данных результаты тестирования могут быть искаженными и в любом случае неполными. Но ДНК-генеалогия имеет ряд критериев, которые позволяют понять, насколько искаженными могут быть сведения, приводимые в базах данных.

Например, из 16 гаплотипов, отнесенных в базе данных к роду бабасан, 11 гаплотипов идентичны. Эта пропорция может быть искажена, а она имеет важное значение при расчетах, поскольку именно соответствующая пропорция определяет датировку общего предка, рассчитываемую при помощи логарифмического метода. Этот подход должен быть интуитивно понятен даже неспециалистам — чем выше доля идентичных гаплотипов в выборке, тем более недавний общий предок. В данном случае логарифмический метод расчета дает, что общий предок жил  $[\ln(16/11)]/0,02 = 19$  условных поколений, или  $475 \pm 80$  лет, назад, то есть в XVI в. Но если взглянуть на мутации



в этих 16 гаплотипах, то их 14, и общий предок жил  $14/16/0,02 = 44 \rightarrow 45$  условных поколений, или (по 25 лет на поколение)  $1125 \pm 320$  лет, назад. Это уже примерно IX в.,  $\pm 300$  лет. Налицо явное расхождение в датировках общего предка. Это означает, что либо пропорция 16:11 неверна (то есть на 11 идентичных гаплотипов должно быть больше гаплотипов с мутациями), либо общих предков (по группам) было несколько, например, один совсем недавний, от него и произошли носители идентичных гаплотипов. Либо в бабасаны были занесены мужчины другого, хотя и родственного, происхождения. Действительно, если мы посмотрим на дерево гаплотипов, то 3 гаплотипа, под номерами 440, 441 и 442, отнесенные в базе данных к бабасанам, находятся на изрядном удалении от серии идентичных гаплотипов бабасан.

Из 17 гаплотипов, показанных на рис. 80, одиннадцать являются идентичными, и логарифмический метод дает  $[\ln(17/11)]/0,02 = 22$  условных поколения, или  $550 \pm 80$  лет, назад, то есть в XV в. По числу мутаций в этих 17 гаплотипах имеем датировку общего предка  $750 \pm 250$  лет, что согласуется в пределах погрешности с логарифмическим методом. Более того, предковый гаплотип, рассчитанный по мутациям в 17 гаплотипах, имеет вид:

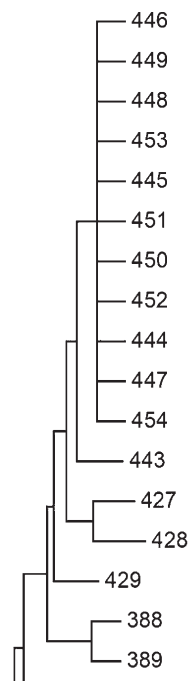
13 25 17 11 11 14 12 12 10 13 11 31,

то есть точно такой же, как и в серии идентичных гаплотипах. То есть расчеты проведены верно.

Вот теперь можно посмотреть на разные версии происхождения атыгаев и бабасанов (ссылка на источник выше), согласно одной из которых, и наиболее согласующейся с данными ДНК-генеалогии, родоначальником атыгаев был Даут, бек Бухары, который жил в XV в., а Бабасан был внуком Даута. Это, конечно, не означает, что мы решили задачу происхождения атыгаев и бабасанов, пусть этим занимаются историки, но ДНК-генеалогия свое слово сказала.

Один из гаплотипов на рис. 80, четвертый сверху, под номером 453, имеет снип Y16494, который завершает следующую цепочку снипов (образовался 22 снип-мутации, или примерно 3,2 тыс. лет, назад):

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > Y30 > Y29 > Y944 > Y2439 > Y2428 > **Y16494**.



**Рис. 80.** Фрагмент дерева гаплотипов, приведенного на рис. 78, с показанными гаплотипами рода бабасан. Построено по данным казахской базы FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/alash/default.aspx?section=yresults>. Нижние 6 гаплотипов не входят в состав рода бабасан, по сообщению базы данных, но они являются родственными бабасанам по структуре гаплотипов

Таким образом, можно заключить, что род бабасан относится к линии снипов Z93-L657, которые находятся в большом количестве в высших кастах Индии, а также среди арабов Ближнего Востока. Поскольку арии линии L657 ушли в Индию и на Ближний Восток (видимо, митаннийские арии в последнем случае) намного раньше 3,2 тыс. лет назад, то последние снипы в приведенной выше цепочке образовались среди казахов рода бабасан уже на территории современного Казахстана. Вряд ли они будут обнаружены в Индии и на Ближнем Востоке. Надо сказать, что снип L657 > Y16494 не является уникальным для рода бабасан, поскольку еще один удаленный от их ветви гаплотип имеет такой же снип.

Картину несколько осложняет то, что гаплотипы под номерами 388 и 389 (нижние на рис. 80) имеют снипы S23201 и FGC56400 соответственно, согласно упоминаемой базе данных:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1558 > **S23201** > S21872 > YP5505 > S10438 > **FGC56440**.

Этот же конечный сноп есть и в списке YFull. Он представляет другую линию снопов, которая расходится от снopa Z94 (см. выше). Последний сноп образовался 15 сноп-мутаций, или примерно 2,2 тыс. лет, назад, в конце прошлой эры. Возможно, предковый гаплогрупп в 12-маркерном формате является таким же, как приведен выше, и гаплогруппы практически неразличимы. Но это — обычная проблема с короткими, 12-маркерными гаплогруппами.

Подобным же образом можно анализировать другие ветви на дереве гаплогрупп. Например, следующая плоская ветвь с 6 идентичными гаплогруппами:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31,

первый из которых имеет сноп R1a-Z645-Z93, далее переходит к гаплогруппе с мутациями, который имеет сноп YP1078:

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > FGC13681 > YP582 > YP578 > Y10802 > **YP1078**, то есть уже относится к карпатской ветви CTS3402. Но такой сбой неудивителен, так как этот гаплогрупп карпатской ветви имеет на первых 12 маркерах близкий по структуре гаплогрупп, как и гаплогруппы плоской ветви, приведенные выше:

13 26 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30.

Поэтому он оказался пристроен к ветви Z93. Это опять недостаток работы с 12-маркерными гаплогруппами.

Среди гаплогрупп группы R1a в нижней ветви дерева на рис. 78 есть сноп из следующей цепочки:

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > **YP515**.

Это — центральноевропейская ветвь (сноп CTS11962) общеевропейской суперветви M458.

В ветви на левой стороне дерева гаплогрупп все из определенных «глубоких» снопов относятся к южноарийской линии R1a-Z645-Z93 и нижестоящих снопов:

Z645 > **Z93** > **Z94**,

(эти снопы явно недотипированы, но в определенной степени информативны)

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > **F2935**.

Последний в этой цепочке сноп, найденный у казаха, «параллелен» снопу CTS6, который типичен для евреев-ашкинази гаплогруппы R1a.

В списке YFull есть всего два снopa гаплогруппы R1a из Казахстана, один представляет линию Z93 (сноп FGC56440, был описан выше), другой — линию Z280:

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > Y5570 > YP682 > FT80289 > **Y147981**.

Последний сноп образовался 14 сноп-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад.

### Гаплогруппы и субклады казахов гаплогруппы R1a в базе данных IRAKAZ-2019

В указанной базе данных есть 80 протяженных гаплогрупп казахов гаплогруппы R1a. Согласно с данными раздела выше, они расходятся по трем суперветвям гаплогруппы — это Z93, Z280 и M458, в пропорции 13:3:2.

В суперветви R1a-Z93 мы опять видим представителей рода бабасан, в виде представленных трех 37-маркерных гаплогрупп, из которых два — в 111-маркерном формате. Для одного образца получены «глубокие» снопы:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > Y30 > Y29 > Y944 > Y2439 > Y2428 > **Y16494**,

впрочем, мы их уже видели выше. Три 37-маркерных гаплогрупп сходятся к базовому гаплогрупп, носитель которого жил  $869 \pm 302$  года назад (без округления), что согласуется с полученными выше датировками (разными методами),  $750 \pm 250$  и  $550 \pm 80$  лет назад, в пределах погрешностей расчетов.

В той же ветви мы видим цепочку снопов:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1558 > **S23201** > S21872 > YP5505 > S10438 > **FGC56440**.

Остальные гаплогруппы из суперветви Z93 типированы относительно поверхностно, до снопов Z94, Z2123 и Y934:

R1a-Z645 > Z93 > **Z94** > Z2124 > Z2125 > **Z2123** > **Y934**.

В отношении гаплогрупп суперветви R1a-Z280 все три примера снопов казахов приводят следующие снопы (выделены):

Z280 > **CTS1211** > Y35 > CTS3402 > YP237 > FGC13681 > YP582 > YP578 > Y10802 > **YP1078**,  
Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP953 > **YP951**.

В отношении гаплотипов суперветви R1a-M458 два примера снийпов казахов следующие:

M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > **YP515** > YP4120 > **Y23108**.

Последний в этой цепочке Y23108 образовался 11 снийп-мутаций, то есть примерно 1,6 тыс. лет, назад.

Правила ДНК-генеалогии говорят, что независимо от степени типирования до «глубоких» субкладов, соответствующие гаплотипы отражают независимую информацию в своих мутациях, достаточную для расчета времени до общего предка. Именно в этом ценность гаплотипов, которые дополняют информацию, полученную по снийпам, или даже превосходят ее, когда типирование на снийпы поверхностное. В отношении гаплотипов казахов гаплогруппы R1a, которые в количестве 18 представлены в базе данных IRAKAZ-2019 в 37-маркерном (и выше) формате, можно предсказать, что их «смесь» (всех трех суперветвей) должна привести к датировке общего предка, не превышающей 5 тыс. лет назад. Дело в том, что все три суперветви датируются временами 5 тыс., 4,9 тыс. и 4750 лет назад, в соответствующем коридоре погрешностей ( $\pm 8-10\%$ ). Действительно, все 18 гаплотипов дали датировку общего предка  $3800 \pm 460$  лет назад с базовым гаплотипом:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 13 15 15 16 11 12 19 23 15 15 18  
19 34 39 13 11.

То, что датировка условного общего предка оказалась более недавней, чем была бы в идеальном варианте (4750–5000 лет назад), показывает, что некоторые из суперветвей имеют на территории будущего Казахстана более недавнюю датировку. Это понятно, так как ни одна из них не возникла на территории будущего Казахстана.

## Гаплогруппа G

Гаплогруппа G среди казахов не слишком заметна, ее доля — 12 % от выборки гаплотипов в казахской базе данных FTDNA, что определяет эту гаплогруппу на третье место (см. табл. 21).

То, что гаплогруппы G среди казахов относительно немного, показывает и список YFull, в котором приведены только семь примеров

носителей этой гаплогруппы, причем шесть из них относятся к одному и тому же снийпу L1323, и один — к снийпу Y31014. Соответствующие цепочки снийпов следующие:

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124 > Z3353 > L1324 > **L1323** (6 человек),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > L1259 > L30 > CTS574 > M406 > M3317 > PF3293 > PF3316 > Z6029 > **Y31014**.

Выделенные снийпы образовались 30 и 36 мутаций назад соответственно, что датирует их 4,3 тыс. и 5,2 тыс. лет назад. Снийп Y31014 найден также у жителя Ливана, что также отражено в списке YFull.

В казахской базе данных ветвь G1a — наиболее представительна, она насчитывает 42 образца из 50 и занимает всю левую, нижнюю и почти всю правую стороны на дереве гаплотипов (рис. 81). Образцы под номерами 500 и 501 не были отнесены в базу данных, но очевидно, что они также принадлежат группе G1a.

Поскольку большинство гаплотипов левой части дерева даны в базе данных в 37-маркерном формате, можно определить время жизни их общего предка, оно равно  $608 \pm 121$  год назад (без округления), и предковый гаплотип:

13 23 13 10 13 17 11 12 13 14 12 29 15 9 9 11 11  
24 16 22 27 13 13 14 15 9 10 20 20 16 13 18 19  
34 36 11 10.

Из рис. 81 видно, что основная по численности ветвь субклада G1a расходится на несколько подветвей, которые, скорее всего характеризуются отдельными снийпами. Судя по «глубоким» снийпам в казахской базе данных, эти снийпы следующие:

G-M201 > G1-M342 (= **M285**) > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124 > Z3353 > **L1324** > **L1323** > **Y12274** > **Y12252** (= GG095).

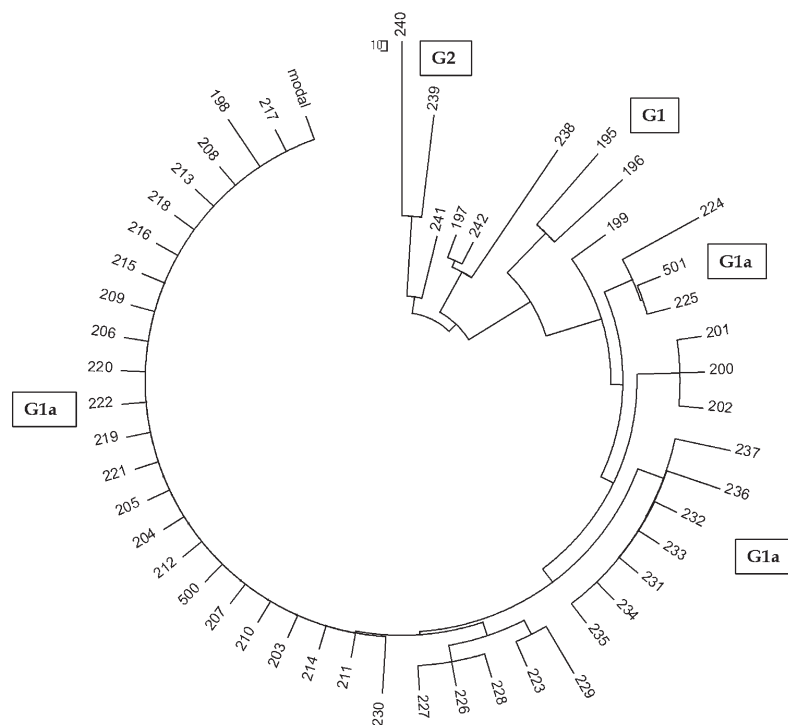
Ясно, что эти снийпы не являются независимыми, они находятся в наследственной связи.

В отношении субклада G2, в базе данных есть два снийпа, которые в целом относятся к одной линии, но оба значительно недотипированы:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > **L1259**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > **FGC1159** (= FGC1160).

Снийп L1259 образовался 118 снийпов, или примерно 17 тыс. лет, назад, снийп FGC1159 — 36 снийп-мутаций, или примерно 5,2 тыс. лет, назад.



**Рис. 81.** Дерево из 50 гаплотипов казахов гаплогруппы G в 12-маркерном формате, построенное по данным казахской базы FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/alah/default.aspx?section=yresults>. Показано расположение ветвей основных субкладов. Здесь G1a — это субклады L1323, L1324, GG095, BY2125

Набор снипов гаплогруппы G показывает, что она образовалась примерно 48,5 тыс. лет назад. Где это произошло — мы пока не знаем. Древнейшие следы ее просматриваются в Передней Азии примерно 16 тыс. лет назад, но уже в виде субклада G2a-P15, откуда его носители ушли в Европу. Сам субклад G2a образовался 145 снип-мутаций, или примерно 21 тыс. лет, назад. Почему они ушли на запад и когда именно — мы тоже не знаем. Рода полностью или частично передвигались, мигрировали по разным причинам — ухудшение климата, исчезновение промыслового зверя, набеги супостатов, в общем — уходили за лучшей долей. Это, наверное, самая всеобъемлющая формулировка причин древних миграций.

Откуда мы узнали, что носители гаплогруппы G2a жили в Передней Азии примерно 16 тыс. лет назад? На это указывает древность современных гаплотипов гаплогруппы G2a в Передней Азии, которым более 14 тыс. лет, а их общим предкам с ископаемыми европейскими гаплотипами более 16 тыс. лет (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от

А до Т. — М.: Книжный мир, 2016). Конечно, то, что эти гаплотипы образовались 16 тыс. лет назад, вовсе не означает, что они всегда там жили, но других данных у нас все равно нет. Появятся — внесем корректировки. Так развивается наука.

В литературе есть обширный список гаплотипов группы G1 казахов, армян, иранцев, иорданцев, ливанцев, азербайджанцев, башкир и грузин общим числом более 350 (Balanovsky et al., 2015), которые представляет интерес проанализировать и понять, насколько они близки к гаплогруппам казахов. Количественная обработка этих гаплотипов в цитируемой публикации не проводилась, датировки были случайными и в основном неверными. Сводное дерево этих гаплотипов в 19-маркерном формате приведено на рис. 82 и в 17-маркерном формате — на рис. 83.

Мы видим, что почти три четверти дерева представляют плоские ветви, то есть весьма недавние, общий предок каждой из них жил всего несколько веков назад. Самая большая ветвь включает гаплотипы по номерам от 1 до 101, это

в основном аргыны, с добавлением малой подветви токол-аргынов с номерами гаплотипов 426–428. В этой же ветви находятся единичные гаплотипы казахских найманов (под номерами гаплотипов 100 и 101), казахского уака (97), кипчака (7) и киргиза (71). Общий предок гаплотипов 1–101 жил  $574 \pm 84$  года назад, подавляющее большинство которых составляют аргыны, и предковый гаплотип имеет вид:

13 23 13 10 13 17 11 12 13 14 12 29 15 16 10 22  
11 16 20.

Это — тот же предковый гаплотип (если сравнить 19- и 37-маркерные гаплотипы, с учетом разной номенклатуры маркеров), что приведен выше для казахских гаплотипов из базы данных FTDNA (в 37-маркерном формате).

Поскольку большинство гаплотипов левой части дерева даны в базе данных в 37-маркерном формате, можно определить время жизни их общего предка, оно равно  $608 \pm 121$  год назад (без округления), и предковый гаплотип:

13 23 13 10 13 17 11 12 13 14 12 29 15 9 9 11 11  
24 16 22 27 13 13 14 15 9 10 20 20 16 13 18 19  
34 36 11 10,

с общим предком  $608 \pm 121$  год назад (без округления), то есть и датировка практически такая же, и снипы там были:

G-M201 > G1-M342 (= **M285**) > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124 > Z3353 > **L1324** > **L1323** > **Y12274** > **Y12252** (= GG095).

Ясно, что речь идет об одних и тех же «казахских» снипах.

Три гаплотипа токол-аргынов имеют общего предка в те же времена, но с большой погрешностью вследствие малой выборки —  $461 \pm 329$  лет назад, с предковым гаплотипом:

13 23 13 11 13 17 11 12 13 14 12 29 15 16 10 22  
10 16 20,

который отличается всего на 2 мутации от общего предкового гаплотипа аргынов, что эквивалентно  $2/0,03681 = 54 \rightarrow 57$  условным поколениям, или примерно 1425 лет. Тогда общий предок аргынов и токол-аргынов жил  $(574 + 1425 + 461)/2 = 1200$  лет назад. Для справки сообщим, что аргыны, кипчаки, найманы и уаки входят в состав шести племен (которые включают также хунгират и керей), представляющих Среднюю Орду (Орта жуз). Мы видим, что представители четырех перчисленных племен имеют практически одина-

ковые гаплотипы и одного общего предка (в терминах ДНК-генеалогии), который жил в Средние века, за исключением токол-аргынов, потому они и образуют слегка отличающуюся ветвь на дереве гаплотипов.

В целом, становится понятным, почему гаплогруппа G приходится на относительно небольшую долю казахов, всего 12 % — это понятно, если посмотреть на дерево гаплотипов на рис. 81. Казахские — молодые ветви гаплогруппы G, и за времена, прошедшие со Средних веков, они еще не успели размножиться.

Теперь обратим внимание на раскидистую, значит, древнюю ветвь в верхней правой части дерева. Это — представители Армении, Ирана, Иордана, Ливана, Афганистана, Италии, Пакистана, Монголии, все — носители гаплогруппы G1.

Их базовый гаплотип:

13 23 15 10 14 15 11 12 12 12 29 16 16 10 21  
11 15 21,

с датировкой общего предка  $7000 \pm 800$  лет назад.

Этот гаплотип на 14 мутаций отличается от базового гаплотипа серии плоских ветвей на рис. 82 (отмечены), что эквивалентно  $14/0,03681 = 380 \rightarrow 597$  условным поколениям, или примерно 15 тыс. лет. Общий предок этих двух серий гаплотипов жил  $(7000 + 574 + 15\,000)/2 = 11\,300$  лет назад.

Вот откуда-то из этих регионов гаплогруппа G1 прибыла на территорию будущего Казахстана, причем прибыла относительно недавно. Эти регионы с наибольшей вероятностью охватывают территории современных Ирана, Иордании, Ливана, Армении, Афганистана, то есть Передней Азии и Ближнего Востока.

Большинство гаплотипов в указанной публикации (Balanovsky et al., 2015) были определены в 17-маркерном формате, и соответствующее дерево гаплотипов приведено на рис. 83. В принципе, закономерности, изложенные выше при рассмотрении дерева на рис. 82, остались в силе, но данные по ряду других регионов, кроме Казахстана, расширились и приведены ниже.

Для 242 казахских гаплотипов, то есть для более чем удвоенной серии по сравнению с данными рис. 82 (где их был 101 гаплотип), базовый гаплотип:

13 23 13 10 13 17 13 14 12 29 15 16 10 22 11  
16 20,





Для сравнения, серия из всех семи идентичных (значит, совсем недавних) монгольских гаплотипов:

13 23 13 10 13 17 13 14 12 29 15 16 10 22 11  
16 20

показала отличие в 16 мутаций от основного казахского базового гаплотипа. Это — огромное расстояние для 17-маркерных гаплотипов, эквивалентное  $16/0,0365 = 438 \rightarrow 781$  условному поколению, или 19,5 тыс. лет, причем эта величина, скорее всего, является заниженной из-за слишком большого числа мутаций на гаплотип. Но даже в таком случае общий предок казахских и монгольских гаплотипов жил  $(636 + 19\,500)/2 = 10\,000$  лет назад как минимум.

Серия из четырех алтайских гаплотипов группы G1 показала только 2 мутации на все 66 маркеров, то есть гаплотипы были почти идентичны друг другу, и базовый гаплотип их был идентичен казахскому базовому гаплотипу, приведенному выше. Их общий предок жил  $348 \pm 248$  лет назад (без округления). Ясно, что это фактически одна и та же серия гаплотипов, что и у казахов.

Большая серия из 60 турецких гаплотипов гаплогруппы G1 имеет следующий базовый гаплотип:

13 23 16 10 15 15 13 13 12 30 16 14 10 21 10  
15 21,

с датировкой общего предка  $1238 \pm 174$  года назад (без округления). Этот гаплотип опять отличается на 16 мутаций от основного казахского базового гаплотипа, то есть на расстояние 19,5 тыс. лет между их общими предками. Таким образом, общий предок казахского и турецкого базовых гаплотипов жил  $(636 + 1238 + 19\,500)/2 = 10\,700$  лет назад, примерно тогда же, когда жил общий предок казахского и монгольского рода G1.

Это можно проверить по трем доминирующим турецким плоским ветвям с идентичными гаплотипами в каждой ветви (из 16 и 7 гаплотипов):

13 23 16 10 15 15 13 13 12 30 16 14 10 21 10  
15 21,

13 23 16 11 15 15 12 13 12 29 16 14 10 21 10  
15 21.

Первый из них — это «общетурецкий» базовый гаплотип, приведенный выше. Его, как уже показано, отделяет 16 мутаций от казахского базового гаплотипа гаплогруппы G1. Второй

гаплотип «плоской» ветви отделяет от казахского 18 мутаций. Как видим, турецкие предковые гаплотипы совершенно удалены от казахского. Кстати, один гаплотип из серии идентичных турецких принадлежит русскому из Рязани.

Перейдем к башкирским гаплотипам группы G1. Их в списке — 14 гаплотипов, базовый гаплотип:

13 23 15 10 14 14 11 14 12 32 16 16 10 20 10  
16 21,

общий предок жил всего  $400 \pm 150$  лет назад. Половина гаплотипов — идентичны друг другу, и все они — точно такие же, как базовый гаплотип, приведенный выше. Он отличается от базового казахского гаплотипа на 16 мутаций, как и общетурецкий базовый гаплотип группы G1. Но от турецкого базового гаплотипа его отделяет 11 мутаций, что для 17-маркерных гаплотипов тоже очень много, разница во много тысячелетий. От монгольского — на те же 16 мутаций, как и казахский предковый гаплотип.

Это показывает достаточно удивительную картину — казахский, башкирский, монгольский и турецкий предковые (и современные) гаплотипы различаются на многие тысячелетия. Они явно не происходят один из другого, у всех был некий «сторонний» общий предок. Поскольку гаплотипы группы G1 из всех перечисленных регионов — недавние (о чем свидетельствуют плоские ветви), то мы видим фактически недавние фрагменты древнего дерева гаплогруппы G1, которые прошли «бутылочное горлышко» выживания в каждом случае. Сами древние деревья гаплотипов исчезли, не выжили. Какова причина такого трагического явления — мы пока не знаем. Но оно произошло не так давно по историческим меркам — 1–2 тыс. лет назад. Нашествие степных орд, сокрушивших и Древнюю Русь, получившее у историков название «татаро-монгольского нашествия»?

Картина резко меняется при переходе к Армени и странам Закавказья и Ближнего Востока. В армянской выборке всего 5 гаплотипов, с общим предком  $5000 \pm 1040$  лет назад (без округления —  $4979 \pm 1037$  лет назад). Базовый гаплотип, который определен с погрешностями, неизбежными для малых серий древних линий:

14 22 16 10 14 15 12 12 12 29 16 15 10 22 10  
15 21,

значительно отличается от турецких гаплогрупп, приведенных выше, на 7 и 8 мутаций соответственно, что эквивалентно 6000 и 7250 лет соответственно. Это показывает, что общие предки армянских и турецких линий гаплогруппы G1 жили примерно 6,1 тыс. лет назад. Это опять удивительно, принимая во внимание столь близкие регионы Армении и Турции. Про Казахстан и говорить не приходится — армянские гаплогруппы группы G1 отличаются от казахских на 18 мутаций на 17-маркерных гаплогруппах, что эквивалентно временной дистанции (между из общими предками) в 24 тыс. лет.

В Ливане 5 гаплогруппов группы G1 показывают датировку общего предка  $6451 \pm 1241$  год назад (без округления), базовый гаплогрупп: 14 23 15 10 15 16 12 12 12 29 17 15 10 21 11 15 21.

Он отличается от казахского и башкирского на 15 мутаций, от турецкого и армянского на 8 мутаций.

В указанной публикации есть всего 3 гаплогруппа Афганистана той же гаплогруппы, все три разные, с датировкой общего предка  $5300 \pm 1300$  лет назад, базовый гаплогрупп: 13 23 14 11 14 15 13 12 12 30 15 16 10 22 11 15 21.

Иранские гаплогруппы группы G1, которых в списке насчитывают 16, тоже показывают древние линии этой гаплогруппы с базовым гаплогруппом: 13 23 14 10 14 15 11 12 12 29 17 16 10 21 11 15 21

и датировкой общего предка  $6000 \pm 800$  лет назад. Этот гаплогрупп отличается от казахского на 15 мутаций, то есть примерно на 17,6 тыс. лет, и общий их предок жил примерно 12 тыс. лет назад. От афганского базового гаплогруппа его отделяют 7 мутаций, то есть примерно 6025 лет, и их общий предок жил примерно 8,7 тыс. лет назад.

Таким образом, картина складывается довольно разумная — общие предки гаплогруппы G1 перечисленных этносов жили как минимум 10–12 тыс. лет назад и разнесли эту гаплогруппу по указанным регионам. В Малой Азии, Средней Азии (Казахстане), Монголии, на Алтае по какой-то причине выжили только недавние линии группы G1. Их мы и видим среди казахских современных гаплогрупп.

## Гаплогруппа R1b

В казахской базе данных имеются 26 гаплогруппов в 12-маркерном формате, из которых еще меньше — в 37-маркерном формате. Дерево этих 26 гаплогруппов показано на рис. 84.

Видно, что дерево гаплогруппов расходится на две принципиально разные части. Слева — ветвь субклада R1b-M73 с нижестоящими снипами, справа — плохо идентифицируемый набор гаплогруппов, который в 12-маркерном формате практически не разделяется, и в нем имеются гаплогруппы столь разных снипов, как L23, L2, и снипа BY40329, нижестоящего от M73:

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M269 > **L23** > L51 > L52 > L151 > P312 > U152 > **L2**,

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M73 (= M478) > Y20750 > BY20748 (= BY13053) > **BY40329**.

Снипы L23 и L2 разделяет разная история. Если снип L23 (образовался 43 снип-мутации, или 6,2 тыс. лет, назад) и нижестоящие снипы, начиная от Z2103, которые уходят в другую ветвь, со своей историей миграций на Кавказе и в Месопотамии, то снип L2 (образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад) начинает свою историю со снипа P312 на Пиренейском полуострове, и его носители в значительной части заселяют Западную и Центральную Европу.

Гаплогруппы под номерами 472 и 473 на дереве определяются в базе данных снипами M73 и BY40329 и являются «пограничными», разделяющими две основные ветви дерева. Левая ветвь дерева, с характерным снипом M73 и нижестоящими снипами:

M73 > Y14051 > Y53944 > BY17659 > **BY17660** (2 человека),

M73 > Y14051 > Y53944 > BY17659 > **BY17661** (2 человека),

M73 > Y14051 > Y53944 > **BY38549**, имеет датировку общего предка  $1181 \pm 392$  года (без округления) и базовый гаплогрупп: 13 19 14 11 13 13 12 12 14 14 13 30,

характерный по виду для субклада M73 — у него второй маркер имеет аллель 19, в то время как европейские субклады имеют там 24 или 25. Имеются основания считать, что субклад R1b-M73 — сибирского происхождения, и соответствующий субклад и его характерные гаплогруппы сходят практически

на нет к западу от Урала, исключение — некоторые кавказские субэтносы, видимо, сарматского происхождения. У всех общие предки относительно недавние, не более 1,3 тыс. лет назад, и чаще 700–800 лет назад. Сам же субклад M73 образовался 83 снип-мутации, или примерно 12 тыс. лет, назад. Такой дисбаланс датировок образования снипа и его общих предков — указание на то, что носители снипа прошли «бутылочное горлышко» выживания. Сами снипы левой ветви дерева — BY17660, BY17661, BY38549 — все образовались примерно 700–900 лет назад, возможно, именно у казахов или ближайших родственных субэтносов.

Более древняя, судя по ее раскидистости, правая ветвь на дереве датируется  $5182 \pm 923$  го-

да назад (без округления) и имеет базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29.

Видимо, это субклад R1b-L23 (с нисходящими снипами Z2103 и другими), потомки хвалынской и ямной археологических культур, с вкраплением немногих европейских снипов, как L2, упомянутого выше. На эти культуры, которых в правой ветви большинство, указывает первый маркер 12. Таким образом, казахские снипы — это в основном сибирские (R1b-M73 и нижестоящие) и степные, выходящие из ямной культуры.

В списке YFull казахских снипов гаплогруппы R1b не отмечено, видимо, вследствие их относительной малочисленности.



**Рис. 84.** Дерево из 26 гаплотипов казахов гаплогруппы R1b в 12-маркерном формате, построенное по результатам казахской базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/alash/default.aspx?section=yresults>. Слева — субклад R1b-M73, справа — набор разных субкладов, не разделяемых в 12-маркерном формате гаплотипов

## Гаплогруппа N1a1

Эта гаплогруппа не совсем обычна для Казахстана, так как ее миграции из Южно-Сибирского (возможно, Алтайского) региона проходили на север, далее на Урал (видимо, Средний Урал) и далее после выхода на Русскую равнину в Приволжском регионе примерно 3,5 тыс. лет назад продолжились на северо-запад, к Балтийскому морю, а также на запад, через Днепр и далее к Паннонии. Таким образом, миграции носителей гаплогруппы N1a1 (образовалась 102 снип-мутации, или примерно 15 тыс. лет, назад) обошли территории современного Казахстана. Действительно, среди 432 казахских гаплотипов только 18 были гаплогруппы N1a1. Их условный общий предок жил  $2976 \pm 562$  года назад (без округления), то есть в начале I тыс. до н. э., и его базовый гаплотип был:

14 23 14 10 11 13 11 12 10 14 14 30.

Эта датировка в целом согласуется с данными о временах миграции носителей гаплогруппы N1a1.

В списке снипов YFull есть только 4 снипа представителей Казахстана, их цепочки следующие:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > **L1034** > Y28538 > **L1032**.

(Помимо казахов, снипы, родственные этому, имеют также ханты, манси и татары.)

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > Y16323 > **F4205** > Y16221 > Y16220 > Y16312 > **Y16320**.

Снипы L1034 и F4205 (выделены) есть в базе данных казахских гаплотипов FTDNA, но они недотипированы.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > Y5580 > **BY158**.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > Z16975 > VL69 > **VL68**.

Как обычно, датировки конечных снипов, которые (снипы) и были обнаружены у их представителей, позволяют понять, эти снипы значительно недотипированы (и потому малоин-

формативны, кроме общих представлений) или, напротив, информативны. Например, в четырех случаях, показанных выше, первый снип (L1032) образовался 25 снипов, или примерно 3,6 тыс. лет, назад. Для носителей гаплогруппы N этот снип весьма ранний, еще, видимо, уральский, и потому он разошелся своими родственными снипами между казахами и ханты-манси. Снип BY158 образовался 17 снип-мутаций, или 2,4 тыс. лет, назад, но это снип, типичный для миграций через территории современных Новгородской и Псковской областей на южную Балтику или на Польшу, линии L550-L1025 и, скорее всего, «пришлый» в Казахстан относительно недавно. Снип Y16320 образовался 13 снип-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет, назад, на границе старой и новой эры. Для Русской равнины он нетипичный и может отражать «казахское направление» миграции его носителей. Действительно, там среди его носителей представлены Бурятия, Узбекистан, Турция. Наконец, снип VL68 образовался всего 10 снип-мутаций, или примерно 1,4 тыс. лет, назад, его предковые снипы отошли от европейского L1025 (образовался 18 снип-мутаций, или 2,6 тыс. лет, назад) и в итоге прибыли на территорию, которая со временем стала Казахстаном.

Помимо этих снипов, несколько других есть в базе данных FTDNA, два из них показаны выше, и они недотипированы. Один — следующий:

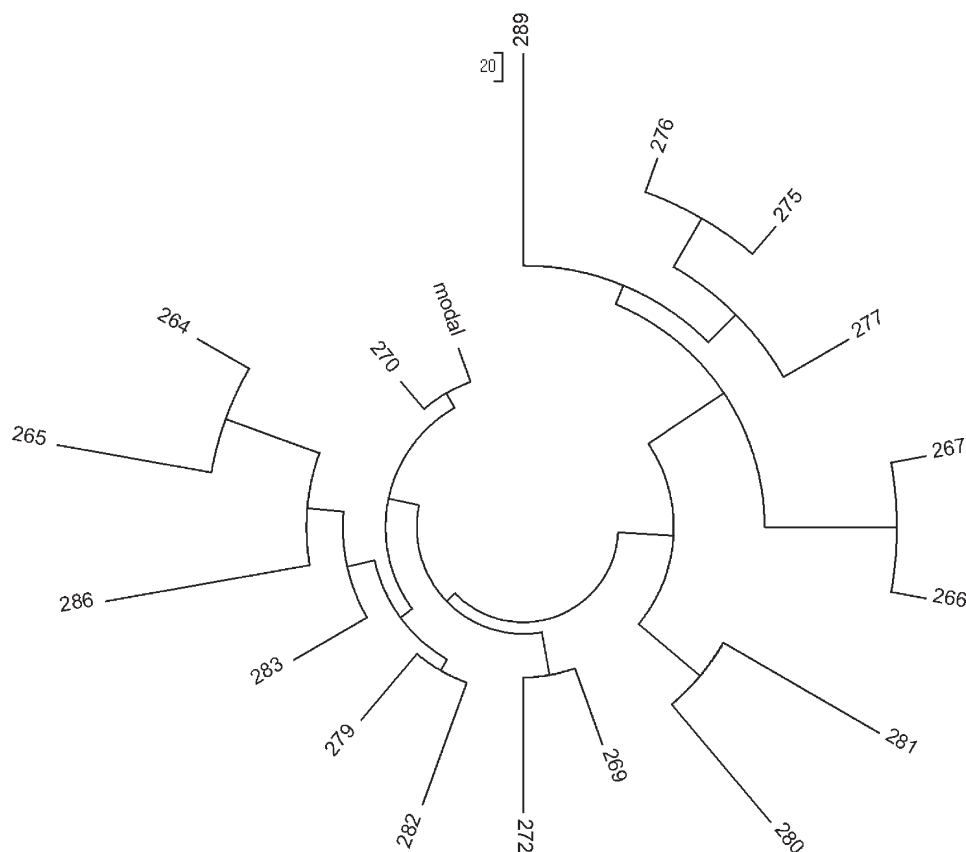
N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > Y16323 > F4205 > Y16221 > Y16220 > Y16312 > Y16320 > **Y16321**.

Конечный снип более «продвинутый», чем его предшествующий в списке YFull, и образовался всего 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад. Так что наши предположения о его относительной специфике для Казахстана и сопряженных территорий представляется разумным.

## Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа нехарактерна для казахов, ее носители, как правило, прибывали миграциями из Кавказско-Средиземноморско-Ближневосточного региона. В казахской базе данных FTDNA из 432 гаплотипов есть только 17 носителей гаплогруппы J2. Соответствующее дерево их гаплотипов приведено на рис. 85.





**Рис. 85.** Дерево из 17 гаплотипов казахов гаплогруппы J2 в 12-маркерном формате, построенное по результатам казахской базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/alah/default.aspx?section=yresults>

Мы видим гетерогенное дерево, состоящее минимум из шести ветвей, анализировать которые большого смысла не имеет. «Глубокие» сніпы приведены в базе данных всего для четырех результатов:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > SK1382 > **L192** > FGC30635 > FGC30640 (= **FGC30649**).

Сніп L192 был найден у русских и описан выше в соответствующем разделе. У казахов в базе данных он показан у двух человек. Последний сніп в этой цепочке был образован 38 сніп-мутаций, или примерно 5,5 тыс. лет, назад.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > Z6064 > Z6055 > Z6057 > Y7013 > Y7010 > Y13128 > Z36800 > **BY27462**.

Сніп BY27462 образовался 32 сніп-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Ясно, что все эти

сніпы недотипированы и поэтому малоинформативны. Их линии расходятся много тысячелетий назад, и поэтому неудивительно, что все 17 гаплотипов казахов данной гаплогруппы имеют условного предка, который жил  $7750 \pm 1150$  лет назад и имел базовый гаплотип:

12 23 15 10 13 16 11 15 12 13 11 30.

### Гаплогруппа O

Эта гаплогруппа для казахов тоже нехарактерна, и среди 432 гаплотипов в базе данных их имеется только 17, то есть около 4 %. В списке YFull они отсутствуют, и в базе данных FTDNA сніпы приведены только поверхностные, либо самой гаплогруппы O-M175 (= L1361), либо ее первого субклада O2-M122, либо, наконец, субклада O2-M134, который образовался 136 сніп-мутаций, или примерно 20 тыс. лет, назад:

O-M175 > O2-M122 > M324 > P201 > P164 > M134.

Общий предок всех 17 гаплотипов в 12-маркерном формате жил  $3810 \pm 679$  лет назад (без округления) с базовым гаплотипом:

12 23 15 10 13 18 11 12 12 12 13 29.

### Гаплогруппа Q

В казахской базе данных FTDNA есть всего 13 образцов этой гаплогруппы из 432 гаплотипов, а в списке YFull соответствующих снийпов казахов нет вообще. Все 13 гаплотипов имеют датировку условного общего предка  $7900 \pm 1250$  лет назад, откуда можно предположить, что казахи или имеют одну последовательную древнюю ДНК-линию, или представляют собой бессистемный набор совершенно различных линий, удаленных друг от друга. Но даже беглый взгляд на снийпы казахов гаплогруппы Q, приведенные в базе данных, показывает, что мы имеем второй вариант:

Q-M242 > Q1-L472 > **Q1b-L56** (= M346) > **M53** > M54 > L330 > YP1102 > **Y12449** (= Y12448) (1, 2 и 2 человека),

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 (= M346) > M53 > M54 > L330 > YP771 > L332 > YP1695 > **BZ427**,

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > **M378**.

Удаленность линий заключается в том, что мы имеем расхождение на уровне снийпов Q1 и Q2, которое произошло 196–201 снийп-мутацию, или 28–29 тыс. лет, назад. Снийп M378 образовался 69 снийп-мутаций, или примерно 9,9 тыс. лет, назад, снийп Y12449 — 27 снийп-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад, и только снийп BZ427 образовался 11 снийп-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад. Нижестоящие к нему снийпы есть у нескольких венгров в списке YFull.

Условный общий предок казахских носителей гаплогруппы Q в выборке имел условный же базовый гаплотип:

13 23 13 10 14 16 12 12 12 13 15 31.

Он условный, потому что получен при наложении удаленных линий Q1 и Q2, как описано выше.

### Гаплогруппа R2

В казахской базе данных имеются всего 7 гаплотипов этой гаплогруппы с условным общим пред-

ком  $6246 \pm 1317$  лет назад (без округления) и базовым гаплотипом:

14 23 15 10 13 15 12 12 11 14 10 29.

Все 7 гаплотипов типированы совершенно поверхностно, на уровне самой гаплогруппы R2-M479 (снийп образовался 203 мутации, или примерно 29 тыс. лет, назад) и его последующего субклада R2a-M124, который образовался примерно 16,3 тыс. лет назад. Данные в таком количестве и такого уровня практически ничего не говорят о том, как эта гаплогруппа попала к будущим казахам.

### Гаплогруппы E1b, J1, D, I2a, L, I1, T и A

Эти гаплогруппы для казахов нехарактерны, в базе данных FTDNA находятся в единичных количествах, на уровне одного процента и ниже, и здесь рассматриваться не будут. Можно ограничиться тем, что E1b обычно прибывает с Ближнего Востока или Балкан (например, из Греции или Сербии), J1 — с Ближнего Востока, D — из Кореи или Японии, I2a — это обычно южнославянская гаплогруппа, или ее имеют люди с Британских островов (в зависимости от конкретного субклада), L — обычно Индия или (в меньшей степени) Кавказ, I1 — «общеевропейская» гаплогруппа с наибольшим количеством (в настоящее время) в Скандинавии, хотя и в заметных количествах на севере Русской равнины, T — обычно ближневосточная гаплогруппа, хотя в Восточной Европе находится в основном у евреев-ашкенази, и A — обычно наблюдается у африканцев, хотя встречается и за пределами Африки — в Европе и в Передней Азии. Разумеется, есть другие примеры региональных обнаружений перечисленных гаплогрупп. Например, среди 938 результатов тестирования в Академии ДНК-генеалогии (Москва) есть два казаха, гаплогруппы R1a и I1-M253, гаплотип последней гаплогруппы, в 23-маркерном формате, следующий:

13 22 14 10 13 15 11 12 11 28 14 16 20 28 11 11 14 19 22 10 26 12 21.

Он отличается от предкового «общеевропейского» гаплотипа гаплогруппы I1 в том же формате на 11 мутаций (выделены):

13 22 14 10 13 **14** 11 12 11 28 **15** 16 20 28 11 **10** 14 **16** 20 10 **25** 11 **22**.

Это различие эквивалентно  $11/0,06125 = 180 \rightarrow 235$  условным поколениям, или примерно 5875 годам, между этими двумя гаплотипами. Поскольку общий предок приведенного выше гаплотипа I1 жил  $3700 \pm 370$  лет назад (определено по 968 гаплотипам Европы в 111-маркерном формате и опубликовано в статье: Kilin V. V., Klyosov A. A. TMRCA Calculator for Time Spans up to Millions of Years // *Advances in Anthropology*. 2016. №6. Р. 51–71), то их общий предок жил примерно  $(3700 + 5875)/2 = 4800 \pm 500$  лет назад. Это — время, когда носители гаплогруппы I1 в Европе подвергались уничтожению. Видимо, часть из них бежали на восток, и сейчас их относительно немногие потомки живут в Поволжье (что было описано в наших работах ранее) и, как видим, в Казахстане.

## 12. АЗЕРБАЙДЖАНЦЫ

Азербайджанцев в России (или жителей азербайджанского происхождения), которые при переписи населения 2010 г. записали себя как «азербайджанцы», насчитывается немногим более 600 тыс. человек. Из них больше всего проживают в Дагестане (131 тыс. человек), Москве (57 тыс.) и Тюменской области (44 тыс.).

У азербайджанцев есть свой Проект (база данных) в рамках FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>, в котором числится 174 гаплотипа азербайджанцев, плюс немало представителей других народностей (русских, дагестанцев и так далее), которые не были включены в табл. 22. Одиннадцать представителей были из Ирана, но здесь мы полагаемся на усмотрение администраторов Проекта, видимо, там были азербайджанские корни. Тем не менее при расчетах мы обращали на иранцев внимание, вписываются ли они в общую картину.

К сожалению, около половины всех гаплотипов представлены только в коротком, 12-маркерном формате, поэтому анализ гаплотипов в основном проведен здесь с ними.

В табл. 22 приведен список гаплогрупп азербайджанцев по данным указанного Проекта. Видно, что три наиболее представленные гаплогруппы у них R1b, J2 и J1, на которые суммарно

приходится больше половины всех образцов. Далее с заметным отрывом идут гаплогруппы R1a, G, L и E1b, добавляя еще треть от всех гаплогрупп, все остальные по численности уже минорные, менее чем по 3–2 % и вплоть до долей процента.

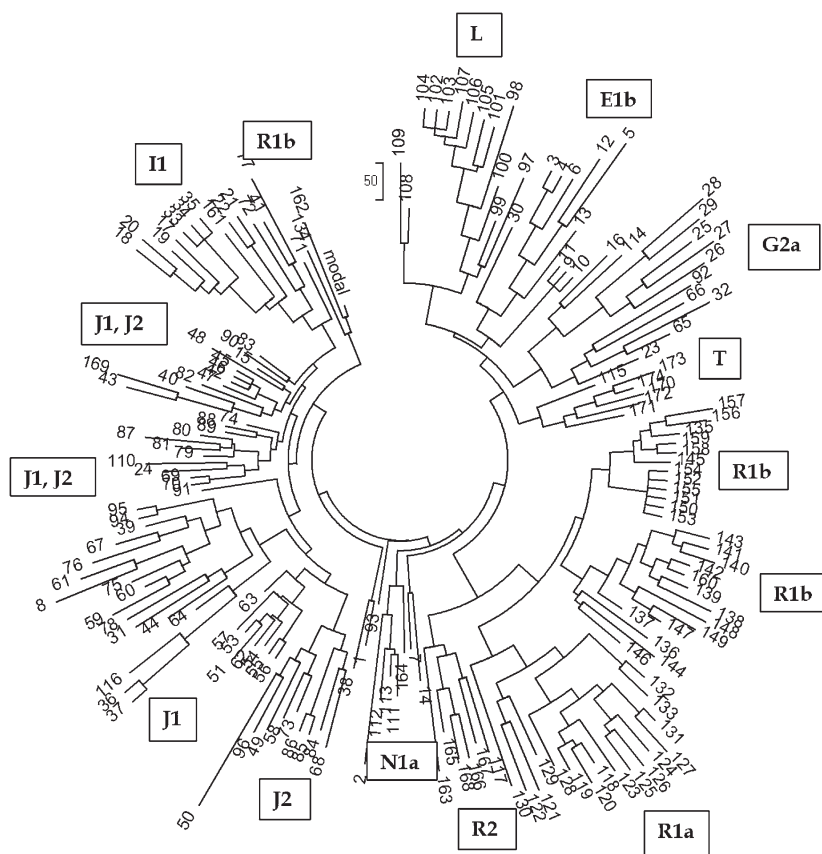
**Таблица 22.** Состав азербайджанцев по гаплогруппам по данным выборки базы данных FTDNA, 174 чел.: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>, по данным Eupedia: [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml) и списка снипов YFull. Процентные соотношения округлены. н/п — данные не приведены

Гаплогруппа	FTDNA, доля от 174 чел., %	Eupedia, доля от менее 100 чел., %	Список YFull, чел.
J2	18	30,5	5
R1b	19	11	2
J1	15	11	5
G	8	18	1
R1a	8	7	0
L	8	7	2
E1b	7	5,5	5
T	3	4	2
O	2	н/п	0
N	2	0	0
R2	2	н/п	0
I2a	2	н/п	0
I2a2 (I2c)	2	н/п	0
I1	2	3*	0
H	1	н/п	3
C	1	н/п	1
Q	0,6	0	2

\* Общая гаплогруппа I.

Вследствие малой статистики в табл. 22 наблюдается разнородность. Первые места по численности занимают гаплогруппы J2, R1b, J1 и G, что типично для ряда других стран Кавказа.

На рис. 86 показано дерево 12-маркерных гаплотипов азербайджанцев, построенное по базе данных FTDNA.



**Рис. 86.** Дерево из 174 гаплотипов азербайджанцев в 12-маркерном формате, построенное по данным базы FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>. Показано расположение ветвей ряда гаплогрупп. Если одной и той же гаплогруппой отмечены разные ветви, это показывает разные подветви-субклады

Как видим, дерево гаплотипов Азербайджана очень разнородно и каждая ветвь в определенной степени отражает историю народов Азербайджана. Если, например, в России, на Украине или в Казахстане есть доминирующая по численности гаплогруппа, то в Азербайджане первые по численности гаплогруппы R1b, J2, J1 и G составляют менее двух третей от общей численности мужских гаплогрупп. И в этом многообразии — тоже история современного Азербайджана. Характерно, что «восточных» гаплогрупп, как С, Q, R2, О, в Азербайджане практически нет, как почти нет и «западных» гаплогрупп, как I1, I2, или северных, как гаплогруппы N. Поэтому в разнообразии гаплогрупп Азербайджана есть своя гармония — это кавказские и ближневосточные гаплогруппы.

Заметим, что на дереве гаплотипов почти нет «плоских» ветвей, обычно показывающих, что их общий предок жил сравнительно недавно. Некоторое исключение представляют подветвь гаплогруппы L (верхняя часть дерева) и подветвь гаплогруппы R1b, на них мы остановимся отдельно в соответствующих разделах.

В азербайджанском Проекте FTDNA среди всех 174 гаплотипов только в 50 случаях, то есть менее чем в одной трети, были определены «глубокие» сніпы, которые часто были тоже значительно недотипированы, в остальных случаях типирование было совершенно поверхностным, на уровне самих гаплогрупп. Те сніпы, которые представлены в Проекте, описаны в соответствующих разделах по гаплогруппам (замыкают цепочки сніпов или встроены в них).

## Гаплогруппа R1b

В азербайджанской базе данных имеются 33 гаплотипа, из которых 27 гаплотипов относятся к субкладу Z2103 (и, скорее всего, нижестоящих субкладов), он же основной субклад ямной культуры волжских степей. На рис. 87 — это серия плоских (и прочих неглубоких) ветвей, общий предок которых жил  $3748 \pm 579$  лет назад (без округления) с базовым гаплотипом:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29.

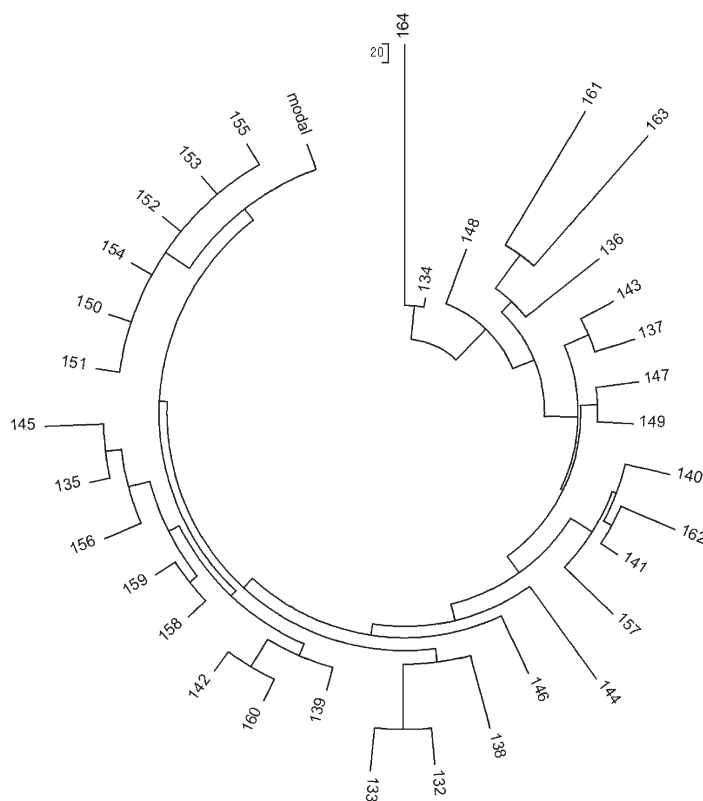
Этот гаплотип точно такой же, как предковый 12-маркерный гаплотип субклада Z2103 у казахов, описанный выше, только там общий предок жил  $5182 \pm 923$  года назад (без округления). Разница в датировках понятна — носителям субклада Z2103 еще нужно было дойти от приволжских степей до территории современного Азербайджана

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > **Z2103**,

(последний снип образовался 40 снип-мутаций, или примерно 5,8 тыс. лет, назад).

Остальные несколько гаплотипов на дереве относятся, по соображениям администраторов азербайджанского Проекта, к европейскому субкладу R1b-P312 (пара гаплотипов 132 и 133), субкладу R1b-M269-PF7562 (образовался 41 снип-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад, «параллельно» субкладу M269-L23) и субкладу Y14051, тоже древней «боковой» линии по отношению к широко распространенной линии M269-L23 (гаплотипы под номерами 161 и 162), линии L389-V1636 и линии L389-P279-M478-Y14051. Цепочки их снипов следующие:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > **PF7562**,  
(последний снип образовался 41 снип-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад),



**Рис. 87.** Дерево из 33 гаплотипов азербайджанцев гаплогруппы R1b в 12-маркерном формате, построенное по результатам базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>. Набор ветвей гаплотипов под номерами 134–160 (27 гаплотипов) относятся к субкладу ямной культуры Z2103



R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > M478 > **Y14051**,

(последний снип образовался 53 снип-мутации, или примерно 7,6 тыс. лет, назад),

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > **V1636**,

(последний снип образовался 97 снип-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад).

Среди азербайджанских образцов гаплогруппы R1b в базе данных имеются еще следующие снипы:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y13369 > **L584**,

(образовался 35 снип-мутаций, или 5 тыс. лет, назад),

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y4364 > **Y84551**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > CTS8966 > BY3295 > **PH4902** > **ZQ621**.

Список снипов YFull показывает всего два образца снипов гаплогруппы R1b у азербайджанцев: один уже приведен выше, ZQ621, и другой — европейский вариант по конечному снипу в цепочке:

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > P312 > **Z30597**.

Последний снип образовался 22 снип-мутации, или примерно 3,2 тыс. лет, назад. Понятно, что он прибыл в Азербайджан уже в относительно недавнее время.

Обращает внимание то, что среди снипов азербайджанцев гаплогруппы R1b почти нет европейских, производных от P312, который образовался на Пиренейском полуострове или на подходе к нему примерно 4,8 тыс. лет назад, и его носители далее заселили Европу. Снипы азербайджанцев происходят от значительно более древних субкладов, линии L23 > Z2103, ямной культуры, или пераллельных ей, архаичных линий.

## Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа характерна для народов Восточного Кавказа, Месопотамии и Ближнего Востока и ряда народов Средиземноморья. Как мы не раз упоминали выше в этой книге, есть основания полагать, что и на Кавказе — это потомки урукских миграций, которые шли на Кавказ из Месопотамии примерно 7 тыс. лет назад.

В азербайджанской базе данных FTDNA из 174 гаплотипов — 32 гаплотипа гаплогруппы J2. Соответствующее дерево их гаплотипов приведено на рис. 88.



**Рис. 88.** Дерево из 32 гаплотипов азербайджанцев гаплогруппы J2 в 12-маркерном формате, построенное по результатам базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>

Мы видим гетерогенное дерево, состоящее из двух основных ветвей, одна из которых содержит две широкие подветви. Взглянем на их «глубокие» сніпы, где они доступны. В первой ветви (сверху вниз по часовой стрелке) определен сніп (гаплотипа под номером 85):

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > **L25** > Z438 > Z387 > L70 > Z435 > Z2148 > **PH2725**,

который является нижестоящим к сніпу L25 (тоже выделен выше), к которому относятся гаплотипы 76 и 82 в следующей подветви. Далее идет сніп PF5172 (гаплотип 90):

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > **PF5172**,  
и сніп L243:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > **L243**.

В последней ветви на правой стороне дерева находятся гаплотипы сніпов одной линии (выделены три сніпа):

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > **L25** > F3133 > Z7706 > SK1382 > **L192** > FGC30635 > FGC30640 (= **FGC30649**).

Точно такая же линия была обнаружена у казахов и описана выше в соответствующем разделе. Сніп L192 был найден также у русских. У казахов в базе данных он показан у двух человек. Последний сніп в этой цепочке был образован 38 сніп-мутаций, или примерно 5,5 тыс. лет, назад.

Как видно из этого перечня сніпов, все они относятся к субкладу J2a-M410 и к серии нижестоящих субкладов на несколько ступеней ниже, вплоть до PF5160 (образовался 110 сніп-мутаций, или примерно 16 тыс. лет, назад). Разумеется, столь поверхностно типированные сніпы не очень информативны для прояснения путей миграции их древних носителей на территорию современного Азербайджана, хотя мы видим, что это в целом одна древняя линия, которая затем разошлась на несколько нижестоящих линий.

В списке сніпов YFull есть еще сніпы 5 представителей Азербайджана. Они относятся к цепочкам сніпов:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > Z2432 > Y28235 > **Y28237**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > Z6064 > Z6055 > Z6057 > Y7013 > Y7010 > Y33844 > **Y160293** (2 человека),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y13341 > Z7515 > **FGC15895**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > L243 > FGC30343 > **Y166760**.

Три из этих сніпов также относятся к линии J2a-M410 и проходят дальше до сніпа L26 (образовался 124 сніп-мутации, или примерно 18 тыс. лет, назад), и затем расходятся по своим наследственным линиям. Один сніп относится к линии J2b-M102, совершенно другой, начавшейся у истоков гаплогруппы J2. Последний сніп (Y166760) обнаружен у жителей Азербайджана и Катар, он образовался 47 сніп-мутаций, или примерно 6,8 тыс. лет, назад. Это и есть времена урукских миграций с Ближнего Востока на Кавказ.

На эти датировки указывает и время жизни условного общего предка всего дерева на рис. 88, оно составляет  $7700 \pm 1000$  лет назад, и базовый гаплотип следующий:

12 23 15 10 13 16 11 15 11 13 11 29.

Здесь интересно отметить, что почти такой же базовый гаплотип с такой же датировкой общего предка ( $7750 \pm 1150$  лет назад) описан выше для казахских гаплотипов гаплогруппы J2a:

12 23 15 10 13 16 11 15 12 13 11 30.

Очень похожий базовый гаплотип есть у арабских носителей гаплогруппы J2a:

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 30,

с датировкой общего предка  $8450 \pm 850$  лет назад и у армянских носителей той же гаплогруппы с датировкой общего предка  $8580 \pm 870$  лет назад:

12 23 14 10 13 16 11 15 12 13 11 30,

(хотя последняя аллель равна в среднем 29,56, что может соответствовать и 29, и 30, при небольшом изменении статистики ообразцов). Все это свидетельствует не только об общем происхождении гаплогруппы J2a во всех этих регионах, но и о расхождении этих гаплотипов примерно в одни и те же времена.

## Гаплогруппа J1

На Кавказе эта гаплогруппа обычно ходит парой с гаплогруппой J2, что в полуколичественном виде и показывают данные табл. 22. В целом,

обе гаплогруппы распространены на Кавказе и обе, как показывает анализ данных, — из одного источника, или с самого Кавказа, или с Ближнего Востока. Те же самые гаплогруппы, субклады и гаплотипы имеются у русских, украинцев, татар, казахов, чеченцев и других кавказцев, и разница только в пропорциях отдельных Y-хромосомных линий и временах, когда носители этих линий прибыли в соответствующие регионы.

Среди азербайджанских представителей в базе данных FTDNA есть 26 носителей гаплогруппы J1 из 174, то есть немногим меньше, чем 32 носителя гаплогруппы J2. Дерево гаплотипов показано на рис. 89.

Мы видим опять гетерогенное дерево, состоящее из трех основных ветвей, хотя они в определенной степени взаимосвязаны. Базовый гаплотип всего дерева следующий:

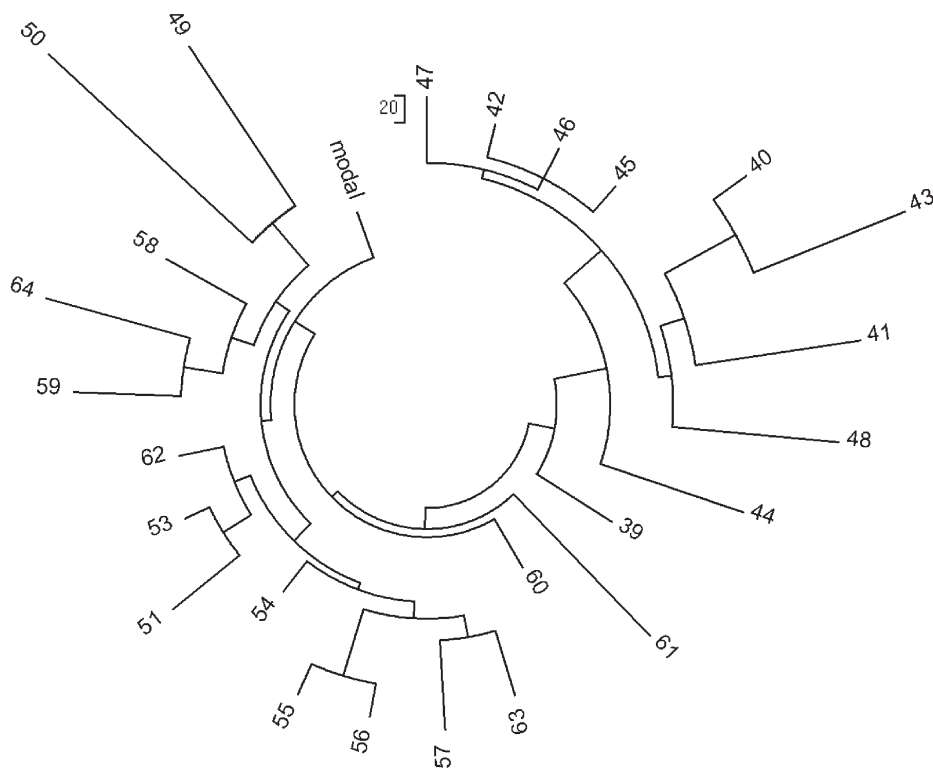
12 23 14 10 13 18 11 14 12 13 11 30,

и условный общий предок всего дерева жил  $8900 \pm 1200$  лет назад.

Относительно «глубокие», то есть не самые поверхностные, сипы определяли всего у 6 человек (из 26), и они следующие (сверху по часовой стрелке):

гаплотип 40, J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > S21237 > Y4348 > Y4349 > Y10887 > Y5321 > Y5324 > Y5322 > Y9271 > Y5323 > FGC4290 > **ZS10807** (= ZS10792).

Следует отметить, что такую же цепочку сипов, но до Z1884 (= L858), который образовался 28 сип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад), имеют другие кавказцы, у которых линия далее пошла через сип Z640. Вообще этот сип, Z640, является «знаковым», от него расходятся семитские линии (арабы и евреи) и несемитские (чеченцы, албанцы, греки, французы, кабардино-балкарцы, некоторые словаки, украинцы и русские), в том числе азербайджанцы. Этот сип образовался 31 сип-мутацией, или примерно 4,5 тыс. лет, назад.



**Рис. 89.** Дерево из 26 гаплотипов азербайджанцев гаплогруппы J1 в 12-маркерном формате, построенное по результатам базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>

Этот снип мы видим у азербайджанца с гаплотипом под номером 43:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > **Z640**.

Такая же цепочка есть и у армян, только там определены более глубокие снипы:

**Z640** > Z2292 > Z642 > FGC30542 > **FGC30545** (= **ZS5770**).

Снип L858 (= Z1884) обнаружен также у обладателя гаплотипа под номером 39. Фактически, это та же самая линия, что и у гаплотипа 43, который прошел по снипам на один шаг дальше.

Следующий снип, CTS1460 (гаплотипы 60 и 61), мы видим в следующей цепочке:

J1 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z1828 > **Z1842** > Y4423 > **CTS1460**.

Этот снип мы описывали выше у русских, украинцев, башкир, чувашей, чеченцев, иначе говоря, его носители передвигались по Русской равнине и по Кавказу.

Последний из определенных у азербайджанцев в базе данных — снип Z1842 (гаплотип 63), мы его видим в цепочке выше (отмечен). Этот снип тоже распространен, хотя и в относительно малых количествах, по Русской равнине.

В списке YFull есть 5 снипов азербайджанцев. Один — ZS10807, уже описан выше (гаплотип 40 на дереве гаплотипов на рис. 89). То же самое и со снипом CTS1460 (гаплотипы 60 и 61). Интересно, что тот же снип найден в Ираке, он образовался 43 снип-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад, так что его первые носители могли разойтись во времена урукских (или подобных) миграций.

Еще три снипа — следующие:

J1-M267 > J1a-Z2215 > Y29696 > PF7261 > PH128 > Y30278 > **S695**,

J1-M267 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z22179 > Z1828 > Z1842 > ZS3114 > B234 > ZS5658 > **FGC45614**,

J1-M267 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > **FGC12834**.

Их датировки (последних снипов в цепочке) — соответственно 15, 24 и 35 снип-мутаций, или 2,2 тыс., 3,5 тыс. и 5 тыс. лет, назад. Судя по датировкам — это вряд ли азербайджанские

специфические снипы, они могли прибыть со стороны. Чтобы ответить на этот вопрос, надо определять более «глубокие» снипы.

## Гаплогруппа G

Носителей гаплогруппы G среди азербайджанцев всего 14 человек из 174. Это ожидаемо, так как гаплогруппа G у кавказцев выражена у жителей Западного и Центрального Кавказа, а Азербайджан — на востоке. В списке YFull есть только один снип жителей Азербайджана:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > **FGC1159** (= FGC1160).

Этот снип образовался 36 снип-мутаций, или примерно 5,2 тыс. лет, назад. Выше он описан в выборках татар и башкир и, таким образом, вовсе не ограничен Азербайджаном или Кавказом. Более того, точно такая же цепочка снипов найдена у казахов и описана в соответствующем разделе.

В базе данных FTDNA есть еще снип двух азербайджанцев (FGC1160, приведен выше).

Все 14 азербайджанских гаплотипов в 12-маркерном формате показывают базовый гаплотип:

14 22 15 10 14 15 11 12 11 12 11 29,

с датировкой условного общего предка 10 700 ± 1600 лет назад (по всем четырнадцати 12-маркерным гаплотипам) или 6900 ± 900 лет назад (по семи 37-маркерным гаплотипам, из которых выпали наиболее мутированные 12-маркерные гаплотипы). В любом случае, это значительно древнее, чем обычные датировки общих предков гаплогруппы G2a на Западном и Центральном Кавказе. Видимо, большой вклад в эти древние датировки внесли переднеазиатские ветви гаплогруппы G.

## Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа для азербайджанцев нехарактерна, ее носителей в базе данных всего 14 человек из 174. Можно было бы подумать, что это — последствия длительного вхождения Азербайджана в Советский Союз, но это не так. Все 14 гаплотипов относятся к субкладу R1a-Z93, которого у этнических русских практически нет. Это — древние арийские и скифские по происхождению ветви, примерами которых являются четыре об-

разца, для которых в азербайджанской базе данных определены снипы, более глубокие, чем Z93:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > **Z2123**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > **Z2122**,

R1a-Z645 > Z93 > **Z94**,

R1a-Z645 > Z93 > **YP1506**.

Общий предок всех 14 гаплогрупп жил  $4300 \pm 800$  лет назад, что соответствует датировке образования субклада R1a-Z83, который образовался 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Базовый гаплотип этой серии гаплогруппов: 13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30.

Он — почти такой же, как у армянских носителей гаплогруппы R1a-Z93:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31,

с датировкой общего предка  $4500 \pm 545$  лет назад, что тоже в пределах погрешности совпадает со временем образования снипа Z93 и с датировкой общего предка у азербайджанских гаплогруппов.

Видимо, это потомки древних ариев, которые шли через Кавказ в Месопотамию и далее основали Митаннийское царство в Сирии примерно 4 тыс. лет назад.

## Гаплогруппа L

Эта гаплогруппа у азербайджанцев из числа минорных по численности, их всего 14 человек из 174 в базе данных. Ветвь гаплогруппы L на дереве гаплогруппов на рис. 86 довольно необычна, хотя легко объяснима, она состоит из двух подветвей — древней, глубокой ветви из 4 гаплогруппов (под номерами 97–100) с датировкой общего предка  $8400 \pm 2000$  лет назад, и на самом вершине ее — неглубокой, то есть относительно недавней ветви, с датировкой общего предка  $655 \pm 176$  лет назад (без округления). Это означает, что кто-то из разрозненной группы носителей гаплогруппы L несколько веков назад дал потомков, которые все — относительно недавние родственники. Не обязательно, что эта разрозненная группа прибыла на территорию современного Азербайджана в глубокой древности, многие тысячелетия назад, они могли прибыть и менее тысячи лет назад, но из разных мест, и относиться к разным линиям гаплогруппы L.

Базовый гаплотип «молодой ветви» (в 37-маркерном формате) следующий:

11 23 14 9 14 15 11 12 13 12 14 28 16 9 9 11 12  
23 15 19 26 14 14 14 16 11 11 19 19 16 14 17 16  
35 37 12 10.

Базовый гаплотип «древней ветви» значительно отличается на первых 12 маркерах:

11 22 14 10 13 17 11 12 12 12 15 29,

а именно на 8 мутаций. Для 12-маркерного гаплогруппа — это огромное расстояние по времени, равное  $8/0,02 = 400 \rightarrow 590$  условным поколениям, или 14 750 лет. Таким образом, общий предок «древней» и «молодой» ветви жил примерно  $(14\,750 + 8400 + 655)/2 = 11\,900 \pm 2000$  лет назад. В пределах погрешности это и есть возраст древней ветви.

К сожалению, «глубокие» снипы известны только у 3 человек из 14 в базе данных. Соответствующие цепочки снипов представлены ниже.

Гаплотип 97 (из древней по происхождению группы):

L-M20 > **L2-PF5533** (= L595).

Гаплотип 106 (из «молодой» подветви):

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 >

**L1a1c-F3987**.

Гаплотип 110 (на противоположной стороне дерева; возможно, типирование было ошибочным):

L-M20 > L1-M22 > **L1b-M317**.

«Глубокие» снипы здесь взяты в кавычки, потому что эти снипы близки к самым поверхностным и образовались многие тысячелетия или десятки тысяч лет назад (как, например, снипы гаплогруппов под номерами 97 и 110). Снип гаплогруппы 106 (из «молодой ветви») образовался по оценкам примерно 5,6 тыс. лет назад, то есть ясно, что ветвь недотипирована.

В списке снипов YFull в разделе гаплогруппы L есть два представителя Азербайджана, у обоих один и тот же снип:

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Y31961 > Y31214 > Y31213 > Y61982 > **Y155751**.

Это до снипа M27 — линия той же «молодой ветви», но конечный снип здесь образовался 23 снип-мутации, или примерно 3,3 тыс. лет, назад.

Эти примеры показывают, что недотипированные, поверхностные снипы малоинформативны для изучения происхождения и истории народов. А для «глубокого» типирования, которое относительно дорогостоящее, нужны правительственные программы. Этого в России пока нет.



## Гаплогруппа E1b

В базе данных есть 13 носителей гаплогруппы E1b среди азербайджанцев. Они, как обычно бывает у малочисленных, разрозненных линий, имеют древнего условного общего предка. В данном случае этот условный предок жил  $8800 \pm 1400$  лет назад и имел базовый гаплотип:

14 24 14 10 17 18 11 12 12 13 11 30.

Из этих данных уже ясно, что гаплогруппа E1b среди азербайджанцев не замыкается на субкладе E1b-V13, наиболее распространенном в Европе и на Русской равнине (например, у русских и украинцев), поскольку носители этого древнего субклада в Европе прошли «бутылочное горлышко» выживания примерно 3,7 тыс. лет назад, и поэтому большинство общих предков носителей субклада V13 в Европе жили в то время или несколько позже. Действительно, рассмотрение субкладов азербайджанцев подтвердило, что линий V13 среди них не большинство.

В базе данных FTDNA и списке сний YFull имеются следующие линии сний азербайджанцев:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > V22 > Y2498 > L1250 > **FGC2726**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > V22 > Y2498 > L1250 > PH2818 > Y20282 > BY6871 > Y35978 > **Y35956** > **BY3667**.

Предпоследний сний (образовался 36 сний-мутаций, или примерно 5,2 тыс. лет, назад) имеет также представитель Ирака, что указывает на определенные генетические связи между Азербайджаном и Ближним Востоком. Оба последних сния (выделены) найдены в Азербайджане.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > V22 > Y2498 > L1250 > **BY7315**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > FGC44169 > S7461 > BY5022 > Y150909 > **Y150909a**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 >

M123 > M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > Z21466 > Y125311 > **Y61771** > **BY36983**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Z849 > Y37093 > **FGC75126**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > PF6751 > PF6748 > Y6720 > **PF6747**.

Мы видим, что все эти линии идентичны по снипам до M35 (образовался 244 сний-мутации, или примерно 35 тыс. лет, назад) и далее расходятся на снии L539 и Z827 с последующими разветвлениями многие тысячелетия назад. Только одна линия из приведенных проходит через сний V13, самый распространенный в Европе и на Русской равнине из сний гаплогруппы E. Это объясняет древность общего предка азербайджанских сний. Надо отметить, что единственный представитель Азербайджана, для которого ДНК-тестирование было проведено в Академии ДНК-генеалогии, имел субклад E1b-V13.

## Гаплогруппа N

В азербайджанской базе данных FTDNA есть всего три гаплотипа гаплогруппы N, один из них отнесен к субкладу N1a2b-P43, описанному ранее в этой книге, и два самых поверхностных сния, N-M231 (= M232). Их условный предок жил всего  $2035 \pm 500$  лет назад, что показывает, что это не древние субклады, а, скорее всего, линии Русской равнины, поскольку носители гаплогруппы N сошли с западных отрогов Уральских гор на Русскую равнину примерно 3,5 тыс. лет назад. Эти гаплотипы и их ДНК-линии, как видно, нехарактерны для Азербайджана, как и для всего Кавказа, и являются там «визитерами», прибывшими в относительно недавнее время.

## Гаплогруппы T, O, R2, I, H, C, Q

Эти гаплогруппы нехарактерны для Азербайджана и присутствуют в базе данных FTDNA и в списке сний YFull в единичных количествах. Анализировать их большого смысла не имеет.

### 13. ДАРГИНЦЫ

Даргинцы — в основном жители Дагестана, который входит в состав Российской Федерации. В Дагестане проживают более 80 % даргинцев, которых в составе России, по данным переписи населения 2010 г., насчитывается около 600 тыс. человек. В Ставропольском крае проживают около 50 тыс. даргинцев, и далее идет сброс — в Ростовской области немногим более 8 тыс. человек, в Астраханской области немногим более 4 тыс. человек, в Москве три с лишним тысячи человек.

В табл. 23 приведены данные по составу гаплогрупп у даргинцев из трех источников. В отношении гаплогруппы J1 наблюдаются разночтения, но суть ясна — это гаплогруппа представлена

наиболее значимо среди даргинцев. В этом отношении даргинцы — один из наиболее однородных этносов Кавказа, да и всей Евразии.

Для столь однородного этноса (в отношении состава гаплогрупп) обычно должны выполняться два условия — относительная изоляция места обитания и относительно недавнее пребывание данной группы людей на своей нынешней территории. Относительная изоляция — это обычно горная местность или остров, отделенный от материка водной преградой. Относительно недавнее — это может составлять несколько тысячелетий, как, например, у басков и жителей Британских островов. Проверим это.

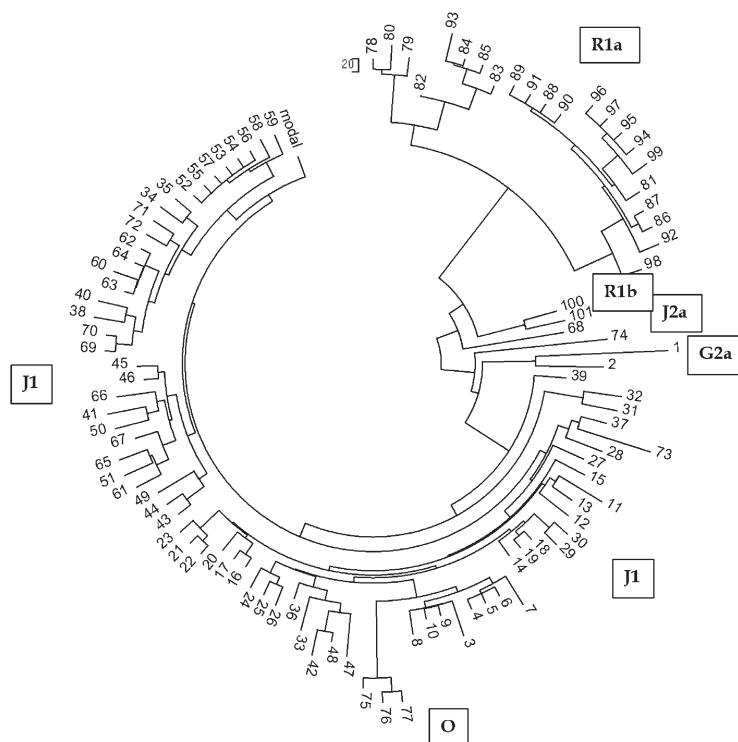
На рис. 90 приведено дерево гаплотипов даргинцев.

**Таблица 23.** Состав даргинцев по гаплогруппам по данным статьи\* (выборка 101 чел.), диссертации\*\* (выборка 68 чел.) и списка Eupedia: [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml). Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не приведены. В списке Eupedia сообщается, что данные рассчитаны на основании рассмотрения от 250 до 500 даргинцев, но это вызывает серьезные сомнения. Источники данных там не приведены

Гаплогруппа	Статья*, 101 чел., %	Диссертация**, 68 чел., %	Eupedia, %
J1	70	91	84
R1a	22	0	8,5
O	3	0	н/п
R1b	2	3	2
G2a	2	3	1,5
J2	1	3	1,5
I	н/п	0	0,5
L	н/п	0	0
E	н/п	0	0
T	н/п	н/п	0
N	н/п	0	0
Q	н/п	0	0

\* *Balanovsky O., et al, 2011 (ссылка приведена ранее в этой книге).*

\*\* *Юнусбаев Б. Б. Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y-хромосомы и A1U-инсерций: дисс. канд. биол. наук: 03.00.15. Уфа, 2006. 107 с.*



**Рис. 90.** Дерево из 101 гаплотипа даргинцев в 19-маркерном формате, построенное по результатам статьи Balanovsky O. et al., 2011. Показано расположение ветвей или одиночных гаплотипов ряда гаплогрупп. Гаплогруппа G2a — два гаплотипа (под номерами 1 и 2), гаплогруппа J2a — один гаплотип (74), гаплогруппа O — три гаплотипа (75–77), гаплогруппа R1b — два гаплотипа (100 и 101). Две наиболее многочисленных ветви — J1 (71 гаплотип, 3–73) и R1a (22 гаплотипа, 78–99)

Фактически, даргинцы почти полностью состоят из носителей гаплогрупп J1 и R1a. Правда, в материалах диссертации гаплогруппа R1a не отражена, но исследование весьма старое и не самое надежное.

### Гаплогруппа J1

Авторы цитируемой статьи не изучали субклады или сніпы этой гаплогруппы у даргинцев, кроме типирования на сніп P58. В одном случае нашли наличие этого сніпа (гаплотип под номером 73 на дереве), а во всех других 70 образцах этот сніп не был найден. Такой выраженный интерес именно к этому сніпу объяснялся тем, что во времена подготовки и публикации цитируемой статьи среди популяционных генетиков ошибочно полагали, что этот сніп выявляет евреев гаплогруппы J1, наиболее представленной опять же у евреев.

Но впоследствии оказалось, что это не так. Сніп P58 образовался 78 сніп-мутаций, или примерно 11,2 тыс. лет, назад, то есть на 7 тыс. лет раньше, чем жил общий предок евреев и арабов, известный из библейских источников как Авраам. Цепочка сніпов, ведущая к P58, следующая:

J1-M267 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > **P58**.

За тысячелетия, прошедшие со времени образования сніпа P58, последующие ДНК-линии разошлись в разные стороны, на несемитские и семитские ветви. Разумеется, сніп P58 попал и к евреям, и к арабам, и к множеству других племен и народов, в основном народов Евразии и среди них некоторых народов Кавказа. Но даргинцев, как мы видим, среди них почти не обнаружено.

Ряд примеров линий, расходящихся от сніпа P58, был рассмотрен выше в этой книге. Напри-

мер, у русских и украинцев (что вполне может быть еврейская линия снипа P58):

J1 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > **P58** > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YCS0000234 > Z1884 (= L858) > Y2919 > Y6094 > Y6096 > ZS1682, расходуется на два дочерних снипа, Y4067 и Z643 (образовались 58 и 57 снип-мутаций, или 8,4 тыс. и 8,2 тыс. лет, назад соответственно), каждый из них разошелся еще на два снипа, Y4067 > (L817 и ZS5383) и Z643 > (Y16646 и Z1865) и так далее, и эти линии можно приблизительно (поскольку есть немало исключений) подразделить на семитские и несемитские линии. Видимо, узловым в этом вопросе является снип Z1884 (= L858), который образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад, и от него (или непосредственно перед ним) расходятся семитские и несемитские линии, в числе несемитских — армяне и азербайджанцы, рассмотренные выше. По-видимому, снип Z1884 является «снипом Авраама», от которого расходятся еврейская и арабская линии гаплогруппы J1. На самом деле от него расходятся пять снипов (FGC12834, Y2919, Y4341, Z640 и FGC11), первый из которых найден в Азербайджане, второй — в Армении, третий — в Иордании, Польше, на Украине, четвертый и пятый — почти исключительно в арабских странах. Снип Z640 является в определенной степени «знаковым», от него расходятся семитские линии (арабы и евреи) и несемитские (чеченцы, албанцы, греки, французы, кабардино-балкарцы, некоторые словаки, украинцы и русские), в том числе азербайджанцы.

Но поскольку почти во всех даргинцах гаплогруппы J1 снип P58 не обнаружен, их ДНК-линии отошли от показанной ниже цепочки снипов выше этого снипа, то есть ранее 11 тыс. лет назад.

J1-M267 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58.

На дереве гаплотипов даргинцев в описываемой выборке наблюдается серия относительно недавних (умеренно плоских) ветвей гаплогруппы J1. Рассмотрим пять таких ветвей от вершины дерева против часовой стрелки. Первая ветвь из 18 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

12 23 14 11 12 18 11 13 11 14 11 31 19 14 21 10 15 10 21,

с датировкой общего предка  $1731 \pm 316$  лет назад (без округления). В этой ветви есть недавняя серия идентичных гаплотипов:

12 23 14 **10** 12 **17** 11 13 11 14 11 31 19 14 21 10 15 10 21,

которые отличаются всего на 2 мутации (выделены) от базового (предкового) гаплотипа всей ветви. Для 19-маркерных гаплотипов это соответствует временному расстоянию от базового гаплотипа  $2/0,03681 = 54 \rightarrow 57$  условных поколений, или  $1370 \pm 150$  лет. Это и равно «возрасту» ветви в пределах погрешности расчетов.

Вторая ветвь из 12 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 12 17 11 13 12 14 11 30 19 14 21 11 15 10 21,

с датировкой общего предка  $3035 \pm 533$  года назад (без округления).

Третья ветвь из 14 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 12 20 11 13 12 13 11 29 21 14 21 11 15 10 20,

с датировкой общего предка  $2617 \pm 456$  лет назад (без округления).

Четвертая ветвь из 8 гаплотипов (две подветви по 4 гаплотипа):

12 23 14 10 12 19 11 13 12 12 12 28 19 14 21 11 15 10 20,

с датировкой общего предка  $969 \pm 308$  лет назад (без округления), и пятая ветвь из 16 гаплотипов, состоящая из серии подветвей, имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 12 18 11 13 12 13 12 29 20 14 21 11 15 10 21,

и общий предок этой ветви датируется  $4537 \pm 657$  лет назад.

Общий предок всех ветвей (71 гаплотип суммарно) имел базовый гаплотип:

12 23 14 10 12 18 11 13 12 13 11 29 20 14 21 11 15 10 21,

с датировкой  $5198 \pm 574$  года назад.

В ДНК-генеалогии есть прием, который позволяет провести проверку подобных расчетов. При этом записывается вся серия базовых гаплотипов отдельных ветвей, в данном случае:

12 23 14 **11** 12 18 11 13 **11** **14** 11 **31** 19 14 21 **10** 15 10 21,  
12 23 14 10 12 **17** 11 13 12 **14** 11 30 19 14 21 11 15 10 21,

12 23 14 10 12 **20** 11 13 12 13 11 29 **21** 14 21 11  
15 10 **20**,

12 23 14 10 12 **19** 11 13 12 **12 12** 28 19 14 21 11  
15 10 **20**,

12 23 14 10 12 18 11 13 12 13 **12 29 20** 14 21 11  
15 10 21,

выявляется базовый гаплотип всех ветвей (с минимальным числом мутаций от него, эти мутации выделены). Наименьшее число мутаций (18) в серии имеет расчетный гаплотип (мутации в маркере DYS389-2, двенадцатом слева, считаются по особым правилам, описанным в книге «Практическая ДНК-генеалогия для всех», Концептуал, 2018):

12 23 14 10 12 18 11 13 12 13 11 29 20 14 21 11  
15 10 21,

который в точности равен базовому гаплотипу всех 71 гаплотипов в серии. Суммарное число мутаций (18) определяет временную дистанцию от усредненной датировки всех общих предков в серии:  $18/5/0,03681 = 98 \rightarrow 108$  условных поколений, или 2,7 тыс. лет, «в древность» от усредненной датировки всех ветвей, которая равна 2578 годам. В итоге получаем, что общий предок всех пяти ветвей жил  $(2700 + 2578) = 5276$  лет назад (без округления). Это почти в точности равно величине в  $5198 \pm 574$  года, определенной напрямую по всему 71 гаплотипу гаплогруппы J1 даргинцев. Иначе говоря, все расчеты проведены верно, несмотря на некоторую несимметричность дерева гаплотипов.

Получается, что все даргинские ветви гаплогруппы J1 отделились от ДНК-линии одного общего предка, который жил примерно 5,2 тыс. лет назад. Это могло произойти на Кавказе или на Ближнем Востоке — мы пока не знаем, где именно. Но все они образовали подавляющее большинство даргинских мужчин, живущих в наше время.

## Гаплогруппа R1a

Как мы уже знаем, на Кавказе гаплогруппа R1a представлена в основном субкладом R1a-Z93, происходящим от древних южных ариев R1a-Z645-Z93. При датировках общего предка 5 тыс. — 4 тыс. лет назад (как, например, у татар, таджиков, армян, азербайджанцев, индийцев или арабов) это указывает на прямое происхождение

от древних южных ариев, при этом субклады попадают в цепочки:

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 и  
Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657.

При датировках общего предка 3 тыс. — 1,5 тыс. лет назад, это указывает на происхождение от скифов (у историков скифы обычно датируются в диапазоне времен 2,7 тыс. — 2,4 тыс. лет назад, но, разумеется, это относительно условное определение, поскольку у скифов были предки и потомки, как правило, степные кочевники). Примерами здесь являются киргизы, казахи, карачаево-балкарцы, башкиры, чеченцы.

У даргинцев общий предок всех 22 гаплотипов группы R1a (правая верхняя ветвь на дереве гаплотипов, рис. 90) жил  $2958 \pm 435$  лет назад (без округления). Если не смотреть на дерево гаплотипов, то отнесение этой датировки здесь затруднительно, хотя ближе к скифам. В цитируемой статье снипы образцов не определяли, за исключением того, что ни один из них не имел снипа R1a-M458, что и так ясно, поскольку M458 — это западнославянская и центральноевропейская ветви гаплогруппы R1a. На Кавказе таких практически нет. Но дерево гаплотипов показывает, что ветвь R1a неоднородная, поскольку 4 гаплотипа (под номерами 78, 79, 80 и 82) образуют отдельную подветвь. Остальные же 18 гаплотипов имеют общего предка, который жил  $2035 \pm 352$  года назад (без округления). Это определено скифская ветвь. Ее базовый гаплотип у даргинцев:

14 26 16 11 10 14 12 12 10 13 11 31 16 14 20 13  
15 11 24,

заметно отличается от обычных предковых гаплотипов субклада Z93. Например, базовый гаплотип сводного субклада R1a-Z93 такой (в 37-маркерном варианте):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 38 13 11,

и датировка его общего предка  $4600 \pm 500$  лет назад. На сопоставимых маркерах он отличается от даргинского на 4 мутации, в том числе на очень стабильном маркере DYS393 (первый в гаплотипе). У башкир субклада R1a-Z93-Y5977 базовый гаплотип был следующий:

13 24 16 11 11 15 12 12 12 13 11 31 15 9 10 11  
11 24 14 20 31 12 15 15 15 12 11 19 23 16 15 19  
20 35 38 14 11,



с датировкой общего предка  $1489 \pm 232$  года назад (без округления), то есть в середине I тыс. н. э.

У чеченцев базовый гаплотип группы R1a-Z93 следующий:

13 25 15 11 11 12 12 12 10 13 11 30 16 14 20 12  
15 10 24,

с датировкой общего предка  $1700 \pm 360$  лет назад (без округления), то есть во второй половине I тыс. н. э.

У азербайджанцев группы R1a-Z93 датировка общего предка соответствует древней арийской,  $4300 \pm 800$  лет назад, что соответствует датировке образования субклада R1a-Z83, 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Базовый гаплотип этой серии гаплотипов:

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

Он — почти такой же, как у армянских носителей гаплогруппы R1a-Z93:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31,

с датировкой общего предка  $4500 \pm 545$  лет назад, что тоже в пределах погрешности совпадает со временем образования снипа Z93 и с датировкой общего предка у азербайджанских гаплотипов. Как уже отмечалось выше, видимо, это потомки древних ариев, которые шли через Кавказ в Месопотамию и далее основали Митаннийское царство в Сирии примерно 4 тыс. лет назад.

Таким образом, базовый гаплотип даргинцев группы R1a-Z93 показывает относительно недавнюю ветвь, которая по датировке похожа на скифскую, но с определенными мутациями, видимо, «местного» происхождения.

### Гаплогруппа R1b и другие минорные по численности гаплогруппы

Гаплотипы других гаплогрупп у даргинцев — G2a, O, J2 — представляют единичные примеры и анализироваться не будут. Здесь можно только сказать, что оба гаплотипа группы R1b-M269 (это крайне поверхностное типирование отражено в цитируемой статье) начинаются с числа 12 при маркере DYS393 (это первый маркер в гаплотипе) и отличаются на 4 мутации друг от друга. Число 12 — это характерный признак субклада R1b-Z2103 (и нижестоящих снипов), которые преобладают на Кавказе и прибыли туда из ямной археологической культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) в волжских степях (именно для тех древних образцов были проведены ис-

следования ДНК). В этом отношении даргинцы являются частью общекавказских потомков гаплогруппы R1b-Z2103. Четыре мутации между двумя современными 19-маркерными гаплотипами эквивалентны временному расстоянию между ними, равному  $4/0,03681 = 109 \rightarrow 122$  условным поколениям, или 3050 лет, назад, и помещают их общего предка на середину этой временной дистанции, то есть примерно на 1525 лет назад, в середину I тыс. н. э. Это — сарматы или довольно близкие их потомки, которых историки помещают во времена конца прошлой эры — первой половины I тыс. н. э.

## 14. УДМУРТЫ

Несмотря на то что удмурты — один из самых больших по численности этносов России (более 550 тыс. человек) и что он находится на 13-м месте по результатам переписи населения и на 6-м месте среди этносов с населением менее миллиона человек, о них известно очень мало данных по гаплогруппам-субкладам и гаплотипам. Перед тем, как привести эти данные, следует сообщить, что три четверти удмуртов проживают в Удмуртской Республике.

Как уже подчеркивалось выше, в этой книге не приводятся «сведения» (на самом деле в основном гипотезы, фантазии и прочие «интерпретации») о «прародине» этносов, о миграционных путях их предков, о происхождении их языков, мифы, легенды, сказания об истории соответствующих народов, основанные, например, на краниологии и прочих антропометрических показателях. До недавнего времени это был «легитимный арсенал» сведений, и проверить их было практически невозможно, потому они и противоречили друг другу. Любая энциклопедия приводит целый спектр гипотез и предположений разных авторов на протяжении веков, включая сказания и летописи. Как правило, очередная книга, описывающая этносы и их происхождение, страницами перечисляет эти гипотезы и предположения, либо отстраняясь от их критического обсуждения, либо занимая чью-либо сторону. Мы этого делать не будем, это, по сути, не научный путь. Мы приводим независимые данные, основанные на анализе ДНК, и только потом, по завершении нашего анализа, мы можем упомянуть

те гипотезы, которые близки к нашим выводам или, напротив, совершенно не подтверждаются. Кто мог подумать, например, что значительная часть армян произошла из ямной археологической культуры и мигрировала с севера, а «мушки», которые постоянно фигурировали в работах по генезису армян, хотя по факту никто не знает, кто они были, могли быть предками максимум нескольких процентов армян.

Так и с удмуртами — справочники сообщают, что «прародина удмуртов была в Татарстане и в юго-западных районах Удмуртии». При этом определение понятия «прародина», как правило, не приводится. Но поскольку две трети мужчин-удмуртов имеют гаплогруппу N1a1, которая образовалась (из субклада N1a) 76 снип-мутаций, или 11 тыс. лет, назад, видимо, в Алтайском регионе, далее прошли на север по Сибири, жили на (Среднем) Урале, видимо, между 8 и 4 тыс. лет назад, примерно 3,5 тыс. лет назад спустились по западным склонам Урала на Русскую равнину и постепенно сформировали популяции, говорившие на языках уральской семьи, то где была их «прародина»? «Финнов» тогда и в проекте не было, будущие финны прибыли на территорию современной Финляндии только в первой половине I тыс. н. э., и языки между Уралом и Финляндией (и в Венгрии) получили название «финно-угорских» только недавно, это фактически «новодел». Поэтому называть древних жителей (3,5 тыс. — 2 тыс. лет назад) северного и среднего Предуралья и Прикамья «финно-уграми», а их древний язык — «финно-угорским» принципиально неверно. Не было тогда финнов. Это ретроактивное разворачивание современных названий в древность, что неправильно. Сейчас — да, финно-угорский язык по классификации лингвистов, но это название не может относиться к древности. Это все равно что называть древний арийский язык «русским» или «белорусским».

В табл. 24 приведены те немногие данные, что известны по удмуртам.

В табл. 24 — умеренный разноречив, но принципиально данные согласуются. Безусловный лидер по численности — гаплогруппа N, затем следуют гаплогруппы R1a и R1b, остальные гаплогруппы — единицы и доли процентов от выборки.

**Таблица 24.** Состав удмуртов по гаплогруппам (по данным статьи Трофимовой и др. (2015)\*, статьи Tambets K. et al. (2018) и списка Eupedia: [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml). Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	Статья*, 53 чел., %	Статья**, 184 чел., %	Eupedia, 100–250 чел., %
N1a	62***	70	67
N1a1	н/п	53	н/п
Другие	н/п	17	н/п
R1b	21****	5	13
R1a	17	19	15
I1	н/п	2*****	2
I2a	н/п	н/п	0,5
I2b	н/п	н/п	0,5
E1b	н/п	1,1	0,5
T	н/п	н/п	0,5
G	н/п	0	0,5
J2	н/п	0	0
J1	н/п	0	0
Q	н/п	0,5	0

\* Трофимова Н. В. и др. Генетическая характеристика популяций Волго-Уральского региона по данным об изменчивости Y-хромосомы // Генетика. 2015. Т. 51. №1. С. 120.

\*\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. Р. 139.

\*\*\* В цитируемой статье приведены 62,3 %, но такая «точность» для 33 человек из 53 не имеет арифметического смысла. Это в лучшем случае  $62 \pm 2$  %.

\*\*\*\* В цитируемой статье приведены 20,8 %, но такая «точность» для 11 человек из 53 не имеет арифметического смысла. Это в лучшем случае  $21 \pm 2$  %.

\*\*\*\*\* Сумма гаплогрупп I1 и I2.

К сожалению, в цитируемой публикации субклады гаплогрупп не приведены, а в списке Eupedia они вообще не даются. В сети есть два проекта FTDNA по удмуртам и бесермянам, в первом есть гаплотип одного бесермяна (гаплогруппа E1b) и шесть гаплотипов удмуртов (один R1a и пять N), все, кроме одного, совершенно поверхностные, на уровне N и N1a1, для одного приведен «глубокий» субклад: <https://www.familytreedna.com/public/UdmurtandBeserman?iframe=yresults>, во втором (про-

ект «Финно-угорских ДНК»: <https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>) в разделе «Удмурты» — приведены четыре образца с гаплогруппой N, два из которых дублируют образцы в предыдущей базе данных (включая образец с «глубоким» типированием). В списке YFull есть один представитель удмуртов, для которого определен «глубокий» субклад. Наконец, в базе данных IRAKAZ—Русская равнина есть уточнение, что удмурт с поверхностным субкладом L708 имеет глубокий субклад Y9022. Попытаемся по этим данным частично реконструировать картину по удмуртам.

Итак, в наличии есть семь 12-маркерных гаплотипов удмуртов гаплогруппы N, из которых шесть с поверхностным типированием, или просто гаплогруппа N (четыре человека), и один — с «глубоким» снипом Y15159, который завершает следующую цепочку снипов:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > CTS9976 > L1022 > Y5004 > Y5005 > Y5003 > Y6599 > **Y15159**.

Последний снип в этой цепочке образовался 15 снип-мутаций, или примерно 2160 лет, назад. Это уже более чем на тысячу лет позже выхода носителей гаплогруппы N1a1 на Русскую равнину. Естественно ожидать, что мигранты понесут этот снип далее на запад, до Балтики, и это было именно так. Этот же снип (и нижестоящие) найден у эстонцев и финнов, с теми же или более недавними датировками (у нижестоящих снипов).

Еще один снип удмуртов фигурирует в списке YFull (выделен в конце следующей цепочки):

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 > Z1927 > Z1933 > CTS4329 > CTS8565 > **BY30394**.

Последний снип образовался 11 снип-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад. Нижестоящие к нему снипы найдены у финнов с той же датировкой и у шведов с датировкой 5 снип-мутаций, или примерно 720 лет, назад. Это показывает динамику продвижения снипов от Урала до Финляндии и Скандинавии.

Мы видим, что оба удмуртских снипа относятся к гаплогруппе N1a1 и разошлись от снипа L1026, который образовался 45 снип-мутаций,

или примерно 6,5 тыс. лет, назад. В то время носители снипа N1a1 еще жили на Урале и только через 3 тыс. лет начали движение на Русскую равнину. Из этих двух линий снипы Y15159 и BY30394 оказались у удмуртов.

Все семь гаплотипов показали датировку общего предка  $3157 \pm 850$  лет назад (без округления), что близко к выходу носителей гаплогруппы N1a1 на Русскую равнину. Базовый гаплотип этих семи человек в базе данных удмуртов равен:

13 23 14 10 11 14 11 12 10 14 14 30.

### Гаплогруппа R1a

Среди нескольких удмуртов в базах данных есть один с гаплогруппой R1a и 37-маркерным гаплотипом. Судя по виду гаплотипа, он относится к североевразийской ветви, которую определяет цепочка снипов:

R1a-Z645 > Z280 > R1a-Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569.

Это — типичный снип среди этнических русских, сведения о нем даны в предшествующих разделах в этой книге.

### Гаплогруппы R1b и другие, приведенные в табл. 24

Субкладов и гаплотипов этих гаплогрупп у удмуртов в литературе, включая цитированную выше статью, нет.

## 15–16. МАРИЙЦЫ (ГОРНЫЕ МАРИЙЦЫ, ЛУГОВО-ВОСТОЧНЫЕ МАРИЙЦЫ)

Удивительно, что среди марийцев, число которых в РФ достигает почти 550 тыс. человек, почти нет тех, для кого в публикациях и базах данных приведены гаплотипы, гаплогруппы, субклады. Половина марийцев, они же черемисы, проживают в Республике Марий Эл, 20 % марийцев — в Башкортостане, и относительно небольшие их количества — 5 % и менее, до 1 %, живут в Кировской и Свердловской областях, в Татарстане и Удмуртии. Большинство марийцев живут в Волго-Вятском междуречье.

Как пример малого представительства марийцев в базах данных, в Уральском (Финно-Угро-Самоедском) Проекте FTDNA: <https://>

[www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults](http://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults), есть всего два гаплотипа марийцев, гаплогрупп N-M231 (в 12-маркерном формате) и Q-L713. Первый — совершенно поверхностный субклад, второй образовался 29 снип-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад, и в списке YFull сидит в окружении представителей Китая, Ирана и Узбекистана. Гаплотипов или снипов горных или лугово-восточных марийцев в базах данных не обнаружено.

В табл. 25 приведены некоторые данные по составу гаплогрупп у марийцев. Разделений их на горных и луговых в базах данных и в опубликованных статьях не найдено.

Мы видим, что у марийцев, как и у удмуртов, преобладает гаплогруппа N1a, причем в двух основных субкладах — N1a2b-P43 и N1a1-M46. Эти субклады описаны выше в данной книге, и здесь мы коротко отметим, что снип P43 более «молодой», образовался 54 снип-мутации назад, то есть примерно 7,9 тыс. лет назад, и территориально смещен к северо-востоку Русской равнины и к Уралу. Снип M46 характерен для значительно более обширной территории, от Алтая до Балтики, и распространен по Русской равнине от западных границ Украины и Белоруссии до Урала, от Балтики до Черного моря. Это все последствия древних миграций от Китая и Алтая по Сибири, Уралу, с переходом от Урала на Русскую равнину примерно 3,5 тыс. лет назад.

Гаплогруппа R1a у марийцев находится на втором месте по численности, и затем происходит резкий сброс (по численности) к другим гаплогруппам. Поскольку гаплотипы и «глубокие» субклады известны только для единиц марийцев, рассмотрим эти данные в той мере, в какой возможно. В нескольких проектах FTDNA гаплотипы марийцев размещены рядом с гаплотипами удмуртов, тоже в единичных количествах. Два марийца показаны в базе данных: <https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>, с гаплогруппами-субкладами N-M231 и Q-L713. Первая — самая поверхностная гаплогруппа N-M231, образовалась 212 снип-мутаций, или примерно 30,5 тыс. лет, назад. Вторая — более недавняя, образовалась 29 снип-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > L712 > L715 > L713.

**Таблица 25.** Состав марийцев по гаплогруппам (по данным списка Eupedia: [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml) и статей Tambets et al. 2004\* и 2018\*\* гг.). Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не приведены. В списке Eupedia сообщается, что данные рассчитаны на основании рассмотрения от 100 до 250 марийцев, но это вызывает серьезные сомнения. Источники данных там не приведены

Гаплогруппа	Eupedia, %	Статья*, 111 чел., %	Статья**, 97 чел., %
N1a	61	41***	54
N1a2b-P43	н/п	10	8
N1a1-M46	н/п	31	46
R1a	32	48****	23
I1	3	8	5*****
R1b	2	3	2
I2a	1	н/п	н/п
T	1	н/п	н/п
G	1	н/п	0
Q	0	0	4
I2b	0	н/п	н/п
E1b	0	н/п	0
J2	0	н/п	5,2*****
J1	0	н/п	

\* Tambets K. et al. The western and eastern roots of the Saami — the story of genetic «outliers» told by mitochondrial DNA and Y chromosomes // American Journal of Human Genetics. 2004. V. 74. №4. P. 661–682.

\*\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\*\* В цитируемой статье приведены 41,4 %, но такая «точность» для 46 человек из 111 не имеет арифметического смысла. Это в лучшем случае  $41 \pm 1$  %. В статье приведены процентные соотношения для N2 = 9,9 %, N3 = 31,5 %, но эта номенклатура изменилась еще в 2008 г. В таблице приведена современная номенклатура субкладов.

\*\*\*\* В цитируемой статье приведены 47,7 %, но такая «точность» для 53 человек из 111 не имеет арифметического смысла. Это в лучшем случае  $47 \pm 1$  %. Остальные числа в колонке также округлены.

\*\*\*\*\* Видимо, сумма гаплогрупп I1 и I2, отдельно J1 и J2.

Этот же снип найден у русских и описан в соответствующем разделе выше. Еще один образец гаплогруппы марийца есть в базе данных «Идел»: <https://www.familytreedna.com/public/tatarlar?iframe=yresults>, но тоже в совершенно поверхностном варианте типирования, N-M231. Наконец, два марийца выполнили тест на ДНК в Академии ДНК-генеалогии (Москва), среди 938 образцов, что, впрочем, лишь ненамного меньше численной доли марийцев в Российской Федерации. Оба оказались из гаплогруппы N1a, один из субклада N1a1-M46, другой — из субклада N1a2b-P43:

N-M231 > Z4762 > L729 > N1a2-L666 > N1a2b-P43 > Y3195 > Y3185 > **VL97**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > **Y9022**.

Это подтверждает, что у марийцев гаплогруппа N1a — самая заметная и что она расходится по двум показанным линиям — P43 и N1a1-M46. Гаплотипов других гаплогрупп марийцев найти не удалось, поэтому они и не рассматривались в этой книге.

## 17–18. ОСЕТИНЫ (ДИГОРЦЫ И ИРОНЦЫ)

Численность осетин в Российской Федерации — примерно 528 тыс. человек, из которых 460 тыс. (87 % от всех) проживают в Северной Осетии, и затем, как видно из этих чисел, по другим регионам происходит резкий сброс — следующей по численности осетин идет Москва (11,3 тыс. человек, или 2 % от общей численности осетин в РФ), далее Кабардино-Балкария (9,1 тыс. человек), Ставропольский край (8000 человек), и далее на уменьшение по другим регионам и городам.

В табл. 26 приведены некоторые данные по составу гаплогрупп у осетин. Поскольку осетин Северной Осетии обычно подразделяют по языковым диалектам на дигорцев и иронцев, в табл. 27 приведены сведения по составу гаплогрупп носителей того и другого диалекта. Надо сказать, что в опросных листах Всероссийской переписи населения 528 515 человек указали, что они осетины, но только 223 человека сообщили, что они дигорцы, и 48 человек — что они иронцы.

**Таблица 26.** Состав осетин по гаплогруппам (по данным списка Eupedia:

[https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml), базы данных FTDNA:

<https://www.familytreedna.com/public/Ossetian?iframe=yresults> и статьи\*), в списке снипов компании YFull.

Процентные соотношения округлены. В списке Eupedia сообщается, что данные рассчитаны на основании рассмотрения от 250 до 500 осетин. Источники данных там не приведены

Гаплогруппа	Eupedia, %	Проект FTDNA, % доля от 306 чел.	Статья*, % доля от 354 чел.	Число снипов в списке YFull
G2a	56	70	69	6
J2a	15	13	16	2
R1b	10	8	8	0
J1	2	1	2	0
Q	1,5	3	2	0
L	0,5	0,3	0,8	0
E1b	3,5	2	0,6	1
R1a	2	1	0,6	0
T	2	0,7	0,3	0
I	6,5**	0,7**	0	0
N	0	0,3	0,3	0

\* Balanovsky O. et al., (2011) ссылка дана выше.

\*\* I2a2 (I2c).

\*\*\* Крайне сомнительные данные Eupedia.



Данные в таблице заметно варьируются, но в целом показывают вполне согласующуюся картину. Самая представленная у осетин гаплогруппа — G2a, ее доля достигает 70 %. На втором месте (с большим отрывом) гаплогруппа J2a, ее 13–16 % среди мужчин-осетин. На третьем месте — гаплогруппа R1b, ее 8–10 %. Остальные гаплогруппы представлены единичными количествами людей в выборке и соответственно единичными процентами.

В табл. 27 проведено сопоставление гаплогрупп у осетин-дигорцев и иронцев. Происхождение их по описаниям в литературе крайне противоречиво, и мы даже не будем это цитировать. Посмотрим, что покажут гаплогруппы и субклады.

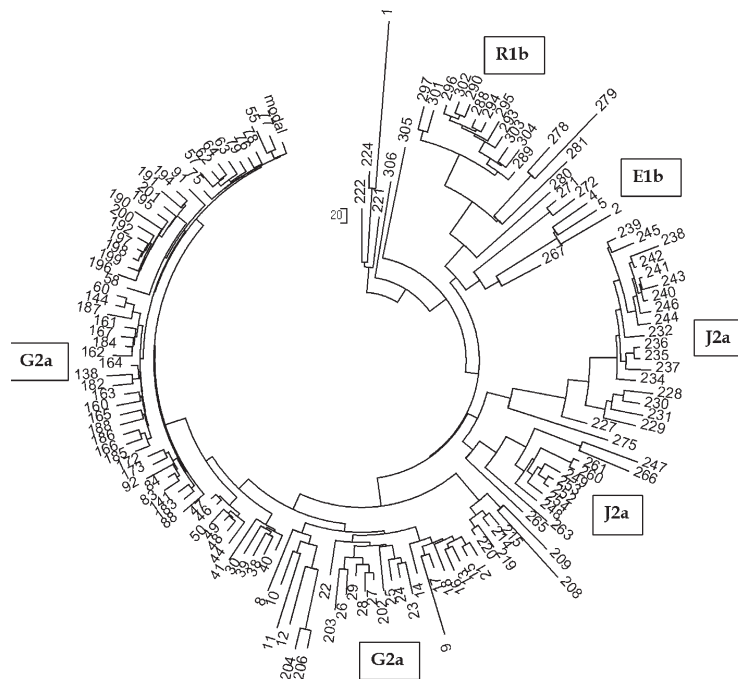
Мы видим, что происхождение иронцев и дигорцев принципиально сходное, но у иронцев выше содержание гаплогрупп G2a и J2a (ниже мы разберем, за счет каких субкладов), а у дигорцев значительно выше доля гаплогрупп R1b, J1 и Q, но двух последних так мало, что это вполне может быть статистическая аберрация.

Дерево гаплотипов осетин, построенное по данным, приведенным в базе FTDNA, показано на рис. 91.

**Таблица 27.** Состав осетин-иронцев и осетин-дигорцев по гаплогруппам (по данным статьи\*). Процентные соотношения округлены

Гаплогруппа	Иронцы, % от 229 чел.	Дигорцы, % от 126 чел.
G2a	74	60
J2a	18	12
R1b	3	17
J1	1	4
Q	0,9	4
L	0,9	0,8
E1b	0,4	0,8
R1a	0,4	0,8
T	0	0,8
I	0	0
N	0,4	0

\* *Balanovsky O. et al. (2011)*, ссылка дана выше.



**Рис. 91.** Дерево из 148 гаплотипов осетин в 37-маркерном формате, построенное по результатам базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Ossetian?iframe=yresults>. Показано расположение ветвей или одиночных гаплотипов ряда гаплогрупп. Гаплотипы гаплогруппы G2a (89 гаплотипов) занимают всю левую и нижнюю часть дерева

## Гаплогруппа G2a

На дереве гаплотипов (рис. 91) гаплогруппа G2a представлена несколькими ветвями — сначала (сверху против часовой стрелки) относительно недавняя («плоская») ветвь из 48 гаплотипов, состоящая из набора малых подветвей. Ее общий предок жил  $1170 \pm 140$  лет назад, то есть в конце I тыс. н. э., и имел базовый гаплотип:

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 28 17 9 9 12 11  
25 16 21 28 13 13 14 14 11 11 19 21 15 15 16 18  
37 38 12 9.

Если же рассматривать всю ветвь G2a, что не совсем корректно, так как она состоит из ветвей разного «возраста», то получим датировку  $3465 \pm 364$  года до условного общего предка (без округления) и базовый гаплотип:

14 23 15 10 15 16 11 12 11 11 10 28 17 9 9 11 11  
25 16 21 28 13 13 14 14 11 11 19 21 15 15 16 18  
36 38 12 9.

Между этими гаплотипами различие всего в 4 мутации, которые вызваны неоднородностью всей ветви G2a. Если же, руководствуясь видом дерева гаплотипов, рассмотреть только «старые» ветви (за вычетом «плоской» ветви), то датировка их общего предка составит  $4300 \pm 470$  лет, и базовый гаплотип:

14 22 15 10 15 16 11 12 12 12 10 29 17 9 9 11 11  
24 16 21 29 13 13 14 14 10 10 20 21 15 15 15 18  
36 37 12 10.

Здесь между базовым гаплотипом «молодого» и «старого» общих предков уже 15 мутаций, но большинство различий — мелкие, и фактически между ними 10 мутаций. Это дает  $10/0,09 = 111 \rightarrow 128$  условных поколений, или 3,2 тыс. лет, между ними, и общий предок жил  $(3200 + 1170 + 4300)/2 = 4335$  лет назад. Это соответствует датировке «старой» ветви, она — предковая, и это время отмечает «гибель Старой Европы», время почти полного уничтожения носителей гаплогруппы G2a в Европе, как и большинства других гаплогрупп. Выжившие передвинулись на Кавказ, видимо, в некоторой части, и стали предками почти трех четвертей современных осетин.

Выше в этой книге уже отмечалось, что древние гаплотипы гаплогруппы G2a-P15 были найдены в некрополе на юге Франции, с археологической датировкой 5 тыс. лет назад (Lacan et al.,

2011), и типичный гаплотип (в 17-маркерном варианте) имел вид:

14 23 15 10 13 15 11 12 11 30 18 16 20 11 14  
10 21.

На самом деле в некрополе нашли 20 таких гаплотипов, практически одинаковых друг с другом. Мы видим, что они явно родственные осетинским базовым (предковым) гаплотипам, хотя есть и заметные отличия. Поскольку форматы гаплотипов не совпадают, расчеты этих различий проводить трудно, но и так ясно, что они родственные. Да и необязательно осетинские гаплотипы происходят от древних французских, гаплогруппа G2a была одной из самых распространенных в Европе до 4,5 тыс. — 5 тыс. лет назад.

Можно отметить, что если датировку общего предка всех гаплотипов G2a определять не по 89 гаплотипам в 37-маркерном формате ( $3465 \pm 364$  года назад, без округления), а по всем 213 гаплотипам в 12-маркерном формате, то получим  $3741 \pm 406$  года назад (без округления), что то же самое в пределах погрешности расчетов.

Переходя к сникам гаплогруппы G2a, распространенным в Осетии, заметим, что данные статьи (Balanovsky et al., 2011) использовать не получается. Большая часть дигорцев (70 из 76) и иронцев (166 из 170), согласно статье, имели сноп P18, который еще в 2013 г. был снят из классификации как ненадежный. Какой там на самом деле был в статье сноп — остается неизвестным. Скорее всего, он теперь соответствует сникам Z6552, Y34352, Z6553 или Z6653 (см. ниже) из линии G2a1. Намного более редкий сноп P303, из линии G2a2, был определен у 6 дигорцев и 3 иронцев, и согласно современной номенклатуре, он находится в следующей цепочке снов:

G - M 201 > G 2 - P 287 > G 2 a - P 15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > **P303**.

Но и с этим сномпом помощи мало, он образовался 89 сноп-мутаций, или примерно 12,8 тыс. лет, назад и распространен по всему Кавказу.

## База данных FTDNA

Перейдем к сникам в базе данных FTDNA. Типичные ДНК-линии осетин расходятся по линиям G2a1-Z6552 и G2a2-L1259. Выделены сноп, встречающиеся у многих осетин, кроме, наверное, снopa B300, который образовался всего 4 сноп-мутации, или примерно 600 лет, назад.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > **Z6653** (= **FGC693**) > Z6679 > Z6692 > **Z7958** > **FGC750** (= **Z7962**) > Z7940 > Z7961 > **FGC719** > **B300**.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > **FGC1159** (= **FGC1160**).

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > **PF3345** > CTS342 > **Z724**.

### База данных YFull

Снипы шести представителей Северной Осетии имеются в списке YFull, соответствующие цепочки снипов следующие:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > **G2a1-Z6552** > Z6553 > Z6679 > Z6692 > **Z7958**.

Эта цепочка снипов также найдена у чеченцев и украинцев, до снипа Z6679 — у азербайджанцев, татар, башкир и казахов. Похоже, что она кавказского происхождения.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > Z7961 > F2575 > Z7943 > **FGC3787** (2 человека).

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > Z7961 > FGC719 > **B300**.

Последний снип (выделен) найден у осетин и ингушей.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > Z7961 > FGC719 > **GG332**.

Последний снип (выделен) также найден у осетин и ингушей. Оба снипа, B300 и GG332, образовались совсем недавно,  $4 \pm 1$  и  $6 \pm 2$  снип-мутации назад, то есть примерно в одно и то же время, примерно 600–900 лет назад.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > Z3428 > YP4752 > FT8419 > **Y177328**.

Последний снип делят осетины и балкарцы.

### Тесты в Академии ДНК-генеалогии

Среди 938 образцов, для которых был проведен анализ в Академии ДНК-генеалогии (Москва), было 2 осетина, гаплогруппы G2a и R1b. В гаплогруппе

группе G2a снип оказался FGC719, уже описанный выше. Снип гаплогруппы R1b рассмотрен в соответствующем разделе.

Рассмотрим 354 гаплотипа в цитируемой статье (Балановский и др., 2011, один гаплотип был снят с расчетов, поскольку был неполным), из которых 246 относятся к гаплогруппе G2a. Дерево гаплотипов группы G2a в 19-маркерном формате приведено на рис. 92.

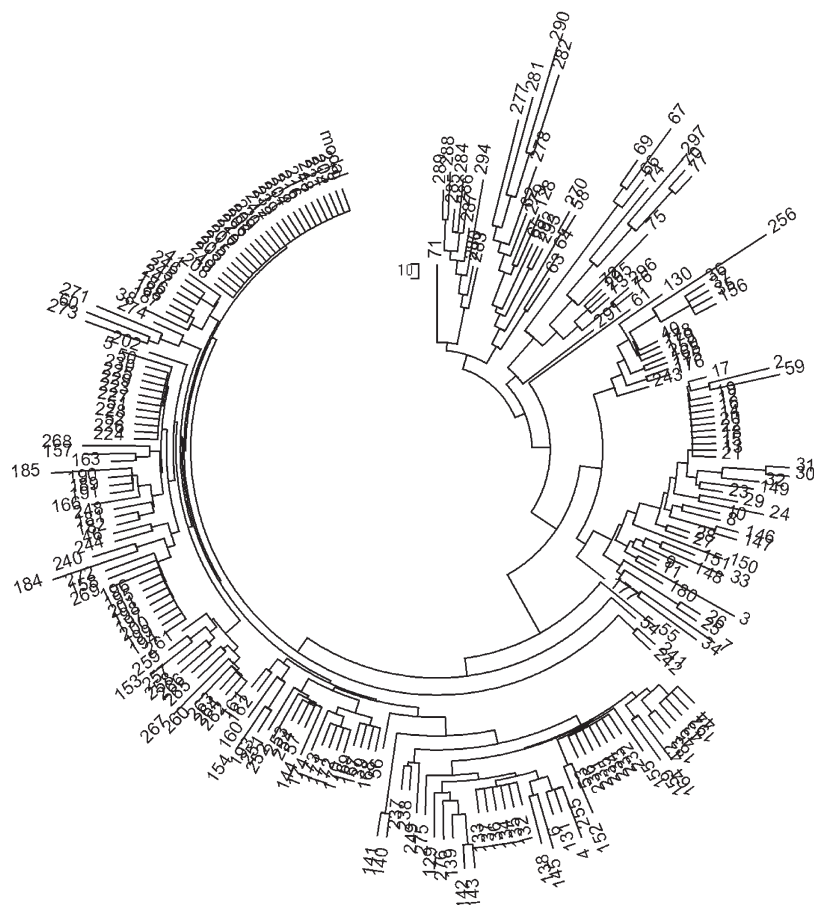
Гаплотипы в 19-маркерном формате более «объединенные» по сравнению с 37-маркерными гаплотипами, но приводят к сходным результатам. Если молодая (относительно плоская) ветвь на 37-маркерном дереве имела датировку общего предка  $1170 \pm 140$  лет назад, то на 19 маркерах датировка равна  $1180 \pm 150$  лет назад, то есть практически та же самая. Базовый гаплотип этой ветви:

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 28 17 16 21 12 15 9 21

тоже идентичен 37-маркерному во всех перекрывающихся маркерах. Это — очередное подтверждение надежности калибровок констант скоростей мутаций (в данном случае в 37-маркерной и 19-маркерной панелях гаплотипов) и согласуемости расчетов даже при совершенно разных выборках.

Интересно, что эта «молодая» ветвь почти полностью состоит из гаплотипов иронцев — в ней 94 иронца и 13 дигорцев. С учетом их разного представительства в ней 55 % всех иронцев с гаплогруппой G2a и только 13 % дигорцев.

Можно рассмотреть и все дерево гаплогруппы G2a осетин, хотя, как было отмечено выше, это не совсем корректно вследствие неоднородности, несимметричности дерева. Тем не менее оказалось, что условный базовый гаплотип дерева на рис. 92 идентичен базовому гаплотипу в 37-маркерном формате (на перекрывающихся маркерах), и датировка условного общего предка ( $3987 \pm 414$  лет, без округления) соответствует полученной при расчетах по 37-маркерному дереву ( $3465 \pm 365$  лет) в пределах погрешности расчетов. Это при том, что искажение дерева в разных выборках, скорее всего, разное. Мы опять видим, что носители гаплогруппы G2a, будущие осетины, прошли «бутылочное горлышко» выживания 3,5 тыс. — 4 тыс. лет назад, как следствие геноцида их предков в Европе в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, между 4,5 тыс. и 3,5 тыс. лет назад.



**Рис. 92.** Дерево из 246 гаплотипов осетин гаплогруппы G2a в 19-маркерном формате, построенное по результатам статьи (Balanovsky et al., 2011). Слева — относительно недавняя большая ветвь гаплогруппы G2a, которую в основном образуют иронцы. Мы видим, что это дерево принципиально похоже на дерево гаплотипов на рис. 91, построенное по данным базы FTDNA осетин

## Гаплогруппа J2

Как не раз сообщалось выше, практически единственное направление прибытия древних носителей гаплогруппы J2 на Кавказ — это миграции на север из Закавказья и Ближнего Востока, которые археологи называют «урукскими миграциями» и датируют их примерно 7 тыс. лет назад. Другой вариант, что гаплогруппы J были на Кавказе автохтонными (см. ниже). Это в целом согласуется с данными ДНК-генеалогии для датировок древнейших общих предков для ряда кавказских популяций (см. выше и далее). Мы пишем здесь «древнейшие» датировки, потому что в ряде случаев носители J2 проходили «бу-

тылочные горлышки» выживания, и выжившие предки жили уже позже.

Гаплогруппа J2a у осетин расходится на дереве гаплотипов базы данных FTDNA (рис. 91) по двум подветвям на правой стороне. Если попытаться рассчитать датировку их общего предка, что было бы некорректно, поскольку эти ветви значительно расходятся, то их условный «суммарный» предок жил  $7600 \pm 820$  лет назад. Но правильнее обрабатывать обе ветви отдельно, и тогда их общие предки жили — для большой ветви из 19 гаплотипов и для малой ветви из 9 гаплотипов, соответственно  $2218 \pm 292$  и  $2686 \pm 407$  лет назад (без округления), то есть жили при-

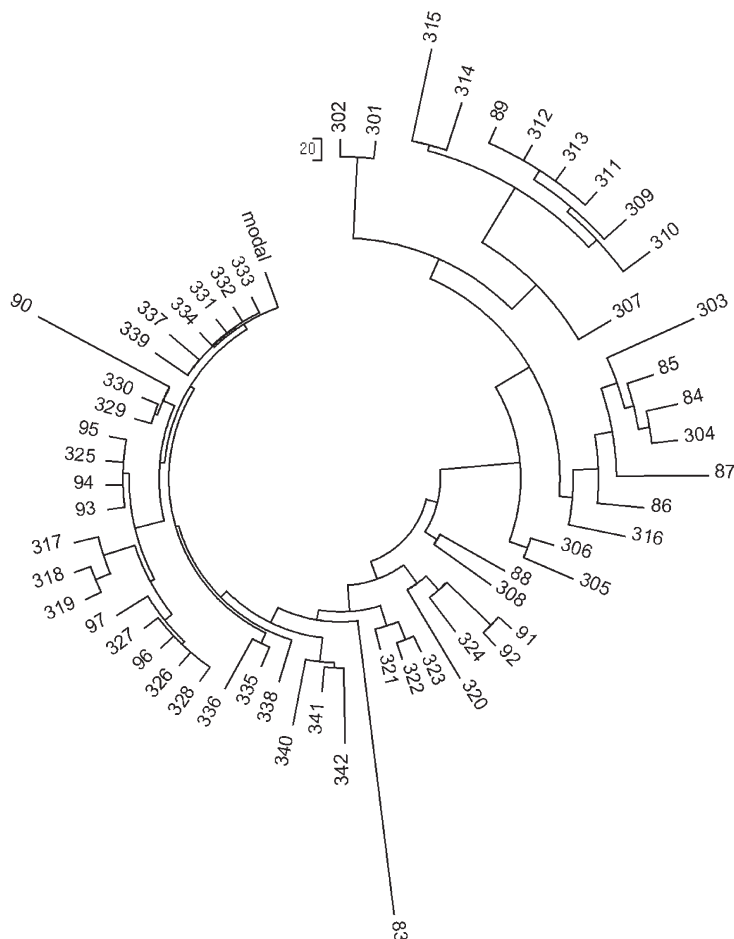
мерно в одно и то же время. Базовые гаплотипы этих ветвей:

12 25 14 10 13 14 11 15 13 13 11 31 19 8 10 11  
11 26 16 18 28 13 15 16 16 11 12 19 22 15 15 15  
16 33 36 10 7,  
12 23 14 10 13 16 11 16 11 14 11 30 16 9 9 11 11  
25 15 20 32 12 13 16 17 10 11 19 22 15 14 17 15  
35 37 12 9.

Эти две ветви расходятся на огромное расстояние по времени, так как различаются на 36 мутаций на 37 маркерах. Это эквивалентно  $36/0,09 = 400 \rightarrow 729$  условным поколениям, или 18 225 годам, и общий предок этих двух ветвей жил  $(18\,225 + 2218 + 2686)/2 = 11\,600$  лет назад. Как видно, это намного больше, чем «прямое» определение датировки по сумме разнородных ветвей. Эта датировка позволяет предположить, что гаплогруппа J2 могла быть автохтонной на Кавказе и что ее предки жили там более 9–10 тыс. лет назад. Обнаружение на Кавказе

древних костных остатков с гаплогруппой J2 и с археологической датировкой 9720 лет назад (пещера Котиас в Западной Грузии) укрепляет эту гипотезу, как и то, что ископаемая гаплогруппа J1 была найдена там же, в Западной Грузии, в пещере Сацурблиа, с археологической датировкой 13 255 лет назад. Это — ранее урукских миграций, так что не исключено, что гаплогруппа J и ближайшие нисходящие (J1 и J2) на Кавказе — автохтонные.

Серия 19-маркерных гаплотипов гаплогруппы J2a из статьи (Balanovsky et al., 2011) подтверждает, что среди осетин есть как минимум две ветви этой гаплогруппы. Дерево гаплотипов группы J2, по данным статьи, приведено на рис. 93. Аналогично, если провести расчет условного общего предка для всего дерева, при всей его неоднородности, то получится, что он жил  $8500 \pm 930$  лет назад. Но мы уже знаем, что эта датировка определенно занижена. Проверим это. Общий предок



**Рис. 93.** Дерево из 57 гаплотипов осетин гаплогруппы J2 в 19-маркерном формате, построенное по результатам статьи (Balanovsky et al., 2011). На дереве гаплотипы 15 дигорцев и 42 иронцев. Справа — гаплогруппа J2-M172, слева и внизу — J2a-M410. Нумерация гаплотипов дигорцев — от 83 до 97, иронцев — от 301 до 342



всех гаплотипов группы J2 (в основном верхняя правая ветвь) жил  $5600 \pm 700$  лет назад, гаплогруппы J2a (в основном правая и нижняя половина дерева) —  $2700 \pm 360$  лет назад, и соответствующие базовые гаплоты следующие:

12 25 14 10 14 15 11 15 13 13 11 30 19 16 19 13 15 7 22,

12 23 14 10 13 16 11 16 11 14 11 30 17 15 20 12 15 9 23.

Гаплотипы не точно такие же, как рассчитанные выше по базе данных FTDNA, но весьма соответственно похожие. Между двумя последними 19-маркерными базовыми гаплотипами 17 мутаций (выше было 36 мутаций на 37-маркерных гаплотипах, что опять похоже). Итак, временная разница между двумя последними базовыми гаплотипами равна  $17/0,03681 = 462 \rightarrow 796$  условным поколениям, или примерно 19,9 тыс. лет, и общий предок обеих ветвей дерева жил  $(19\,900 + 5600 + 2700)/2 = 14\,100$  лет назад.

Чтобы точнее определить отнесение обеих ветвей гаплогруппы J2 у осетин, обратим внимание на сніпы в этих ветвях. В цитированной статье (Balanovsky et al., 2011) сніпы определяли только поверхностные, не идентифицируя, а вводя ограничения на отнесения гаплотипов. Например, для гаплотипов, определенных как относящиеся к гаплогруппе J2, было указано, что это не J2b и не J2a1a1a2a2b или J2a1a1a2b2 (используя современную номенклатуру, а не устаревшую, 2011 г.). Так, конечно, сейчас не работают. Да и тогда, в 2011 г., это было весьма примитивно — указывать негативные отнесения, а не позитивные.

### База данных FTDNA

В базе данных FTDNA определены несколько «глубоких» сніпов для гаплотипов, входящих в указанные ветви. Так, в большой ветви J2 на рис. 91 нашли следующие 2 сніпа (выделены):

J2-M172 > J2a-M410 > **Z6046** > Y12378 > **Y12386**.

Так что мы видим, что эта ветвь относится не к J2\*, как указано у авторов цитируемой статьи, то есть только к J2 без любых нижестоящих ветвей, но она относится именно к J2a.

В малой ветви (из 9 гаплотипов) нашли сніпы:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > SK1382 > L192 > FGC30635 > **FGC30649** (= FGC30640),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > **Z7671**.

Мы видим, что малая и большая ветви гаплогруппы J2a у осетин относятся к разным древним ДНК-линиям и расходятся они от сніпа J2a-M410, который образовался 186 сніпов, или примерно 27 тыс. лет, назад.

### База данных YFull

В списке YFull приведены сніпы для двух осетин из Северной Осетии, соответствующие цепочки следующие:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Y12603 > Y12379 > Y12378 > Y12599 > Y12618 > Y16464 > **Y25817**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > V2639 > **Y25813**.

Последний сніп переходит в сніп ингуша Y59625 (см. ниже соответствующий раздел). Оба выделенных сніпа образовались соответственно 51 и 18 сніп-мутаций назад, или примерно 7,3 тыс. и 2,6 тыс. лет, назад. Отсюда видно, что первый выделенный сніп является не очень специфическим, с тех пор нижестоящие сніпы должны были разойтись по многим народам.

### Гаплогруппа R1b

Этой гаплогруппы у осетин относительно мало, на уровне 8–10 % по разным данным (см. табл. 26). По данным базы FTDNA, ее имеют 25 осетин из выборки в 306 человек, но только 12 человек имеют 37-маркерные гаплотипы.

Гаплотипы осетин имеют характерную особенность — 23 из 25 гаплотипов начинаются с маркера DYS393 = 12, и еще 2 имеют там число 13. Последние показаны на дереве гаплотипов на рис. 91, под номерами 280 и 281, и определенно выходят из ветви остальных. Это, как правило, европейские гаплотипы и прибыли к осетинам с запада. С маркером 12 — это прямые потомки обитателей ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) Приволжских степей (в частности),

практически все древние гаплотипы которых имели субклад R1b-Z2103 и нижестоящие ветви. Действительно, у гаплотипа под номером 301 определили сний Y5587, который замыкает следующую цепочку сний:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > **Y5587**.

Этот сний (выделен) образовался 34 сний-мутации, или примерно 4,9 тыс. лет, назад, в середине датировок ямной культуры, и отсюда последовательностью потомков прибыл на территорию современной Осетии. Но прибыл, видимо, относительно недавно, поскольку все 12 гаплотипов в 37-маркерном формате показывают датировку общего предка  $818 \pm 162$  года назад (без округления) с базовым гаплотипом:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 **12** 13 29 **16** 9 9 11 11  
25 15 19 **30** 14 15 16 **19** 11 11 19 23 16 **16** 18 **18**  
36 **37** 12 12.

Здесь выделены 10 мутаций по сравнению с базовым гаплотипом субклада Z2103 с датировкой общего предка  $4583 \pm 462$  года назад (без округления). Это тоже времена ямной культуры в пределах погрешности расчетов. Последняя датировка была определена из независимой выборки из 204 гаплотипов в 111-маркерном формате с базовым гаплотипом:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12 10 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 11 11.

Эти 10 мутаций эквивалентны времени  $10/0,09 = 111 \rightarrow 128$  условных поколений, или примерно 3,2 тыс. лет, на которые расходятся предковый гаплотип осетин и предковый гаплотип ямной культуры. Их общий предок жил  $(3200 + 4583 + 818)/2 = 4300$  лет назад, то есть это и был общий предок субклада Z2103, гаплотип которого приведен выше в 111-маркерном формате.

Если рассмотреть серию из 26 гаплотипов осетин группы R1b-M269 по данным цитированной выше статьи (Balanovsky et al., 2011), то увидим, что все они начинаются с маркера 12, то есть все они тоже определенно из ямной культу-

ры. Большинство гаплотипов, числом двадцать, относятся к дигорцам, и общий предок их жил  $842 \pm 191$  года назад (без округления). Шесть гаплотипов иронцев дают датировку общего предка  $2212 \pm 566$  лет назад, но базовые гаплотипы тех и других совершенно идентичны:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 12 13 29 16 15 19 13  
16 12 23.

Это точно такой же предковый гаплотип, какой был найден у осетин по данным базы FTDNA, см. выше.

Как мы видим, для народов Кавказа, и в том числе осетин, типично происхождение части их этносов от ямной культуры, гаплогруппы R1b-Z2103 и нижестоящих ветвей, носители которой прибыли с севера.

### Гаплогруппа J1

В базе данных осетин FTDNA есть всего 3 гаплотипа этой гаплогруппы, но для одного определен относительно «глубокий» сний следующей цепочки:

J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > **Z1842**.

На самом деле он не столь глубокий, образовался 59 сний-мутаций, или примерно 8,5 тыс. лет, назад, но важный, так как показывает, что эта линия осетин проходит мимо сниса P58, развилка на который проходит от сниса Z2217 > L620. Иначе говоря, осетины удалены от линий евреев гаплогруппы J1 на многие тысячелетия.

Об этом говорит и небольшая выборка гаплогруппы J1 у осетин в публикации (Balanovsky et al., 2011), из 8 гаплотипов, у всех стоит пометка «нет сниса P58». Иначе говоря, авторы цитируемой статьи специально типировали осетин на сний P58, чтобы убедиться, не относится ли к ним линия евреев, хотя бы косвенно. Косвенно — в том отношении, что сний P58 имеют и многие несемитские линии гаплогруппы J1, но те, кто этот сний не содержит, с хорошей вероятностью к евреям не относятся.

### Гаплогруппы Q, L, E1b, R1a, T, I, N

Эти гаплогруппы для осетин нехарактерны, находятся у них в количествах единиц процентов или долей процентов и здесь анализироваться не

будут, тем более что они типированы совершенно по поверхностно.

В списке YFull приведен один представитель гаплогруппы E1b из Северной Осетии, с цепочкой снийов:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > **CTS1273**.

Это — типичная линия субклада V13, наиболее распространенного в Европе. Последний (выделенный) сний найден у азербайджанцев и чувашей, предшествующий сний Z1057 — еще у армян.

## 19. БЕЛОРУСЫ

Число белорусов в России составляет несколько более 520 тыс. человек, по данным переписи России 2010 г. В табл. 28 приведены данные из ряда источников по составу гаплогрупп среди белорусских и для сравнения русских мужчин.

Как видно, все первые четыре колонки в табл. 28 дают очень хорошее согласование по составу гаплогрупп у белорусов, несмотря на совершенно разные источники полученных данных. Единичные «выбросы» по данным Академии ДНК-генеалогии объясняются малой выборкой людей, прошедших там тестирование на ДНК, — всего 32 белоруса.

**Таблица 28.** Состав гаплогрупп у белорусов по данным статьи\*, опубликованной в 2013 г., Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), базы данных IRAKAZ–Русская равнина, 2018 г. и результатов тестирования ДНК Академии ДНК-генеалогии (по состоянию на октябрь 2019 г.). Численность тестируемых белорусов в списке Eupedia — по данным сайта Eupedia. Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не приведены\*\*

Гаплогруппа	Белорусы				Русские			
	Доля в %				Доля в %			
	Статья*, 2013 г. (1086 чел.)	IRAKAZ– Русская равнина (246 чел.)	Академия ДНК- генеалогии (32 чел.)	Eupedia (>1000 чел.)	IRAKAZ– Русская равнина, (1218 чел.)	Академия ДНК- генеалогии (589 чел.)	Статья (Roewer et al., 2008, 542 чел.)	Eupedia (>1000 чел.)
R1a	51	49	53	51	52	47	48	46
Z280	39	35	41	н/п	40	36	н/п	н/п
M458	12	13	12	н/п	10	11	н/п	н/п
Z93	н/п	1	0	н/п	1,3	0	н/п	н/п
I2a	18	18	19	18	9	12	14	11
N1a1	10	15	9	10	16	18	15	23**
I1	5,6	5,3	0	5,5	7	6	7	5
R1b	5,3	4,5	6,3	5,5	6	7,2	5	6
E1b	3,8	3	3,2	4	4,5	2,9	3	2,5
J2	2,3	0,4	3,2	2,5	1,8	2	3	3
G2a	1,4	1,2	0	1,5	1,5	1,5	1,8	1
J1	0,7	0,8	6,3	1	0,7	1,4	н/п	0
T	н/п	0,4	0	0	0,4	0,7	0	1,5
O	н/п	0,4	0	н/п	0,2	0,4	0	н/п
Q	н/п	0,4	0	0	0,6	0,5	0	1,5

\* Рожанский И. Л., Цыбовский И. С., Богачёва А. В., Котова С. А., Забавская Т., Шахнюк Н., Клёсов А. А. Белорусы: этногенез и связь с другими славянскими народами с позиции ДНК-генеалогии // Наука и инновации. 2013. № 3. С. 55–62.

\*\* Крайне недостоверное число по данным Eupedia. Видимо, это по данным Балановских, которые активно включали в выборку людей, не являющихся этническими русскими. По их логике, надо и дагестанцев включать, и карачаево-балкарцев, и осетин, и прочие народы Российской Федерации.

Очень заметно то, что состав гаплогрупп у белорусов и русских практически совпадает, за малыми исключениями — у русских меньше балканской (южнославянской) гаплогруппы I2a (9–14 % у русских против 18–19 % у белорусов), несколько больше гаплогруппы N1a1 (15–18 % у русских против 10–15 % у белорусов), по всем остальным гаплогруппам есть совпадение качественное и количественное.

### Рассмотрение списка YFull для представителей русских, белорусов и украинцев

На близость родовой структуры русских, белорусов и украинцев указывают и данные списка YFull: <https://www.yfull.com/tree/> (табл. 29). Как отмечалось выше, в списке YFull собраны данные по тестированию на «глубокие» субклады. Хотя, строго говоря, это трудно считать статистической выборкой, но многочисленные данные настоящей книги показывают наличие неплохой корреляции между обычными выборками, как, например, в табл. 28, и числом сніпов, отнесенных к представителям этносов, стран и регионов в списке YFull. Надо подчеркнуть, что для всех показателей в таблице 28 в списке YFull приведены «глубокие» субклады, но в данном случае мы сравниваем только гаплогруппы и в некоторых случаях принципиальные подгруппы, чтобы показать, насколько русские, белорусы и украинцы близки друг к другу по своему родовому происхождению, по различным родовым ДНК-линиям. Порядок гаплогрупп в табл. 29 сохранен таким же, как в табл. 28, которая строилась по совершенно другим принципам, а именно по порядку гаплогрупп в выборке белорусов из 1086 человек.

Мы видим, что порядок гаплогрупп в табл. 29 на убывание численности в целом сохранился, и численно преобладающей гаплогруппой в списке YFull у всех трех народностей осталась R1a. Статистика в этой таблице лучше всего у русских (531 образец), и доля гаплогруппы R1a составила 45 % от всех, что близко к 46–52 % по разным выборкам в табл. 28. У белорусов и украинцев доля гаплогруппы R1a в списке YFull меньше, и потому, видимо, что выборка меньше (127 и 259 образцов). Вряд ли можно полагать, что носители гаплогруппы R1a у белорусов и украинцев менее склонны определять у себя глубокие сніпы.

**Таблица 29.** Число сніпов русских, белорусов и украинцев в списке YFull: <https://www.yfull.com/tree/>, по гаплогруппам. Каждый сніп в данном случае представляет одного мужчину, к которому относится данный сніп

Гаплогруппа	Русские*	Белорусы	Украинцы
R1a	240	43	70
Z280	183	28	45
M458	49	12	20
Z93	7**	2***	5***
Z284	1	0	0
M459	0	1	0
I2a	43	12	42
Y3120	30	12	36
M223	4	0	4
N1a1	88	11	9
I1	39	5	9
R1b	30	12	31
Z2103	12	1	10
P312	14	8	11
U106	4	3	10
E1b	18	17	32
V13	6	0	4
J2	24	15	25
G2a	9	3	9
J1	9	7	16
T	1	1	3
O	5	0	0
Q	8	1	10
C	3	0	3

\* За исключением татар, башкир, чувашей, кавказцев, алтайцев и представителей других народностей, которые в списке YFull идут с соответствующими примечаниями.

\*\* В основном жители Сибири и Дальнего Востока.

\*\*\* Оба белоруса и все пять украинцев относятся к характерным ДНК-линиям евреев Z93-F1345-CTS6.

Больше всего у всех трех народностей субклада Русской равнины R1a-Z280, за ним следуют европейский субклад M458, и далее субклад Z93 в крайне малых количествах. У русских это почти исключительно народы Сибири и Дальнего Востока, у белорусов и украинцев — евреи или их потомки с характерной линией субкладов Z93-F1345-CTS6, двое в выборке среди белорусов и пятеро среди украинцев. Носителей «скандинавского» субклада Z284 нет среди белорусов

и украинцев, и только один среди русских. Есть еще единичный носитель архаичного субклада M459 среди белорусов, цепочка сніпов следующая:

R1a-M420 > M459 > YP1272 > **YP1276**.

На втором месте по численности в списке YFull русских идет гаплогруппа N1a1, что стабильно показывают другие выборки. В списке YFull ее доля несколько завышена (17 % от всех), потому что в этой категории многие представители русских идут без указания региона и среди них есть образцы с Камчатки, Забайкалья, Урала и других регионов, богатых гаплогруппой N1a1. У украинцев ее доля в списке YFull составляет 3,5 %, у белорусов — 9 %.

У украинцев на втором месте по численности идет гаплогруппа I2a (16 % от всех), у белорусов — 9,5 %, у русских — 8 %. Это по порядку величины согласуется с обычными выборками из баз данных. У всех трех народностей значительная доля в гаплогруппе I2a приходится на южнославянский субклад Y3120 с нижестоящими ветвями Y18331, Z17855, Y4460 и S17250. На этот субклад приходится все 12 образцов — 100 % у белорусов, 70 % у русских и 86 % у украинцев. Если посмотреть на распределение южнославянских ветвей, то первая (Y18331) присутствует у всех в малой степени (3 у белорусов, 2 у русских, 1 у украинцев), вторая ветвь (Z17855) присутствует тоже в небольших количествах (нет у белорусов, 1 у русских и 2 у украинцев). Ветвь Y4460 представлена значительно более выразительно — 5 у белорусов, 11 у русских и 21 у украинцев, то есть в среднем половина от всех южнославянских ветвей. Последний сніп, S17250, представлен в списке тоже относительно выразительно — 4 у белорусов, 16 у русских и 12 у украинцев, то есть в среднем 41 % от всех южнославянских ветвей, но у русских больше половины, у белорусов — треть. Западноевропейского сніпа M223 у славян мало — нет у белорусов и по 10 % от всех носителей гаплогруппы I2a у русских и украинцев.

Носителей гаплогруппы I1 у всех трех народностей мало — от 4 % (у белорусов и украинцев) до 7 % (у русских).

Гаплогруппы R1b у трех славянских народностей относительно мало — от 6 % и 9 % у русских и белорусов до 12 % у украинцев по выборке

в списке YFull. При этом у всех преобладают западноевропейские сніпы R312 и U106 — 92 % у белорусов, 60 % и 68 % у русских и украинцев соответственно. Это в основном наследие немецких мигрантов в находившихся на службе русского царя в XVII–XIX вв. как военспецов, ремесленников, купцов. Примерно треть русских и украинских носителей гаплогруппы R1b составляют потомки ямной археологической культуры со сніпом Z2103. У белорусов их почти нет.

У всех трех народностей наблюдается умеренное количество носителей гаплогруппы E1b, от 3 % у русских до 12–13 % у белорусов и украинцев. Обращает на себя внимание относительно малая доля субклада E1b-V13, основного на Балканах, — треть от гаплогруппы E1b у русских, 13 % у украинцев и отсутствует у белорусов.

Гаплогруппы J2 относительно мало у восточных славян — 4,5 % у русских и 10–12 % у белорусов и украинцев. Гаплогруппы J1 еще меньше — около 2 % у русских и по 6 % у белорусов и украинцев. Возможно, значительная доля этого количества приходится на евреев и их потомков гаплогрупп J2 и J1.

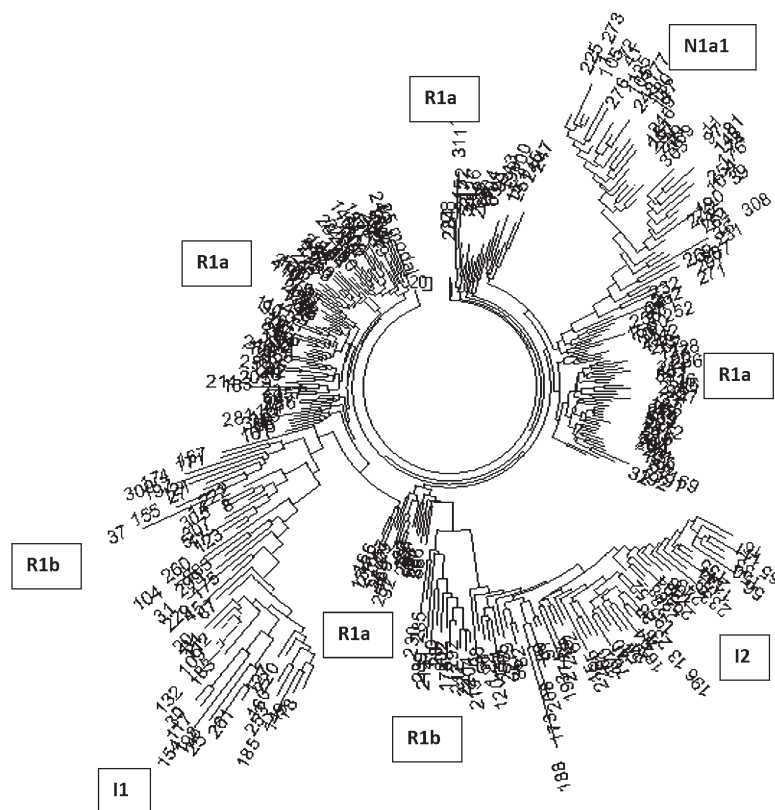
Остальных гаплогрупп — G2a, T, O, Q, C — у восточных славян мало, это минорные в численном отношении гаплогруппы, в списке YFull находятся в единичных количествах.

### Выборка из 1086 гаплотипов белорусов и другие выборки

Наиболее полное исследование было проведено исследователями Национальной академии наук Белоруссии и Центра судебных экспертиз Министерства юстиции Белоруссии с участием Института этнографии и фольклора и Института генетики и цитологии НАН Белоруссии, которые идентифицировали больше тысячи гаплотипов этнических белорусов (см. табл. 28) и опубликовали в белорусском академическом журнале совместно с И. Л. Рожанским и автором этой книги. Большая часть расчетов и построения графиков в этом разделе книги проведена И. Л. Рожанским, за что ему огромная благодарность.

Образцы ДНК собирали по всей Белоруссии, в ее центральном регионе и по всем направлениям — на севере, юге, западе и востоке. Данные заметно варьировались по регионам, и в табл. 28





**Рис. 94.** Дерево из 312 гаплотипов в 20-маркерном формате по шести регионам Белоруссии. Показаны основные гаплогруппы

приведены усредненные показатели. Это должно охладить желания некоторых людей, которые принимают каждое число за абсолютное и пытаются делать на этой основе политические заключения о «различии белорусов и русских» или «русских и украинцев», не понимая, что все числа сопровождаются при расчетах погрешностями.

Поскольку не все 1086 гаплотипов определяли в одном и том же 20-маркерном формате, многие содержали пропуски в маркерах, то в этом разделе мы будем приводить деревья гаплотипов и базовые гаплотипы только для гаплотипов одного формата. В противном случае расчетные и графические программы не работают или работают, но при значительных допущениях, которые мы не считали приемлемыми. Данных и так было достаточно.

Разнородность родового происхождения белорусских мужчин можно наглядно оценить по виду дерева гаплотипов. Ветви характерно разошлись по гаплогруппам, проявились четыре ветви гаплогруппы R1a, две ветви гаплогруппы R1b

(древняя, с Русской равнины, и более недавняя, с запада, из Европы).

### Гаплогруппа R1a

Из общего количества в почти 1,1 тыс. гаплотипов в составе гаплогруппы R1a оказались 551 гаплотип, то есть 51 %. Это совпадает в целом со статистикой по соседним славянским народам — русским, украинцам и полякам. Расчет по 545 гаплотипам (которые не имели пропусков) дал в сумме 3143 мутации от следующего базового гаплотипа:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 14 20 11  
11 15 11 23.

Это соответствует  $5100 \pm 520$  годам до общего предка, что в пределах погрешности совпадает с соответствующими величинами для русских, приведенными в табл. 1 этой книги, а также с датировкой  $4550 \pm 475$  лет назад, полученной тем же методом для 258 гаплотипов русских в 17-маркерном формате. Более внимательное рассмотре-

ние показало, что возраст общих предков один и тот же, просто у белорусов и русских немного различаются субклады: у белорусов, как показано выше, немного больше западнославянского субклада (M458), у русских — центральноевразийского субклада (Z280), и вот расчеты «поперек ветвей» и привели к кажущейся разнице в возрасте популяций. Впрочем, все равно в пределах погрешности.

Было бы хорошо провести расчеты по всем ветвям гаплогруппы R1a, но с 20-маркерными гаплотипами это почти невозможно, нужны как минимум 37-маркерные, лучше 67-маркерные или 111-маркерные. Но тем не менее четыре ветви у белорусов удалось идентифицировать. Они показаны на дереве гаплотипов гаплогруппы R1a. Это — центральноевропейская ветвь (M458-L1029), 2900 ± 400 лет от общего предка, базовый гаплотип:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 16 14 20 11  
11 17 11 23,

западнославянская (M458-L260), общий предок жил 2700 ± 300 лет назад:

13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 16 14 20 11  
11 16 11 23,

североевразийская (Z280-Z92), 2350 ± 300 лет до общего предка:

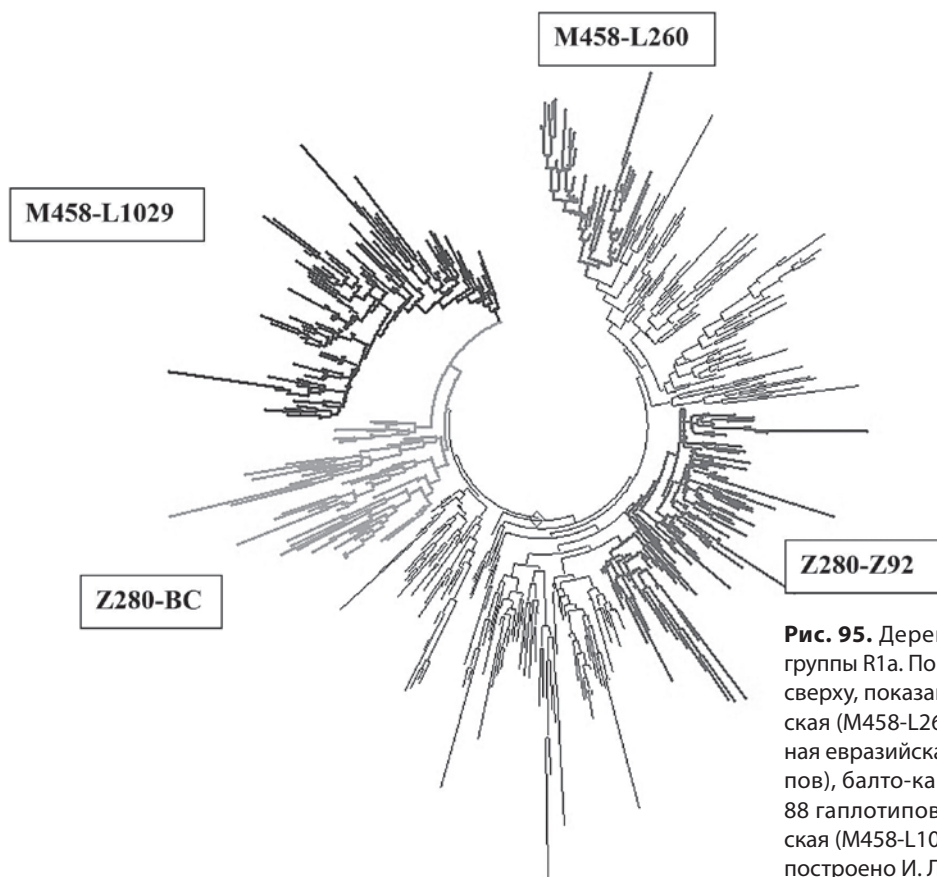
13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 15 14 20 11  
12 15 11 24,

и балто-карпатская (Z280-CTS3402), 4300 ± 500 лет до общего предка:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 14 20 11  
11 16 11 23.

Последняя ветвь характерна для Прибалтики, а также польского Поморья, и ее наличие у белорусов вполне закономерно.

Другие принципиальные субклады — южноарийский (Z93), скандинавский (Z284) и северо-западный (L664) — присутствуют у всех славянских народов на уровне долей процента или вообще не найдены, и крайне маловероятно, что белорусы составляют исключение.



**Рис. 95.** Дерево 551 гаплотипа гаплогруппы R1a. По часовой стрелке, начиная сверху, показаны ветви: западнославянская (M458-L260, 36 гаплотипов), северная евразийская (Z280-Z92, 128 гаплотипов), балто-карпатская (Z280-CTS3402, 88 гаплотипов) и центральноевропейская (M458-L1029, 131 гаплотип). Дерево построено И. Л. Рожанским

Расчеты дали время до общего предка белорусских гаплотипов группы R1a, равное  $4800 \pm 500$  лет, то же самое, что и для русских гаплотипов, рассчитанное для гаплотипов разного формата (табл. 1). Показательно, что снипы Z280 и M458, преобладающие у белорусов и русских, образовались соответственно 34 и 35 снипов, или примерно 4,9 тыс. и 5 тыс. лет, назад, что совпадает с расчетами по гаплотипам. Это свидетельствует об одном и том же общем предке носителей R1a у русских и белорусов. Естественно, 5 тыс. лет назад этот общий предок не был ни русским, ни белорусом. Вскоре его род двинется на восток, заселит территории будущих Белоруссии и России, а также сопряженных территорий, и его потомки станут в итоге современными белорусами и русскими гаплогруппы R1a.

### Гаплогруппа I

Сводная гаплогруппа I занимает у белорусов второе место после R1a, охватывая 24 % от всей выборки. Дерево имеет довольно простую структуру и распадается на две однородные ветви с относительно недавними общими предками, а также небольшую (< 1 % от выборки) группу гаплотипов из других ветвей I2.

Выборка гаплогруппы I1 у белорусов сходится к общему предку, жившему  $3700 \pm 450$  лет назад, и к базовому гаплотипу:

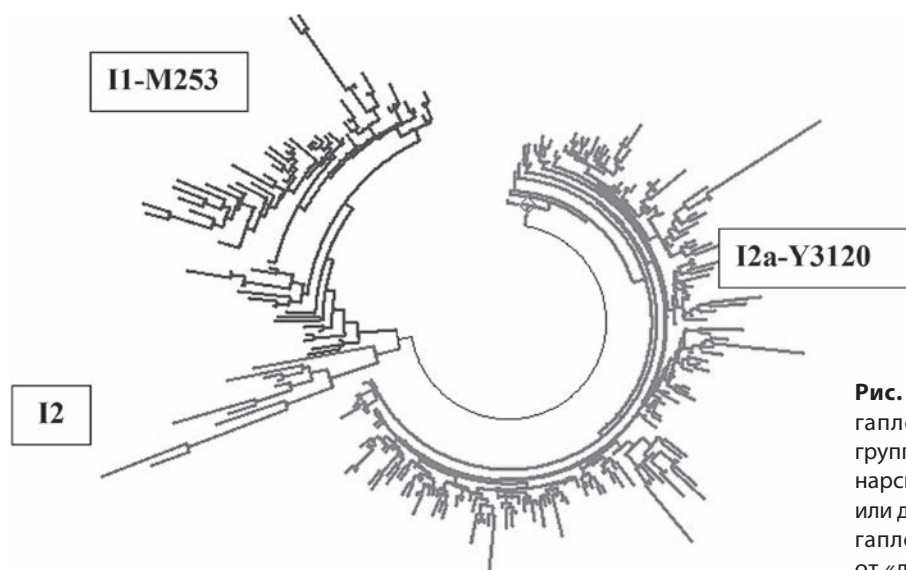
13 23 14 10 14 14 11 14 11 12 11 28 15 16 20 10  
10 14 10 22.

Это совпадает с данными по всей гаплогруппе и при расчете по протяженным гаплотипам. В 20-маркерном формате ветвь не удастся разделить на дочерние, а потому в данном приближении белорусские I1 можно считать неотличимыми от остальных, которые распределены в основном в северной части Европы.

Еще более однородной является ветвь I2a-Y3120, представленная 194 гаплотипами. Базовый гаплотип ветви:

13 24 16 11 14 15 11 15 13 13 11 31 17 15 20 10  
10 15 10 23.

Он совпадает с базовым гаплотипом «динарской» ветви, повсеместно встречающейся у славян и достигающей пика распространенности в Боснии и Герцоговине, время до общего предка равно  $2200 \pm 250$  лет. Следовательно, общий предок всех носителей «динарской» ветви Y3120, вне зависимости от региона, один и тот же, с временем жизни в конце прошлой эры.



**Рис. 96.** Дерево 262 гаплотипов гаплогруппы I. Показаны гаплогруппа I1 (M253, 61 гаплотип), «динарская», она же южнославянская или дунайская ветвь I2a (Y3120, 194 гаплотипа), и ветви I2, отличные от «динарской» (10 гаплотипов). Дерево построено И. Л. Рожанским

Итак, с гаплогруппами R1a и I2a и их субкладами у белорусов в целом ясно, они такие же, как у русских, и подробно описаны выше. Чтобы подтвердить это в отношении гаплогруппы I2a, заметим, что в базе данных IRAKAZ–Русская равнина есть 44 гаплотипа группы I2a, из них почти все (41 гаплотип) относятся к субкладу I2a-Y3120. Цепочка снийов там следующая:

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > **Y3120** > S17250, Y4460, Z17855, Y18331.

От Y3120 отходят четыре линии южнославянских снийов, но четкой закономерности по регионам от Греции до Прибалтики пока не выявлено. Один из белорусов в базе данных имеет сний Y4460, но других пока не выявлено или они не опубликованы.

Три остальных гаплотипа серии I2a имеют такие снийовы:

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L161 > S2639 > L1498 > Y3749 > **S2742**,

I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > M223 > CTS616 > CTS10057 > Z161 > L801 > Z170 > CTS6433 > S2364 > S2361 > Z78 > CTS8584 > Z185 > Z180 > **L1198 (= Z166)**.

Эти снийовы (выделены) образовались соответственно 42 и 19 сний-мутаций, или примерно 6 тыс. и 2,7 тыс. лет, назад. Понятно, что оба снийа недотипированы, но следует отметить, что они отошли очень давно от славянской линии, первый разошелся от снийа M423 (образовался 119 сний-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад), второй — от снийа L460, еще раньше (образовался примерно 20,5 тыс. лет, назад). Сейчас их потомки встречаются в Центральной и Западной Европе (Франция, Италия, Испания, Германия, Англия), и, видимо, оттуда этот сний попал в Белоруссию.

Что касается снийов гаплогруппы I1, которые относительно редки на Русской равнине (обычно на уровне 5–7 %), то линия у более чем половины белорусов из выборки там такая:

I1-M170 > I1a-DF29 > CTS6364 (= Z2336) > Z2337 > S6346 > **L22**,

у одного:

I1-M170 > I1a-DF29 > CTS6364 (= Z2336) > Y3866 > S4767 > Y4781 > S4770 > **M227**.

И у нескольких типировано поверхностно:

I1-M170 > I1a-DF29 > **Z58**,

I1-M170 > I1a-DF29 > **Z63**.

Но в данном случае эта «поверхностность» не имеет особого значения. С гаплогруппой I1 мы имеем совершенно уникальную ситуацию, к которой привел геноцид ее носителей в Европе 4,6 тыс. — 4 тыс. лет, назад, в ходе заселения эрбинами (древними носителями гаплогруппы R1b). Датировка образования гаплогруппы I1 — 183 сний-мутации, или примерно 26 тыс. лет, назад. Но следующий за ней сний, который удалось обнаружить, I1a-DF29, датируется 32 сний-мутациями, или 4,6 тыс. лет, назад. Все промежуточные снийовы пропали, видимо, унесены геноцидом. Поэтому выделенные выше снийовы датируются (в том же порядке) 27, 24, 32 и 29 сний-мутаций, или соответственно 3,9 тыс., 3,5 тыс., 4,6 тыс. и 4,2 тыс. лет, назад, с учетом погрешности расчетов — одним и тем же временем, 4000 ± 500 лет, назад. Эти линии распространились по всей Европе, включая Белоруссию, пройдя «бутылочное горлышко» выживания.

### Гаплогруппа N1a1

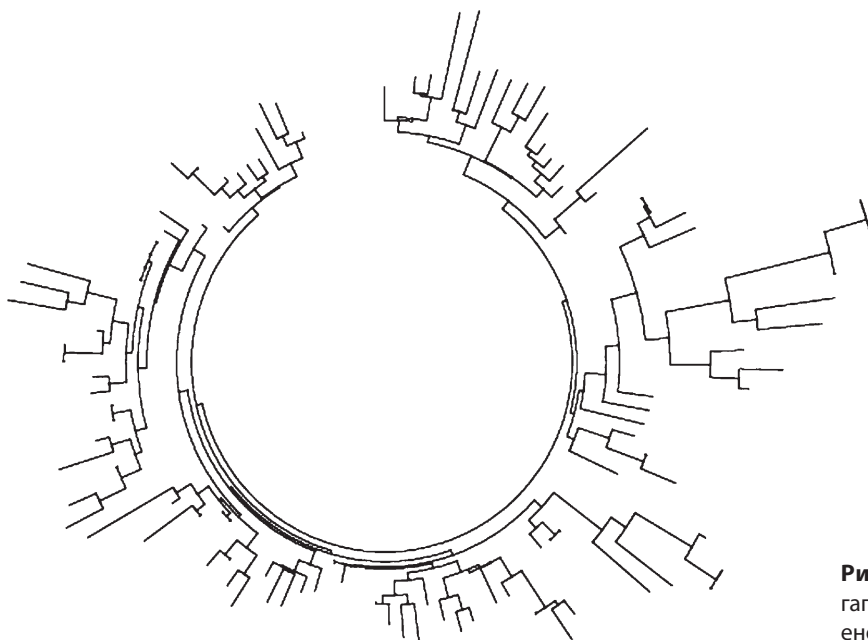
Подобно ветвям гаплогруппы I, белорусская выборка из 109 гаплотипов N1a1 дает довольно однородное дерево, в котором сложно выделить дочерние подветви в 20-маркерном формате. Ее базовый гаплотип:

14 23 15 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 14 19 11 11 14 10 21.

Это — южнобалтийская ветвь (N1a1-L550), которая в полном 67-маркерном формате имеет следующий базовый гаплотип (отмечены совпадающие аллели):

**14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15 16 19 35 35 14 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11 11 12 11 (южнобалтийский базовый гаплотип).**

В численном отношении доля гаплогруппы N1a1 среди белорусов составляет 10 %, что заметно меньше, чем в среднем среди этнических русских (14 %). Но если сравнивать с российскими южными областями (Курская, Белгородская, Орловская), то там доля N1a1 составляет 5–6 % от мужского населения. И это понятно почему — они далеки и от Урала, и от Балтики. Белорусы далеки от Урала, но ближе к Балтике. Так что здесь главную роль играет география.



**Рис. 97.** Дерево 109 гаплотипов гаплогруппы N1a1. Дерево построено И. Л. Рожанским

Информацию о более глубоких ветвях гаплогруппы N1a1 дает база данных IRAKAZ–Русская равнина, в которой имеется 38 гаплотипов группы N1a1 белорусов. Среди них с большим преимуществом доминирует субклад L1025, со следующей цепочкой снийпов у белорусов:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > **L1025**.

Этот сноп образовался 18 сноп-мутаций, или 2,6 тыс. лет, назад, уже в ходе миграции носителей гаплогруппы N1a1 по Русской равнине после выхода с Урала примерно 3,5 тыс. лет назад. Надо сказать, что общий предок группы из 27 современных гаплотипов субклада L1025 в 111-маркерном формате жил  $2760 \pm 300$  лет назад. Как видно, в этом случае время образования сниспа L1025 и время жизни общего предка ветви на дереве 111-маркерных гаплотипов практически совпадают в пределах погрешности расчетов, так что данные вполне надежные. Мы видим, что L1025 — нисходящий сноп от L550, и надо сказать, что его носители живут на территориях от Балтики и южнее, в немалых количествах в Белоруссии и Польше. От него белорусские сныпы расходятся:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 >

Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > **L1025** > Y5580 > BY158 > **L591**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > **L1025** > Z16975 > **VL69**,

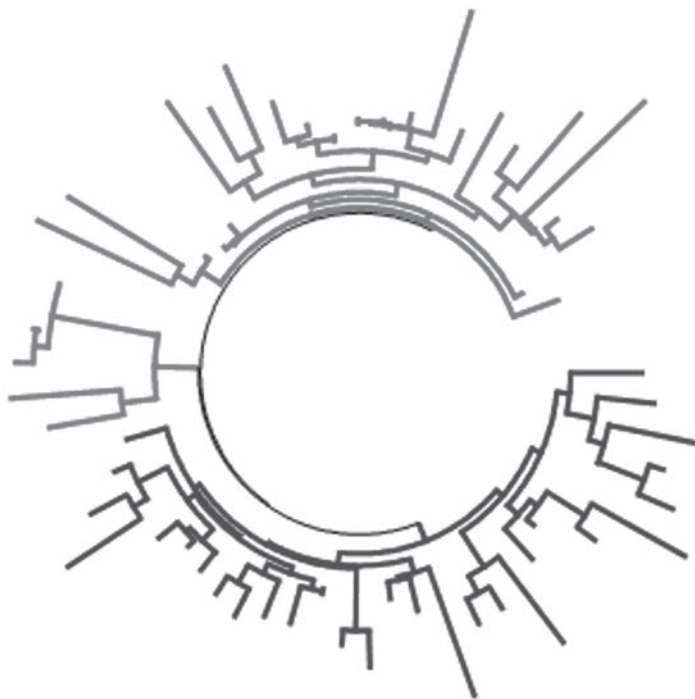
N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > **L1025** > **L551**.

Последние три выделенные сныпа образовались соответственно 18, 12 и 13 сноп-мутаций, то есть примерно 2,6 тыс., 1,7 тыс. и 1,9 тыс. лет назад. Это — уже намного позже выхода носителей гаплогруппы N1a1 с Урала на Русскую равнину и, наверное, уже позже прибытия их на южную Балтику (в конце прошлой эры) и продвижения их на территорию современной Белоруссии.

### Гаплогруппа R1b

К самой распространенной в Западной Европе гаплогруппе R1b относится 58 гаплотипов из белорусской выборки (5,3 %), что практически совпадает со статистикой у русских (4,8 %). Дерево распадается на две ветви, по 29 гаплотипов каждая. Первая сходится к общему предку, жившему  $3725 \pm 520$  лет назад. Ее базовый гаплотип:





**Рис. 98.** Дерево 58 гаплотипов гаплогруппы R1b. В верхней части находится ветвь, предположительно относящаяся к «восточному» субкладу (ямной культуры) R1b-Z2103 и нижестоящих сний, в нижней — гаплотипы из «западноевропейского» субклада R1b-L151 (= L11) и его нижестоящих ветвей. Дерево построено И. Л. Рожанским

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 15 19 11  
11 15 12 23.

Вторая ветвь имеет практически тот же «возраст»,  $3825 \pm 520$  лет, но ее базовый гаплотип отличается на 5 мутаций от базового гаплотипа первой ветви:

**13 23 14 10** 11 14 12 12 12 13 13 29 **17** 15 19 11  
**11 16** 12 23.

Первый базовый гаплотип совпадает с соответствующим фрагментом 67-маркерного базового гаплотипа ветви R1b-Z2103, с предком, жившим около 6 тыс. лет назад при расчетах по сниям и 4,6 тыс. — 3,5 тыс. лет назад при расчетах по гаплотипам. Это мы довольно подробно рассматривали выше, где указывали, что это — основной сний ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) с нижестоящими сниями. Он крайне редко встречается в Западной Европе, но характерен для ряда народов Северного Кавказа и Закавказья (армяне, грузины, ассирийцы, осетины, азербайджанцы, дагестанцы), Восточной Европы (русские, украинцы, башкиры, татары, чехи, греки) и Центральной Азии (туркмены, казахи). Второй базовый гаплотип — это один из вариантов европейских ветвей субклада R1b-L150 > P312 и R1b-L51 > U106 и нижестоящих сний, которых в теку-

щей классификации насчитывается больше тысячи. Разница в 5 мутаций между «западным» и «восточным» базовыми гаплотипами соответствует 4,3 тыс. лет между ними и их общему предку, жившему  $(3725 + 3825 + 4300)/2 \approx 5900$  лет назад, что в пределах погрешности совпадает с временами образования субкладов L51, L52, L151, предковых по отношению к «европейским» субкладам P312 и U106, от которых, видимо, пошла вторая ветвь с базовым гаплотипом выше.

Относительно недавние датировки (по гаплотипам) белорусских ветвей свидетельствуют о том, что они относятся к недавним сниям, которые в данной работе не определяли.

О том, что гаплотипы белорусов примерно наполовину расходятся между гаплотипами потомков ямной культуры (R1b-Z2103 и нижестоящих сний) и западноевропейских линий (в первую очередь R1b-P312 и нижестоящих линий), свидетельствуют данные базы IRAKAZ–Русская равнина. Цепочки сний такие:

R1b-M343 > L754 > P297 > R1b-M269 > L23 > **Z2103** > Y13369 > L584 > **Z2106**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > **P312** > U152 > **Z192**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > **P312** > **U152** > L2 > Z258 > Z367 > **L20**.

Снипы U152, L20 и Z192 образовались примерно в одно и то же время, 28–32 снип-мутаций, то есть 4 тыс. — 4,6 тыс. лет, назад. Иначе говоря, эти снипы белорусских носителей гаплогруппы R1b недотипированы, но суть ясна — их предки прибыли из Центральной Европы.

### Гаплогруппа E1b

Процент носителей гаплогруппы E1b у белорусов относительно невелик (4 %), на том же примерно уровне, что у других европейских народов, не относящихся к средиземноморскому ареалу. Базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 14 20 9  
11 16 10 21,

совпадает с базовым гаплотипом ветви E1b-V13, наиболее представленной в Европе.

В базе данных IRAKAZ–Русская равнина из восьми белорусских гаплотипов гаплогруппы E1b (а других образцов гаплогруппы E там нет) семи относятся к субкладу E1b-V13 (образовался 58 снип-мутаций, или примерно 8,3 тыс. лет, назад):

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13**,

и один — к линии, которая отходит от снипа E-M35 (образовался 244 снип-мутации, или примерно 35 тыс. лет, назад):

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > **M34**.

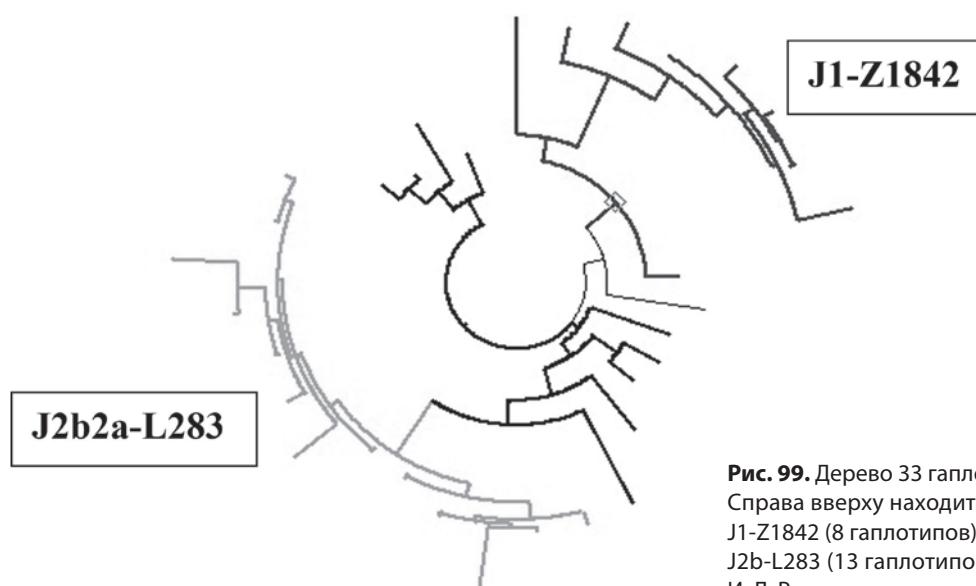
Это — относительно редкая линия в Европе, потому что почти все носители гаплогруппы E1b были уничтожены в ходе «гибели Старой Европы» 4,6 тыс. — 4 тыс. лет назад, и выжили в основном носители субклада V13, который сейчас распространен по всей Европе.

### Гаплогруппа J

К гаплогруппе J в выборке относятся 33 гаплотипа (3 % от всех). Выделяется ветвь слева внизу из 13 гаплотипов с предком, жившим  $3100 \pm 600$  лет назад, и базовым гаплотипом:

12 24 15 10 **13** 17 11 15 12 12 11 28 16 16 19 11  
10 13 9 21.

Он всего на 1 мутацию (выделена) отличается от базового гаплотипа ветви J2b L283, имеющей «возраст»  $4000 \pm 450$  лет и рассеянной с низкой частотой по всей Европе, но почти не встречающейся на Ближнем Востоке. Очевидно, 13 белорусов относится к той же самой довольно редкой европейской ветви гаплогруппы J2.



**Рис. 99.** Дерево 33 гаплотипов гаплогруппы J. Справа сверху находится ветвь гаплогруппы J1-Z1842 (8 гаплотипов); слева внизу — ветвь J2b-L283 (13 гаплотипов). Дерево построено И. Л. Рожанским

Следы еще одной редкой генеалогической линии обнаруживаются среди носителей гаплогруппы J1, которые образуют довольно компактную ветвь с базовым гаплотипом:

13 24 14 10 13 19 11 13 12 13 11 29 19.2 14 21  
11 11 15 10 21.

Общий предок попадает на время  $3000 \pm 650$  лет назад, а базовый гаплотип этой малочисленной ветви на 5 мутаций (выделены) отстоит от базового гаплотипа ветви J1\* (DYS388 = 13), имеющей «возраст» около 5 тыс. лет и характерной для народов Северного Кавказа. Разница в 5 мутаций в данном формате соответствует 4300 годам между гаплотипами, и общий предок белорусской и северокавказской выборок датируется временем  $(3000 + 5000 + 4300)/2 = 6150$  лет назад. Следовательно, носители гаплогруппы J1 в выборке из Белоруссии представляют ветвь, родственную или дочернюю к «кавказскому» субкладу.

Вопреки ставшему штампом определению гаплогруппы J1 как семитской, рано отделившаяся ветвь Z1842 практически не имеет в своем составе ни арабов, ни евреев, а потому крайне маловероятно, что рассматриваемые 8 гаплотипов — след евреев-ашкенази, составлявших до Первой мировой войны до 20 % населения Белоруссии. У нее другое происхождение, пока неизвестное.

Остальные гаплотипы, что относятся, по видимому, к разным ветвям субклада J2a, группируются по 2–3, не образуя выраженных ветвей.

Соответствующие цепочки сний, упомянутых выше, следующие:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > **Z1842**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > **L283**.

Действительно, первая цепочка идет в обход более древнего снипа P58:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > P58,

который образовался 78 сний-мутаций, или примерно 11,2 тыс. лет, назад (сний Z1842 образовался 59 сний-мутаций, или 8,5 тыс. лет, назад), который имеют, как правило, евреи гаплогруппы J1. Таким образом, многие белорусы, имея сний Z1842, не относятся к еврейской линии. Снипа P58 у них пока не найдено.

Еще одна цепочка сний у белоруса представлена в базе данных IRAKAZ–Русская равнина:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > **L1189**.

Она тоже идет в обход снипа P58.

### Гаплогруппы C3, G1, G2a, N, O, Q, R1b-M73, R2, T

На долю всех остальных гаплогрупп приходится 32 гаплотипа или 3 % от всей выборки. Из них 15 относятся к гаплогруппе G2a. Их базовый гаплотип можно записать как:

14 22 15 10 14 15 11 12 11 12 11 29 17 16 21 11  
11 15 10 21.

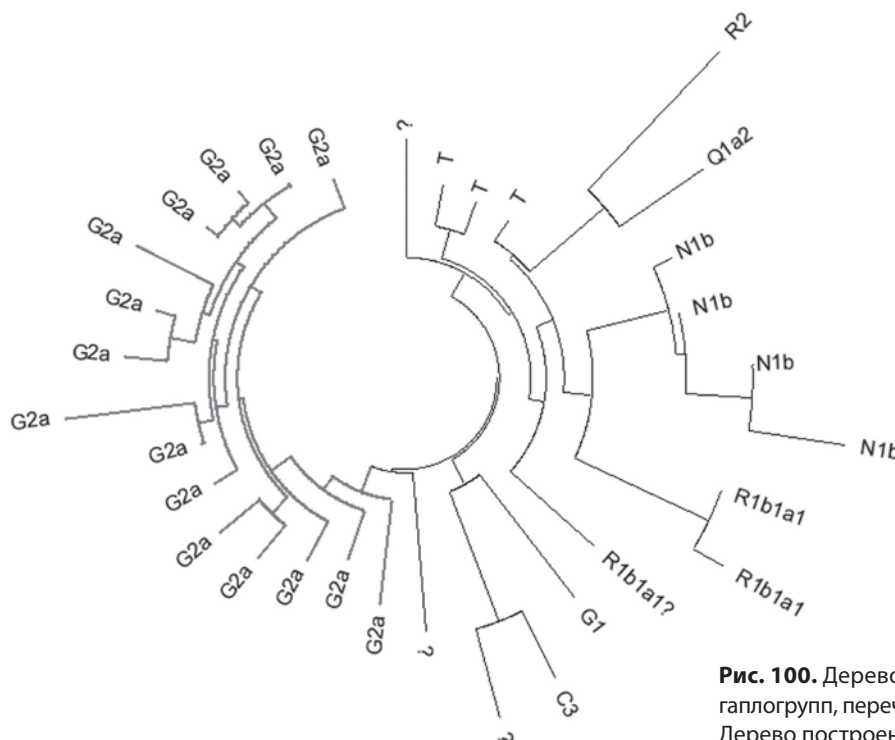
Он совпадает с базовым гаплотипом родительской ветви субклада G2a-P303, характерного для Северного Кавказа, но рассеянного с низкой частотой по всей Европе и, судя по находкам ископаемой ДНК, представлявшего одну из основных генеалогических линий Европы эпохи неолита. Этот сний обсуждался выше. Время до общего предка белорусских гаплотипов ( $7200 \pm 1100$  лет) совпадает в пределах погрешности с оценкой по гаплотипам для субклада P303 (около 6,3 тыс. лет назад), хотя сам сний образовался 89 сний-мутаций, или примерно 12,8 тыс. лет, назад. Датировки 6 тыс. — 7 тыс. лет назад по гаплотипам для снипа P303 характерны для Кавказа и для Русской равнины. Очевидно, если не все, то значительная часть носителей этой гаплогруппы в Белоруссии относится к субкладу G2a.

Три гаплотипа белорусов из группы G2a также есть в базе данных IRAKAZ–Русская равнина, все три относятся к снипу P303:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > **P303**.

Единичные гаплотипы из других ветвей собраны в правой части дерева. Из них как минимум 9 гаплотипов можно отнести к линиям центрально- и восточноазиатского происхождения. Это гаплогруппы C3 (M217), G1 (M342), N1a (P43), Q1a (M25) и R1b (M73). Их крайне мало, на уровне долей процента, как и у русских. Да и те, что есть, возможно, достались частично от литовских татар, переселение которых из Крыма в Великое княжество Литовское в XV в. хорошо документировано. Татары рано утратили свой язык, перейдя на старобелорусский, а часть их крестилась, слившись тем самым с белорусами. В базе данных IRAKAZ–Русская равнина есть один гаплотип белоруса гаплогруппы O-M175, но это самый поверхностный сний, и один сний гаплогруппы T, тоже поверхностный:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a2-L131.



**Рис. 100.** Дерево 32 гаплотипов из минорных гаплогрупп, перечисленных в названии раздела. Дерево построено И. Л. Рожанским

Поскольку распределение некоторых генетических линий на территории Белоруссии имеет явно выраженный градиент (I2a-Y3120, R1a-Z280), использование при анализе усредненных значений будет заведомо некорректным для определенных специальных, детальных исследований. По этой причине места сбора образцов были поделены на три зоны: зона В — северо-западная территория, непосредственно примыкающая к Литве; зона С, занимающая центр Белоруссии и часть Поозерья, и зона D, охватывающая Полесье и южную часть Поднепровья. В дополнение к ним, три самых западных места сбора — Волковыск, Кобрин и Береза (часть Западного Полесья и южная часть Понеманья), были выделены в зону А.

В распределении ветвей по зонам хорошо видно особое положение зоны В, граничащей с Литвой. Там заметно снижен процент носителей ветви I2a (8 % против 18 % в среднем по Белоруссии) и повышено представительство N1a1 (15 % и 10 % соответственно). По мере удаления от Литвы (зоны С и D) процент носителей N1a1 закономерно снижается, а I2a — растет. Если сравнить эти данные со статистикой по литовцам (4 % I2a

и 47 % N1a1), то очевидно, что такую тенденцию можно объяснить вкладом древних балтийских племен в этногенез белорусов.

Ветви гаплогруппы R1a не показывают статистически значимых корреляций с географией — они распределены по территории Белоруссии достаточно равномерно. Несколько особое положение занимает северная евразийская ветвь (Z92) — одна из основных генеалогических линий белорусов, русских и литовцев, но редко встречающаяся у западных и южных славян. В зоне А, граничащей с Польшей, можно также отметить более высокую долю носителей гаплогрупп I1 и R1b — 10 и 8 % против 6 и 5 % в среднем по Белоруссии соответственно. Остальные генеалогические линии, что сообща охватывают 10 % белорусов, слишком малочисленны, чтобы делать подобные оценки.

## 20–23. КАБАРДИНЦЫ, ЧЕРКЕСЫ, АДЫГЕЙЦЫ И ШАПСУГИ

Самоназвание всех этих четырех народностей — адыгэ, и в прошлом, как утверждают историки, они были единым народом, но в советское время

оказались разделенными на приведенные здесь четыре народности. Это — коренное население Кабардино-Балкарии, Карачаево-Черкесии, Адыгеи, Ставропольского и Краснодарского краев.

При проведении переписи населения 2010 г. им предлагалось выбрать, принадлежат они к кабардинцам, черкесам, адыгейцам или шапсугам (как и к любым другим народностям), и примерно 517 тыс. человек выбрали для себя отнесение

к кабардинцам, 125 тыс. — к адыгейцам, 73 тыс. — к черкесам, и около 4 тыс. — к шапсугам. Понятно, что при выборе люди руководствовались определенными принципами и соображениями, но нам предстоит здесь выяснить, есть ли между их родовой структурой (гаплогруппами и субкладами) систематические и воспроизводимые различия, или различий практически нет, и это действительно исторически один народ.

**Таблица 30.** Состав гаплогрупп (доля в %) у народов адыгэ по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и статей, ссылки на которые приведены под таблицей. Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	По данным Eupedia			По данным статьи*		По данным статьи**		
	Кабардинцы	Карачаево-черкесы	Адыгейцы	Черкесы, 132 чел.	Шапсуги, 97 чел.	Кабардинцы, 140 чел.	Черкесы, 126 чел.	Адыгейцы, 154 чел.
G	38	40,5	54	41	87	43	45	47
J2	16	18,5	15	21	6,2	16	25	17
R1a	21	19,5	11	20	4,1	14	15	14
R1b	8,5	4,5	2,5	4,5	0	3,6	0	8
J1	5	5,5	7,5	4,5	0	9	5	3,2
I	3,5	4	2,5	0,8	0	4,3	1,6	4,5
Q	2	0,5	1,5	0,8	0	0,7	0,8	0
E1b	0,5	0,5	1	1,5	1	2	0,8	0,6
T	0,5	1	1,5	0,8	0	0,7	0	0
N	0,5	1,5	1,5	3,8	0	1,4	2	0,6
L	0,5	0	2,5	0,8	2,1	0,7	0	2,6

\* *Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920.*

\*\* *Yunusbayev B. et al. The Caucasus as an asymmetric semipermeable barrier to ancient human migrations // Molecular Biology Evolution. 2012. V. 29. №1. P. 359–365.*

В сети есть еще три проекта FTDNA, имеющие отношение к данному вопросу. В один, проект «Адыгэ» (<https://www.familytreedna.com/public/Adyghe/default.aspx?section=yresults>), включены черкесы, шапсуги, кабардинцы и абазины, но проект небольшой, статистика крайне мала, и мы его рассмотрим ниже при перечислении сніпов кабардинцев; второй проект, «Черкесский», (<https://www.familytreedna.com/public/UbykhSochi?iframe=yresults>), в котором перемешаны кабардинцы, черкесы, шапсуги,

а также мегрелы, абазины и другие, мы рассмотрим в табл. 31, понимая, что данные слишком «суммарные», и третий, «Кавказский проект», (<https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>), объединяет данные по Y-хромосомным показателям по всему Кавказу, часто не конкретизируя, о каком народе речь. Некоторые примеры сніпов кабардинцев, черкесов и шапсугов мы рассмотрим ниже, чтобы понять, насколько они могут быть общими для данных народов.



**Таблица 31.** Состав сводных данных по кабардинцам-черкесам-шапсугам-адыгейцам и небольшой доле других кавказцев по данным «Черкесского Проекта» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/UbykhSochi?iframe=yresults>. Процентные соотношения округлены

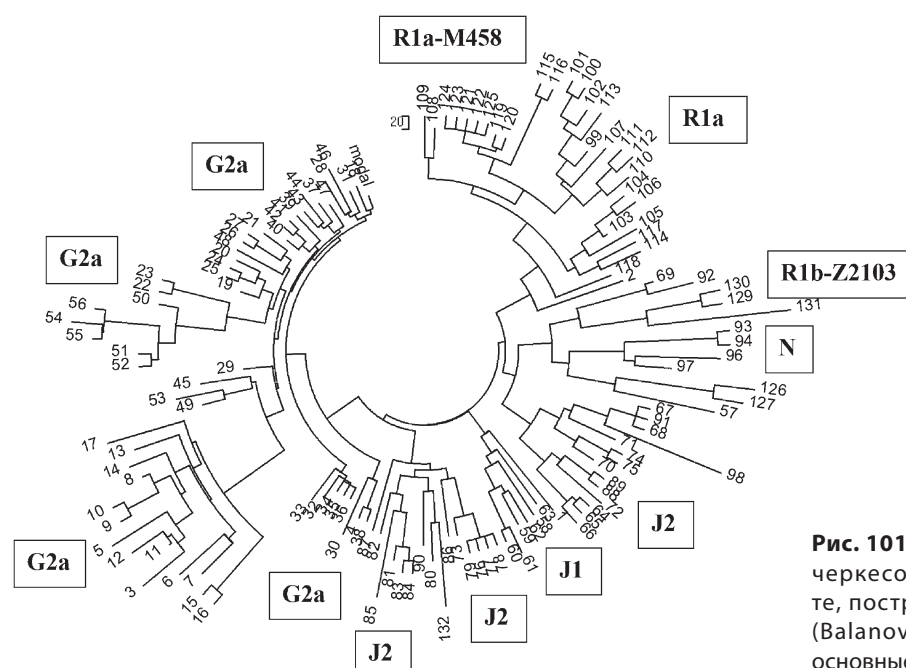
Гаплогруппа	% от 194 чел. Проекта	Гаплогруппа	% от 194 чел. Проекта
G	51	R1	1
J2	17	N	1
R1a	17	L	0,5
J1	6	C	0,5
R1b	2,6	Q	0
I	2,1	T	0
E1b	1		

Мы видим, что, по данным этих двух таблиц, состав гаплогрупп у кабардинцев, черкесов, адыгейцев и шапсугов в целом близок друг к другу или даже совпадает в пределах погрешностей расчетов. Наиболее заметно выпадают показатели у шапсугов по данным статьи Балановского и др. (2011), но понятно, что если по каким-то причинам доля гаплогруппы G у них ошибочно завышена, то доли других гаплогрупп будут соответственно занижены, что мы и видим в табл. 30,

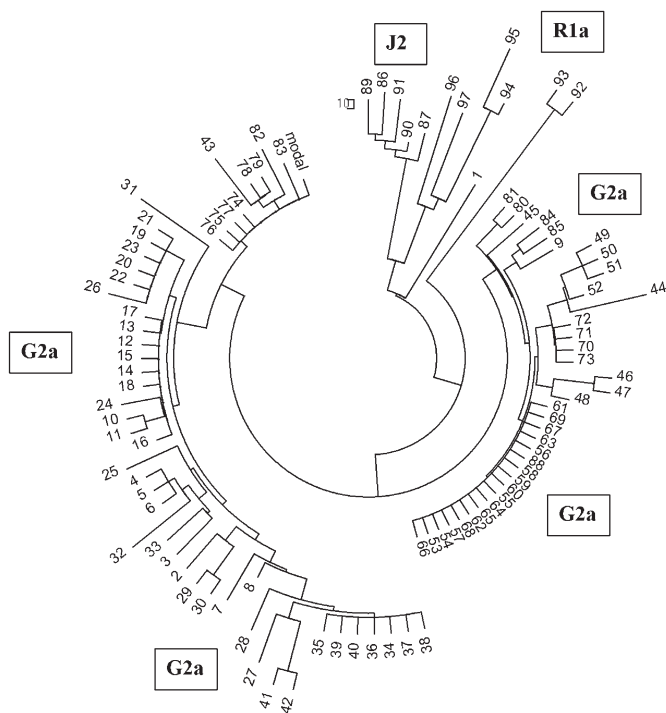
хотя по данным той же статьи доли гаплогрупп у черкесов хорошо согласуются с данными других источников. Проверить это возможно только по независимым источникам, например, по данным проектов FTDNA, перечисленным выше, действительно ли у шапсугов почти на 90 % наблюдается гаплогруппа G.

Проверка показала, что в двух базах данных из перечисленных выше имеются гаплотипы шапсугов, семь в одной базе, «Черкесской», из которых шесть относятся к гаплогруппе G и пять в другой базе, Проект «Адыгэ», все пять относятся к шапсугам гаплогруппы G. Так что по этим данным можно предварительно заключить, что шапсуги по составу гаплогрупп, то есть по ДНК-родовому составу, отличаются от кабардинцев, черкесов и адыгейцев. Тем не менее все 12 образцов шапсугов в обеих базах данных шли как «шапсуги = черкесы».

То, что состав гаплогрупп, субкладов и гаплотипов шапсугов действительно значительно отличается от того же у черкесов, во всяком случае в выборках по данным статьи (Balanovsky et al., 2011), видно из соответствующих деревьев гаплотипов на рис. 101 и 102.



**Рис. 101.** Дерево из 130 гаплотипов черкесов в 17-маркерном формате, построенное по данным статьи (Balanovsky et al., 2011). Показаны основные гаплогруппы



**Рис. 102.** Дерево из 97 гаплотипов шапсугов в 17-маркерном формате, построенное по данным (Balanovsky et al., 2011). Показаны основные гаплогруппы. Вся левая часть дерева и более половины правой — гаплогруппа G2a

На дереве гаплотипов шапсугов есть несколько «плоских» ветвей, с идентичными гаплотипами в пределах каждой ветви. Гаплотипы трех наиболее протяженных ветвей (справа, слева и внизу дерева) в 19-маркерном формате следующие:

14 23 15 10 13 14 11 12 11 13 12 31 17 15 20 12  
16 10 21,  
14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 16 20 12  
16 10 21,  
14 24 15 10 13 14 11 12 11 12 11 30 17 16 20 12  
15 10 21.

Пять гаплотипов шапсугов из проекта «Адыгэ», упомянутые выше, имели базовый гаплотип в 12-маркерном формате:

14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 30,

и четыре из них в 37-маркерном формате имели базовый гаплотип:

14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 30 17 9 9 11 11  
23 16 20 29 13 13 14 14 11 11 20 20 16 13 16 18  
35 36 11 10,

с датировкой общего предка  $2666 \pm 529$  лет назад (без округления).

Мы видим, что это явно близкородственные гаплотипы, просто из разных выборок. Но строение дерева гаплотипов у шапсугов и черкесов из данных выборки определенно различается. Так

что народы в древности могли быть одни и те же, но динамика их развития, возможно, пошла по разным путям. Шапсуги остались довольно однородным сообществом по их гаплогруппам (почти на 90 % гаплогруппы G2a), в то время как черкесы, адыгейцы и кабардинцы впитали в себя носителей других гаплогрупп, то есть других родов. Все гаплотипы из выборки гаплогруппы G2a из 84 гаплотипов шапсугов в 19-маркерном формате на дереве рис. 102 имели базовый гаплотип:

14 23 15 10 13 14 11 12 11 13 11 30 17 16 20 12  
16 10 21,

с датировкой общего предка  $2686 \pm 310$  лет назад (без округления), что — случайно или нет — совпадает с датировкой общего предка нескольких гаплотипов шапсугов выше. Датировка тех же гаплотипов, но в 17-маркерном формате —  $2728 \pm 316$  лет до общего предка, что практически одно и то же. Это для Кавказа — относительно недавняя датировка, начало-середина I тыс. до н. э. Похоже, что род шапсугов довольно однородно отошел от других родов адыгэ и сохраняет свою относительную однородность до настоящего времени. Интересно, что шапсуги гаплогруппы J2, которых в выборке из 97 человек (см. табл. 29) было всего 6 человек, имеют общего предка, ко-

торый жил  $2391 \pm 598$  лет назад, то есть в то же время, что и общий предок шапсугов гаплогруппы G2a (в пределах погрешности расчетов), что не противоречит положению о выделении шапсугов отдельной группой в начале-середине I тыс. до н. э. То же самое относится и к гаплогруппе R1a у шапсугов, общий предок которых жил  $2800 \pm 900$  лет назад.

В то же время у черкесов датировки общих предков значительно более древние — в гаплогруппе J2 (16 гаплотипов) общий предок жил  $7100 \pm 950$  лет назад, в гаплогруппе G2a (39 гаплотипов) —  $3800 \pm 470$  лет назад, в гаплогруппе R1a (xM458), то есть не включая R1a-M458, —  $4000 \pm 580$  лет назад. Соответствующие базовые гаплотипы:

12 24 14 10 14 15 12 13 11 31 17 16 20 11 15 8  
22 (J2),  
14 23 15 10 13 14 11 12 11 30 17 16 20 12 15 10  
21 (G2a),  
13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 15 14 20 13 16 11  
23 (R1a).

Если перейти к «глубоким» сникам, то таких у перечисленных народностей в базах данных немного. При этом часто образцы указываются как принадлежащие черкесам, шапсугам и кабардинцам одновременно.

Гаплогруппа G2a, цепочки сников следующие (выделены образцы в базах данных):

G - M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > V7991 (U1 — черкес, 2 человека; L1266 — адыгеец; L1264 — черкес, шапсуг, по несколько человек; абазин; V7991 — кабардинец, адыгеец),

G - M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > Z44222 > L654 (кабардинец и черкес),

G - M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTD574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > Z44222 > FT13327 (черкес и шапсуг),

G - M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > S9409 > Y142068 (черкес),

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > PF3148 > PF3177 > FGC6669 (черкес).

Мы видим, что за исключением последней цепочки сников, первые четыре цепочки расходятся от сника G2a-L1264, который образовался 33 сник-мутации, или примерно 4750 лет, назад. Это как раз то время, или непосредственно перед ним, когда начался геноцид носителей гаплогруппы G2a в Европе (см. выше). Потомки этих линий прибыли на Кавказ, разумеется, несколько позже и сформировали сообщества кабардинцев, адыгейцев, черкесов и шапсугов (и, видимо, абазин, о которых речь пойдет далее в этой книге).

Гаплогруппа J1, цепочки сников следующие:  
J1-M267 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > ZS3114 > ZS3084.

Последний сник, найденный у кабардинца, образовался 37 сник-мутаций, то есть примерно 5,3 тыс. лет назад. Таким образом, эта линия «обходит» сник P58 и не ведет к типичным линиям евреев, как обсуждалось выше.

Гаплогруппа J2a, цепочки сников следующие (все — кабардинцы):

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 > Y7800 > Y20904 > Y73990 (= Y78769).

Последний сник найден также у чеченца (см. соответствующий раздел), сник образован всего 9 сник-мутаций, или примерно 1,3 тыс. лет, назад.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > Z438 > Z387 > Y17949 > FGC35461 > FGC34168 > FGC35489 > Z39975 > Z39973 (кабардинец и черкес).

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > PF5172 > Z7314 > BY164155 (кабардинец).

Как видно, две последние линии кабардинцев разошлись от сника PF5160, который образовался 110 сник-мутаций, или примерно 16 тыс. лет, назад, то есть являются чрезвычайно удаленными друг от друга и практически независимыми.

В отношении гаплогруппы R1a в «Черкесской» базе данных, из 10 гаплотипов, для которых были определены более-менее «глубокие» сники, семь оказались носителями субклада R1a-Z93, и 3 сника — представители линий Z280, M458

и Z284, редкого на Кавказе (и на Русской равнине) «скандинавского» субклада. Цепочки снийпов следующие:

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > **Z2123** > Y934 > **YP451** > YP449 > YP450 > **FGC22480** (= **YP457**) (6 кабардинцев и 1 черкес; последний снийп выявлен у 4 кабардинцев и 1 черкеса).

Последний снийп образовался всего 10 снийп-мутаций, или примерно 1,4 тыс. лет, назад, в середине I тыс. н. э. Предшествующий ему снийп (YP450) был найден у чеченца.

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y2910 > **Y2915** (черкес).

M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > **YP263** (шапсуг, он же черкес в базе данных).

Z284 > S4458 > S5103 > S5153 > L448 > CTS4179 > YP704 > YP3950 > **YP4345** (кабардинец).

Последние три выделенных снийпа гаплогруппы R1a образовались примерно в одно время, 14, 14 и 13 снийп-мутаций назад, то есть в интервале 1,8 тыс. — 2 тыс. лет назад, в начале нашей эры. Скорее всего, это было уже на Кавказе.

## 24. КУМЫКИ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают немногим более полу-миллиона кумыков, из них 86 % в Дагестане, примерно по 3% в Северной Осетии и Ханты-Мансийском автономном округе, 2 % в Чеченской Республике, остальные в других регионах России. Состав кумыков по гаплогруппам по данным двух независимых выборок приведен в табл. 31а.

**Таблица 31а.** Состав кумыков по гаплогруппам по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и трех статей. Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	По данным Eupedia, менее 100 чел., %	По данным статьи*, 73 чел., %	По данным статьи**, 73 чел., %	По данным статьи***, 70 чел., %
J1	21	16	42,5****	35
R1b	20	15	20,5	22
J2a	25	15	н/п	12
R1a	13	11	15	7*****
R1a-M458	н/п	1	н/п	1
Другие R1a*****	н/п	10	н/п	6*****
G2a	12	10	14	15*****
R2	н/п	2	2,7	н/п
I2	0	н/п	0	2
E1b	2,5	2	2,7	н/п
T	1,5	1	н/п	н/п
O	н/п	1	1,4	н/п

\* Yunusbayev B. et al. *The Caucasus as an asymmetric semipermeable barrier to ancient human migrations* // *Molecular Biology Evolution*. 2012. V. 29. №1. P. 359–365.

\*\* Tambets K. et al. *Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations* // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\*\* Схалыхо Р. А. и др. Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме // *Вестник Московского университета. Серия XXIII: Антропология*. 2013. №2. С. 34–48.

\*\*\*\* Сумма гаплогрупп J1 и J2.

\*\*\*\*\* Оценка по круговой диаграмме в статье; конкретные числа в статье не приведены. Вообще эта статья представляется мало достоверной, изложение весьма примитивно и неряшливо, много небрежных фраз, как, например: «В литературе недавно описана ветвь M458...», когда она четырьмя годами ранее, уже в 2009 г., была в официальной номенклатуре ISOGG. Впрочем, подобные небрежности характерны для группы Е. В. и О. П. Балановских, и это неоднократно обсуждалось в литературе. В данных, взятых выше из их статьи (2011), были ошибки определения гаплогрупп, что не отмечалось и не обсуждалось, поскольку не влияло на выводы, сделанные нами.

По самым основным гаплогруппам в таблице наблюдаются значительные расхождения, но в целом картина ясна — гаплогруппы J1, R1b и J2a численно преобладают по сравнению с другими (хотя примерно в равной степени по данным сайта Eupedia и одной статьи и в значительно неравной степени по данным другой статьи, под руководством Балановских).

Справочники обычно сравнивают кумыков с азербайджанцами в отношении их гаплогрупп. Это справедливо в целом, поскольку и у тех и у других первые три численно доминирующие гаплогруппы — J1, R1b и J2, у кумыков они в сумме составляют 66 % (по данным Eupedia) и 46 % (по данным статьи Yusunbayev et al.), у азербайджанцев — 53 % (по данным Eupedia) и 52 % (по данным FTDNA). Правда, у кумыков больше гаплогрупп J1 и R1a (16–21 % и 11–13 %), чем у азербайджанцев (11–15 % и 7–8 %), но это можно списать на ограниченность выборок.

Некоторые исследователи предполагают, что предками кумыков были хазары, но это при почти полном отсутствии данных по хазарам — просто беспочвенные фантазии. У ископаемых хазар пока найдены гаплогруппы R1a-Z93 (Klyosov A. A., Faleeva T. G. Excavated DNA from Two Khazar Burials // *Advances in Anthropology*. 2017. V. 7. №1. P. 17–21), в то время как у современных кумыков доля гаплогруппы R1a на уровне 11–13 %, и то 1 % у них по двум выборкам относится к европейской (или западнославянской) гаплогруппе R1a-M458. Так что с хазарами как предками значительной части кумыков пока складывается плохо.

Можно сопоставить сніпы кумыков и азербайджанцев, чтобы понять, много ли между ними общего. Проблема в том, что у кумыков есть всего несколько данных по сніпам, в основном по базе данных «Кавказский Проект» (<https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>), причем только по гаплогруппе J1, наиболее выраженной по кумыкам. Они — следующие:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > **Y4423 (= Z18436)** > CTS1460 > CTS7188 > BY100 > ZS2872 > BY55308 > **BY56385 (= Y11302)** (один и два человека соответственно).

Эта линия сніпов найдена у башкир (до сніпа CTS1460), украинцев (до сніпа ZS2873) и чеченцев (до сніпа BY55308). Последний сніп (выделен) образовался 18 сніп-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад. На линии этого сніпа, выше и ниже него, находится целая гроздь сніпов чеченцев. Азербайджанцев там не видно, хотя не исключена ограниченность выборки.

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 (= Z18436) > CTS1460 > YSC0000414 > **S12993**

Мы видим ту же ДНК-линию, до сніпа CTS1460 (образовался 43 сніп-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад), и затем расходящуюся на две линии, обе заканчиваются (до известной степени) в обществе кумыков. Азербайджанцев там пока не найдено.

Глубоких сніпов по кумыкам других гаплогрупп в базах данных не найдено, что не позволяет глубже рассмотреть их происхождение и соотношение с другими народами.

\*\*\*

На этом мы заканчиваем с народами «полумиллионниками» и переходим к народам меньшей численности.

## 25. ЯКУТЫ

По данным переписи населения (2010 г.), в РФ насчитывается около 480 тыс. якутов, из которых 98 % проживают в Республике Саха (Якутия), большинство остальных — в относительно близлежащих Иркутской и Магаданской областях, в Хабаровском и Красноярском крае.

Состав гаплогрупп якутов показан в табл. 32.

Таблица 32 показывает, что среди якутов-мужчин подавляющее большинство относится к гаплогруппе N1a, из них подавляющее большинство — к субкладу N1a1-M46.

В статье B. Pakendorf, et al. (Pakendorf B. Investigating the effects of prehistoric migrations in Siberia: genetic variation and the origin of Yakuts // *Human Genetics*. 2006. V. 120. №3. P. 334–353) были опубликованы 172 гаплотипа якутов в 9-маркерном формате, и по этим данным в двух статьях (Адамов Д. С. Расчет возраста популяций якутов, принадлежащих к гаплогруппе N1c1 //



**Таблица 32.** Состав якутов по гаплогруппам по данным трех статей.

Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	По данным статьи*, % от 216 чел.	По данным статьи**, % от 109 чел.	По данным статьи***, % от 369 чел.
N1a	87	92	90
N1a1-M46	83	89	86
N1a2b-P43	4	3	4
C2-M217	6,5	4	4,9
C2a-M48	2,8	н/п	н/п
C2b-F1067	1,9	н/п	н/п
R1a	4,6	4	3,5
R1a-M198	3,7	н/п	3,5
R1a-M458	0,9	н/п	н/п
I-M253	1,4	н/п	0,5
R1b-M269	0,9	н/п	0,8

\* Fedorova S. A., et al. Autosomal and uniparental portraits of the native populations of Sakha (Yakutia): implications for the peopling of Northeast Eurasia // *BMC Evolutionary Biology*. 2013. V. 13. №1. P. 127.

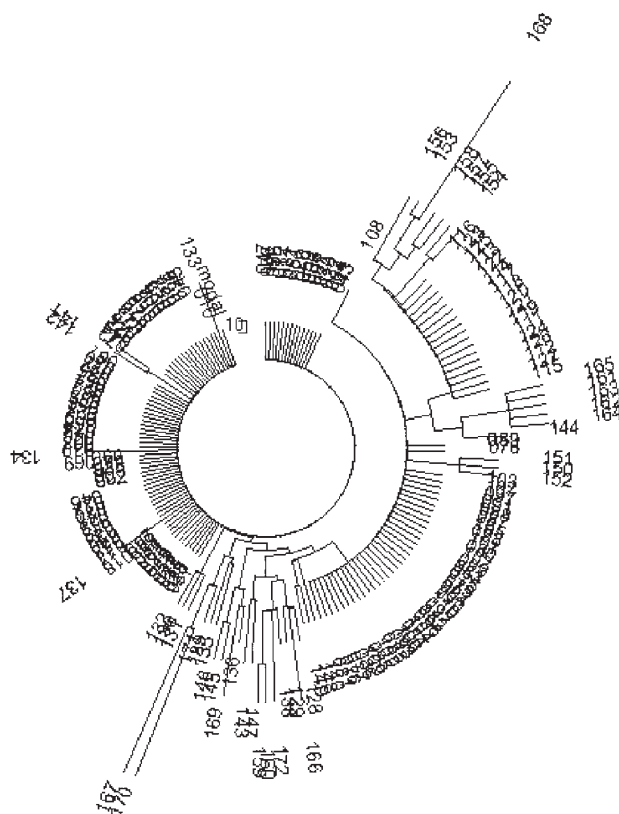
\*\* Харьков В. Н. и др. Происхождение якутов: анализ гаплотипов Y-хромосомы // *Молекулярная биология*. 2008. Т. 42. №2. С. 226–237.

\*\*\* Tambets K., et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008. Т. 1. №4. С. 646–655; Адамов Д. С., Клёсов А. А. Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008. Т. 1. №5. С. 855–907) был рассчитан предковый гаплотип этой группы якутов:

14 23 14 11 11 13 14 16 32,

и вычислено, что их общий предок жил  $1300 \pm 200$  лет назад. Дерево гаплотипов приведено на рис. 103, и на нем ясно видны несколько плоских, то есть относительно недавних ветвей гаплотипов.



Гаплотипов якутов в базах данных очень мало, причем данные запутаны. Например, в Проекте FTDNA «Североевразийский проект гаплогруппы N» (<https://www.familytreedna.com/public/N%20Russia%20%20DNA%20Project?iframe=yresults>) есть раздел «Ветвь якутов-сойотов субклада M2019», но сойоты — это бурятский народ. Более того, в этом разделе присутствуют венгры, хорват, турок, эстонец, казахи, ногайцы, татарин, русский, и, как результат, раздел разнородный, с условным общим предком более 3 тыс. лет назад. Базовый гаплотип его также отличается от предкового гаплотипа якутов. Наконец, для большинства представителей этого раздела глубокие субклады не определены, включая сноп N1a1-M2019, который образовался 45 сноп-мутаций, или примерно 6,5 тыс. лет, назад. Если его действительно имеют перечисленные выше представители разных народов, то он намного превышает «сноповый» ареал якутов. Похоже, что сноп якутов — это M1991, который образовался всего 10 сноп-мутаций, или примерно  $1440 \pm 200$  лет, назад, и это согласуется с временем жизни общего предка якутов, рассчитанным по их гаплотипам.

Список YFull приводит несколько якутов со следующими снопками:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > M2019 > M2058 > M2016 > **M1993** > M1991 > **M1988**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > M2019 > M2058 > M2016 > M1993 > M1991 > **Y25011**.

Обозначенный здесь сноп M2016 образовался 25 сноп-мутаций, или примерно 3,6 тыс. лет, назад, сноп M1993, который здесь (у якута) явно недотипирован, образовался 20 сноп-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад, и, наконец, сноп M1991 — 10 сноп-мутаций, или примерно 1440 лет назад, как и сноп Y25011. Сноп M1988 совсем недавний, образовался всего 4 сноп-мутации, или примерно 600 лет, назад, скорее всего, уже в среде якутов.

Сноп M2126 был показан в этой книге десятки раз, в ДНК-линиях разных народов, но у них за этим снопом всегда следовал L1026. У якутов цепочка снопов поворачивает на M2019, и не только у якутов, но и у многих венгров, эстонцев, китайцев, турок. Поэтому M2019 — отнюдь не уникальный у якутов, тем более что он образовался

6,5 тыс. лет назад, как сообщалось выше. Видимо, уникальность якутов начинается со снopa M1991. Поэтому якуты — не предки финнов, как часто сообщается при обсуждениях, якуты — боковая ветвь от линии, ведущей к финнам. Или, если угодно, финны — боковая ветвь.

Представляет интерес рассмотреть буквально уникальную ситуацию с гаплотипами 65 якутов, которые погибли (видимо, замерзли) и мумифицировались, и их гибель датируется археологами между XV и XIX вв. н. э. Раскопки производились в Якутии (Восточная Сибирь), и для 15 останков французскими палеогенетиками были определены 17-маркерные Y-хромосомные гаплотипы (Crubézy E., Amory S. et al. Human evolution in Siberia: from frozen bodies to ancient DNA // BMC Evolutionary Biology. 2010. V. 10. №1. P. 25). Дерево из 15 гаплотипов в 17-маркерном формате приведено на рис. 104.

В итоге 14 гаплотипов гаплогруппы N1a1 имели 20 мутаций от базового гаплотипа:

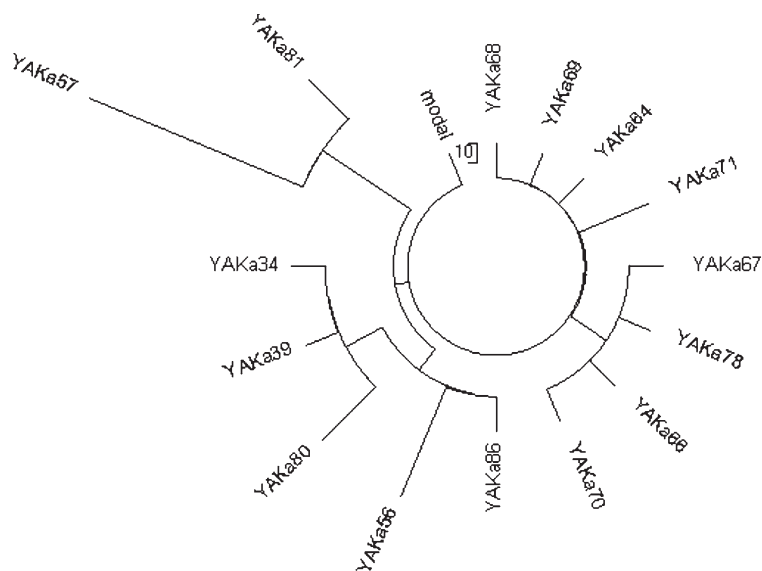
14 23 14 11 11 13 10 14 16 32 14 19 12 14 11 22.

Полученный 17-маркерный базовый гаплотип идентичен по всем девяти маркерам для гаплотипа современных якутов, приведенного выше (эти девять маркеров выделены в предковом гаплотипе древних якутов):

**14 23 14 11 11 13 10 14 16 32 14 19 12 14 11 22.**

Это число мутаций соответствует датировке общего предка древних якутов  $20/14/0,0365 = 39 \rightarrow 41$  условное поколение, или 1025 лет до их гибели. Поскольку найденные мумии датируются 200–600 лет назад, то их общий предок жил 1225–1625 лет назад, что в пределах погрешности согласуется с датировкой общего предка современных якутов,  $1300 \pm 200$  лет назад, см. выше. Иначе говоря, это та же самая популяция якутов, только разделенная по времени несколькими столетиями.

Напомним, что 0,0365 — это константа скорости мутации для 17-маркерных гаплотипов, а поправка на возвратные мутации ( $39 \rightarrow 41$  условное поколение) рассчитывалась по обычному методу, исходя из среднего числа мутаций на маркер в рассматриваемой серии гаплотипов. Это среднее число мутаций в данном случае равно  $20/14/17 = 0,0840$ , и поправка равна числу, натуральный логарифм которого равен 0,0840, с добавлением единицы и разделенного пополам,

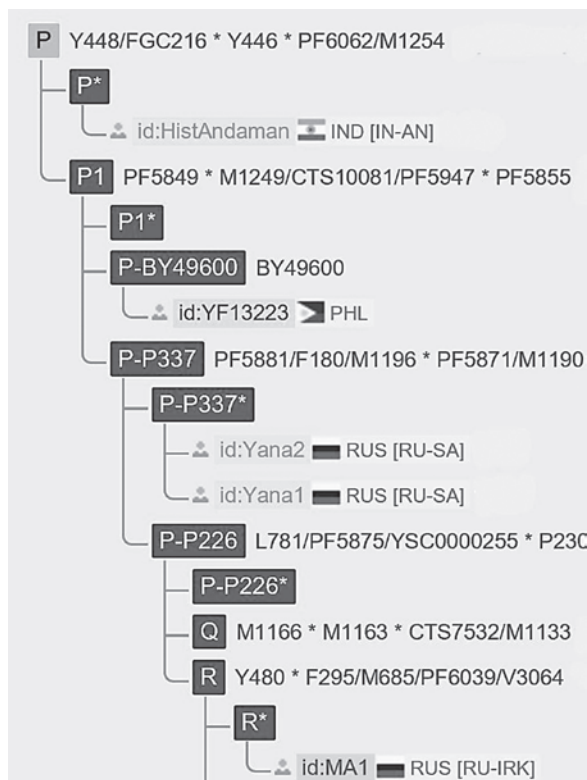


**Рис. 104.** Дерево 17-маркерных гаплотипов якутов (гаплогруппа N1a1), погибших 200–600 лет назад и мумифицированных. Приведены данные для 15 гаплотипов, для которых не было пропусков в маркерах (Crubezy et al., 2010). Гаплотип YAKa57 по данным цитируемой статьи не относится к гаплогруппе N1a1

то есть  $(1,0877 + 1)/2 = 1,044$ . Умножаем на него 39 (условных поколений) и получаем 41, и поскольку условное поколение равно 25 лет, то получаем  $41 \times 25 = 1025$  лет назад.

В списке YFull есть одна характерная запись — это наличие у двух якутов гаплогруппы P337, см. диаграмму ниже. Здесь индекс RU-SA означает Россия, Республика Саха. Слип P337 образовался 207 слип-мутаций, или примерно 30 тыс. лет, назад. Вышестоящие субклады P и P1 найдены на островах в Индии и на Филиппинах. Это еще раз иллюстрирует, что недавняя гаплогруппа N1a1 с датировкой общего предка у якутов всего 1,3 тыс. лет назад — это явная аномалия, сигнализирующая о трагедии, которая произошла с якутскими мужчинами в конце I тыс. н. э., видимо, с заменой их ДНК на ДНК пришельцев, и от них уже пошел отсчет наследственности якутов, возможно, и их тюркского языка.

**Рис. 105.** Фрагмент диаграммы слипов гаплогруппы P по данным сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/P/>). Индекс RU-SA означает Республика Саха в России. Индекс MA1 относится к ископаемой ДНК гаплогруппы R\*, найденной недалеко от Байкала в селении Мальта Иркутской области



## 26. ЛЕЗГИНЫ

По данным переписи российского населения, в РФ проживают свыше 470 тыс. лезгин, причем регион их проживания разделен между Дагестаном и Азербайджаном (рис. 106).



**Рис. 106.** Ареал проживания лезгин по данным сайта Википедия

Из общего количества лезгин в РФ в Дагестане проживает 81 %, относительно небольшие количества лезгин живут в Тюменской области (3 %), в Ставропольском крае (2 %) и в Москве (1 %).

В табл. 33 показано распределение лезгин по гаплогруппам по данным из различных источников. Показатели варьируются, но в целом наблюдается разумное согласие данных — максимально представленной гаплогруппой у лезгин является J1 (причем по данным цитируемой статьи у всех лезгин этой гаплогруппы не наблюдается снип R58, что мы не раз обсуждали ранее в этой книге, а именно что это не «еврейские линии гаплогруппы J1»). На втором месте по всем источникам стоит гаплогруппа R1b, на третьем — типичная кавказская (в данном контексте) гаплогруппа G2a. Далее происходит резкий сброс к минорным по численности гаплогруппам.

Помимо представленных в табл. 33 показателей, есть очень мало данных по гаплогруппам лезгин, разбросанным по нескольким Проектам FTDNA, наиболее значимые Проекты: «Азербайджанский», «Дагестанский», «Проект гаплогруппы J» и «Проект J-P56»:

<https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan?iframe=yresults> — 3 лезгина,  
<https://www.familytreedna.com/public/dagestan?iframe=yresults> — 5 лезгин,  
[https://www.familytreedna.com/public/Y-DNA\\_J?iframe=yresults](https://www.familytreedna.com/public/Y-DNA_J?iframe=yresults) — 3 лезгина,  
<https://www.familytreedna.com/public/J-P56?iframe=yresults> — 1 лезгин.

**Таблица 33.** Состав лезгин по гаплогруппам по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), статьи и материалов диссертации. Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	По данным Eupedia в %, 100–250 чел.	По данным статьи*, % от 80 чел.	По данным диссертации**, % от 31 чел.
J1	43,5	44	58
R1b	21,5	30	16
G2a	17,5	14	10
T	6	2,5	н/п
E1b	3,5	1	6
R1a	2,5	4	н/п
I	2	н/п	9***
J2a	1,5	2,5	н/п
L	1	1	н/п
N	1	1	н/п
Q	0	н/п	н/п

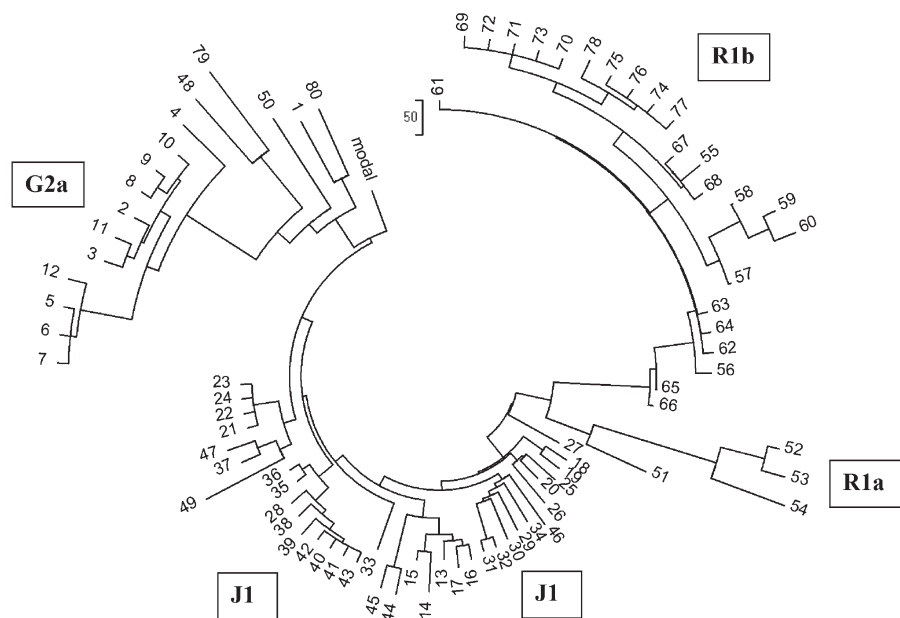
\* *Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920.*

\*\* Юнусбаев Б. Б. Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y-хромосомы и A1U-инсерций: дисс. канд. биол. наук: 03.00.15. Уфа, 2006. 107 с.

\*\*\* I1 — 3 %, I2 — 6 %.

Но лезгин в них среди сотен (и тысяч) гаплогрупп почти нет. В «Дагестанском Проекте» находятся гаплотипы 5 лезгин, во всех остальных — от 1 до 3 образцов, дублирующих гаплотипы в «Дагестанском Проекте». Типирование везде самое поверхностное, но администраторы Проекта по своим соображениям разнесли эти 5 гаплотипов по разделам с предполагаемыми (администраторами) снипами. Мы разберем их ниже.

На рис. 107 приведено дерево 19-маркерных гаплотипов, построенное по данным статьи (Balanovsky et al., 2011).



**Рис. 107.** Дерево 80 гаплотипов лезгин в 19-маркерном формате, данные взяты из статьи (Balanovsky et al., 2011). Показаны ветви основных гаплогрупп. Минорные по численности гаплогруппы: E1b (1), J2 (48, 49), L2 (50), N1a1 (51), T (79, 80)

Ветви гаплогрупп показывают их неоднородность, отражающую состав субкладов. В ветви R1b (гаплотипы 55–78) имеется по меньшей мере шесть подветвей, в ветви J1 (гаплотипы 13–47) по меньшей мере шесть подветвей, в ветви G2a (гаплотипы 2–12) — три подветви.

### Гаплогруппа J1

Около половины лезгин относятся к гаплогруппе J1. В «Дагестанском Проекте» из 5 гаплотипов лезгин три относятся к гаплогруппе J1. Хотя прямое типирование у них было поверхностным, на уровне J1-M267, администраторы Проекта попытались у двух линий реконструировать «глубокие» сніпы:

J-M304 > J1-M267 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > **Y4423**,

J-M304 > J1-M267 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > **ZS3114**.

Как видно, эти две линии расходятся от сніпа Z1842, но это вряд ли информативно, потому что этот сніп образовался 59 сніп-мутаций, или примерно 8,5 тыс. лет назад.

Поскольку дерево гаплотипов выявляет по меньшей мере шесть ветвей в гаплогруппе J1,

они все относительно «неглубокие», то есть относительно недавние у лезгин. Действительно, их общий предок жил всего  $4562 \pm 559$  лет назад (без округления), хотя обычно в этой гаплогруппе общие предки жили много тысячелетий назад. Условный предковый (базовый) гаплотип этой гаплогруппы у осетин:

12 23 14 10 12 18 11 13 11 14 11 30 20 14 21 11 15 10 21.

Он близок к соответствующим базовым гаплотипам у чеченцев, аварцев и даргинцев:

12 23 15 10 12 18 11 13 11 13 11 30 19 14 21 11 15 10 21,

12 23 14 10 12 17 11 13 12 14 11 30 20 14 21 11 15 10 21,

12 23 14 10 12 18 11 13 12 13 12 29 20 14 21 11 15 10 21,

отличаясь на минимальное количество мутаций, а именно на 3, 2 и 3 мутации соответственно, что эквивалентно временному расстоянию на 1425 (для 2 мутаций) и 2200 лет (для 3 мутаций). Общие предки всех мужских популяций жили примерно в одно и то же время,  $4800 \pm 540$ ,  $4300 \pm 480$  и  $4500 \pm 660$  лет назад соответственно, и общий предок всех четырех популяций, включая лезгин, жил примерно 5,1 тыс. — 5,8 тыс. лет



назад. От него и пошли будущие лезгины, чеченцы, аварцы и даргинцы.

### Гаплогруппа R1b

Все 24 гаплотипа лезгин из выборки статьи (Balanovsky et al., 2011) начинаются с маркера DYS393 = 12, это означает, что все эти гаплотипы — потомки насельников ямной культуры, как было показано ранее. Предковый гаплотип следующий:

12 25 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 18 15 19 12  
16 12 24,

и его носитель, общий предок лезгин гаплогруппы R1b из выборки, жил  $1400 \pm 250$  лет назад. Это — середина I тыс. н. э., намного позже самой ямной культуры, так что этот гаплотип пришел к лезгинам относительно недавно, видимо, из других кавказских племен.

### Гаплогруппа G2a

На дереве гаплотипов видно, что ветвь G2a у лезгин (из 12 гаплотипов) состоит из двух подветвей (7 и 5 гаплотипов), базовые гаплотипы которых:

14 22 17 11 15 18 11 12 11 11 10 28 18 16 21 11  
15 10 21,  
15 22 17 11 15 17 11 12 10 11 10 28 20 16 21 11  
15 10 21.

Датировка общего предка первой подветви  $1219 \pm 372$  года назад (без округления), второй ветви —  $171 \pm 171$  года назад. Причина столь большой погрешности второй (малой) подветви заключается в том, что там на 95 маркеров приходится всего только 1 мутация, что дает погрешность  $\pm 100\%$ . И действительно, там, где в серии гаплотипов только 1 мутация, равновероятно могло быть 2 мутации или не быть ни одной.

Между этими гаплотипами имеется 5 мутаций, что эквивалентно  $5/0,03681 = 136 \rightarrow 157$  условным поколениям, или примерно 3925 годам, и общий предок обеих подветвей жил  $(3925 + 1219 + 171)/2 = 2658$  лет назад (без округления). Если же обработать сразу всю серию из 12 гаплотипов, не разделяя ее на подветви, то получится, что общий предок жил  $2285 \pm 454$  года назад, на 400 лет позже. Этот пример показывает, что, когда подветви несимметричны по количеству гаплотипов и по форме, результаты расчетов получаются искаженными.

Наверное, уже неудивительно, что и в гаплогруппе G2a общие предки лезгин жили значительно позже, чем многие другие народности Кавказа. Это же наблюдается в гаплогруппах J1 и R1b. Либо их предки были в значительной степени уничтожены ранее 4,5 тыс. лет назад и проходили «бутылочное горлышко» выживания, что заняло разное время в разных гаплогруппах, либо лезгины — относительно недавнее образование на Кавказе.

\* \* \*

Носители всех остальных гаплогрупп исчисляются единицами (1–3) в рассматриваемой выборке из 80 человек, и анализ их ветвей практически невозможен. Более того, из 3 гаплотипов гаплогруппы R1a 2 гаплотипа родственны (различаются только на 1 мутацию), и третий отстоит от них довольно далеко. Что-либо сказать об их происхождении практически нельзя.

## 27. БУРЯТЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают немногим более 460 тыс. бурят, из них 62 % в Республике Бурятия, 17 % в Иркутской области и 16 % в Забайкальском крае, это в сумме уже 95 % бурят.

Данные первых двух статей неплохо согласуются друг с другом, данные статьи Харькова и других противоречат двум первым по всем показателям состава гаплогрупп. Разнобои такого масштаба происходят редко, и в чем причина — или разные выборки, что вряд ли, в каждой по 300–400 человек, или такая квалификация исследователей, или, наконец, что буряты настолько неоднородны в своих основных по численности гаплогруппах, что не понять, какая гаплогруппа численно доминирует — N1a1 или C2-M217. Но при выборках в сотни человек это можно было заметить. По согласованию первых двух статей принимаем, что их данные более достоверны и что у бурят численно преобладает гаплогруппа C2-M217. К тому же в списке YFull есть данные по сницам всего трех бурят, и все три — гаплогруппы C2-M217.

Есть крошечный Монгольский Проект FTDNA, <https://www.familytreedna.com/public/>

mongol/default.aspx?section=yresults, из 17 человек, в котором 16 человек «несгруппированы», один «сгруппирован», это бурят с гаплогруппой C-M407 (мы рассмотрим ее ниже, по современной номенклатуре это C2b1a1a1a, образовалась 52 снип-мутации, или примерно 7,5 тыс. лет, назад), и еще один бурят имеет снип C-M216, но это сама гаплогруппа C-M130, синонимичный снип.

**Таблица 34.** Состав бурят по гаплогруппам по данным статей Tambets et al., 2018\*, Деренко и др., 2006\*\* и Харьков, 2014\*\*\*. Процентные соотношения в ряде случаев округлены

Гаплогруппа	По данным статьи*, 385 чел., %	По данным статьи**, 238 чел., %	По данным статьи***, 298 чел., %
C2-M217	59,5	63,9	40
N1a1	26,5	18,9	48
O	0,8	8,8****	4
R1a	1,6	2,1	4
R2a	1,6	н/п	2,6
E	0	0	1,3
N (xN1a1)	1,3	1,3	н/п
R1b	0,8	0,8****	н/п
G-M201	0,3	0,4	н/п
I-M270	0,3	0,4	н/п

\* Tambets K. et al. *Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations* // *Genome Biology*. 2018. V. 19. № 1. P. 139.

\*\* Деренко М. В. и др. *Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири* // *Доклады Академии наук*. 2006. Т. 411. № 2. С. 273–277.

\*\*\* Харьков В. Н. и др. *Генофонд бурят: клинальная изменчивость и территориальная подразделенность по маркерам Y-хромосомы* // *Генетика*. 2014. Т. 50. № 2. С. 203.

\*\*\*\* В статье приведена архаичная номенклатура гаплогрупп, указанные показатели реконструированы.

Наконец, в списке YFull имеются данные по снипам трех бурят (выделены в цепочке снипов):

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > M504 > Y11121 > F3796 > Y11098 > Y4580 > Y4633 > **Y8818**,

C-M130 > C2-M217 > C2b-F1067 > F2613 > Z1300 > CTS2657 > CTS11990 > CTS8579 > Y13856 > M407 > F3850 > F8465 > **Z4328** (2 человека).

Вот, собственно, и все данные по бурятам, которые удалось найти. Можно, правда, еще указать базовый гаплотип для бурят, носителей гаплогруппы C2b, приведенный в цитированной выше статье (Харьков и др., 2014):

14 23 15 10 11 18 11 12 12 10 11 25 8 10 12 11 11.

Но он приведен в нестандартном 17-маркерном формате, в котором последние 3 маркера соответствуют последним по счету маркерам 111-маркерных гаплотипов (DYS436, DYS434, DYS435). Первые 5 маркеров совпадают с таковыми у чеченца той же гаплогруппы C2b:

C-M130 > C2-M217 > C2b-F1067 > F2613 > Z1300,

но дальше снипы у чеченца не определены.

В той же статье приведен и базовый гаплотип группы N1a1 у бурят:

14 23 14 10 11 13 11 12 10 11 14 27 8 10 12 8 11.

Этот гаплотип идентичен с базовым гаплотипом одной из казахских ветвей той же гаплогруппы на первых 9 маркерах и на первых 8 маркерах с одним из Рюриковичей, Пузыной, из русских дворян и польско-литовских князей. Это, разумеется, не показывает бурятских корней Рюрика, но свидетельствует о путях древних миграций будущих европейских носителей гаплогруппы N1a1 более 10 тыс. лет назад, когда никаких бурят, конечно, не было.

## 28. ИНГУШИ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 445 тыс. ингушей, из которых 87 % живут в Ингушетии, 6 % — в Северной Осетии, 1 % — в Москве и 0,3 % — в Чеченской Республике.

Показанные выше данные не приводятся в разделе «Ингуши» в Википедии, вместо них приведены показатели для пяти гаплогрупп со ссылкой на Лейлу Гагиеву, интернет-газета «Ингушетия», 2016, но, к сожалению, показатели для гаплогрупп J2 и J2a перепутаны, приведена высокая доля гаплогруппы J2 и малая — гаплогруппы J2a, когда должно быть наоборот. Остальные показатели полуколичественно примерно такие же, как в табл. 35, поэтому здесь не приведены.

Дерево гаплотипов ингушей приведено на рис. 108.

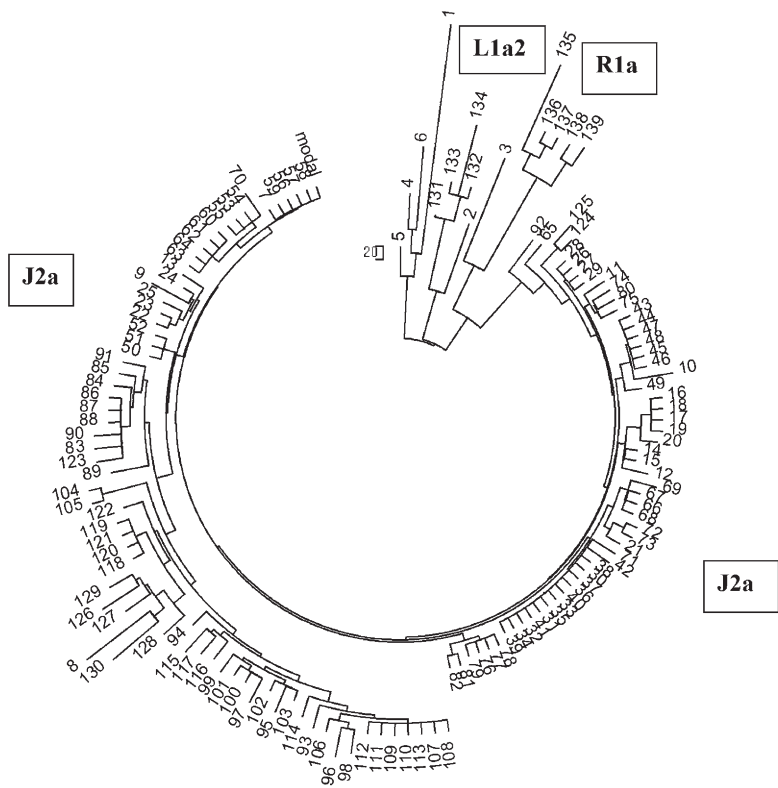
**Таблица 35.** Состав ингушей по гаплогруппам по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), статьи\* и базы данных «Ингушский проект FTDNA» (<https://www.familytreedna.com/public/Ingush/default.aspx?section=yresults>). Процентные соотношения округлены. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	По данным Eupedia в %, 100–250 чел.	По данным Проекта FTDNA, в % от 290 чел.	По данным статьи*, в % от 139 чел.
J2a	88	82	88**
R1a	3,5	2	3,6
L1	3	9	2,9***
J1	2,5	5	2,2
G2a	2	2	1,4
I2a	1	0,3	0,7
R1b	0	н/п	н/п
E1b	0	н/п	н/п
T	0	н/п	н/п
N	0	н/п	н/п
Q	0	н/п	н/п

\* Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // *Molecular Biology and Evolution*. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920.

\*\* Гаплогруппа J2\* — 1,4 %.

\*\*\* Гаплогруппа L1a2-M357.



**Рис. 108.** Дерево из 139 гаплотипов ингушей в 17-маркерном формате, данные взяты из статьи (Balanovsky et al., 2011). Показаны ветви основных гаплогрупп. Минорные по численности гаплогруппы: G2a (гаплотипы 1, 2), I2a (3), J1 (4–6), L1a2-M357 (131–134), R1a (135–139). Гаплотипы 7 и 8 были определены в цитируемой статье как относящиеся к гаплогруппе J2\*, то есть без нисходящих субкладов, однако гаплотип 7 идентичен ряду гаплотипов группы J2a (плоская ветвь слева вверх), и только гаплотип 8 показывает отличие от серии гаплотипов J2a. Все остальные гаплотипы дерева относятся к гаплогруппе J2a

## Гаплогруппа J2a

Видно, что гаплотипы группы J2a расходятся на дереве на две большие ветви, слева и справа. В левой — 69 гаплотипов, в правой — 55 гаплотипов. Их базовые (предковые) гаплотипы имеют вид соответственно:

12 22 14 10 13 16 11 13 11 30 17 15 20 10 17 9 23,

12 21 14 10 13 16 12 13 11 29 16 15 20 10 16 9 23,

и их общие предки жили  $3386 \pm 391$  и  $1191 \pm 173$  года назад соответственно (без округления). Между ними — 5 мутаций, что эквивалентно  $5/0,0365 = 137 \rightarrow 160$  условным поколениям, или 4 тыс. лет. Это значит, что общий предок обеих ветвей жил  $(4000 + 3386 + 1191)/2 = 4300$  лет назад.

Попытаемся понять, что это означает в контексте кавказских родственных народностей. К сожалению, в цитированной статье (Balanovsky et al., 2011) почти все гаплотипы отнесены к субкладу J2a4b\*-M67 (xM92), да и тот «непрямой», а с исключениями. То, что его номенклатура давно устарела, в этом вины авторов нет, для статьи 2011 г. это неизбежно (авторы использовали номенклатуру ISOGG 2010 г.). По современным данным, сний M67 образовался 90 сний-мутаций, или примерно 13 тыс. лет назад, так что он весьма неинформативен. Вот, например, где он находится в цепочке сний одного из ингушей из списка YFull (в котором приведены данные для 25 ингушей гаплогруппы J2a, мы рассмотрим их ниже):

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > V2639 > Y25813 > **Y59625**.

Действительно, в этой цепочке нет сния M92, который встречается у многих чеченцев (см. выше), а также у армян, турок, палестинцев, сирийцев и других жителей Ближнего Востока. Приведем цепочку сний у многих армян, в которой есть снии как M67, так и M92:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > PF7412 > SK1344 > Z36892 > BY22478.

Еще примеры цепочек сний у осетин, кабардинцев, чеченцев, в которых, как и у ингу-

шей, сний M92 обходится, хотя сний M67 присутствует:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > **Z7671** (осетин),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7391 > Y7800 > Y20904 > **Y73990 (= Y78769)** (кабардинец и чеченец).

Все они расходятся от сния M67 > Z1847, последний образовался 81 сний-мутацию, или примерно 11,7 тыс. лет, назад, то есть еще в мезолите. Поскольку древнейшая находка носителя гаплогруппы J была в Западной Грузии, в пещере Сацурблия, с археологической датировкой 13 132–13 380 лет назад (Jones et al. Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians // Nature Communications. 2015. V. 6. №1. P. 1–8), намного ранее урукских миграций на Кавказ из Месопотамии, то не исключено, что гаплогруппа J образовалась там же, на Кавказе, и является там автохтонной. Тогда неудивительно, что цепочки сний гаплогруппы J2 пересекаются у многих кавказских народностей. Надо сказать, что сний ингуша Y59625, конечный в цепочке сний, приведенной выше (образовался 14 сний-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад), найден также у свана в Грузии.

Остальные цепочки сний ингушей по данным списка YFull, следующие (найденные конечные снии выделены):

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > V2639 > **Y13668**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > **Y3612** > Y3640 > Y17600 > Y17408 > **Y17599**.

Точно такая же цепочка сний есть у чеченцев.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y6961 > **Y6957** > **Y11149** > **Y39212** > **Y167012** (1, 2, 1 и 2 человека).

Снип Y6957 найден также в Чечне и в Кахети. Он образовался всего 13 снип-мутаций, или около 1,9 тыс. лет, назад, в начале нашей эры. Снип Y11149 образовался всего 10 снип-мутаций, или примерно 1440 лет, назад. Он найден у ингушей и чеченцев. Последующие два снипа образовались 8 и 7 снип-мутаций, или 1150 и 1 тыс. лет, назад соответственно.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y6961 > Y6957 > Y11149 > Y39212 > **Y40617** (4 человека).

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 > **Y85976**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 > **Y30092 > Y36221**.

Точно такая же цепочка снипов есть у чеченцев.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 > Y30092 > Y36221 > Y157260 > Y157780 > **Y157673** (2 человека).

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 > Y7800 > Y20904 > **Y73990 > FT18074**.

Точно такая же цепочка снипов есть у чеченцев.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 > Y7800 > Y20904 > Y73990 > **FT41900**.

Последний снип имеют ингуши и карачаево-балкарцы.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 >

Y7800 > Y20904 > Y73990 > **Y168124** (2 человека).

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 > Y7800 > **Y7799**.

Точно такая же цепочка снипов есть у чеченцев.

Последние 8 цепочек снипов расходятся от Y3620, который образовался 24 снип-мутации, или примерно 3,5 тыс. лет, назад, а последние 7 цепочек — от снипа Y7291, который образовался 17 снип-мутаций, или примерно 2,4 тыс. лет, назад. Последние 4 цепочки расходятся от снипа Y7800, который образовался 12 снип-мутаций, или примерно 1,7 тыс. лет, назад. Это показывает, какой плотной группой идут предковые линии ингушей, к тому же переплетенные с предковыми линиями чеченцев, которые десятками нижестоящих снипов отходят от недавнего снипа Y7800, наряду с ингушами. Фактически, это переплетение линий чеченцев и ингушей активно начинается от снипа Y3640, который образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3750 лет, назад.

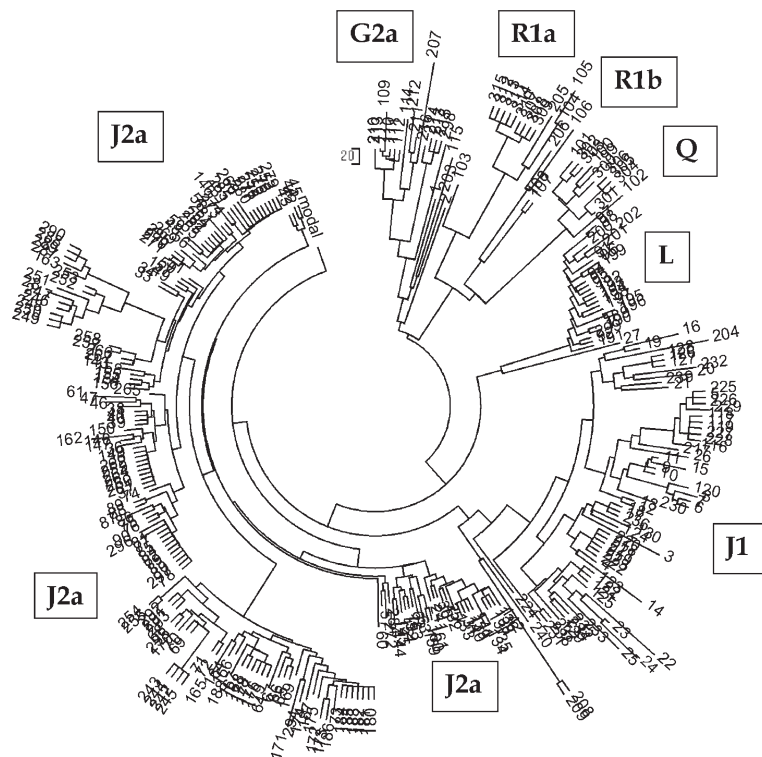
Сделаем еще одно довольно важное наблюдение — ДНК-линии чеченцев гаплогруппы J2a намного старше ингушских, как показывает дерево гаплотипов (рис. 109, ср. с рис. 108 для ингушей) и соответствующие расчеты, см. ниже.

### Сопоставление родового происхождения (гаплогрупп и субкладов) ингушей и чеченцев

В предыдущем разделе уже было показано, что цепочки снипов ингушей и чеченцев во многом пересекаются. Действительно, в списке снипов компании YFull многие представители ингушей и чеченцев имеют одни и те же снипы, например, конечные снипы Y17599, Y6957, Y11149, Y36221, Y73990, FT18074, Y7799. Проживают они тоже в соседних регионах, и можно было бы подумать, что ингуши и чеченцы — «близнецы-братья».

Но это далеко не так. Сравним деревья гаплотипов ингушей (рис. 108) и чеченцев (рис. 109) и соответствующие табл. 15 и 34 распределений по гаплогруппам. Во-первых, чеченцы намного разнообразнее по составу гаплогрупп.





**Рис. 109.** Дерево из 315 гаплотипов чеченцев в 19-маркерном формате, данные взяты из статьи (Balanovsky et al. 2011). Показаны ветви основных гаплогрупп и нескольких минорных по численности

Во-вторых, основная гаплогруппа J2 у ингушей намного «моложе», поскольку «толщина» ветвей этой гаплогруппы заметно меньше у ингушей. Это легко показать при количественном рассмотрении соответствующих ветвей. Все 75 гаплотипов гаплогруппы J2a у чеченцев указывают на датировку общего предка  $6022 \pm 626$  лет назад (без округления), 122 гаплотипа той же гаплогруппы у ингушей дают датировку общего предка  $3423 \pm 373$  года назад. При этом их базовые гаплотипы (которые у чеченцев, конечно, представляют наложение базовых гаплотипов всех ветвей) довольно близки. У чеченцев базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 16 11 13 11 30 17 15 20 10 16 9 23,

у ингушей базовые гаплотипы двух основных ветвей, как сообщалось выше:

12 22 14 10 13 16 11 13 11 30 17 15 20 10 17 9 23,

12 21 14 10 13 16 12 13 11 29 16 15 20 10 16 9 23,

(верхняя ветвь более древняя). Между чеченским и ингушскими базовыми гаплотипами число мутаций соответственно 2 и 5. С пятью мутациями понятно, ингушская ветвь совсем недавняя

(общий предок ее жил всего  $1191 \pm 173$  года назад, без округления). А относительно древние ветви — чеченская и ингушская — весьма близки.

Отсюда следует вывод, что предки ингушей, скорее всего, выделились из популяции предков чеченцев, причем почти исключительно из группы J2a, примерно 4,3 тыс. лет назад (см. выше), разошлись на две ветви (см. рис. 108) и продолжают и сейчас иметь 82–88 % гаплогруппы J2a в своем мужском составе. Носителей других гаплогрупп к ним влилось очень мало, на уровне единиц процентов.

### Гаплогруппа R1a

В цитируемой статье есть всего 5 гаплотипов ингушей гаплогруппы R1a. Их базовый гаплотип:

13 24 16 11 11 12 12 10 13 11 29 17 14 20 13  
15 11 23,

типичен для балто-карпатской ветви субклада Русской равнины R1a-Z280-CTS3402, и общий предок этих 5 гаплотипов жил всего

2053 ± 586 лет назад (без округления), то есть на границе старой и новой эры. Это близко к датировке общего предка чеченских гаплотипов группы R1a, 1728 ± 355 лет назад, хотя предковые гаплотипы заметно различаются, у чеченцев отличаются на 7 мутаций на 17-маркерных гаплотипах:

13 25 15 11 11 12 10 13 11 30 16 14 20 12 15 10 24,

что, тем не менее, оставляет гаплотип в балто-карпатской ветви, но разводит общих предков группы R1a у ингушей и чеченцев на  $7/0,0365 = 192 \rightarrow 241$  условное поколение, или на 6025 лет, и общий предок ингушей и чеченцев гаплогруппы R1a жил  $(6025 + 2053 + 1728)/2 = 4900 \pm 400$  лет назад, что в пределах погрешности попадает в датировку балто-карпатской ветви (31 снип-мутация, или  $4500 \pm 400$  лет назад). Таким образом, носители гаплогруппы R1a попали к будущим ингушам и чеченцам довольно плотными группами (или даже индивидуально) и практически независимо, на переходе от старой к новой эре.

### Гаплогруппа L1a2-M357

Для ингушей, как и для чеченцев, характерно присутствие гаплогруппы L в виде субклада L1a2-M357 (= L1307). Этот субклад совершенно поверхностный и образовался 117 снип-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад. Вообще, как отмечалось выше, для цитируемой выше статьи Балановского и других свойственно определение совершенно поверхностных субкладов всех гаплогрупп, то есть малоинформативных. У чеченцев в выборке из 330 гаплотипов к группе L-M357 относились 23 гаплотипа, или 7 %, с базовым гаплотипом:

12 22 15 10 9 16 11 12 11 13 14 30 18 16 17 11 16 10 22,

и датировкой общего предка  $980 \pm 200$  лет назад, а у ингушей из выборки 139 гаплотипов относились всего 4 гаплотипа, то есть 2,9 %, если использовать данные той же статьи (см. табл. 35). Базовый гаплотип ингушей этой группы:

12 22 15 10 9 17 11 12 11 13 14 30 18 16 17 11 16 10 22

отличается всего на 1 мутацию от чеченского предкового гаплотипа. На самом деле там и целой мутации нет, у чеченцев в том маркере (DYS385b) значение аллели 16,13, у ингушей — 16,75. Точку в этом сравнении ставит датировка общего

предка, у чеченцев  $980 \pm 200$  лет назад, у ингушей  $890 \pm 400$  лет назад, то есть в пределах погрешности это одна и та же древняя группа носителей гаплогруппы L1a2, которые разошлись одни к будущим чеченцам, другие — к будущим ингушам.

### Гаплогруппа G2a

Отметим здесь наличие в списке YFull 5 представителей ингушей с гаплогруппой G2a и цепочками снипов в следующем виде:

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > Z7961 > F2575 > **Z7943**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > Z7961 > **FGC719 > B300** (1 и 1 человек).

Снип B300 имеют также осетины.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > Z7961 > FGC719 > **GG332**.

Снип GG332 имеют также осетины.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > **Z30715**.

Последний снип имеют также чеченцы.

Мы видим, что у 4 человек из этих пяти цепочка снипов проходит до снипа Z7961 (образовался 33 снип-мутации, или примерно 4750 лет, назад) и затем поочередно расходится, цепочка снипов последнего уходит в сторону значительно раньше, от снипа Z6552, который образовался у корня гаплогруппы G2a, 123 снип-мутации назад, или примерно 17,7 тыс. лет назад. Его прямой предок пережил геноцид коренного населения в Европе, и потомки перебрались на Кавказ.

### Гаплогруппы J1 и I2a

Эти гаплогруппы у ингушей находятся в выборках в единичных количествах, и поэтому их анализ практически невозможен. Отметим только, что единичный гаплотип ингушей группы I2a практически полностью соответствует базовому гаплотипу южнославянского субклада I2a-Y3120, который распространен на Балканах, на Украи-

не, в Белоруссии, России. Его предок — «визи-тер» у ингушей.

Три гаплотипа группы J1 у ингушей в выборке цитируемой выше статьи являются разрозненными, с датировкой условного общего предка  $3100 \pm 950$  лет назад, и по данным указанной статьи у них отсутствует снип P58, что практически исключает их отнесение к евреям данной гаплогруппы.

## 29. НЕМЦЫ

Число немцев в составе РФ, по данным переписи населения 2010 г., составляет немногим меньше 400 тыс. человек. В целом различить большинство немцев и русских по составу гаплогрупп трудно, поскольку Восточная Германия исторически была славянской, с численным преобладанием гаплогруппы R1a. Отличия в основном состоят в повышенном содержании гаплогрупп

пы R1b и гаплогруппы I1 у немцев (табл. 36), при том что обе эти гаплогруппы у русских являются минорными в количественном отношении (5–7 %). Колонка YFull в таблице является полуколичественной и показывает, сколько информации есть в списке YFull по снипам в данной гаплогруппе у немцев.

Мы видим, что в Германии численно доминирует гаплогруппа R1b, носители которой вышли 4,8 тыс. лет назад с Пиренейского полуострова как насельники археологической культуры колоковидных кубков (путь R1b с Русской равнины на Пиренеи во многом остается неясным, но они не вышли из ямной культуры, где субклады совершенно другие, как было показано выше в этой книге). Начиная с 3,2 тыс. лет назад (датировка возникновения раннеславянской лужицкой культуры) в Европу стали возвращаться носители гаплогруппы R1a и в значительной степени заняли территорию Восточной Германии, создав там целый ряд славянских археологических культур.

**Таблица 36.** Состав немцев в целом и в Восточной Германии по гаплогруппам по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и данных списка YFull. Процентные соотношения округлены

Гаплогруппа	Немцы в целом, по данным Eupedia в %, >1000 чел.	Число снипов в списке YFull, немцы в целом	Немцы Восточной Германии, по данным Eupedia в %, 250–500 чел.
R1b	44,5	142	36
U106	н/п	60	н/п
P312	н/п	65	н/п
P312	н/п	4	н/п
F19	н/п	8	н/п
U152	н/п	47	н/п
L21	н/п	6	н/п
R1a	16	47	24
I1	16	83	16,5
E1b	5,5	42	7,5
G	5	28	4
J2	4,5	37	2
I2a	1,5	65	1,5
I2	6	78	6,5
I2a	1,5	64	н/п
Y3120	н/п	10	н/п
M223	4,5	38	5
N	1	1	1
T	1	3	1
Q	0,5	2	1
J1	0	9	0

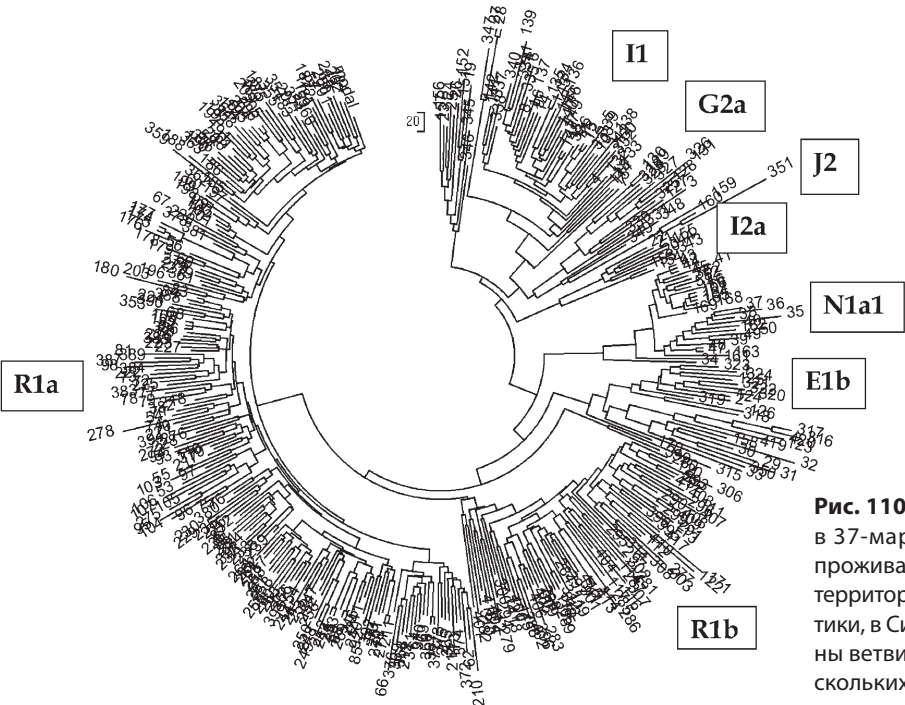
Наряду с ними, на территорию, которую занимает современная Германия, продвинулись также носители гаплогруппы I1, которые до того были почти полностью уничтожены 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад, и начали возрождаться примерно 3,7 тыс. лет назад, пройдя «бутылочное горлышко» выживания. По-видимому, выживание их произошло на севере Европы, возможно, в Скандинавии, поскольку современное распределение носителей этой гаплогруппы в Европе максимально на севере Германии (18,5 % от всех немцев), далее идут Восточная Германия (16,5 %), Западная Германия (12,5 %) и Южная Германия (10,5 %). Эти показатели приведены на сайте Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)). В итоге современное мужское население Германии более чем на 75 % состоит из носителей этих трех гаплогрупп (см. табл. 36).

Однако если мы взглянем на состав гаплогрупп на востоке Германии — на восточной Балтике, в Силезии и Померании, то есть на территориях, которые не были исконно германскими и имели в значительной степени славянское население, то там видим преобладание гаплогруппы R1a (табл. 37 и рис. 110).

**Таблица 37.** Состав немцев на Восточной Балтике, в Силезии и Померании (по данным базы IRAKAZ—Русская равнина: <http://dna-academy.ru/irakaz/>)

Гаплогруппа	Состав в %, 420 чел.
R1a	49
R1b	18
I1	11
N	7
I2a	5
E1b	3
G	3
J2	3
T	1
Q	0,5

Поэтому немцы, переселявшиеся на Русь (в IX–XII вв.) и затем в Россию (в XV–XVI вв., далее в XVIII–XIX вв.), переносили с собой те же гаплогруппы. Разумеется, они не сместили исторически сформировавшееся распределение гаплогрупп среди русских (например, в современной России в среднем всего 5 % гаплогруппы R1b, то есть почти в 10 раз меньше, чем в среднем в Германии, а гаплогруппы R1a в среднем в 3 раза больше), тем не менее свой вклад «русские немцы» внесли.



**Рис. 110.** Дерево из 420 гаплотипов в 37-маркерном формате немцев, проживающих в настоящее время на территории Германии на востоке Балтики, в Силезии и Померании. Показаны ветви основных гаплогрупп и нескольких минорных по численности

## Гаплогруппа R1b

Эта гаплогруппа у немцев в основном центрально-европейского происхождения, и ее носители почти исключительно являются потомками археологической культуры колоколовидных кубков (ККК, 4,8 тыс. — 3,8 тыс. лет назад). Эта культура была создана носителями гаплогрупп R312 и U106 (образовались соответственно 35 и 34 снип-мутаций, или 5 тыс. и 4,9 тыс. лет, назад), которые завершили долгий путь по всей Евразии, из Южной Сибири до европейского Пиренейского полуострова. На этом пути гаплогруппа R1b прошла через последовательность субкладов-снипов:

R1b-M343 > R1b1-L754/A702 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > L52/P310/P311 > L151/L11 > (P312 + U106).

Датировки образования этих субкладов следующие:

M343 — 139 снип-мутаций, или 20 тыс. лет, назад,

L754 — 126 снип-мутаций, или 18 тыс. лет, назад,

L389 — 111 снип-мутаций, или 16 тыс. лет, назад,

P297 — 110 снип-мутаций, или 15,8 тыс. лет, назад,

M269 — 97 снип-мутаций, или 14 тыс. лет, назад,

L23 — 43 снип-мутации, или 6,2 тыс. лет, назад,

L51 — 43 снип-мутации, или 6,2 тыс. лет, назад,

L52 — 42 снип-мутации, или 6 тыс. лет, назад,

L151 — 40 снип-мутаций, или 5,8 тыс. лет, назад,

P312 — 35 снип-мутаций, или 5 тыс. лет, назад,

U106 — 34 снип-мутации, или 4,9 тыс. лет, назад.

Надо сказать, что в настоящее время уже в целом ясно, что именно субклад R312 внес бо́льший вклад в продвижение культуры колоколовидных кубков по Европе, по сравнению с «параллельным» субкладом U106. Об этом свидетельствуют данные, приведенные в этой книге.

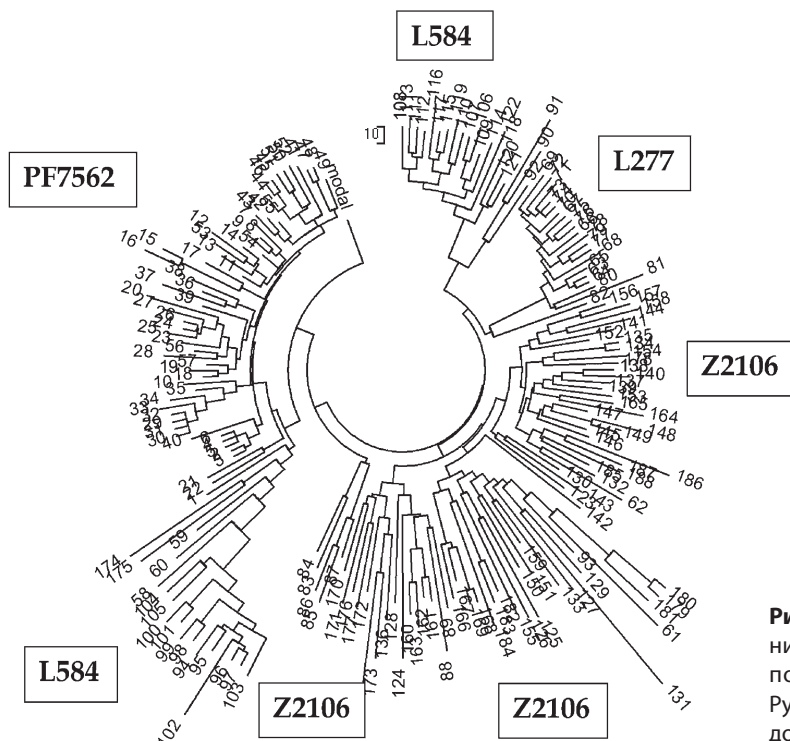
Для нашего последующего изложения важно, что от снипа L23 в сторону (по отношению к показанной выше последовательности) отошел снип Z2103 (образовался 40 снип-мутаций, или 5,8 тыс. лет, назад), который был обнаружен в захоронениях ямной археологической культуры в Приволжских степях и на территории современной

Калмыкии и который далее разошелся на два основных снипа — L584 и Z2106 (35 и 38 снип-мутаций, или 5 тыс. и 5,5 тыс. лет назад соответственно). Эти снип-мутации и их нижестоящие снипы находят у современных жителей Русской равнины, прямых потомков ямной культуры, а также на Кавказе, как описано в предыдущих разделах книги, и в Месопотамии, в особенности в Турции.

В таблице YFull из 142 образцов немцев с гаплогруппой R1b максимальное количество, 65 образцов, приходится на субклад R312, 60 — на субклад U106 и 17 — на субклад Z2103. Напомним, что Z2103 — это древний субклад ямной культуры, который в Европу миграциями на запад практически не попал, во всяком случае во времена, последующие за временами ямной культуры. На первый взгляд налицо недоразумение — хотя «ямного» Z2103 среди немцев в данной таблице значительно (в 7 раз) меньше, чем «колоколовидных» R312 и U106, но все-таки он есть. Значит, получается, все-таки прибыли ямники в Европу, в частности, на территорию современной Германии? Нет, это не так. На самом деле практически все эти снипы принадлежат евреям, с датировками общих предков уже в нашей эре и даже во II тыс. н. э. (рис. 111 и описание в тексте).

Давайте рассмотрим данные внимательнее. В базе данных IRAKAZ—Русская Равнина имеется 534 гаплотипа немцев (из 6560 образцов в базе данных), из которых 29 гаплотипов евреев, которые просто указали германское происхождение своих предков. Среди остальных 505 немцев нет ни одного носителя субклада Z2103 (как «верхнего» субклада в данной ДНК-линии), и есть всего 2 носителя нижестоящего субклада Z2106. Остальные носители субклада Z2106 — русские, украинцы, поляки и единичные образцы литовцев, евреев, башкир, чувашей, белорусов и эрзя. Общий предок 67 гаплотипов группы Z2106 жил  $3682 \pm 392$  года назад (без округления). Напомним, что снип Z2106 образовался 38 снип-мутаций, или 5,5 тыс. лет, назад. Иначе говоря, снип Z2106 оказался в Польше (Германия здесь статистически незначительна) с общим предком, который жил на 2 тыс. лет позже образования снипа из ямной культуры. На самом деле, гаплотипы группы Z2106 на дереве расходятся на три подветви, как показано на рис. 111.





**Рис. 111.** Дерево из 189 гаплотипов древних субкладов-сний гаплогруппы R1b, построенное по данным базы IRAKAZ–Русская равнина. Показаны ветви субкладов Z2103, L584, Z2106, PF7562, L277

В первой ветви (справа) из 26 гаплотипов базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 30 16 9 10 11  
11 25 15 19 31 14 15 16 18 11 11 19 23 16 16 19  
18 37 39 12 12,

с общим предком, который жил  $2252 \pm 278$  лет назад (без округления), в этой ветви один немец, большинство гаплотипов из Польши. Во второй ветви из 17 гаплотипов (две трети из которых были польские и русские, и один немец) с базовым гаплотипом:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 19 31 14 15 16 18 11 11 19 23 15 16 18  
18 36 39 12 12,

общий предок жил  $4182 \pm 507$  лет назад.

Наконец, третья подветвь из 14 гаплотипов (более половины — поляки, два еврея) имела базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 13 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 31 14 15 16 18 11 11 19 23 15 16 19  
17 35 38 12 12.

Общий предок жил  $3422 \pm 443$  года назад (без округления).

Как видно, субклада Z2106, нижестоящего от субклада ямной культуры Z2103, у немцев в выборке почти нет, и датировки двух из трех подветвей намного «моложе» датировки ямной культуры.

Помимо снипа Z2106, еще одним нижестоящим снипом у Z2103 является L584. Но из 30 образцов со снипом L584 в базе данных 29 представителей были евреями (в основном немецкого и польского происхождения), и только 1 украинец. На дереве гаплотипов в 37-маркерном варианте группа евреев разделилась на две далеко отстоящие друг от друга ветви, из 17 и 12 гаплотипов, со следующими базовыми гаплотипами:

12 24 15 11 11 14 12 12 12 14 13 30 16 9 9 11 11  
25 15 19 28 15 15 16 17 11 12 19 23 15 15 17 18  
37 38 12 12,  
12 24 14 11 11 13 12 12 13 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 20 28 15 15 16 19 12 11 19 19 16 15 17  
17 37 37 12 12.

Их общие предки жили соответственно  $958 \pm 160$  и  $843 \pm 166$  лет назад (без округления). Между этими гаплотипами 14 мутаций, что эквивалентно  $14/0,09 = 156 \rightarrow 184$  условным

поколениям, или 4,6 тыс. лет, и их общий предок жил  $(4600 + 958 + 843)/2 = 3200$  лет назад. Таким образом, носители субклада Z2103-L584 в Германии и Польше — в основном евреи, общий предок которых жил на 1,5 тыс. — 2 тыс. лет позже времен ямной культуры, но сами линии группы L584 среди евреев совсем недавние и сформировались менее тысячи лет назад.

То, что современными носителями древних сний гаплогруппы R1b во многом являются евреи, подтверждает и сний PF7562, который образовался 41 сний-мутацией, то есть примерно 5,9 тыс. лет, назад, ранее ямной культуры, как ее датируют археологи. Этот сний — параллельный снису L23 (образовался 43 сний-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад). В базе данных IRAKAZ—Русская равнина есть 60 гаплотипов субклада PF7562, 58 из которых принадлежат евреям, с датировкой общего предка  $1548 \pm 178$  лет назад. Впрочем, два нееврейских (по записи) гаплотипа русского и поляка оказались по структуре их гаплотипов еврейскими и включены в расчеты времени жизни общего предка. Базовый гаплотип этой группы из 60 евреев имеет вид:

12 24 14 10 11 14 11 12 12 13 14 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 30 15 15 16 16 11 10 19 23 17 16 17  
17 37 39 12 12.

Он нам понадобится ниже, в разделе про ДНК-генеалогию евреев.

Еще одно подтверждение предоставляет сний L277, который образовался из Z2103 наряду с двумя «параллельными» ему сниями:

Z2103 > L584 (образовался 35 сний-мутаций, или 5 тыс. лет, назад),

Z2103 > Z2106 (образовался 38 сний-мутаций, или 5,5 тыс. лет, назад),

Z2103 > L277 (датировка неизвестна, но должна быть близка к двум предыдущим сниям).

Из 30 носителей сниса L277 в базе данных — 19 евреев с датировкой общего предка  $586 \pm 111$  лет назад (без округления). Остальные 11 гаплотипов (среди них 2 немца, 1 татарин и 8 русских) имеют датировку общего предка  $3142 \pm 436$  лет назад (без округления), что опять почти на 2 тыс. лет позже времени образования сниса L277.

Еще одно подтверждение, что современные евреи «перехватили» древнейшие снии гаплогруппы R1b, представляет база данных «Базальные субклады гаплогруппы R1b» ([https://www.](https://www.familytreedna.com/public/R1bBasalSubclades?iframe=yresults)

[familytreedna.com/public/R1bBasalSubclades?iframe=yresults](https://www.familytreedna.com/public/R1bBasalSubclades?iframe=yresults)), в которой древнейший (по времени образования) субклад V88: R1b-M343 > L754 > V2219 > V88, который образовался 103 сний-мутации, или примерно 14,8 тыс. лет, назад, имеется исключительно у евреев, с базовым гаплотипом:

13 23 16 10 12 14 11 12 12 14 13 29 18 9 10 11  
12 27 14 19 28 12 12 15 15 11 12 21 23 15 15 18  
19 33 39 11 11

и датировкой общего предка всего  $1130 \pm 245$  лет назад.

В той же базе данных немногие гаплотипы из Германии субкладов Z2103 (2 гаплотипа), L584 (10 гаплотипов) и Z2109 (по меньшей мере 2 гаплотипа из четырех) принадлежат евреям.

Это исследование понадобилось нам для того, чтобы показать, что гаплотипы группы Z2103 и нижестоящих субкладов в Германии (по другим данным — практически по всей Европе) не прибыли в Европу из ямной культуры. В Европе они в большинстве или практически все принадлежат евреям и приобретены евреями относительно недавно, видимо, на Ближнем Востоке, перед Рассеянием из Иудеи и Израиля, но, возможно, в Хазарском каганате. Это — важный вывод, который в свою очередь показывает, что распространение гаплогруппы R1b в Европе, и в Германии в частности, происходило путем расселения носителей культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 3,8 тыс. лет назад) со стороны Пиренейского полуострова, куда их предшественники попали в основном из Малой Азии и северного побережья Африки, а перед этим — путем миграции насельников ямной культуры и их потомков через Кавказ в Месопотамию. Иначе говоря, никакого переселения носителей субклада R1b-Z2103 и нижестоящих субкладов из Германии в Россию быть не могло. Практически все носители этих субкладов в России являются по своим предкам «местными», прямыми потомками ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) на Русской равнине.

Практически единственный источник гаплогруппы R1b в Германии, принесенной переселенцами в Россию (в России примерно 5 % носителей гаплогруппы R1b, но в основном субклада Z2103 и нижестоящих субкладов) — это субклады культуры колоколовидных кубков R1b-P312

и R1b-U106 и нижестоящие субклады, которых в Европе уже идентифицировано более тысячи. Их в Европе примерно поровну от P312 и U106. Регионы их происхождения — в основном Центральная Европа.

Перейдем коротко к европейским (по происхождению) субкладам гаплогруппы R1b, наиболее часто встречающимся у немцев. Выше было отмечено, что в списке YFull субклад P312 повторяется 65 раз, субклад U106 — 60 раз. В литературе имеется представление, что P312, и в особенности его нижестоящий субклад U152, являются в основном южноевропейскими, и в особенности распространены на Пиренейском полуострове и на Апеннингах, а U106 — североευропейский субклад и распространен в основном от Голландии до Германии. Но, как мы видим, в Германии оба основных субклада представлены почти в одинаковой степени. Если мы разложим субклад P312 на три подгруппы — собственно P312, его нижестоящий U152 и нижестоящий от последнего L21, который наиболее характерен для Британских островов, то получим соотношение между ними 37:22:6. Действительно, западноевропейский L21 для Германии нехарактерен, наряду с умеренным представлением субклада U152 в Германии, так что U106 в Германии действительно более распространен, чем U152. Надо также отметить, что сноп P312 > U152 > L2, который имеется у немцев, найден у русских, украинцев, белорусов и башкир. В более подробном варианте соответствующая цепочка снопов выглядит следующим образом:

R1b-M343 > R1b1-L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > P312 > U152 > **L2**.

Еще несколько примеров цепочек снопов, идентифицированных в Y-хромосомах немцев с гаплогруппой R1b-P312, R1b-P312-U152, R1b-P312-U152-L21 и R1b-U106 (выделены «конечные» сныпы, найденные у конкретных немцев):

P312 > U152 > L2 > A6454 > Y22312 > **Y22121** > **Y22286**.

Последний сноп образовался всего 3 сноп-мутации, или примерно 430 лет назад. Такие «глубокие» сныпы особенно ценны в ДНК-генеалогии, поскольку позволяют провести близкородственные связи между представителями разных регионов, порой разных стран.

P312 > U152 > L2 > Z49 > Z142 > L562 > Z57 > S1491 > S1480 > **BY150850**.

P312 > U152 > L2 > Z49 > **S8183** > Y4356 > Y4353 > Y4354 > Y4355 > **Y17276**.

Сноп Z49 в двух цепочках выше найден также у русских. Правда, он образовался 30 сноп-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, еще во времена культуры колоколовидных кубков, и с тех пор разошелся по Европе.

P312 > U152 > Z56 > Z43 > Z145 > PF6577 > **FGC36902**.

Сноп Z43 также найден у русских центра России. Образовался он почти в то же время (как и сноп Z49) — 29 сноп-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад.

P312 > U152 > Z36 > PH2997 > Y16889 > **A7993**.

P312 > U152 > Z36 > **Y69284**.

Сноп Z36 также найден у русских. Образовался он 33 сноп-мутации, или примерно 4750 лет, назад.

Еще в большем числе случаев цепочки снопов от P312 не проходят через сноп U152, например:

P312 > DF27 > Z195 > Z272 > **Z209** > Z295 > Z216 > Z297 > **Z278**,

P312 > DF27 > Z195 > Z272 > DF17 > Y3470 > FGC14126 > **FGC14124**.

P312 > DF27 > Z195 > Z198 > Z292 > Z262 > Z201 > Z202 > Z205 > CTS606 > Y7733 > CTS3555 > Z29713 > Y30608 > **Y84707**,

P312 > DF27 > FGC20747 > V3505 > FGC20767 > FGC20770 > V2240 > FGC20758 > V3476 > FGC20816 > FGC20819 > A9510 > Y19740 > **A9509**.

Последний сноп образовался всего 4 сноп-мутации, или примерно 580 лет, назад.

P312 > DF19 > DF88 > Y3096 > Y6234 > S4268 > Y6237 > S9287 > **S21149**.

P312 > DF19 > DF88 > Y3096 > Y6234 > S4268 > Y6237 > **Z17125**.

P312 > DF19 > DF88 > Y3096 > Y6234 > S4268 > Y6237 > **Y17483**.

P312 > DF19 > DF88 > Y3096 > Y6234 > FGC29974 > Z30474 > **BY33340**.

P312 > DF19 > Z302 > **Y23278**.

P312 > L238 > **Z22245**.

Ряд снопов гаплогруппы R1b немцев имеют наиболее вероятное происхождение с Британских островов, куда носители этой гаплогруппы

пы прибыли в самом начале своего заселения Европы 4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад. Обычно цепочки этих сний проходят через последовательность P312 > S461 > L21 > DF13, например, у немцев:

P312 > S461 > L21 > DF13 > **FGC13749**,

P312 > S461 > L21 > DF13 > CTS1751 > **Z17969**,

P312 > S461 > L21 > DF13 > FGC11134 > FGC11134a > CTS4466 > **A212**,

P312 > S461 > L21 > DF13 > Z251 > S11556 > S9294 > Y11273 > Y15634 > **Y22431**,

P312 > S461 > L21 > DF13 > CTS2501 > A874 > A875 > **A1787**,

P312 > S461 > L21 > DF13 > DF1 > S6365 > Y3553 > CTS3087 > **Y3555**.

У русских «британский» сний L21 встречается редко, например:

P312 > S461 > L21 > DF13 > **Z253**.

Примеры сний линии U106 у немцев мы приведем только те, которые образовались 13 и менее сний-мутаций назад, то есть уже в нашей эре, менее 2 тыс. лет назад:

U106 > S263 > S499 > L48 > L47 > L44 > L163 > FGC6202 > FGC6212 > **Y17243**,

U106 > S263 > S499 > L48 > L47 > L44 > L163 > FGC6202 > FGC6212 > **Y23482**,

U106 > S263 > S499 > L48 > Z9 > Z30 > Z349 > Z2 > Z7 > Z8 > Z1 > Z344 > Z6 > Z2999 > S10415 > **Y130615**,

U106 > S263 > S499 > L48 > Z9 > Z30 > Z349 > Z2 > Z7 > Z8 > Z1 > Z346 > Z343 > S3933 > S20321 > S3331 > S3334 > Y10821 > **Y15632**,

U106 > S263 > S499 > L48 > Z9 > Z30 > Z349 > Z2 > Z7 > Z8 > Z1 > Z346 > DF101 > DF102 > S5245 > **S5627**,

U106 > S263 > S499 > L48 > Z9 > Z331 > Z330 > Z326 > Z325 > S1734 > Z5054 > FGC538 > **L188** (3 человека),

U106 > S263 > S499 > S1684 > Y88858 > Y9825 > **Y128065** (4 человека),

U106 > S263 > S264 > S5520 > S5556 > Y112568 > **Y104034** > **Y93579**,

U106 > S263 > S264 > S497 > DF96 > FGC13326 > S25234 > FGC13324 > FGC13316 > **P89.2**,

U106 > Z19 > DF95 > Y15995 > **A19361** (2 человека).

Интересно отметить, что, как и в случае древних субкладов гаплогруппы R1b Русской равнины, описанных выше, есть группы евреев европейских субкладов U106, U152, L21 с общими предками, которые опять датируются II тыс. н. э., всего несколькими веками назад.

Так, база данных IRAKAZ–Русская равнина включает группу евреев из 45 человек субклада U106 с базовым гаплотипом:

13 24 14 11 11 14 12 12 11 13 13 28 17 9 10 11  
12 26 15 19 30 15 15 18 11 11 19 23 16 15 18  
19 37 37 12 11,

и датировкой общего предка всего  $869 \pm 115$  лет назад (без округления).

В той же базе данных имеются гаплотипы 29 евреев субклада U152, которые расходятся на две далеко отстоящие друг от друга ветви (из 18 и 11 гаплотипов), с соответствующими базовыми гаплотипами:

13 23 14 10 10 10 12 12 12 13 13 29 18 9 9 11 11  
25 15 19 32 15 16 16 17 11 11 19 23 17 15 19 17  
35 38 11 13,  
13 24 14 11 14 14 13 12 11 13 14 29 17 9 10 11  
12 25 15 19 28 15 16 17 17 12 12 19 23 15 14 17  
20 36 36 14 12

и временами жизни общих предков для каждой группы  $636 \pm 119$  и  $651 \pm 146$  лет назад (без округления). Мы видим, что предки обеих групп жили в одно и то же время, то есть обе группы прошли «бутылочное горлышко» выживания в середине XIV в. н. э., который был отмечен гигантской эпидемией чумы в Европе. Но оба предковых 37-маркерных гаплотипа различаются на 22 мутации (с учетом палиндромных мутаций и дробных значений аллелей), что эквивалентно  $22/0,09 = 244 \rightarrow 343$  условным поколениям, или примерно 8575 годам, и общий предок обеих групп евреев субклада U152 жил  $(8575 + 636 + 651)/2 = 4900 \pm 500$  лет назад. Сам субклад образовался 31 сний-мутацией, или примерно 4,5 тыс. лет, назад. Это означает, что общий предок будущих современных евреев субклада R1b-U152 жил во времена образования этого субклада.

Наконец, еще одна группа из 16 евреев в базе данных IRAKAZ–Русская равнина имеет «британский» субклад R1b-L21 с базовым гаплотипом:

13 24 14 11 11 14 12 11 11 13 14 29 17 9 9 11 12  
25 15 19 29 15 15 15 17 11 11 19 23 15 15 18 18  
39 40 11 12,

и датировкой общего предка всего  $682 \pm 130$  лет назад (без округления). Это опять времена эпидемии чумы в Европе.

### Гаплогруппа R1a

Поскольку состав субкладов и гаплотипов этой гаплогруппы в Германии и России очень близок, как практически идентична доля гаплогруппы R1a в России и восточных регионах Германии (см. табл. 37–38), 48–51 % в России (по разным выборкам) и 49 % в Восточной Германии, то немецкие и российские гаплотипы и субклады гаплогруппы R1a практически неразделимы.

В базе данных IRAKAZ–R1a имеется 530 гаплотипов из Германии, из которых 502 имеют отнесение к ветвям гаплогруппы R1a. Соответствующее распределение по ветвям приведено в табл. 38.

За исключением двух последних ветвей — L664 и Z284, которых у этнических русских практически нет, и Z93, которой у русских на уровне 1 %, все остальные — типичные на Русской рав-

нины. Они обсуждались выше в разделах про русских, украинцев, белорусов.

Список YFull приводит серию из 47 «глубоких» сний гаплогруппы R1a у немцев. Мы здесь перечислим только те снии, которые образовались менее 2 тыс. лет назад, то есть в нашей эре. Причина такого ограничения проста — снии, которые образовались 4,6 тыс. — 2,4 тыс. лет назад, а именно такие датировки составляют большинство для сний у немцев в списке, имеют меньшую информативность в отношении родственных связей, поскольку их носители давно распространились по Европе. Напротив, относительно недавние снии, которые образовались уже в нашей эре, разошлись не так далеко (например, их практически нет в Индии или на Ближнем Востоке) и поэтому более информативны в отношении путей миграций и прочих родственных связей. Представления цепочек сний начнем с Z645, поскольку предшествующие снии многократно приводились выше.

Z645 > Z283 > YP4758 > YP5955 > **YP5955a** (2 человека).

**Таблица 38.** Состав немцев на Восточной Балтике, в Силезии и Померании (по данным базы IRAKAZ–R1a: <http://dna-academy.ru/irakaz/>) по основным ветвям гаплогруппы R1a. Деление на ветви в значительной степени условное, потому что одни ветви во многих случаях являются нижестоящими относительно других, как, например, Z280 > CTS1211 > CTS3402 > Y2902, или Z280 > CTS1211 > L365, L366, или Z280 > Z92. В таблице ветви указаны в соответствии с выявленными сниями. Гаплогруппа R1a-Z93 включает снии Z93, Z94, Z2122, Z2124, Z2125, Z2123, S23592

Снип гаплогруппы R1a	Ветвь субклада	Состав в %, 502 чел.
Z280	Субклад Русской равнины	43
CTS3402	Балто-карпатская	12
CTS1211	Восточноевропейская	11
L365	Североевропейская	9
Y2902	Восточнокарпатская	5
Z92	Североевразийская	3,4
S24902	Центральноевразийская	1,4
L366	Балтийская	0,8
M458	Европейский субклад	40
CTS11962	Центральноевропейская	29
L260	Западнославянская	11
Z93	Южноарийская	5,8
L664	Северо-западная европейская	5,4
Z284	Скандинавская	2,8
Архаичные и недотипированные		3



Последний снип (выделен) образовался всего 1 снип-мутацию, или примерно 150 лет, назад.

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > Y34164 > Y108451 > **Y77383**.

Последний снип найден в Германии (земля Шлезвиг-Гольштейн) и в России (Москва). Он образовался от 5 до 13 снип-мутаций, или между 700 лет и 1,9 тыс. лет, назад.

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP263 > Y2912 > Y2921 > **YP5478**.

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > **YP263** > **Y18892** > **YP6280** > **YP6444**.

Снип YP263 найден в Германии (земля Шлезвиг-Гольштейн) и на Северном Кавказе, в Республике Адыгея. Он образовался 13 снип-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет, назад. Последующие 3 снипа (выделены), также найденные в Германии, образовались соответственно 12, 11 и 10 снип-мутаций, или 1,7 тыс., 1,6 тыс. и 1450 лет, назад.

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP256 > YP254 > YP414 > **YP610**.

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > YP371 > YP372 > Y10810 > **YP380**.

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > P278 > BY29685 > YP1702 > **Y134285**.

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y3301 > L1280 > FGC19283 > YP1448 > **FGC19273** > **FGC19267**.

Последний снип образовался всего 5 снип-мутаций, или примерно 720 лет, назад. Он был проверен в геномах трех человек, и все трое дали 5 снип-мутаций от FGC19267 до настоящего времени.

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y3301 > YP311 > S18681 > YP315 > YP314 > YP331 > **Y5973**.

Последний снип найден в Германии (земля Мекленбург-Передняя Померания) и на Украине (Винницкая область), он образовался 11 снип-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад.

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y3226 > Y3219 > YP1144 > PH3519 > **PH3782**.

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP238 > L365 > Y16879 > YP677 > **YP4842**.

Таким образом, эти примеры включают ДНК-генеалогические линии, проходящие через снип M458 и далее расходящиеся на центральноевропейскую (L1029) и западнославянскую (L260) ветви и линии, проходящие через снип Русской равнины Z280 и далее через снип восточноевропейской ветви (CTS1211), который далее расходуется на балто-карпатскую ветвь (CTS3402), проходит через карпатскую ветвь (CTS8816), северокарпатскую ветвь (L1280), расходится на североамериканскую ветвь (L365) и восточнокарпатскую ветвь (Y2902). Напомним, что все эти линии заканчивались относительно недавними снипами, которые образовались уже в нашей эре, и все эти ветви выражены среди этнических русских.

### Гаплогруппа I1

Эта гаплогруппа занимает третье место по численности среди гаплогрупп в Германии (см. табл. 36), но немцы занимают одно из первых мест в мире (наряду с британцами, итальянцами и евреями) по количеству тестируемых на гаплогруппы, субклады, гаплотипы. Поэтому так много результатов для немцев в списке YFull с 83 результатами для гаплогруппы I1. Разумеется, мы не будем здесь приводить все цепочки снипов и ограничимся несколькими, самыми недавними конечными снипами, которые образовались уже в нашей эре. Но перед этим обратим внимание на интересную закономерность — в том же списке русские имеют 34 результата, но ни в одном случае конечный снип не совпадал у русских и у немцев. Такие совпадения с немцами были у одного белоруса и двух татар. А вот между шведами и немцами было 9 совпадений конечных снипов. Здесь термин «конечный снип» относится к снипам в конце цепочки, которые образовались от 4,6 тыс. лет назад до нескольких столетий назад. Понятно, что ДНК-генеалогические линии у многих немцев и русских в их ранней истории были одни и те же, но они разошлись столетия и тысячелетия назад.

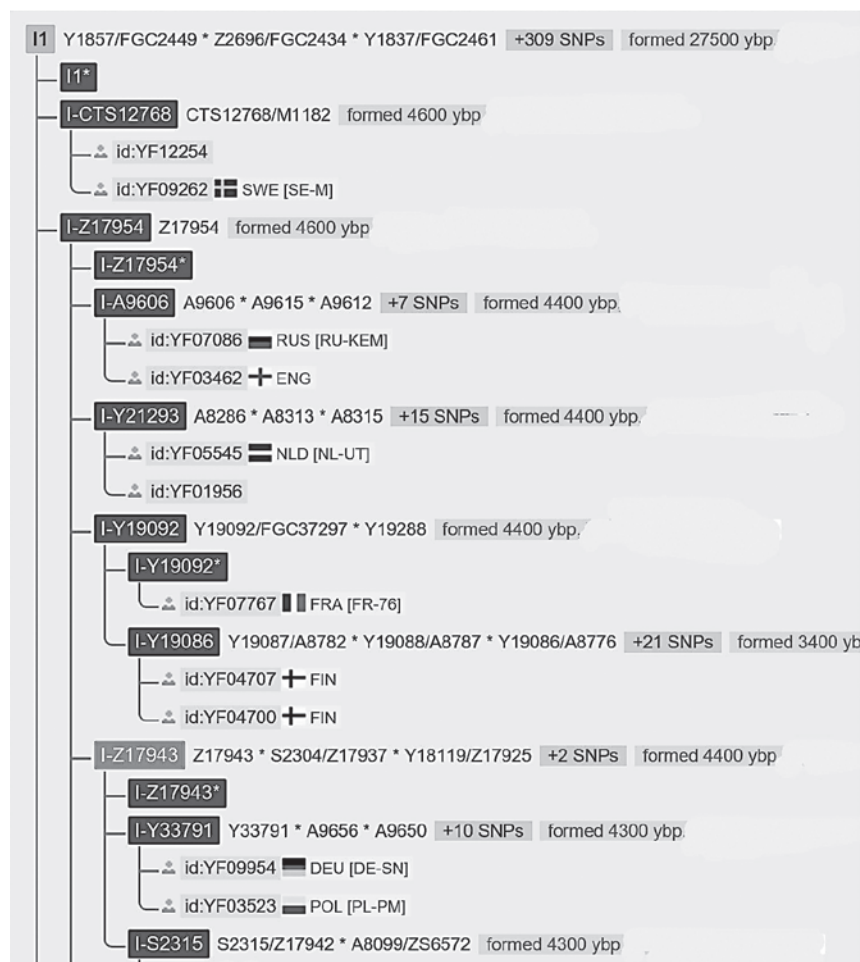
Надо напомнить, что гаплогруппа I1 представляет очень необычную ситуацию, при которой существует огромный разрыв между самим

основным снипом I1-Y1857 (в номенклатуре, которую в данном случае использует группа YFull (<https://www.yfull.com/tree/I1/>; другие источники приводят снип M253), который образовался 178 снип-мутаций, или примерно 25,6 тыс. лет, назад, хотя YFull без каких-либо пояснений пишут 27,5 тыс. лет назад) и первыми же нисходящими снипами — DF29 (32 снип-мутации, или 4,6 тыс. лет, назад), Z17954 (30 снип-мутаций, или 4,3 тыс. лет, назад) и CTS12768 (28 снип-мутаций, или 4 тыс. лет, назад). Все промежуточные снип-мутации за 20 тыс. лет пропали и не обнаруживаются в Y-хромосомах носителей гаплогруппы I1. Есть, по сути, единственное объяснение — их носители были уничтожены в ходе «гибели старой Европы», фактически геноцида коренных обитателей Европы в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b,

между 4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад. Мутации в гаплотипах современных носителей гаплогруппы I1 сходятся к одному общему предку, который жил  $3686 \pm 369$  лет назад (без округления), что рассчитано по 968 гаплотипам в 111-маркерном формате. Это и есть дата прохождения «бутылочного горлышка» выживания носителями гаплогруппы I1. Иначе говоря, выжившие примерно 3,7 тыс. лет назад носители гаплогруппы I1 унаследовали снипы, которые образовались 4,8 тыс. лет назад, но не ранее. Носители более ранних снипов погибли, не оставив выжившего мужского потомства.

В списке YFull первый снип, нижестоящий на диаграмме (рис. 112) от I1, показан у шведа:

I1 > CTS12768,  
(снип образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад).



**Рис. 112.** Начальный фрагмент диаграммы снипов гаплогруппы I1. Источник: <https://www.yfull.com/tree/I1/>

Второй по счету сверху снип найден у русско-го и англичанина:

I1-M253 > Z17954 > A9606,

(снип образовался 33 снип-мутации, или примерно 4750 лет, назад).

На этой же ДНК-линии находится и снип современного немца:

I1-M253 > Z17954 > Z17943 > **Y33791**.

Последний снип образовался между 21 и 32 снип-мутациями, или между 3 тыс. и 4,6 тыс. лет, назад.

Но более ранний снип современного немца находится на линии:

I1-M253 > DF29 > **S9297**.

Этот снип образовался 33 снип-мутации, или примерно 4750 лет, назад.

После этого все цепочки снипов гаплогруппы I1, в том числе у современных немцев, проходят через «узловой» снип DF29. В качестве примеров приведем цепочки снипов у татарина (Y7234) и белоруса (A6026), которые заканчиваются теми же «конечными» снипами (выделены), что и у немцев:

I1-M253 > DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > Y2245 > **Y7234**,

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8647 > Z60 > Z140 > Z141 > A196 > Y6900 > Y7140 > Y7477 > YP1081 > **A6026**.

Последняя цепочка снипов найдена также у башкир (неполная) и у мешеры, у последних заканчивается на снипе YP1081 (образовался 16 снип-мутаций, или примерно 2,3 тыс. лет, назад), снип A6026 образовался 8–13 снип-мутаций, или между 1150 и 1,9 тыс. лет, назад.

Мы не знаем, каким образом произошло перемещение этих снипов — от мешеры к немцам или от немцев к мешере, но это и не было предметом настоящего исследования. Возможно, это были немецкие переселенцы в Волжско-Окском регионе.

Приведем еще несколько недавних снипов немцев, образовавшихся в нашей эре:

I1-M253 > DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > FGC31735 > **Y156754** > **Y156778**,

I1-M253 > DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > FGC31735 > **FGC31738**.

Снип Y156778 образовался всего 2 снип-мутации, или примерно 300 лет, назад. Пред-

шествующий ему снип образовался 11 снип-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад. Снип FGC31738 образовался тоже 11 снип-мутаций назад.

I1-M253 > DF29 > Z2336 > Y3866 > A394 > **A396** > **BY34673**.

Последний снип образовался всего 1 снип-мутацию, то есть примерно 140 лет, назад. Предшествующий ему снип A396 образовался 18 снип-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад.

## Гаплогруппа E1b

Носителей этой гаплогруппы всего 5,5 % от мужского населения Германии, если судить по выборке на сайте Eupedia (см. табл. 36). То, что в списке YFull есть 42 записи со снипами современных немцев, отражает скорее активность немцев в ДНК-тестировании. Надо сказать, что одинаковых конечных снипов у немцев и русских в этом списке почти нет (кроме Y15936, который образовался 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад):

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > Y6926 > Y6923 > Y6938 > Z36123 > Y15937 > **Y15936**.

Есть, впрочем, общие конечные снипы у немцев с украинцами, белорусами, венграми, латышами, литовцами.

Приведенная выше цепочка снипов, представляющая суперветвь гаплогруппы E1b, относится примерно к половине немцев, у которых она проходит через снип M35 (образовался примерно 34 тыс. лет назад) и далее уходит через снип Z827 к системе нижестоящих снипов. Еще примеры:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > Y6926 > Y6923 > Y6938 > Z36123 > Y15561 > **Y90977**.

Последний снип (выделен) образовался 11 снип-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > L19 > PF2431 > Z21068 > PF2438 > Y10541 > Y10561 > FGC19010 > FGC18981 > **Y35933**.

Здесь конечный сноп образовался 13 сноп-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет, назад.

Есть у немцев конечные сноп-ветви в этой ветви значительно более древние, как в следующем случае:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > **Y31991**.

Последний сноп в этой цепочке образовался 119 сноп-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад. Скорее всего, он просто недотипирован.

Аналогичный по сути вариант:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Y29605 > **Y30564**.

Здесь последний сноп образовался между 87 и 110 сноп-мутаций, то есть между 12,5 тыс. и 15,8 тыс. лет, назад.

Напротив, примеры недавно образованных конечных сноп-ветвей у немцев из этой суперветви:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y14899 > Y14891 > Z36149 > **BY20365 > Y134172**.

Последние 2 сноп-ветви образовались всего 3 сноп-мутаций, или примерно 430 лет, назад.

Вторая суперветвь гаплогруппы E1b у немцев — это переход от древнего сноп-ветви M35 на следующую линию:

M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13, и далее на нижестоящие сноп-ветви-субклады. Это — наиболее распространенная линия в Европе у гаплогруппы E1b, которую иногда называют «ветвь V13». Примеры:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > L540 > A6295 > A9034 > **Y153993**.

Последний сноп образовался 11 сноп-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > L540 > **Y7026 > Z29042 > Z39377 > BY5180**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > L540 > Y7026 > **A783**.

Шесть выделенных сноп-ветвей образовались соответственно 11, 15, 16, 13, 13 и 12 сноп-мутаций, или между 1,6 тыс. и 2,3 тыс. лет, назад.

Сноп E1b-V13 имеет трагичную историю, описанную выше. Общий предок носителей этого сноп-ветви в Европе жил 3450 ± 350 лет назад, как определено по 193 гаплотипам в 67-маркерном формате (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016), хотя ископаемые ДНК этой гаплогруппы показывали археологическую датировку 7 тыс. лет назад. Это — отражение истории «гибели старой Европы», что произошло практически со всеми носителями всех гаплогрупп Европы до 4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад, времен заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b.

## Гаплогруппа G2a

Больше всего гаплогруппы G2a в настоящее время на Кавказе, хотя в мезолитический и палеолитический периоды это была одна из наиболее распространенных гаплогрупп в Европе. Как и гаплогруппы I1 и E1b, они были почти полностью истреблены во времена «гибели старой Европы». Немногие выжившие обитатели Европы прошли через Малую Азию и вышли на Кавказ. Видимо, именно с Кавказа многие европейские страны получили гаплогруппу G2a, и она там присутствует в относительно небольших количествах, за немногими исключениями не более 2–5 %. Германия попадает в ту же категорию.

Образцов субклада G1 в Германии в списке YFull нет, но есть линии G2a1 и G2a2, например:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > **Z31464**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > PF3148 > PF3177 > L91 > **Z42565**.

В Германии есть ДНК-линии, которые распространены в Армении, и приведенные ниже конечные сноп-ветви (выделены) описаны в разделе «Армяне» выше в этой книге:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 > Y7538 > **Z1816**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 > Y7538 > Z1816 > Z1823 > Z726 > **CTS4803**.



Обе эти линии проходят через снип P303, который часто встречается на Кавказе. Еще примеры этих линий, найденных в Германии:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 > Y7538 > Z1816 > Z1823 > Z726 > CTS4803 > S2808 > Y3098 > Y3101 > **S2795**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > Z3428 > Z6025 > Z5856 > Z6028 > FGC228 > FGC31715 > **FGC31708**.

Последний снип образовался 5 снип-мутаций, или примерно 700 лет, назад.

Наконец, среди немцев встречаются линии субклада G2, проходящие через снип M3115, как, например:

G-M201 > G2-P287 > M3115 > M377 > Y12297 > Y12975 > **Z45086**.

Последний снип (выделен) также найден у жителя Израиля. Этот снип образовался всего 4 снип-мутации, или примерно 600 лет, назад.

G-M201 > G2-P287 > M3115 > M377 > Y12297 > Y12975 > Y14600 > Y48752 > **BY181331**.

G-M201 > G2-P287 > M3115 > M377 > Y12297 > Y12975 > Y14600 > Y14601 > **FGC32397**.

У этих линий есть та же особенность, как и у других древнейших гаплогрупп Европы, которая была описана выше, а именно наличие провала между древними снипами и относительно недавними, что на гаплотипах видно как прохождение «бутылочного горлышка» выживания после временного периода 4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад. Например, снип M377 образовался 129 снип-мутаций, или примерно 19 тыс. лет, назад, а следующий за ним Y12297 образовался 4,8 тыс. лет назад. Последние снипы в показанных последних двух цепочках образовались 3–6 и 8 снип-мутаций, или между 400 и 1150 лет, назад. Фигурально говоря, у этих снипов нет прошлого. Так в снипах отражается геноцид населения, который в данном случае мы видим 4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад.

## Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа не является характерной для немцев, встречается у них на уровне единиц процентов, и соответствующие цепочки снипов пере-

секаются с таковыми у жителей Кавказа, а также Поволжья — башкир, чувашей, мокши. Например, у немца найден снип PH2651, точно такой же, как у армян:

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > S8230 > **PH2651**.

Аналогично, снип PF5456 найден у немцев и армян:

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > Z438 > Z387 > L70 > Z435 > Z2148 > CTS3601 > **PF5456**,

только у армян эта цепочка снипов проходит глубже еще на 2 снипа:

**PF5456** > Y24651 > Z40772,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > **PF2254**.

Цепочки снипов до L24 встречаются у кабардинцев и черкесов.

Еще пример из этой линии, но с расхождением после снипа Z387, который образовался 59 снип-мутаций, или примерно 8,5 тыс. лет, назад:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > Z438 > Z387 > Y17949 > FGC35461 > FGC34168 > FGC35489 > Z39975 > **Z39973**.

Последний снип найден у немца, а также у кабардинца и черкеса, что описано в соответствующих разделах выше в этой книге.

Это были примеры из линии субклада J2a-M410, но у немцев встречаются также снипы линии субклада J2b-M102:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > **Z615**.

Последний снип встречается у русских, башкир, чувашей, мокши, мордвы, татар. У всех них цепочка снипов проходит значительно глубже.

Еще пример этой линии:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > **Y12007**.

Последний снип встречается у немцев, а также у мокши.

Надо сказать, что все выделенные снипы, встречающиеся в Германии, на Кавказе, в Поволжье, да и вообще на Русской равнине, образовались достаточно давно, между 5,4 тыс. и 2,6 тыс. лет назад, а в одном случае и 13,8 тыс. лет назад



(PF2254), и в этом отношении не являются слишком информативными. Они показывают то, что люди за последние тысячелетия передвигались по Европе в разных направлениях. Чем более недавние сніпы, тем более они локализованы по территориям. Примеры относительно недавних сніпов у немцев:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > L210 > Z489 > CTS2282 > Z482 > Y15222 > Y15223 > Y15238 > Y23161 > **Y23457**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > L210 > Z489 > CTS2282 > Z482 > Y15222 > Y15223 > Y15238 > Y16180 > **Y28960**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 > Y9005 > Y13511 > **Y20339**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 > Y11782 > Y13373 > **(ZS8094 + FGC22233 + Y13097)**.

Все эти 6 сніпов образовались в интервале времен между тремя и пятью сніп-мутациями, или между 400 и 700 лет назад.

## Гаплогруппа I2a

Гаплогруппа I2a подразделяется на несколько основных ветвей — британскую, западноевропейскую, центральноевропейскую и восточноевропейскую, она же (последняя) южнославянская группа. Всех суммарно в Германии относительно мало, примерно 1,5 % от всех мужчин, а носителей южнославянской группы — еще в 10–15 раз меньше, то есть примерно 0,10–0,15 % от всех. Как правило, сніпы южнославянской группы являются нижестоящими от сніпа I2a-Y3120, примеры показаны ниже. Как следствие — сніпы гаплогруппы I2a у немцев и русских пересекаются мало, и действительно — в списке YFull имеются конечные сніпы гаплогруппы I2a для 65 немцев и 42 русских, и они пересеклись только один раз (см. ниже). У немцев преобладают западноевропейские сніпы, у русских — южнославянские.

Начнем с южнославянских (по происхождению) сніпов у немцев, их в списке YFull всего 5 из 65 (выделены ниже). Их цепочки следующие:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > S17250 > Y4882 > Y140266 > **Y141124** (2 человека).

Последний сніп образовался всего 5–9 сніп-мутаций, или между 700 и 1300 лет, назад. Относительно недавние датировки характерны для южнославянских сніпов гаплогруппы I2a, общий предок которых прошел «бутылочное горлышко» выживания только в конце прошлой эры, 2,3 тыс. лет назад. Древние носители гаплогруппы I2a были одними из коренных обитателей Европы, и почти все погибли в ходе геноцида в Европе 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад, о чем рассказывалось выше в этой книге.

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > S17250 > Y4882 > A10230 > **A811**.

Последний сніп (выделен) образовался между 7 и 14 сніп-мутаций, или между 1 тыс. и 2 тыс. лет, назад.

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > **A815** > A5875 > Y31025 > **BY42203** (2 человека).

Последние два выделенных сніпа образовались 12 и 13 сніп-мутаций, или примерно 1,7 тыс. и 1,9 тыс. лет, назад соответственно.

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > S17250 > **PH908**.

Последний сніп образовался 12 сніп-мутаций, или примерно 1,7 тыс. лет, назад. Он найден у немца из земли Баден-Вюртемберг и у русского из Пензы.

Как видим, все «южнославянские» сніпы проходят через пару последовательных сніпов Y3120-S17250, последний образовался 16 сніп-мутаций, или примерно 2,3 тыс. лет, назад. Это и есть датировка прохождения «бутылочного горлышка» выживания тех, кто потом стал южными славянами гаплогруппы I2a, от Греции до Балтийского моря.

Заметим, что приведенные выше цепочки в своей начальной части проходят через снип M423, который образовался 122 снип-мутации, или примерно 18 тыс. лет назад. Намного бо́льшая ветвь снипов гаплогруппы I2a в Германии проходит через снип M223, который образовался 113 снип-мутаций, или примерно 16 тыс. лет, назад, что находится в пределах погрешностей расчетов. Этот снип имеют многие носители гаплогруппы I2a из Англии, Ирландии, Испании, Франции, Италии, Германии. Примеры:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > M436 > M223 > CTS616 > CTS10057 > Z161 > L801 > Z170 > CTS1977 > Y4946 > Y5282 > Y11230 > **Y84255**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > M436 > M223 > CTS616 > CTS10057 > Z161 > L801 > Z170 > CTS6433 > S2364 > S2361 > Z78 > CTS8584 > Z185 > Z180 > Y92994 > **Y154542** (2 человека).

Довольно бо́льшая группа европейцев, включая немцев, имеет цепочки снипов, которые проходят через снип P37, но не продолжают по линии снипа M423, а уходят на «параллельную» линию снипа CTS595 (образовался 127 снип-мутаций, или примерно 18 тыс. лет, назад). Примеры этих снипов у немцев:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > L158 > Y3992 > Z2049 > Y11222 > Z27396 > **PF6921**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > L158 > Y3992 > Z2049 > L160 > PF4088 > A17273 > BY37379 > **Y141619**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > L158 > Y3992 > Z2049 > L160 > PF4088 > CTS1758 > BY130413 > **Y38933** (2 человека),

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > L158 > Y3992 > Z2049 > L160 > PF4088 > CTS1758 > **Z105** > Y4386 > **Z99**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > S211825 > Y4213 > **M838**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > S211825 > Y4213 > L1287 > **Y11949**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > S211825 > Y4213 > L1287 > L233 > **Y4252**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > S211825 > Y4213 > L1287 > L233 > Y4252 > A10033 > **Y23458**.

Все эти конечные снипы довольно древние, образовались между 80 и 20 снип-мутаций, то есть между 11,5 тыс. и 2,9 тыс. лет, назад (снипы M838 и Y141619 соответственно), за исключением последнего снипа, Y23458, который образовался 10 снип-мутаций, или примерно 1,4 тыс. лет, назад.

Наконец, небольшая группа немецких и других европейских, кавказских и переднеазиатских снипов проходит по линии I2a2-L596, например:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a2-L596 > S6635 > Y5334 > S92234 > Y7857 > Y7174 > Y14155 > **Y11280**.

Последний снип образовался всего 3 мутации, или примерно 400 лет, назад.

Эти снип-мутации встречаются в Англии, Ирландии, Италии, Венгрии, Армении, Грузии, Турции, Саудовской Аравии и в относительно небольшом количестве в Германии.

## Гаплогруппы N, T, Q, J1

Данных по этим гаплогруппам мало, для того чтобы получить достоверные результаты анализа их субкладов и гаплотипов. Можно только отметить, что единственный образец гаплогруппы N1a1 у немцев в списке YFull имеет цепочку снипов: N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > L551 > Y14152 > **Y13979**.

Это линия L550 > L1025, распространенная на Русской равнине от Урала до Польши, видимо, этим путем и попала в Германию.

В гаплогруппе Q примеры немецких снипов следующие:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > L53 > L54 > M1107 > M930 > L1804 > Y9295 > Y9052 > Y9294 > **Y9048**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > L53 > L54 > M1107 > M930 > L1804 > **JN15**.

Это — необычные линии для русских, у которых цепочки уходят в сторону после снипа L54, который образовался 115 снип-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад. Выделенные выше снипы образовались 19 и 21 снип-мутаций, или 2,7 тыс. и 3 тыс. лет, назад соответственно.

### 30. УЗБЕКИ

Согласно Всероссийской переписи населения, в России проживают около 290 тыс. узбеков. Данных по ДНК-тестированию их крайне мало. Например, в Узбекском проекте FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/uzbek?iframe=yresults>, есть всего 37 человек, из них 2 жителя Узбекистана (с гаплогруппами С и Е), 8 таджиков, 6 индийцев, 3 пуштуна, остальные — чеченец, черкес, хазарейцы, белудж, аймак и так далее. В базе данных Eupedia: <https://www.youtube.com/watch?v=hdngdbzayHA&t=232s>, узбеков нет. В базе данных Академии ДНК-генеалогии из 938 человек, прошедших тесты в Академии, есть только 2 узбека, гаплогруппы R1a и R1b (последний — из Казахстана). В списке снипов YFull узбек есть только среди носителей гаплогруппы Q, причем как единичный образец:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > L712 > L715 > YP844 > L713 > **YP1677**.

Последний снип образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад. Предшествующий ему снип L713 найден у русских и марийцев.

Но некоторые данные по составу гаплогрупп у узбеков есть. В табл. 39 приведены данные по узбекам, проживающим в настоящее время на территории исторической Бактрии. Из 1023 гаплотипов пуштунов, таджиков, хазарейцев, аймаков, туркмен, белуджи и узбеков последних было 142 человека (14 %).

**Таблица 39.** Состав узбеков на территории исторической Бактрии (данные приведены в книге А. А. Клёсова и Х. С. Саидова «Евреи и пуштуны Афганистана». М.: Концептуал, 2015)

Гаплогруппа	Состав в %, 142 чел.	Гаплогруппа	Состав в %, 142 чел.
R1a	26	C	8,5
J2	15	N	4,2
R1b	12	G	3,5
Q	9,2	H	2,8
L	9,2	R2	2,8

В табл. 40 приведены данные по составу узбеков по гаплогруппам, определенные коллективом авторов статьи, цитируемой в таблице.

**Таблица 40.** Состав гаплогрупп узбеков на территориях Бухары, Сурхандарьинской и Кашкадарьинской областей, Хорезма, Ташкента, Ферганской долины и Самарканда, 366 чел.\* и состав гаплогрупп узбеков, 78 чел.\*\* Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	Состав в %, 366 чел.*	Состав в %, 78 чел.**
R1a	26	18
J2	13	14
C	11,5	15,4***
R1b	10	9
F	7,9	6,4
K	7,1	3,8
P	5,5	н/п
O	4,9	6,4
L	3	2,6
E1b	2,5	3,8
R2	2,2	10,3****
D	2,2	0
I	2,2	1,3
H	1,6	н/п
N	1,4	6,4
Q	н/п	н/п
G	н/п	2,6

\* Wells R. S. et al. *The Eurasian heartland: A continental perspective on Y-chromosome diversity* // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 2001. V. 98. №18. P. 10244–10249.

\*\* Tambets K. et al. *Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations* // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\*\* C2-M217.

\*\*\*\* Сумма долей гаплогрупп P, Q, R\*, R2.

Как видно, по первым трем-четырем позициям данные неплохо согласуются. В остальном согласование только частичное, возможно, потому, что данные Wells et al. 19-летней давности во многом потеряли свою актуальность из-за устаревшей методики определения ряда гаплогрупп. В старых работах, например, наблюдалась значительная доля гаплогрупп F и K, что не подтверждается современными исследованиями, или

те данные были кардинально недотипированы. В сети имеются и другие отрывочные данные по составу гаплогрупп у узбеков, но они обычно приводятся или в виде круговых диаграмм, или в ходе сетевых дискуссий, но в целом не противоречат уже приведенным выше данным. В целом можно заключить, что субклады гаплогруппы R1a у узбеков практически все относятся к субкладу R1a-Z93, что согласуется с древними миграциями южных ариев (относящихся к субкладу R1a-Z645-Z93) на восток со стороны Русской равнины.

### 31–32. ТУВИНЦЫ И ТУВИНЦЫ-ТОДЖИНЦЫ

Число тувинцев по результатам Всероссийской переписи населения составляет немногим больше 260 тыс. человек, включая 1858 тувинцев-тоджинцев, которые живут в нескольких селах Тывы. Они отмечены в материалах переписи населения отдельной строкой, официально составляют этническую группу и относятся к малым народам Сибири.

Состав тувинцев по гаплогруппам изучали в нескольких научных статьях (табл. 41).

**Таблица 41.** Состав гаплогрупп тувинцев по данным четырех статей, численность выборки 518 чел.\*, 419 чел.\*\*, 113 чел.\*\*\* и 42 чел.\*\*\*\*. Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	Состав в %			
	518 чел.*	419 чел.**	113 чел.***	42 чел.****
N	38	45	24	21
N1a2b-P43	21	24	н/п	н/п
N1a1-M46	17	19	10	21
N-M231	н/п	2	н/п	н/п
C2-M217	14,9	16,5	7,1	17
R1a	12,7	12,3	17,7	14
Q	18*****	13,1	н/п	н/п
O	6	7,2	н/п	2
K	3,7	н/п	8,9	28
R1b	2,7	3,3	н/п	2
R1b-M73	н/п	2,8	н/п	н/п
R1b-M269	н/п	0,5	н/п	н/п
I	1,2	1,1	0,9	н/п
I1	н/п	0,9	н/п	н/п
I2a	н/п	0,2	н/п	н/п
F	0,8	н/п	3,5	н/п
E1b	0,6	0,5	0	н/п
D	0,6	0,2	0	н/п
J2	0,4	0,4	0	н/п
G	0,2	н/п	0,9	н/п
R2	18*****	н/п	н/п	н/п
P	н/п	н/п	35	17
L	0	н/п	0	н/п

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Харьков В. Н. и др. Структура генофонда тувинцев по маркерам Y-хромосомы // *Генетика*. 2013. Т. 49. №12. С. 1416–1425.

\*\*\* Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // *Доклады Академии наук*. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277.

\*\*\*\* Wells R. S. et al. The Eurasian heartland: A continental perspective on Y-chromosome diversity // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 2001. V. 98. №18. P. 10244–10249.

\*\*\*\*\* Сумма долей гаплогрупп P, Q, R\*, R2.

Несмотря на совершенно разные выборки и явный разнобой в данных, таблица показывает преимущественную численность гаплогрупп N, C, R1a, Q. Это в целом характерно для сибирских народов. В гаплогруппе N доминирует субклад N1a2b-P43, типичный для Зауралья и севера России.

Гаплогруппа N-M231 образовалась 240 снип-мутаций, или примерно 35 тыс. лет, назад, в Юго-Восточной Азии, возможно, на юге Китая или во Вьетнаме, и прошла длинными миграциями на север до образования субклада N1a1-M46, видимо, на Алтае, 99 снип-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад. «Параллельная» линия субклада N1a2b началась с образованием снипа N1a2b-P43, что произошло 54 снип-мутации, или примерно 7,8 тыс. лет, назад. Поскольку у тувинцев субклада P43 заметно больше, чем M46 (см. табл. 42), то, видимо, миграции носителей этой линии прошли по региону будущей Тывы, и снип P43 образовался еще до этого.

По данным Харькова и др., 2013, 17-маркерный базовый гаплотип (в нестандартном формате) одной из подветвей группы N1a2b-P43 у тувинцев имеет вид:

13 23 15 11 12 13 11 12 11 10 14 26 8 10 12 8 11, и двух подветвей группы N1a1-M46:

14 23 14 11 11 11 11 12 10 11 14 27 8 10 12 8 11,  
13 23 15 11 12 12 11 12 11 11 14 27 8 10 12 8 11.

Доля гаплогруппы R1a у тувинцев составляет 12–14 %, то есть сопоставима с долей для гаплогруппы C. По ряду сведений, эта гаплогруппа у тувинцев имеет преимущественный субклад R1a-Z93, то есть отражает арийские миграции тех, кто не ушел в Индостан примерно 3,5 тыс. лет назад. Часть тех миграций направилась в Зауралье и дошла до Алтая, Монголии, Китая.

Гаплогруппа Q у тувинцев имеет преимущественный субклад Q1b-M346. Он найден также у армян и казахов и более подробно записывается следующим образом:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 (= M346).

Отличие в том, что и у армян, и у казахов определены более глубокие субклады (см. выше соответствующие разделы). Источник, видимо, один — Сибирь.

В гаплогруппе O у тувинцев найдена целая серия линий. Помимо самой гаплогруппы O, ко-

торая определенно недотипирована, найдены следующие субклады (выделены):

**O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > O2a2-P201 > P164 > M134 > F450 > M117.**

Они найдены еще у татар, русских, украинцев, включая последний снип, который образовался 163 снип-мутации, или примерно 23 тыс. лет, назад.

O-M175 > O1-F265 > O1b-P31/M268.

**Таблица 42.** Состав гаплогрупп тувинцев-тоджинцев на северо-востоке Республики Тыва. Данные приведены в двух статьях, как указано под таблицей. В статье\*\* приведена архаичная номенклатура, и ее данные можно воспринимать лишь условно

Гаплогруппа	Состав в %, 23 чел.*	Состав в %, 36 чел.**
N	30,4	13,9
N1a2b-P43	13	н/п
N1a1-M46	17,4	11,1
Q1b	30,4	19,4****
R1a	26,1	30,6
C	8,7	8,3
O	4,3***	13,9****

\* Харьков В. Н. и др. Структура генофонда тувинцев по маркерам Y-хромосомы // Генетика. 2013. Т. 49. №12. С. 1416–1425.

\*\* Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277.

\*\*\* O2a2-M134.

\*\*\*\* В статье приведена устаревшая номенклатура, не показывающая напрямую гаплогруппы Q и O, в таблице — реконструкция.

Согласно статье (Балановская Е. В. и др. Генофонд охотников-оленовдов Южной Сибири: тофалары и тоджинцы // Вестник МГУ. Серия 23: Антропология. 2019. № 4. С. 67–80.) у тоджинцев найдены две основные гаплогруппы — Q-M242 (52 %) и N-M231 (37 %), в сумме это уже составляет 89 %. Помимо них, имеются небольшие количества гаплогрупп C2-M217 и R1a, на уровне единиц процентов. Гаплогруппа N-M231, в свою очередь, состоит из двух основных субкладов, L666 (21 % от выборки, образовалась 87 снипов, или примерно 13 тыс. лет, назад, выделена ниже):

N-M231 > Z4762 > L729 > **N1a2-L666** > N1a2b-P43,



и N1a1-F4205 (12 % от выборки, образовалась 34 снипа, или примерно 4,9 тыс. лет, назад):

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > Y16323 > **F4205**.

Мы видим, что это две совершенно разные ветви, которые разошлись от снипа L729, который образовался 116 снип-мутаций, или примерно 16,7 тыс. лет, назад, видимо, на территории будущих Монголии или Китая.

Поскольку гаплогруппа Q-M242 определена в цитируемой статье очень поверхностно, без приведения нижестоящих снипов, то проследить происхождение тоджинцев этой гаплогруппы затруднительно.

В целом же данные Балановской и других принципиально противоречат данным, приведенным в табл. 42. По Балановской, у тоджинцев почти нет гаплогруппы R1a, по данным табл. 42 доля этой гаплогруппы у тоджинцев 26 %. По Балановской, более половины тоджинцев имеют гаплогруппу Q, по данным таблицы 42 эта доля — около трети. У Балановской доля линии N1a2b-P43 (которая в ее статье недотипирована и останавливается на L666) почти вдвое больше, чем в табл. 42. Это показывает или несовершенство методик определения у одного из авторов, или значительную неоднородность тоджинцев даже при том, что они проживают всего в нескольких селах.

### 33–35. КОМИ-ЗЫРЯНЕ, КОМИ-ПЕРМЯКИ И КОМИ-ИЖЕМЦЫ

Число жителей России, назвавших себя коми, они же коми-зыряне, насчитывает около 230 тыс. человек. Из них 89 % проживают в Республике Коми и еще 5 % суммарно — в Ямало-Ненецком, Ненецком и Ханты-Мансийском автономных округах. В их состав, согласно переписи населения, входят коми-ижемцы, в количестве 6420 человек. Помимо коми-зырян, отдельной строкой идут коми-пермяки, в количестве немногим больше 94 тыс. человек, в состав которых входят также коми-язьвинцы. Есть еще и прилузские коми, названные так по имени Прилузского района, одного из 12 районов Республики Коми. Коми-пермяки внесены в Перепись отдельной строкой, поскольку территория их проживания значительно

отличается от коми-зырян, 86 % пермяков проживают в Пермском крае, 3 % — в Тюменской области, и только 0,7 % — в Республике Коми (по сравнению с 89 % для коми-зырян).

Тем не менее коми сведены в этот единый раздел не только потому, что все они «коми», а в основном потому, что их основная гаплогруппа, следовательно, древнее происхождение, сходны у всех перечисленных здесь коми. Это — гаплогруппа N1a, доля которой у коми по разным выборкам варьируется от двух третей до трех четвертей и выше. Данных, по сути, немного, и они будут рассмотрены в этом разделе.

В табл. 43 приведены данные по составу гаплогрупп у коми. Это — типичный состав для северных народов Российской Федерации. Наиболее распространенная гаплогруппа — N1a, причем в двух линиях — N1a2b и N1a1, которые разошлись очень давно, на уровне снипа L729 (см. ниже), который образовался 119 снип-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад, и, похоже, носители снипа N1a2b-P43 вышли с Урала на северную часть Русской равнины, а носители N1a1 обитали больше на Среднем Урале и оттуда повели свои миграции на запад, на Южную Балтику и южнее, от Польши до территории будущей Украины и Паннонии.

**Таблица 43.** Состав гаплогрупп коми. Данные приведены в статье\*. Какие именно коми — в статье не указано

Гаплогруппа	Состав в %, 135 чел.*
N	55,5
N (xM46)**	18,5
N1a1-M46	37
R1a	27,4
I-M170	5,9
R1b	5,9
J	2,2
E1b	1,5
P, R, R2, Q	0,7
K	0,7
C, D, F, G, L, O	0

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Предположительно N1a2b-P43.

Те же авторы цитируемой статьи (Tambets et al.) изучали распределение гаплогрупп коми на 9 лет раньше, в 2004 г., и получили заметно различающиеся, но в целом концептуально согласующиеся данные. Так, в более ранних данных гаплогруппы N1a2b-P43 и N1a1-M46 было соответственно 12,8 % и 22,3 %, в сумме 35,1 % (ср. с данными табл. 43), гаплогруппы R1a — 33 %, гаплогруппы R1b — 16%, то есть почти в 3 раза больше, чем в более поздних данных того же основного автора. Rootsi et al. в 2004 г. нашли долю гаплогруппы I у коми (выборка 110 человек), равную 4,5 %, в табл. 43 указано 5,9 %. Малярчук и др. в 2009 г. (Malyarchuk B., Derenko M. «On the origin of Y-chromosome haplogroup N1b». *Eur. J. Human Genetics*, 17, 1540-1541 (2009).) нашли, что доля гаплогруппы N у ижемских коми (выборка 54 человека) в сумме составляет 67 %, а гаплогруппы R1a — 30 %. Опять, данные различаются с таковыми в табл. 44, но неясно, то ли это ошибки в типировании, то ли другие выборки, то ли другой состав населения коми. Они же для прилузских коми (выборка 49 человека) определили долю гаплогруппы N — 64% (N1a2b-P43 и N1a1-M46), 14 % и 50 % соответственно. Еще более ранние данные Карафет (Karafet T. M. et al «High levels of Y-chromosome differentiation among native Siberian populations and the genetic signature of a boreal hunter-gatherer way of life». *Hum. Biol.* 74, 761-789 (2002)) показали долю гаплогруппы N среди коми-зырян (то есть самих коми), выборка 28 человек, — 85,7 %, из них N1a2b-P43 — 35,7 % и N1a1-M46 — 50 %. Надо отметить, что все перечисленные авторы использовали уже устаревшую номенклатуру наименований субкладов, которая здесь исправлена.

Несколько значений снийов для представителей коми приведены в списке YFull, а именно для пяти коми с гаплогруппой N и по одному представителю коми с гаплогруппами R1a и R1b. В других гаплогруппах представителей коми не было. Соответствующие цепочки снийов весьма важны для изучения происхождения носителей этих конечных снийов (выделены ниже).

Итак, гаплогруппа N, субклад N1a2b-P43:

N-M231 > Z4762 > L729 > N1a2-L666 > N1a2b-P43 > Y3195 > Y3185 > VL97 > FGC38830 > **Y30121**.

С таким же конечным снийом в том же списке есть русский из Пермского края.

Гаплогруппа N, субклад N1a1-M46:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > Y9022 > B181 > Y23788 > **BY32567**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > Y28526 > **Y32731**.

Последний сний образовался 11 сний-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад, он есть у коми и у шведа. Поскольку у шведов гаплогруппы N1a1 всего несколько процентов и все снииы принесены миграциями через Русскую равнину и Прибалтику, кроме самых недавних, образовавшихся уже в Швеции, то сний у коми явно не шведского происхождения.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > YP6091 > YP6094 > **Y129131**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 > Z1927 > Z1933 > **VL62**.

В списке YFull этот же конечный сний делят коми, эстонец и финн. Сний образовался 13 сний-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет, назад. В те же времена миграции носителей гаплогруппы N1a1 подошли к Прибалтике, и несколько позже — на территорию будущей Финляндии.

Гаплогруппа R1a у одного представителя коми:

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > YP5917 > Y93270 > **Y100896**.

Это — балто-карпатская ветвь (CTS3402), и нижеследующий сний Y89138 найден у двух русских из Курской области.

Гаплогруппа R1b у одного представителя коми:

R1b-M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > KMS67 > Y20993 > **BY159318**.

Такой же конечный сний найден у татарина, но сам сний образовался 31 сний-мутацию, или примерно 4,5 тыс. лет, назад, еще во времена ямной культуры, к которой относится сний Z2103. Это достаточное время, чтобы распространиться и к татарам, и на север, к коми.

Наконец, в базе данных FTDNA есть «Уральский проект (финны, угры, самоеды)»: <https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/>

default.aspx?section=yresults, в котором приведены данные по одному коми-язьвинцу (гаплогруппа R1b, наиболее вероятен субклад Z2103), приведен 67-маркерный гаплотип, первые 12 маркеров следующие:

12 23 14 11 11 14 12 12 13 13 13 29,

и десяти коми-зырянам. Состав гаплогрупп следующий: две гаплогруппы N, одна из них в виде цепочки сипов, другая недотипирована:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > Y9022 > B181 > Y23788 > BY32567 > **BY32564**,

эта же линия есть у башкир, до сипа Y23788.

Помимо этих гаплогрупп, есть одна I2a-P37 и семь гаплогрупп R1a, конечные субклады (выделены):

**R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > YP237 > FGC13681 > YP953 (= FGC21242) > YP951 > FGC39324 (= Y17619) > FGC39337,**

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > YP5917 > Y93270 > **Y100896** (= FGC74365).

## 36–37. КАРАЧАЕВЦЫ И БАЛКАРЦЫ

Согласно результатам Всероссийской переписи населения, в стране проживают около 220 тыс. человек, назвавших себя карачаевцами. Это — коренное население Карачаево-Черкесии, в которой живут 89 % карачаевцев, еще 7 % живут в Ставропольском крае, остальные живут небольшими компактными образованиями или расеяны по всей стране. Карачаевцев часто (неформально) объединяют с балкарцами, поскольку те и другие говорят на карачаево-балкарском языке, обнаруживают между собой несомненное антропологическое сходство и культурную близость, но разделены по административным образованиям — Карачаево-Черкесия у первых и Кабардино-Балкария у вторых. Численность балкарцев согласно той же переписи населения — около 113 тыс. человек, из них 96 % проживают в Кабардино-Балкарии. Данные переписи населения показывают, что в Карачаево-Черкесии проживают всего 418 балкарцев. Тем не менее хотя — на первый взгляд — административно-территориальное деление разделяет карачаев-

цев и балкарцев по преобладающей численности в соответствующих республиках, сами карачаевцы и балкарцы считают себя одним народом, карачаево-балкарцами.

В табл. 44 приведены данные по составу гаплогрупп суммарно у карачаевцев и балкарцев, поскольку наиболее информативный в этом отношении Проект называется «Карачаево-Балкарский проект FTDNA» (<https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>).

Данные таблицы показывают, что состав гаплогрупп балкарцев не отличается заметно от суммарного состава гаплогрупп у карачаевцев и балкарцев.

На рис. 113 и 114 приведены деревья гаплотипов карачаевцев и балкарцев в 12- и 37-маркерных форматах соответственно. Эти два формата вызваны тем, что 12-маркерные гаплотипы в базе данных представлены для 390 человек, а в 37-маркерном формате — для 223 человек, то есть в последнем случае на дереве не показаны 167 гаплотипов. Иначе говоря, первое дерево более многочисленно по гаплотипам, но имеет более низкое разрешение, а второе — имеет более высокое разрешение и точность, но опирается на меньшее количество гаплотипов. У каждого есть свои преимущества и недостатки.

### Гаплогруппа G2a

Не должно смущать, что 12- и 37-маркерные деревья выглядят по-разному. В 12-маркерных недостает 25 маркеров, что может значительно изменить форму дерева. Количество гаплотипов тоже значительно разнится (390 и 223) для 12- и 37-маркерных деревьев. Но выводы, как правило, получаются одни и те же, хотя надежность выводов увеличивается с числом гаплотипов, с одной стороны, и с их протяженностью — с другой. Иначе говоря, 12- и 37-маркерные гаплотипы работают «в противофазах», но выводы, если они корректные, должны быть одними и теми же.

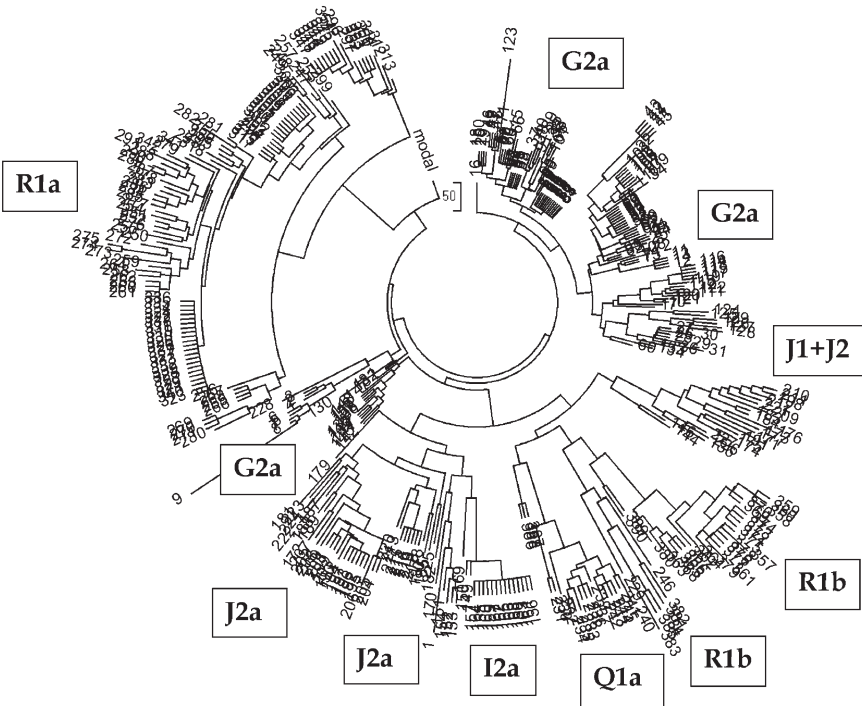
Мы видим, что на 12-маркерном дереве гаплогруппа G2a образует две резко различающиеся, контрастные ветви в правой верхней части дерева, плюс третья малая ветвь в левой нижней части. Как правило, такое различие является следствием наличия нескольких субкладов в гаплогруппе,

**Таблица 44.** Состав гаплогрупп карачаевцев и балкарцев (выборка 390 чел.), данные приведены в «Карачаево-Балкарском проекте»: <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>, и состав гаплогрупп отдельно у балкарцев (выборка 135 чел.), согласно статье\*. Обозначение «н/п» — данные не приведены. В последней колонке КВ — Кабардино-Балкария, КС — Карачаево-Черкесия

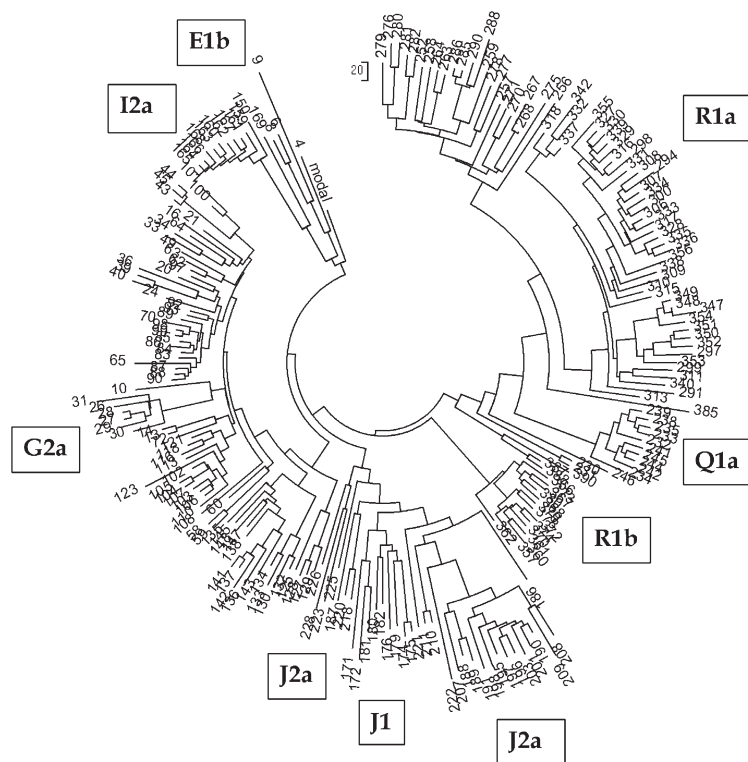
Гаплогруппа	Состав в %, карачаевцы и балкарцы (390 чел.)	Состав в % у балкарцев* (135 чел.)	Число образцов в списке YFull (КВ + КС)
G2a	36	33	15
R1a	28	28	18
Z93	25	н/п	15
Z280, M458 и неидентифицированные/архаичные	3	н/п	3
J2a	12	19**	7
R1b	7,4	13	1
I2a	5,6	3	3
Q1a	4,3	н/п	2
J1	3	н/п	1
E1b	2	0	0
T	1,2	н/п	0
N1a	0,3	0	0
C	0,3	0	0
L	0	0	1

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Суммарно J1 и J2.



**Рис. 113.** Дерево из 390 гаплогрупп карачаево-балкарцев, построенное в 12-маркерном формате по данным базы FTDNA «Карачаево-Балкарский проект»: <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>. Показаны основные гаплогруппы G2a и R1a и некоторые другие гаплогруппы, менее распространенные у карачаевцев и балкарцев



**Рис. 114.** Дерево из 223 гаплотипов карачаево-балкарцев, построенное в 37-маркерном формате по данным базы FTDNA «Карачаево-Балкарский проект»: <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>. Показаны основные гаплогруппы G2a и R1a и некоторые другие гаплогруппы, менее распространенные у карачаевцев и балкарцев

и в каждом субкладе своя структура гаплотипов. На 37-маркерном дереве ветвей на левой стороне дерева больше, именно благодаря более высокой разрешающей способности более протяженных гаплотипов. Как мы увидим ниже, действительно, в гаплогруппе G2a у карачаевцев и балкарцев есть немало наследственных ДНК-линий, которые выражаются в цепочках снийпов разной последовательности.

В списке снийпов YFull есть всего два образца из Карачаево-Черкесии:

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > **Y36036**.

Последний в этой цепочке — довольно древний снийп, он образовался 49 снийп-мутаций, или примерно 7 тыс. лет, назад. Он найден также у двух грузин.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > FGC1159 > BY21464 > **Y47534**.

Эта цепочка снийпов, вплоть до последнего, найдена также у татар. Но она тоже довольно древняя, последний снийп образовался 41 снийп-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад. Не-

удивительно, что с тех пор носители снийпа разнесли его по разным регионам, от Западного и Северного Кавказа до берегов Волги.

Примеры снийпов носителей гаплогруппы G2a на территории Кабардино-Балкарской республики, занесенные в список YFull, следующие:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > **Z6692** > Z7958 > FGC750 > Z31459 > Y36736 > **Y97597**.

Здесь выделены конечные снийпы у двух человек. Мы видим, что это та же цепочка снийпов, что и в Карачаево-Черкесии, до снийпа Z6653, от которого пошло разветвление.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z31459 > Y36736 > Z31461 > Z45053 > **Z31460**.

Последний снийп (Z31469), а значит, и вся предыдущая цепочка, найдены у грузина.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > **FT70700**.

Опять, вся эта цепочка с конечным снийпом FT70700 найдена у другого грузина.



G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > Z7961 > F2575 > Z7943 > **FT61413** (2 человека).

Последний сноп (FT61413) уже довольно недавний, образовался 6 сноп-мутаций, или примерно 860 лет, назад.

Отметим, что все перечисленные выше сныпы из Карачаево-Черкесии и Кабардино-Балкарии проходят через цепочку сныпов с парой Z6553-Z6653, большей частью через последующий сноп Z6679, который образовался 47 сноп-мутаций, или примерно 6,8 тыс. лет, назад, и затем расходятся на нисходящие цепочки, ведущие к конкретным «кланам». Но примерно столько же других цепочек показывают другую генеалогию, обычно они относятся к территории Кабардино-Балкарии. Как обычно, степени близости генеалогий можно определить по тому, насколько далеко отстоят пересечения в цепочках сныпов. Примеры:

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > Z3428 > YP4752 > **FT8419** > **Y177328**.

Два последних сныпа также найдены у осетин. Последний сноп образовался 9 сноп-мутаций, или примерно 1,3 тыс. лет назад.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > FGC959 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > **Y30992**.

Сноп Y30992 найден также у грузин.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > FGC959 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > **Z44222** > **Y92354**.

Последние два сныпа довольно древние, образовались 3,8 тыс. — 4 тыс. лет назад, и найдены у адыгов (оба) и в Туркменистане (последний).

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > FGC959 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > S9409 > **Y142068** (2 человека).

Все эти цепочки сныпов расходятся — по сравнению с первой серией — от сныпа G2a-P15,

который образовался 142 сноп-мутации, или примерно 20 тыс. лет, назад, и вторая серия проходит через серию сныпов P303-L140-PF3346-PF3345. Исходя из древности точки «развилки» и наличия самых древних сныпов гаплогруппы G2a в Афганистане (*Клёсов А. А., Саидов Х. С.* Евреи и пуштуны Афганистана. Пропавшие колена Израилевы: история, политика, ДНК-генеалогия. М.: Концептуал, 2016), можно полагать, что обе основные цепочки сныпов разошлись именно оттуда — носители одной из них ушли в Европу, где сноп G2a-P15 был одним из самых распространенных в мезолите и неолите, и после почти полного истребления в IV тыс. до н. э. выжившие через Малую Азию прибыли на Кавказ, а носители второй остались в Передней Азии и оттуда в своей части тоже мигрировали на Кавказ. В итоге потомки той и другой линии занимают значительную долю среди мужчин Западного и Северного Кавказа.

Дерево гаплотипов в 12-маркерном формате показывает две «плоские» ветви гаплогруппы G2a, то есть относительно недавние по происхождению. Гаплотипы (они же предковые гаплотипы) этих ветвей следующие:

14 22 15 10 15 16 11 12 11 12 10 29 (ветвь из 14 гаплотипов),

14 22 15 10 15 17 11 12 11 12 10 29 (ветвь из 6 гаплотипов).

Одна мутация между ними показывает, что временное расстояние между этими ветвями составляет  $1/0,02 = 50 \rightarrow 52$  условных поколений, или 1,3 тыс. лет, назад, и общий предок этих двух ветвей жил на половине этой дистанции, или примерно 650 лет назад. Но это только две ветви, причем в формате низкого разрешения. Если рассмотреть все 139 гаплотипов гаплогруппы G в 12-маркерном формате у карачаевцев и балкарцев, то найдем, что их условный общий предок жил  $5797 \pm 631$  год назад (без округления) и имел гаплотип:

14 22 15 10 15 16 11 12 12 12 10 29,

который отличается всего на 0,36 мутации (в среднем у 139 аллелей при этом маркере DYS439) от гаплотипа первой «плоской» ветви выше. Если перейти к 37-маркерным гаплотипам (левая половина дерева гаплотипов на рис. 114), то все 77 гаплотипов показывают базовый (предковый) гаплотип:

14 22 15 10 15 16 11 12 12 12 10 29 — 17 9 9 11  
11 24 16 21 29 13 13 14 14 10 10 20 21 15 14 15  
18 36 38 11 10,

носитель которого жил  $4734 \pm 495$  лет назад. Мы видим, что первые 12 маркеров гаплотипов совпали полностью и датировка общего предка хотя и заметно различается, но согласуется в пределах погрешности расчетов. Разумеется, датировка по 37-маркерным гаплотипам является более предпочтительной.

Надо понимать, что предковые гаплотипы и датировки их общих предков имеют прямой и простой смысл тогда, когда ветви однородные и относятся к общим сникам. В тех случаях, когда сники разные, общий предок уходит по времени вглубь и в идеальном случае представляет собой общего предка для всех сников в серии или того, кто выжил и оставил мужское потомство после прохождения «бутылочного горлышка» выживания. Это относится к обеим датировкам выше, которые явно охватывают разные сники. Рассмотрим конкретные примеры для гаплотипов карачаевцев и балкарцев, приведенных в базе данных FTDNA, процитированной выше. Также рассмотрим, расходятся ли карачаевцы и балкарцы по разным подветвям гаплогруппы G2a. Начнем с малой ветви гаплотипов под номерами 26–31 на рис. 114 слева. Происхождение одного гаплотипа там неизвестно, из остальных два карачаевца и три балкарца (из Чегема, Бакшана и Малкара). Базовый гаплотип:

14 22 16 10 15 16 11 12 13 12 10 28 — 17 9 9 11  
11 24 14 21 30 14 14 14 14 10 11 21 21 15 15 14  
18 38 38 10 10.

Общий предок ветви жил  $1280 \pm 280$  лет назад. Сник ветви уже был рассмотрен выше,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G 2 a 1 - Z 6 5 5 2 > Y 3 4 3 5 2 > Z 6 5 5 3 > Z 6 6 5 3 (= FGC693) > **Y36036**.

Еще малая ветвь, гаплотипы 124–129, два балкарца (из Малкара) и четыре карачаевца. Базовый гаплотип:

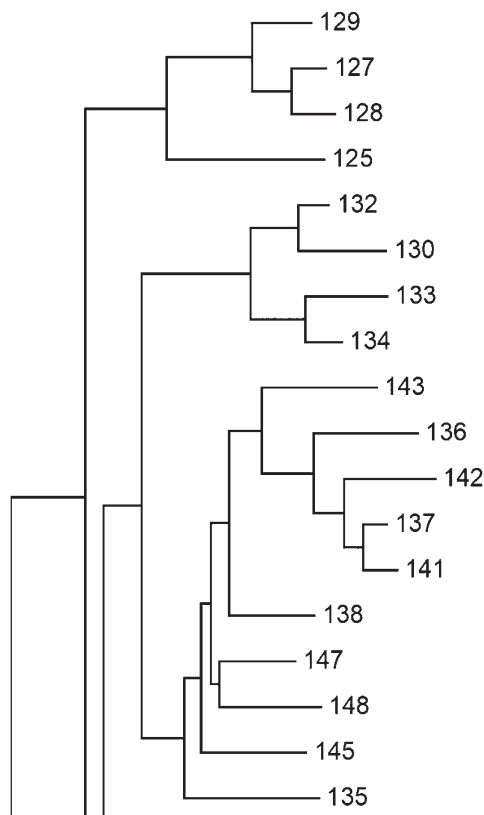
14 21 17 10 13 16 11 12 13 12 11 28 — 18 9 9 11  
11 23 16 21 27 12 14 14 14 10 10 19 20 15 14 15  
18 34 39 11 10.

Эта ветвь показана на фрагменте дерева гаплотипов на рис. 115 в самой верхней части. В 37-маркерном формате от нее осталось только четыре гаплотипа. Общий предок ветви жил

$1331 \pm 341$  год назад (без округления). Конечный сник был определен только для одного гаплотипа ветви (под номером 128), он следующий:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > **M406**.

Этот сник был также найден у представителя Кувейта.



**Рис. 115.** Фрагмент дерева в 37-маркерном формате гаплотипов карачаево-балкарцев, приведенного на рис. 114 по данным базы FTDNA «Карачаево-Балкарский проект»: <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>. Все гаплотипы здесь относятся к гаплогруппе G2a

Наконец, рассмотрим тройную ветвь из 14 гаплотипов на рис. 115. В 12-маркерном формате это было 19 гаплотипов, у одного происхождения неизвестно (гаплотип 147), один — из Иордании (но, судя по записям в базе данных, он имеет кавказское происхождение), и из оставшихся 16 гаплотипов 12 балкарских и 5 карачаевских (из них 37-маркерные гаплотипы имели образцы под номерами 135, 138 и 143). Как видно, и в этом

случае карачаевские и балкарские гаплотипы не разделялись.

Общий базовый гаплотип всей тройной ветви из 14 гаплотипов следующий:

14 23 15 10 13 14 11 12 12 12 11 29 — 16 9 9 11  
11 23 16 20 29 13 13 13 14 11 11 20 20 16 13 16  
19 35 36 12 10,

и общий предок гаплотипов этой ветви жил  $3584 \pm 460$  лет назад (без округления).

В этой ветви были определены следующие снии:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > Z3428 > YP4752 > **FT8419**.

Выделенный сноп относится к гаплотипу 133, он был рассмотрен выше, найден в Кабардино-Балкарии. Помимо балкарцев, конечный сноп имеют также осетины.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > **Z724**.

Этот сноп имеет балкарец из Холама (гаплотип 134), и такой же найден у осетин.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > **Z3428**.

Последний сноп имеется у балкарца из Холама (гаплотип 148) и найден также у осетина.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > FGC959 > U1 > L1266 > Y12277 > **L1264** (4 человека).

Последний сноп распространен по всей Русской равнине и на Кавказе. В ветви, показанной выше, он идет вместе с гаплотипами 135 (карачаевец), 138 (карачаевец), 139 (балкарец, гаплотип есть только в 12-маркерном формате), 143 (карачаевец).

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > S9409 > **Y142068**.

Выделенный сноп найден у балкарца из Малкара (гаплотип 141).

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 >

L140 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > Z44222 > **FT13327**.

Последний сноп (FT13327) имеет балкарец (гаплотип 142), и этот сноп найден также у черкеса и шапсуга.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y18370 > **PH1780**.

Этот последний сноп найден у носителя гаплотипа (балкарец из Малкара, гаплотип 146) в 12-маркерном формате, поэтому его нет на ветви на рис. 115. Этот сноп найден также у чеченца.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > **Y30992** (= Y30993).

Последний сноп имеется у балкарца из Холама (гаплотип 145) и найден также у русского и грузина.

Все эти цепочки снипов проходят через «узловой» фрагмент снипов P303-L140-PF3345, затем от последнего расходятся на линии CTS342-Z724 и U1-L1266 и проходят по карачаевцам и балкарцам с гаплогруппой G2a. Это расхождение произошло 69–73 сноп-мутации, или 9,9 тыс. — 10,5 тыс. лет, назад. Первая линия часто встречается у осетин, вторая линия у них редка или отсутствует, но встречается у русских, черкесов, чеченцев, грузин, шапсугов. Если это подтвердится на большем числе образцов, то расхождение линий гаплогруппы G2a между карачаево-балкарцами и осетинами произошло очень давно, примерно 10 тыс. лет назад. Это, конечно, не означает, что те предки являются прямыми предками современных осетин, с одной стороны, и карачаево-балкарцев — с другой. Это означает, что их сноп-мутации сохранились в Y-хромосомах карачаево-балкарцев и у осетин, но гаплотипы сходятся к значительно более недавним общим предкам носителей гаплогруппы G2a как у карачаево-балкарцев, так и осетин. Другими словами, трагические события прошлого обрекли предков тех и других на уничтожение, и мы в целом знаем, что это были за события, они описаны выше в этой книге. Коротко — часть носителей гаплогруппы G2a ушли в Европу еще во времена неолита, или даже мезолита, и ушли они, видимо, из Передней Азии. Их ископаемые

ДНК обнаруживаются в Европе 7 тыс. — 5 тыс. лет назад. Но потом, в середине IV тыс. до н. э., произошло то, что историки называют «гибель старой Европы», и произошло это в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, основателями и насельниками культуры колоколовидных кубков. Почти все коренные жители Европы, и в том числе носители гаплогруппы G2a, были уничтожены, остатки бежали в периферийные регионы Европы: I1 — на север Европы, в Скандинавию, R1a — на восток, на Восточно-Европейскую равнину, I2 разделились между Британскими островами (возможно, это и были пикты) и Балканами, G2a передвинулись в Малую Азию и далее на Кавказ и прибыли туда примерно 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад. Это по разным выборкам и есть времена жизни общих предков гаплогруппы G2a на Кавказе. Другая линия гаплогруппы G2a, возможно, в Европу не уходила и осталась в Передней Азии и на Кавказе. Поэтому обе линии и разошлись примерно 10 тыс. лет назад.

В базе данных Академии ДНК-генеалогии среди 938 человек есть всего 1 балкарец с гаплогруппой G2a:

G - M201 > G2 - P287 > G2a - P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y18370 > RH1780 > **RH311**.

Такой же конечный снип был найден у чеченцев, наряду еще с одним, но с нижестоящим снипом:

RH311 > **Y18376**.

## Гаплогруппа R1a

На дереве 37-маркерных гаплотипов гаплогруппа R1a занимает правую верхнюю сторону. В первом приближении там видны две основные ветви, хотя вторая ветвь (по часовой стрелке) состоит из двух подветвей, и все подветви показывают определенную неоднородность. Это — разные субклады гаплогруппы R1a карачаевцев и балкарцев, которые задаются определенными снипами, часть из которых мы здесь рассмотрим.

Перейдем к прямым данным. В базе FTDNA «Карачаево-Балкарский проект» (<https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>) среди 390 гаплотипов имеются 110 гаплотипов гаплогруппы R1a, из

них у 101 определены субклады, из последних у одного субклад R1a-M458 и у двух R1a-Z280, и остальные 98 гаплотипов, то есть 97 % от 101, отнесены к субкладу Z93.

Таким образом, те неоднородности в форме подветвей на дереве гаплотипов в большой ветви R1a относятся к нижестоящим субкладам по отношению к снипу Z93. Рассмотрим их.

В списке YFull имеются 6 образцов гаплогруппы R1a из Карачаево-Черкесии, пять из которых относятся к двум снипам субклада Z93, которые принадлежат одной линии, проходящей через снип Z2123:

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > YP451 > **YP6354** (2 человека).

Предпоследний снип (YP451) имеется у чеченцев.

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > YP451 > YP449 > YP450 > **YP457** (= FGC22480).

Последний снип имеется в списке YFull у трех представителей Кабардино-Балкарии R1a, чеченца и черкеса.

Один снип из Карачаево-Черкесии относится к гаплогруппе R1a-Z280:

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > Y5570 > YP682 > VK05 > **VK03**.

Последний снип образовался всего 8 снип-мутаций, или 1150 лет, назад. Кстати, снип YP682 найден у потомков А. С. Пушкина. Он образовался 13 снип-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет назад, в начале нашей эры.

В том же списке имеются 12 снипов представителей Кабардино-Балкарии:

R1a-M420 > M459 > **YP1272**.

Последний снип образовался 92 снип-мутаций, или примерно 13,2 тыс. лет, назад.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > Y57 > **Y52**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > F2935 > F1019 > **Y37903** (2 человека).

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > BY30762 > **BY30764**.

Последний снип найден также у башкир и англичан.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > YP451 > **YP449** > **YP450** > **YP457** > **Y137329**.



Последние четыре выделенных снипа — относительно недавние, образовались 15, 12, 10 и 9 снип-мутаций, или 2,2 тыс., 1,7 тыс., 1,4 тыс. и 1,3 тыс. лет, назад соответственно. Они найдены у русских, чеченцев, адыгов.

Мы видим, что линии субклада южных ариев Z93 расходятся по линиям Z2123 и Z2122, обе линии выражены у карачаевцев, с преимуществом скифской линии Z2123. Возможно, это и были аланы. Помимо того, есть одна архаичная линия:

R1a-M420 > M459 > **YP1272**, которая почти утасла более 10 тыс. лет назад, но сейчас найдена у карачаевца.

Наконец, последняя цепочка снипов относится к субкладу Z280:

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y2910 > **Y2915**.

Помимо него, карачаевцы субклада Русской равнины Z280 есть в базе данных FTDNA:

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > **YP569**,

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y3301 > YP311 > S18681 > **Y12463**.

Последние три цепочки снипов распространены на Русской равнине, они относятся соответственно к восточнокарпатской, североевропейской и северокарпатской ветвям.

Как видно, у карачаевцев субклад R1a-Z93 расходится на две линии, одна проходит через снип Z2123, другая — через снип Z2122. Обе расходятся от снипа Z2124, который образовался 29 снип-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад. Снип Z2123 (образовался 27 снип-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад) наблюдается у скифов, и не исключено, что он окажется у аланов. Снип Z2122 (образовался 32 мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад) у скифов пока не обнаружен, хотя данных по ископаемым костным остаткам скифов пока всего несколько. В этих датировках есть определенное противоречие, поскольку «родительский» снип по числу снипов оказывается более поздним (29 снип-мутаций), чем нижестоящий Z2122 (32 снип-мутации), что, видимо, оказывается в пределах погрешности подсчета снипов, хотя в обоих случаях число снипов было средним от 100 человек с соответствующим снипом.

Обратимся к базе данных FTDNA с ее 98 гаплотипами субклада R1a-Z93, из которых 60 гаплотипов имеются в 37-маркерном формате. Их базовый гаплотип у карачаевцев и балкарцев:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 12 11 29 15 9 10 11  
11 25 14 20 32 12 14 15 16 11 12 19 23 16 16 18  
19 35 38 13 11,

с датировкой общего предка  $3264 \pm 352$  года назад (без округления). Как видим, датировка общего предка карачаевцев и балкарцев субклада Z93 на 1,5 тыс. лет меньше ожидаемой для субклада Z93 (образовался 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад). Чтобы понять причины этого несовпадения, сравним этот базовый гаплотип с таковым для армян субклада Z93 (датировка общего предка  $4500 \pm 545$  лет назад):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 38 13 11

и с датировкой общего предка субклада Z93 у даргинцев ( $2035 \pm 352$  года назад), у которых базовый гаплотип был определен в 19-маркерном формате (см. соответствующий раздел выше). У даргинцев датировка их гаплотипов субклада Z93 хорошо соответствует общепринятой датировке конца скифского времени. У карачаевцев, получается, датировка между арийским временем (4,6 тыс. — 4 тыс. лет назад) и скифским временем. Сделаем еще одну проверку.

С базовым гаплотипом армян у карачаевцев наблюдаются 6 мутаций на 37 маркерах и то же количество мутаций — со сводным базовым гаплотипом. Это соответствует временной дистанции между предковыми гаплотипами карачаевцев и армян  $6/0,09 = 67 \rightarrow 73$  условных поколения, или 1825 лет, и общий предок субклада Z93 у карачаевцев и армян жил  $(1825 + 4500 + 3264)/2 = 4800$  лет назад. Это в пределах погрешности — время образования южноарийского субклада R1a-Z93.

Таким образом, карачаевский базовый гаплотип отклоняется по маркерам от базового южноарийского гаплотипа ровно настолько, насколько отклоняется его датировка. Так что, действительно, карачаевский базовый (предковый) гаплотип занимает место между древним арийским и более недавним скифским базовыми гаплотипами. Мы не знаем, насколько это соответствует датировке аланского предкового



гаплотипа субклада Z93, если таковой будет найден, но гипотеза остается.

Но надо заметить, что мы взяли для этих расчетов суммарно все 60 гаплотипов субклада R1a-Z93, хотя мы знаем, что там представлены две разные линии, Z2122 и Z2123. Если представительство этих двух линий неодинаково, то как базовый гаплотип, так и датировка общего предка могут быть перекошены. Поэтому следующим этапом исследования должна быть проверка этого положения. И действительно, оказалось, что эти 60 гаплотипов разделяются на 7 гаплотипов линии Z2122 и 53 гаплотипа линии Z2123, предположительно скифской линии. Представительство карачаевцев и балкарцев было практически одинаковым в линии Z2122, но в линии Z2123 карачаевцев было вдвое больше, чем балкарцев.

Расчеты показали, что гаплотипы (карачаевцев и балкарцев) ветви R1a-Z2122 сходятся к базовому гаплотипу:

14 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 31 16 9 9 11 11  
24 14 20 32 12 15 15 17 11 12 19 22 15 16 17 20  
35 39 13 11,

с временем жизни общего предка  $3530 \pm 540$  лет назад. В намного большей по численности ветви R1a-Z2123, по нашим представлениям, скифской по происхождению ветви, базовый гаплотип был:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 12 11 29 15 9 10 11  
11 25 14 20 32 12 14 15 16 11 12 19 24 16 16 18  
19 35 38 13 11,

с временем жизни общего предка  $2830 \pm 310$  лет назад. Эта датировка неплохо согласуется с началом скифских времен, принятых в исторических науках.

## Гаплогруппа J2

На дереве гаплотипов на рис. 114 гаплогруппе J2a соответствуют две ветви в нижней части дерева. Это определенно должны быть два (или более) разных субклада, каждый со своим общим предком, со своей датировкой и разными цепочками снийов, которые непременно расходятся от одного общего, древнего предкового снийа.

Для начала посмотрим на состав этих ветвей — сколько там карачаевцев и сколько балкарцев. В первой (по часовой стрелке) ветви 17 гаплотипов в 37-маркерном формате, все балкарцы.

Во второй ветви из 6 гаплотипов 6 балкарцев. В эти ветви не вошли 12-маркерные гаплотипы гаплогруппы J2a, их 18, из них 9 карачаевцев и 9 балкарцев. Причина такой «несимметрии» в том, что карачаевцы в основном ограничиваются 12-маркерными гаплотипами, а балкарцы чаще определяют 37-маркерные.

Общий предок первой ветви жил  $2844 \pm 381$  год назад (без округления), с базовым гаплотипом

12 23 14 10 12 15 11 15 12 14 11 30 19 9 9 11 12  
24 15 20 30 12 14 15 16 9 8 19 22 15 14 17 15  
32 37 11 9.

Это — наиболее компактная часть ветви. Если туда включить дополнительные четыре «периферийные» ветви гаплотипа, то датировка ее удревняется до  $4200 \pm 500$  лет назад, и базовый гаплотип изменится всего на 4 мутации:

12 23 14 10 12 15 11 15 12 14 11 30 18 9 9 11 12  
24 15 20 31 12 14 15 16 9 9 19 22 15 14 17 15  
32 36 11 9.

Вторая ветвь имеет базовый гаплотип:

12 23 15 10 13 15 11 16 12 13 11 29 16 9 9 11 11  
26 15 21 30 13 14 16 16 10 11 19 22 15 14 17 17  
35 37 11 9,

с общим предком, который жил  $6200 \pm 870$  лет назад. Между этими базовыми гаплотипами есть 22 мутации, что эквивалентно временному расстоянию между общими предками  $22/0,09 = 244 \rightarrow 343$  условных поколения, или 8575 лет, и общий предок обеих ветвей гаплогруппы J2 балкарцев (в основном) жил  $(8575 + 4200 + 6200)/2 = 9500$  лет назад. Это — довольно обычная датировка для общих предков носителей гаплогруппы J2a на Кавказе, в данном случае среди балкарцев и карачаевцев. Тем не менее в каждой ветви есть «молодые» подветви, в которых 12-маркерные гаплотипы идентичны в сериях из 6 гаплотипов:

12 23 14 10 12 15 11 15 12 14 11 30,  
12 23 15 10 13 16 11 15 13 13 11 29.

Как мы видим, первый 12-маркерный гаплотип идентичен первым 12 маркерам более молодой ветви, второй немного отличается от соответствующего более древнего базового гаплотипа.

Какими снийами определяются эти ветви? В списке снийов YFull есть шесть образцов из Кабардино-Балкарии и один сний из Карачаево-Черкесии (Y26654).

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y7291 > Y7800 > Y20904 > Y73990 > **FT41900**.

Последний сноп (выделен) встречается также у чеченцев и ингушей. Он образовался всего 3 сноп-мутации, или примерно 430 лет, назад.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > Y11200 > Z30677 > Y20512 > **Y30811**.

Последний сноп найден в Грузии, и значительная часть показанной цепочки снопов найдена в Армении.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > PF5172 > Z7314 > **Y153763**.

Последний сноп найден также в Армении.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > Z438 > Z387 > Y17949 > FGC35461 > FGC34168 > FGC35489 > Z39975 > **Z39973**.

Последний сноп найден также у кабардинца, чеченца и немца.

Две первые цепочки, показанные выше, проходят через сноп L26 и далее CTS900 > Z7661 > Y3020, последний образовался 58 сноп-мутаций, или примерно 8,4 тыс. лет, назад. Еще две цепочки проходят через тот же сноп L26 и далее PF5087 > PF5160, последний сноп образовался 108 сноп-мутаций, или примерно 15,5 тыс. лет, назад.

Наконец, еще две цепочки у балкарцев и карачаевцев минуют сноп L26 и после снпа PF4610 проходят через сноп Z6046, который образовался 118 сноп-мутаций, или 17 тыс. лет, назад:

J2 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Z6050 > S15572 > S23560 > **Z43525**,

J2 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Y12603 > Y12379 > Y12378 > Y27964 > Y26651 > **Y26654** > **Y25815**.

Таким образом, цепочки снопов гаплогруппы J2a у балкарцев и карачаевцев образуют разветвленную сеть, с узловыми «входящими» снопками, которые образовались от 9,5 тыс. до 17 тыс. лет назад.

## Гаплогруппа R1b

Эта гаплогруппа у карачаевцев и балкарцев проявляет довольно четкие закономерности. Чтобы

их привести, надо указать, что после образования гаплогруппы R1b 139 сноп-мутаций, или примерно 20 тыс. лет, назад, еще в начале своей динамики, R1b разошлась на две принципиальные линии, пройдя через снопки M73 и M269:

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M73,

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M269.

Два последних снпа образовались примерно 14 тыс. лет назад, видимо, в Южной Сибири. Сноп M73 снижает свое распространение на запад от Уральских гор и практически сходит на нет на долготе Каспийского моря, а сноп M269 и его нижеследующие снопки L23 и Z2103, пройдя через ямную археологическую культуру (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), ушли в своей значительной части через Кавказ в Месопотамию, и далее субклад M269 с нижеследующими снопками:

M269 > L23 > L51 > L52 (= P310, = L11) > L151 > (P312 + U106)

прошел на запад до Пиренейского полуострова, потеряв на миграционном пути сноп Z2103, и с Пиренеев заселил Европу в виде культуры колоколовидных кубков.

Возвращаясь к карачаевцам и балкарцам, отметим, что среди балкарцев гаплогруппа R1b выражена почти исключительно в виде субклада M73, того, редкого к западу от Уральских гор. Среди 24 носителей снпа M73 у карачаевцев и балкарцев, 21 балкарец и 3 карачаевца. Все 24 гаплотипа в 12-маркерном формате сходятся к базовому гаплотипу:

13 22 14 11 14 15 12 12 13 14 13 32,

с датировкой общего предка  $1765 \pm 358$  лет назад. Если перейти к 37-маркерному формату, то базовый гаплотип становится:

13 22 14 11 14 15 12 12 13 14 13 32 16 9 9 11 11  
24 15 19 32 13 15 15 17 10 10 20 25 16 17 16 19  
34 37 12 10,

с датировкой общего предка  $1331 \pm 214$  лет назад. Эти датировки пересекаются в пределах указанной погрешности, относятся к I в. н. э. и, скорее всего, принадлежат сарматам. Таким образом, можно предполагать, что балкарцы гаплогруппы R1b ведут свое происхождение от сарматов. Напротив, почти все карачаевцы гаплогруппы R1b имеют сноп M269, причем происходят как от ям-

ной культуры (около половины от всех), так и от европейских носителей гаплогруппы R1b (вторая половина). Один карачаевец имел снип Z18, что соответствует цепочке снипов:

M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > U106 > **Z18** (= Z19).

Последний снип образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад.

В базе данных Академии ДНК-генеалогии среди 938 человек есть всего 1 балкарец с гаплогруппой R1b, субклад R1b-M73-Y20750:

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M73 (= M478) > **Y20750**.

Такой же субклад, с нижестоящими снипами:

Y20750 > BY20748 (= BY13053) > BY40329, найден у казаха и описан выше в соответствующем разделе.

## Гаплогруппа I2a

Этой гаплогруппы у балкарцев в базе данных практически нет, она полностью принадлежит карачаевцам, за исключением необычного снипа у балкарца:

I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 (= Z26391) > **Y16419**.

Этот снип встречается у армян. Еще один довольно необычный для карачаевцев снип имеется в базе данных в одном случае, хотя он встречается у русских:

I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > M223 > CTS616 > CTS10057 > L701 > P78 > **A427**.

Последний снип образовался 34 снип-мутации, или 4,9 тыс. лет, назад.

Все остальные снипы у этой группы карачаевцев в базе данных — южнославянского происхождения:

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966/L147 > Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > A815 > A5875 > **Y32090**.

Южнославянские линии определяются снипом Y3120, в данном случае переходят на снип S17250, один из четырех основных южнославянских снипов, и приходят к снипу Y32090, который образовался всего 4 снип-мутации, или примерно 600 лет, назад. Южнославянские линии подробно рассматриваются выше в этой книге.

Общий предок южнославянской линии карачаевцев жил относительно недавно, об этом говорит и тот факт, что 14 гаплотипов из 20 этой линии идентичны друг другу в 12-маркерном формате:

13 23 16 11 14 15 11 13 12 13 11 33.

Все 20 гаплотипов в 12-маркерном формате имеют такой же базовый (предковый) гаплотип, и их общий предок жил  $638 \pm 212$  лет назад (без округления). Если перейти в 37-маркерный формат, то базовый гаплотип:

13 23 16 11 14 15 11 13 12 13 11 33 17 8 10 11  
11 25 15 20 31 12 14 14 15 10 10 21 21 15 12 18  
19 34 34 11 10,

с общим предком  $732 \pm 157$  лет назад (без округления). Как видно, это практически такая же датировка в пределах погрешности расчетов. Наконец, в 67-маркерном формате получаем базовый гаплотип:

13 23 16 11 14 15 11 13 12 13 11 33 17 8 10 11  
11 25 15 20 31 12 14 14 15 10 10 21 21 15 12 18  
19 34 34 11 10 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12 22 22  
15 10 12 12 10 7 10 30 21 13 13 10 13 11 11 12 9,

с общим предком  $488 \pm 113$  лет назад. Все эти датировки находятся в пределах погрешности расчетов, но суть в том, что этот снип попал к карачаевцам всего несколько веков назад.

В списке снипов YFull есть еще две линии снипов гаплогруппы I2a в Карачаево-Черкессии, и это опять южнославянские линии:

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966/L147 > Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > A815 > A5875 > Y32090 > **Y176987**,

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966/L147 > Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > A815 > A5875 > Y32090 > **Y31024**.

Эти последние снипы образовались всего 1 снип-мутацию назад, но статистика образцов мала, чтобы делать расчеты. Ясно, что снипы совсем недавние.

## Гаплогруппа Q1

Субклады гаплогруппы Q1 на дереве гаплотипов образуют довольно компактную ветвь, как показано на рис. 114 (справа). Особенности этой гаплогруппы в обсуждаемом регионе Кавказа

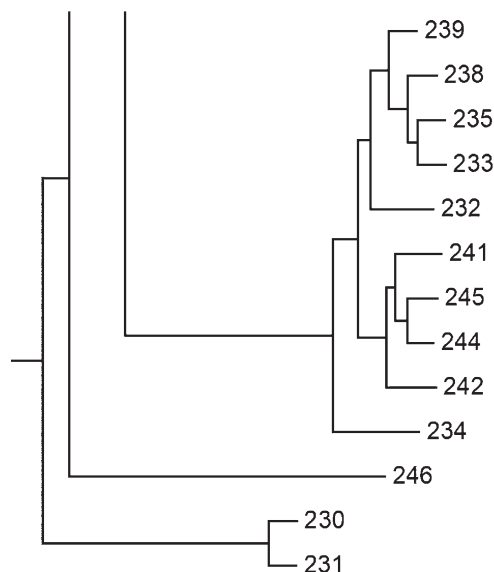
в том, что ее носители — почти исключительно балкарцы. Из 17 гаплотипов в выборке карачаевцев и балкарцев 14 относятся к субкладу BZ640 ветви Q1a, и все они балкарцы.

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > L712 > L715 > **BZ640**.

Для всех 10 гаплотипов в 37-маркерном формате базовый гаплотип имеет следующий вид:

13 23 13 9 13 17 12 12 12 13 16 28 17 9 9 11 11  
28 14 22 30 16 16 17 17 11 10 21 21 16 16 17 16  
35 35 12 11,

с общим предком, который жил  $900 \pm 185$  лет назад. Эти гаплотипы, образующие двойную ветвь на фрагменте дерева гаплотипов (под номерами 232 до 245). Еще 2 гаплотипа балкарцев (230 и 231), субклад которых неизвестен, образуют отдельную пару, которая вряд ли относится к субкладу BZ640.



**Рис. 116.** Фрагмент дерева в 37-маркерном формате гаплотипов карачаево-балкарцев, приведенного на рис. 114 по данным базы FTDNA «Карачаево-Балкарский проект»: <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>. Все гаплотипы здесь относятся к гаплогруппе Q1

Наконец, единственный гаплотип карачаевца (под номером 246) относится к другой принципиальной ветви гаплогруппы Q, а именно Q1b, и стоит особняком на рис. 116.

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > L53 > L54 > **L330**.

Этот конечный сноп найден у русских и казахов, но с серией последующих снов:

L330 > YP771 > L332.

L330 > YP1102 > **Y12449** (= Y12448).

L330 > YP771 > L332 > YP1695 > BZ427.

Отсюда пока нельзя сделать вывод, попал сноп L330 карачаевцам от русских или казахов или наоборот, поскольку у карачаевца этот сноп мог быть недотипирован.

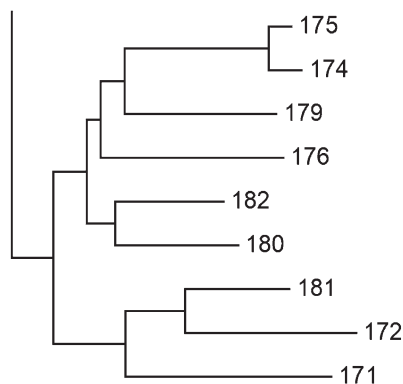
## Гаплогруппа J1

Ветвь этой гаплогруппы на дереве гаплотипов (рис. 114) не является симметричной и весьма неравномерна по высоте. Это означает, что гаплотипы, образующие ветвь, происходят от разных общих предков с разными датировками — чем выше гаплотип отстоит от основания ветви, тем древнее общий предок группы, в которую он входит. Поэтому расчет «условного» общего предка гаплотипов группы J1 здесь не является особенно информативным, ясно, что он будет древним. Хотя и эта ограниченная информация порой может быть полезной. Действительно, все 12 гаплотипов этой гаплогруппы у карачаевцев и балкарцев сходятся к условному общему предку, который — по формальным показателям — жил  $5548 \pm 724$  года назад (без округления) и имел условный же базовый гаплотип:

12 23 14 10 12 18 11 14 11 13 11 29 19 8 9 11 11  
27 14 21 28 14 15 16 16 11 10 20 22 15 13 18 19  
34 36 12 10.

Несмотря на примечание «условный», подобная информация для специалистов часто полезна, например, важны значения отдельных маркеров, особенно «медленных», как и датировки, которые имеют определенные ограничения. Например, вполне возможно, что общий предок карачаевцев-балкарцев гаплогруппы J1 жил действительно около 6 тыс. лет назад, и ископаемые ДНК это могут подтвердить (или опровергнуть; например, значительно удревнить). Но как возможный ориентир это значение может быть полезно.

Посмотрим, чем вызвана неоднородность ветви гаплогруппы J1 на дереве гаплотипов. Надо сказать, что карачаевцы и балкарцы распределены по этой выборке в 12 гаплотипов практически равномерно. Гаплотипы в 37-маркерном формате приведены на рис. 117.



**Рис. 117.** Фрагмент дерева в 37-маркерном формате гаплогрупп карачаево-балкарцев, приведенного на рис. 113 по данным базы FTDNA: «Карачаево-Балкарский проект»: <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>. Все гаплогруппы здесь относятся к гаплогруппе J1

На рис. 117 гаплогруппы под номерами 171 и 172 (карачаевец и балкарец соответственно) относятся к снипу L858:

J1 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > YCS0000234 > **L858** (= Z1884).

В литературе (особенно в литературе популяционных генетиков) часто принимается, что носители снипа P58 обычно являются евреями. Это, конечно, не так. Этот снип обычен в арабских линиях, а также в несемитских линиях кавказцев, как подробно описано в данной книге выше.

Гаплогруппа под номером 181 — неизвестного происхождения.

В базе данных карачаевцев и балкарцев гаплогруппы всей верхней двойной ветви обозначены как носители субклада Z1842, и только, видимо, у одного гаплогруппа, под номером 175, напрямую определен снип BY100. Но оба снипа относятся к одной и той же линии:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 (= Z18436) > CTS1460 > CTS7188 > **BY100**.

Эта линия найдена у русских, украинцев, башкир, чеченцев.

В списке YFull имеется еще снип гаплогруппы J2a из Кабардино-Балкарии:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > ZS3114 > **ZS3084**.

Мы видим, что это та же линия снипа Z1842, показанная выше. Снип ZS3084 встречается на Русской равнине.

Таким образом, все линии гаплогруппы J1 у карачаевцев и балкарцев — несемитские, и они либо проходят в стороне от типичного семитского снипа P58, либо уходят после него в «несемитскую» сторону, выраженную у народов Кавказа.

## Гаплогруппа L

Как показывают данные табл. 45, в двух рассматриваемых выборках, из 390 и 135 человек, гаплогруппы L среди карачаевцев и балкарцев обнаружено не было. Но в списке YFull есть один снип этой гаплогруппы, найденный в Карачаево-Черкесии, который также есть у чеченцев и ингушей:

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > Y6259 > Y6284 > Y11220 > Y6266 > L6258 > Y6257 > **Y86395**.

Последний снип образовался 8 снип-мутаций, или примерно 1150 лет, назад.

## Гаплогруппы E1b, T, N, C

Эти гаплогруппы нехарактерны для карачаевцев и балкарцев, гаплогруппы, которые в базе данных есть, разбросаны по удаленным друг от друга снипам, в списке YFull они отсутствуют. Гаплогруппы C и N имеются вообще по одному образцу из 390 (в базе данных FTDNA), все четыре гаплогруппы отсутствуют в выборке Tambets et al. (табл. 45). Поэтому они рассматриваться здесь далее не будут.

## 38. ЦЫГАНЕ

Цыган в Российской Федерации, по данным переписи населения 2010 г., проживает около 205 тыс. человек. Судя по их основной гаплогруппе H1, цыгане — выходцы из древней Индии, и к такому же выводу приходят представители других (сопряженных) научных дисциплин. Времена исхода цыган из Индии оцениваются исследователями примерно 1,5 тыс. — 1,1 тыс. лет назад, что в целом согласуется с данными ДНК-генеалогии, как показано ниже.

Гаплогруппа H1 с субкладами часто встречается в племенах индийских джунглей, хотя по понятным причинам таких данных относи-



тельно мало. Например, в южноиндийском племени Койя из 41 человека, тестированного на Y-хромосому, гаплогруппу H1 имели 25 человек, гаплогруппу F — 11 человек, а гаплогруппу R1a — всего 1 человек (Kivisild T. et al. The Genetic Heritage of the Earliest Settlers Persists Both in Indian Tribal and Castle Populations // American Journal of Human Genetics. 2003. V. 72. №2. P. 313–332). Общий предок носителей гаплогруппы H1 в этом племени жил  $3200 \pm 750$  и  $2950 \pm 900$  лет назад при использовании для расчетов линейного и логарифмического методов (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016). Расчеты здесь просты — из 25 гаплотипов гаплогруппы H1 в племени 11 были идентичны друг другу, остальные гаплотипы содержали 22 мутации. Поскольку гаплотипы были 6-маркерными, получаем — линейным методом:  $22/25/0,0074 = 119 \rightarrow 128$  условных поколений, или  $3200 \pm 750$  лет до общего предка, логарифмическим методом:  $[\ln(25/11)]/0,0074 = 111 \rightarrow 118$  условных поколений, то есть  $2950 \pm 900$  лет до общего предка, что сходно друг с другом в пределах погрешности расчетов.

В индийском племени Корагас все 28 человек, тестированные только на 5-маркерные гаплотипы (Cordaux R. et al “Y-STR haplotypes from eight South Indian groups nased on five loci”, J. Forensic Science, 49, 847-848 (2004)), имели гаплогруппу H1, из них 10 гаплотипов были идентичны друг другу, то есть предковые, а остальные 18 гаплотипов имели 27 мутаций. Это дает возраст общего предка при расчете линейным методом  $27/28/0,0081 = 119 \rightarrow 132$  условных поколения, то есть  $3300 \pm 720$  лет до общего предка, и логарифмическим —  $[\ln(28/10)]/0,0081 = 127 \rightarrow 143$  условных поколения, то есть  $3575 \pm 1180$  лет до общего предка, что сходно друг с другом в пределах погрешности расчетов. Здесь 0,0074 — константа скорости мутации для 6-маркерных гаплотипов (в числе мутаций на гаплотип за условное поколение в 25 лет), а 0,0081 — константа скорости мутаций для использованных 5-маркерных гаплотипов.

В Европе наиболее заметная группа носителей гаплогруппы H1a — это цыгане или, как их называют на Западе, рома. Болгарские цыгане имеют общего предка  $550 \pm 100$  лет назад, хорватские

цыгане —  $1100 \pm 250$  лет назад (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016).

Хотя в табл. 45 указано «венгерских цыган», в целом подобное распределение характерно для всех европейских цыган, в ряде случаев содержание гаплогруппы H1a несколько выше.

**Таблица 45.** Состав гаплогрупп венгерских цыган (выборка 154 чел.), данные приведены в статье\*

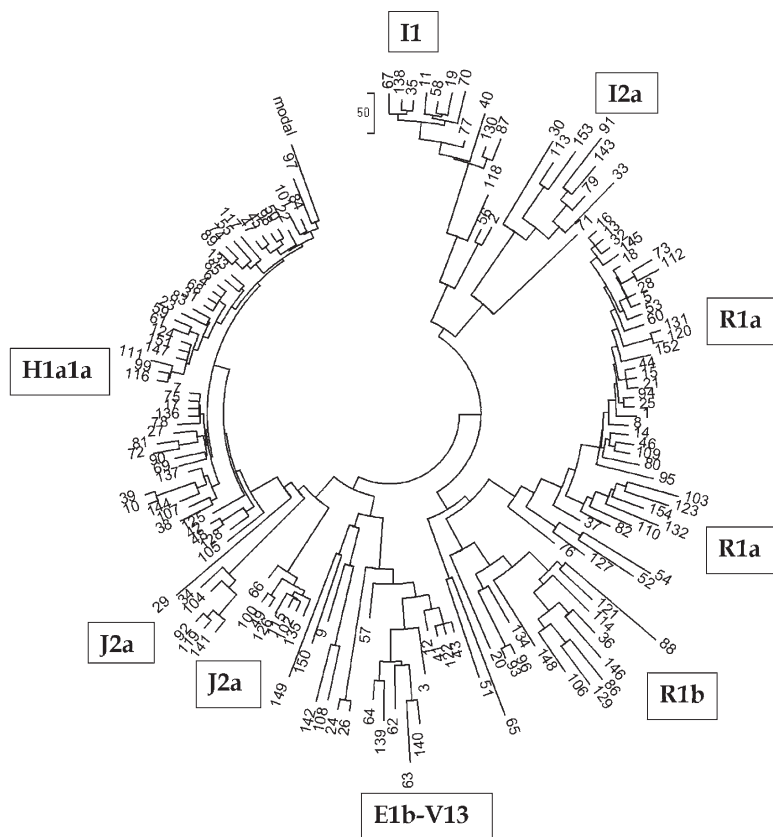
Гаплогруппа	Состав в %, 154 чел.
H1a1a-M82	31
R1a	21
J2a	8
E1b-V13	7
R1b	5,2
I1-M253	4,5
I2a	4,5
Неидентифицированные линии, суммарно	19

\* Purps J. et al. A global analysis of Y-chromosomal haplotype diversity for 23 STR loci // Forensic Science International: Genetics. 2014. №12. P. 12–23.

Хотя гаплогруппа H1a является преобладающей среди цыган, ей цыганские гаплогруппы не ограничиваются, как видно из табл. 46 и рис. 118 и 119. На рис. 118 приведено дерево гаплотипов венгерских цыган, построенное по данным Purps et al. (2014). Гаплотипы цыган в количестве 154 были приведены в списке из 19 630 гаплотипов, то есть составили примерно 0,8 % от всех. На последующем рис. 119 приведено дерево гаплотипов, куда добавлены гаплотипы цыган из других регионов Европы, а также Южной Азии. Дерево принципиально не изменилось, и даже датировки ветвей концептуально не изменились. Мы их разберем ниже.

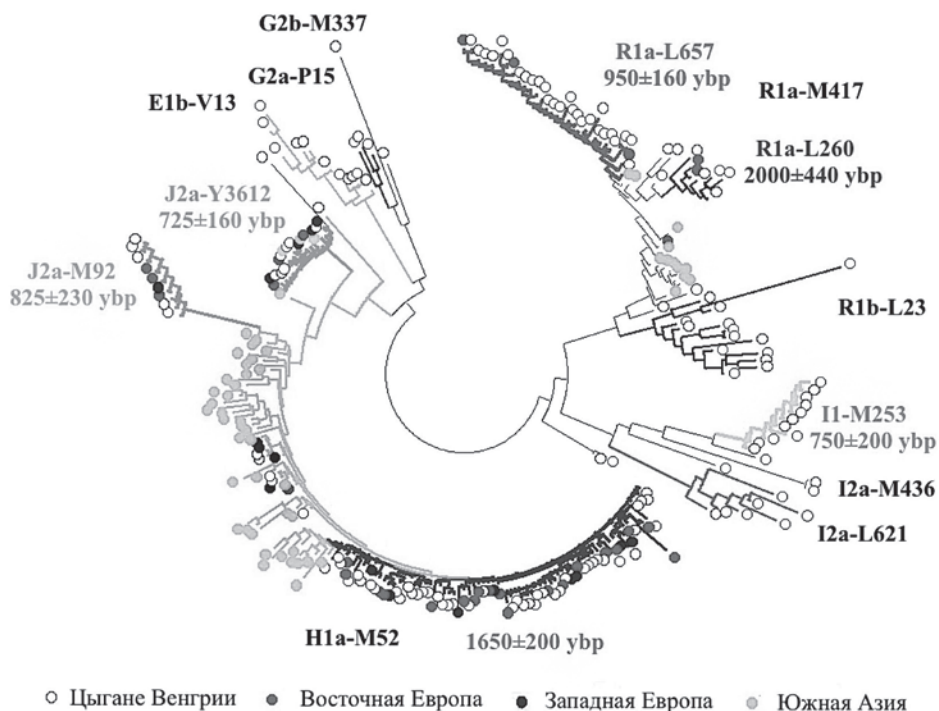
### Гаплогруппа H1a1a-M82

Изучение гаплотипов цыган часто происходит без «глубокого» типирования и ограничивается обозначением их субклада как H1a-M69, или H1a1-M52, или H1a1a-M82, и часто вообще субкладом не обозначается, как в цитируемой выше статье Purps et al. (2014), где для почти 20 тыс.



**Рис. 118.** Дерево из 154 гаплотипов венгерских цыган, построенное в нестандартном 23-маркерном формате по данным статьи Pamjav H et al, "Genetic structure of the paternal lineage of the Roma people", Am. J. Phys. Anthropol., 145, 21-29 (2011). Показаны основные гаплогруппы H1a1a, R1a и некоторые другие, менее распространенные у цыган Европы

**Рис. 119.** Дерево гаплотипов в 23-маркерном формате цыган Европы и Южной Азии, построенное И. Л. Рожанским (Академия ДНК-генеалогии). Пустые кружки — 154 гаплотипа венгерских цыган, приведенные на рис. 118, заполненные кружки — гаплотипы цыган из других регионов, добавленные из списка почти в 20 тыс. гаплотипов, опубликованного в Forensic Science International: Genetics (2014). См. цветную вклейку.



гаплотипов гаплогруппы не были указаны. Сокращенная диаграмма этих субкладов следующая:

H L901  
- H1 M69  
-- H1a M52  
--- H1a1 M82

**Рис. 120.** Сокращенное дерево субкладов гаплогруппы H по данным ISOGG (Международный Союз генетической генеалогии), включающее субклад M82, распространенный в Европе среди цыган

Предковый 67-маркерный гаплотип цыган субклада M82 описан в книге «ДНК-генеалогия от А до Т» (Клёсов А. А., М.: Книжный мир, 2016), в эту группу входили цыгане Украины, Италии, Англии, Болгарии, Молдовы, остальные по странам и регионам сведений в 67-маркерном формате не предоставили. Их предковый гаплотип имеет вид:

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 18 9 9 10 12  
24 14 19 31 12 12 14 15 11 11 19 21 15 11 18 16  
35 38 12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 21 21 18  
10 12 12 16 8 14 23 20 16 12 11 12 9 12 14 11,

и общий предок данной серии гаплотипов жил  $1200 \pm 230$  лет назад. Если мы рассмотрим 47 гаплотипов левой ветви дерева на рис. 118, то получим базовый гаплотип:

12 22 15 10 15 17 11 14 11 30  
18 14 19 11 15 19 16 9 23 13  
12 20 9.

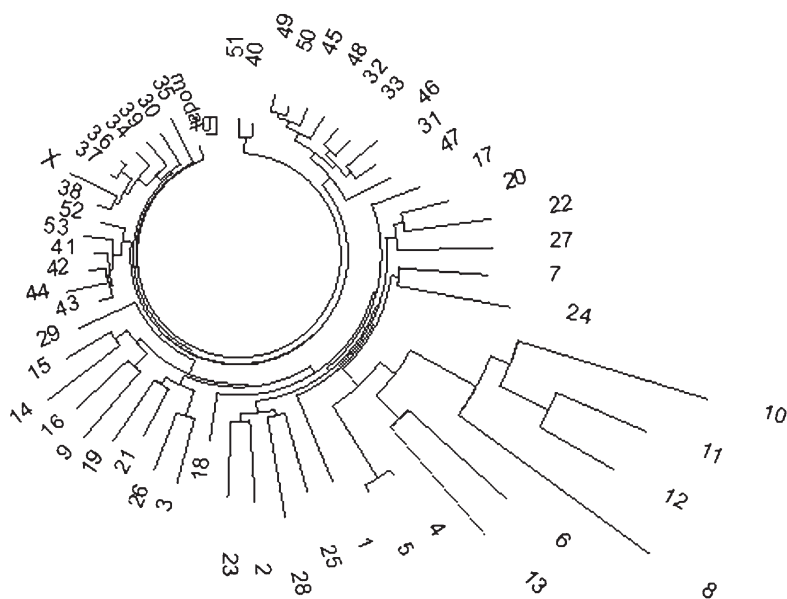
Он представлен в нестандартном 23-маркерном формате, описанном выше в этой книге, наряду с другими форматами гаплотипов, поскольку в цитируемой статье (Purps et al., 2014) использовался этот нестандартный формат. Но соответствующие маркеры выделены в 67-маркерном гаплотипе выше, и мы видим, что почти все они совпадают с гаплотипом субклада H1a1a-M82. Единственное несовпадение — маркер DYS576, который равен 18 в 67-маркерном гаплотипе и 18,89, округленном до 19, в 23-маркерном гаплотипе венгерских цыган. Общий предок группы из 47 гаплотипов жил  $1493 \pm 193$  года назад (без округления). Как видим, эта датировка согласуется с приведенной выше —  $1200 \pm 230$  лет назад в пределах погрешности расчетов.

Характерным признаком гаплотипов группы H1a1a-M82 у цыган является нулевой маркер DYS425 (в середине второй строки 67-маркерного гаплотипа выше), поскольку у этого же субклада в Индии этот маркер ненулевой и равен 12. Если этот вывод подтвердится на большом числе гаплотипов, то отсутствие этого маркера ( $DYS425 = 0$ ) в субкладе H1a1a-M82 может оказаться характерным «цыганским» признаком. Например, такой же субклад найден у украинца и молдаванина с нулевым DYS425. Вероятно, потомки цыган.

У молдаванина оказался 67-маркерный гаплотип (гаплогруппа не была сообщена при тестировании в американской компании):

12 22 15 10 15 18 11 12 11 14 11 30 — 19 9 9 10  
12 24 14 19 30 12 12 14 16 — 11 11 19 21 15 11  
19 16 38 38 12 9 — 12 8 16 16 8 12 10 8 11 9 0  
19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16 12 11 13 9  
12 14 11.

Ясно, что это субклад H1a1a-M82. Его гаплотип обозначен символом X на дереве гаплотипов гаплогруппы H, приведенном ниже.



**Рис. 121.** Дерево из 54 гаплотипов гаплогруппы H в 67-маркерном формате. Представленный гаплотип молдаванина обозначен индексом X (в плотной ветви слева). Гаплотипы (за исключением гаплотипа X) взяты из Проекта гаплогруппы H базы данных FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/YHaploGroupH?iframe=yresults>

Видно, что гаплотип X входит в плотную группу субклада M82, это означает, что общий предок этой группы жил относительно недавно. В эту же группу входят гаплотипы 30, 34–36, 38, 39. Эти гаплотипы внесли в базы данных их носители с предками с Украины (гаплотип 30), из Италии (35), Англии (36, 37 — это дубль, один из которых не засчитывается), Болгарии (39) и Молдавии (X), остальные данные по регионам не предоставили. Все 7 гаплотипов имеют 39 мутаций от базового гаплотипа:

12 22 15 10 15 **17** 11 12 11 14 11 30 — **18** 9 9 10  
12 24 14 19 **31** 12 12 14 **15** — 11 11 19 21 15 11  
**18** 16 **35** 38 12 9 — **11** 8 16 16 8 **10** 10 8 11 9 0  
**20** 21 18 10 12 12 16 8 14 **23** 20 16 12 11 **12** 9  
12 14 11,

(12 мутаций с представленным гаплотипом выделены), что дает  $39/7/0,12 = 46 \rightarrow 48$  условных поколений, или  $1200 \pm 230$  лет, до общего предка ветви.

По состоянию на сентябрь 2020 г. в указанной базе данных имеется 57 гаплотипов цыган в разных форматах гаплотипов. У 36 гаплотипов (в 67-маркерном формате) определен маркер DYS425, и у всех этот маркер нулевой. У десятков других (нецыганских) гаплотипов гаплогруппы H этот маркер равен 12, 13 или 14. В базу данных внесены гаплотипы цыган из Англии, Украины, России, Венгрии, Болгарии, Румынии, Шотландии, Италии, США, Финляндии, Ирландии, Испании и Мексики, у 15 гаплотипов происхождение неизвестно.

Надо отметить, что расширенное дерево гаплотипов (рис. 119 в сравнении с рис. 118), на которое добавлены гаплотипы цыган других стран Европы, помимо Венгрии, а также гаплотипы Южной Азии, которые попадают в ветви венгерских цыган, принципиально сходно с деревом гаплотипов венгерских цыган, как по составу ветвей, так и по их датировкам. Так, гаплотипы венгерских цыган гаплогруппы H1a1a-M78 имеют общего предка  $1200 \pm 230$  лет назад, гаплотипы цыган, обозначенные на рис. 119 как H1a-M52, имеют общего предка  $1650 \pm 200$  лет назад, что принципиально близко, учитывая приведенную погрешность расчетов. Вторая датировка определена древнее времени прибытия цыган в Европу и скорее относится к датировке миграционного пути между выходом из Индии и подходом мигрантов к Европе.

## Гаплогруппа R1a

Цыгане, или рома (Roma), как их называют на Западе (название Gypsy там уже стало считаться политически некорректным), прибыли в Европу из Индии несколько более, чем тысячи лет назад, и в основном как носители гаплогруппы H1, как рассказывалось выше в этом разделе. Некоторые, возможно, прибыли позже или трудно выживали, поскольку у некоторых таборов общий предок по мужской линии жил всего 500–600 лет назад. Оказалось, что некоторые таборы имеют гаплогруппу R1a, в частности, в Венгрии, Словакии, Хорватии (Underhill и др., Eur. J. Human Genetics, 2015), и как показано на деревьях гаплотипов цыган на рис. 118 и 119.

В правой части дерева гаплотипов на рис. 118 имеются две подветви гаплогруппы R1a. Довольно обширная подветвь справа вверху из 26 гаплотипов имеет общего предка  $770 \pm 140$  лет назад, что в целом согласуется с временами прибытия цыган в Европу. Базовый гаплотип (в нестандартном 23-маркерном формате) имеет вид:

13 25 15 11 11 14 10 13 11 31 16 14 20 13 15 19  
19 11 25 12 12 23 10.

Это с максимальной вероятностью субклад R1a-Z280, видимо, балто-карпатская ветвь. На рис. 119 субклад указан как R1a-L657, что крайне маловероятно, тем более что в источнике субклад указан не был, это отнесение — продукт интерпретации. Дело в том, что для привнесения этого субклада из Индии он у европейских цыган слишком «молод», а в Европе он крайне редкий. Тем более что и датировка этой ветви на рис. 119 ( $950 \pm 160$ ) похожа (с учетом погрешности расчетов) на ту, что для этой ветви получена на рис. 118, а именно  $770 \pm 140$  лет назад.

Вторая подветвь гаплогруппы R1a на рис. 118, из 6 гаплотипов, относится к субкладу R1a-L260, это та же ветвь, что идентифицирована на дереве на рис. 119. Это — западнославянская ветвь гаплогруппы R1a. Ее базовый гаплотип:

13 25 17 10 10 14 10 13 11 30 17 14 20 11 16 18  
19 11 25 12 12 23 10.

Он действительно в точности соответствует 111-маркерному базовому гаплотипу субклада R1a-L260 в соответствующих 23 маркерах (выделены):

**13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30** — 16 9 10  
11 11 23 **14 20** 32 12 15 16 16 — 11 **11** 19 23

16 16 18 19 35 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 — 31 15 9 15 11 26 27 19  
 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13  
 9 10 19 15 19 12 23 14 12 15 24 12 23 19 10 15  
 17 9 11 11,

общий предок которого жил  $2400 \pm 300$  лет назад. Это близко к датировке общего предка ветви на рис. 118 ( $1830 \pm 420$  лет назад) и на рис. 119 ( $2000 \pm 440$  лет назад) в пределах погрешности расчетов. Эти датировки определенно древнее времен прибытия цыган в Европу и приобретенны цыганами, точнее, переданы их женщинами тем, кто стал цыганами, относительно недавно. Но поскольку таких «приобретений» было много, то общий предок европейских носителей субклада R1a-L260 передался уже цыганам.

На рис. 122 приведено дерево гаплотипов цыган гаплогруппы R1a. Весь 31 гаплотип верхней

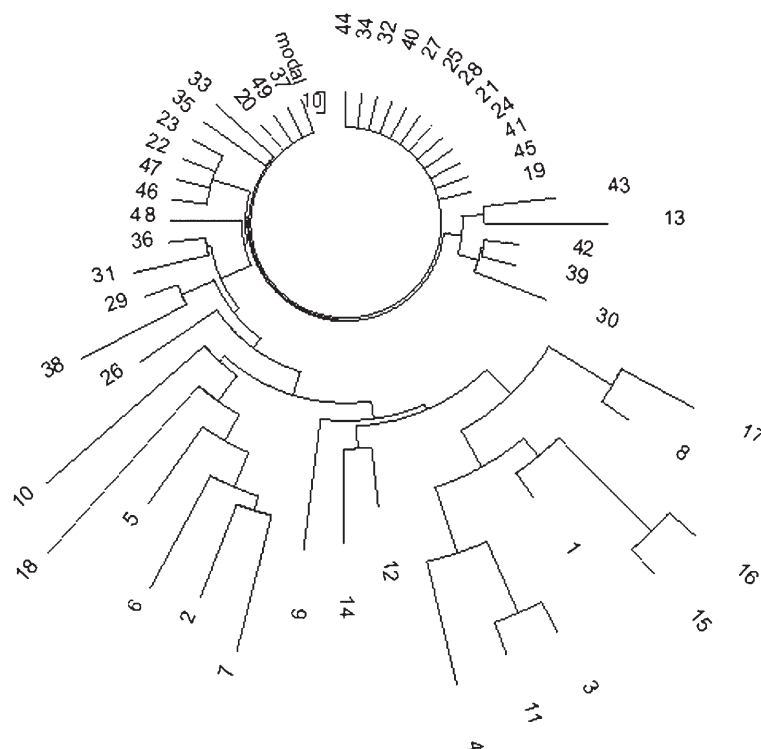
ветви содержит 25 мутаций от базового гаплотипа:

13 25 15 11 11 14 12 10 13 11 18 — 16 14 20 13  
 15 11 23 10,

что дает  $25/31/0,0381 = 21$  условное поколение, или  $525 \pm 120$  лет до общего предка. Нижняя ветвь — авторы цитированной статьи сообщили, что это субклады R1a-M458 и M558 из Словакии, но напутали и поместили эти субклады не на свои места в классификации; скорее всего, это субклад R1a-Z280-CTS1211 с базовым гаплотипом:

13 25 16 10 11 14 12 11 13 11 17 — 16 14 20 12  
 16 11 23 10.

Все 17 гаплотипов ветви содержат 84 мутации, что дает  $84/17/0,0381 = 130 \rightarrow 149$  условных поколений, или  $3725 \pm 550$  лет, до общего предка. Это заметно моложе возраста самого субклада (примерно 4,7 тыс. лет), но никто и не ожидает, что общий предок выборки будет непременно основателем субклада.



**Рис. 122.** Дерево из 49 гаплотипов цыган гаплогруппы R1a в 19-маркерном формате. Дерево состоит из двух основных ветвей, верхняя — субклада, который предварительно назван авторами (Underhill et al., 2015) R1a-M576, но которого нет в классификациях. Такой же субклад обнаружен авторами в Индии и Непале. На дереве это гаплотипы из Хорватии, Венгрии и Словакии



Верхняя ветвь на рис. 122 действительно принесена из Индии, и, хотя этот субклад остается не отнесенным в классификациях, он найден авторами в Дели и в джунглях Андхра-Прадеш. Общий предок всей выборки в Хорватии, Венгрии и Словакии жил, как рассчитано выше, всего  $525 \pm 120$  лет назад. Вряд ли Индию покинули представители высших каст, имеющие гаплогруппу R1a, чтобы стать в Европе цыганами. Либо это носители R1a, пониженные в статусе и ставшие изгоями, либо это жители джунглей, получившие свою гаплогруппу R1a-M576 «неупорядоченным» путем. Либо, наконец, это коренное население Индии неарийского происхождения.

Что касается нижней, раскидистой ветви на дереве, то это не «цыганская» гаплогруппа. Она приобретена цыганами в Европе тоже «неупорядоченным» путем, причем не единичным образом, а множественным. Иначе говоря, в цыганскую среду вошли много разных носителей гаплогруппы R1a-Z280, которые «принесли с собой» своих общих предков. В итоге мы видим в нижней части дерева некую свалку, с фантомным общим предком. Это — мера промискуитета женской части цыганских таборов.

### Гаплогруппа J2a

На дереве гаплотипов на рис. 118 видна двойная ветвь гаплогруппы J2a, которую И. Л. Рожанский идентифицировал как J2a-M92 и J2a-Y3612 и определил времена жизни их общих предков как  $825 \pm 230$  и  $725 \pm 160$  лет назад соответственно. По данным на рис. 118 времена жизни их общих предков равны  $730 \pm 270$  и  $515 \pm 190$  лет назад соответственно, что в принципе одно и то же с учетом погрешностей расчетов. Это — времена прибытия или начала нахождения цыган в Европе, поскольку сами эти субклады образовались 77 и 48 снип-мутаций, или примерно 11,1 тыс. и 6,9 тыс. лет, назад соответственно.

Базовые гаплотипы этих двух субкладов следующие (в нестандартном 23-маркерном формате):

12 22 16 10 13 15 13 13 11 32 — 15 14 21 11 15  
17 17 9 22 12 11 21 8,  
12 23 14 10 13 16 11 14 11 31 — 17 14 20 10 15  
18 16 9 23 12 13 21 10.

Конечно, у цыган могут быть не сами эти древние субклады, а относительно недавние нижестоящие снипы, но для этого они должны были пройти долгий путь с относительно древними вышестоящими снипами. Этому мешает то, что их общий вышестоящий субклад J2a-Z1847 (образовался 81 снип-мутацию, или примерно 11,7 тыс. лет, назад) в Индии практически отсутствует.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > **Y3612**.

J2 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > **M92**.

Вопрос, откуда у цыган Европы столь недавние ветви этих субкладов, остается открытым. Эти ветви выражены на Кавказе (Чечня, Армения, Грузия), Ближнем Востоке (Кувейт, Бахрейн, Саудовская Аравия, Палестина), а также в Турции, Албании, Италии и других странах этого обширного региона.

### Гаплогруппа E1b-V13

Ветвь этой гаплогруппы из 7 гаплотипов на рис. 118 статистически мала, но позволяет оценить датировку жизни общего предка и его гаплотип, пусть и с определенной погрешностью. Базовый гаплотип (в 23-маркерном нестандартном формате):

13 24 13 10 17 18 12 14 11 17 16 14 20 11 16 17  
20 10 22 12 12 22 12,

с датировкой общего предка  $3300 \pm 510$  лет назад. Гаплотип по большинству маркеров совпадает со стандартным («референсным») 67-маркерным гаплотипом гаплогруппы E1b-V13 по своим маркерам (выделены), общий предок которого жил  $3450 \pm 350$  лет назад, что то же самое в пределах погрешности расчетов:

**13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 31 15 9 9 11 11**  
**26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20**  
31 34 11 10 **10** 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 **22** 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Опять, этот общий предок слишком древний, чтобы быть в цыганской среде во времена их прибытия в Европу, тем более что субклад E1b-V13 выражен европейский.

## Гаплогруппа R1b

Гаплотипов этой гаплогруппы на дереве на рис. 118 всего 6, их базовый гаплотип:

13 24 14 11 11 14 12 13 13 29 17 15 19 11 16 17  
17 12 22 12 12 23 10,

с датировкой общего предка  $2900 \pm 575$  лет назад относится к субкладу R1b-L23, как предположено на рис. 119. «Предположено» — потому, что отнесение здесь затруднительно, так как первый по счету маркер DYS393 = 13 — типичный европейский, как и большинство остальных маркеров, а в субкладе L23 первый маркер обычно 12. В любом случае, этот гаплотип тоже определенно «подхвачен» цыганами у европейских носителей гаплогруппы R1b, и будет неудивительно, если он представляет суперпозицию разных субкладов гаплогруппы R1b. Например, базовый гаплотип субклада R1b-Z2103, одного из ближайших к субкладу L23, следующий:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
10 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 11 11.

С 23-маркерным предковым гаплотипом совпадают почти все маркеры, кроме первого (отмечены). Поэтому можно заключить, что примесные гаплотипы несколько исказили первый маркер (под названием DYS393). По расчетам по довольно большой серии 111-маркерных гаплотипов, общий предок жил  $4583 \pm 462$  года назад (без округления). Это времена ямной культуры.

Таким образом, можно предположить, что цыгане «подхватили» субклад R1b-L23-Z2103 и не только его, что привело к некоторому искажению «предкового» гаплотипа.

## Гаплогруппа I1

На рис. 118 гаплотипы цыган гаплогруппы I1-M253 занимают небольшую недавнюю ветвь в верхней части дерева, которая состоит из двух малых подветвей. Базовый гаплотип:

13 22 14 10 14 14 12 12 11 28 15 16 20 10 14 15  
19 10 26 12 11 22 12,

с общим предком  $514 \pm 189$  лет назад (без округления). Это опять времена прибытия цыган или

несколько позже того, но понятно, что потребовалось время для «подхватывания» исключительно европейской гаплогруппы.

На рис. 119 датировка этой ветви дается  $750 \pm 200$  лет назад, что согласуется с датировкой выше в пределах погрешности расчетов. Приведенный 23-маркерный гаплотип (в нестандартном формате) соответствует большинству маркеров в стандартном («референсном») 111-маркерном базовом гаплотипе, полученным при обработке 968 гаплотипов в 111-маркерном формате:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

Как мы видим, и этот гаплотип соответствует «цыганским временам» в Европе.

## Гаплогруппа I2a

Гаплотипы этой гаплогруппы образуют небольшую ветвь в верхней правой части дерева на рис. 118. Базовый гаплотип:

13 14 16 11 14 15 13 13 11 31 18 15 20 10 15 18  
18 10 30 11 12 23 10,

с датировкой общего предка  $3020 \pm 590$  лет назад. Понятно, что эти гаплотипы не «исконно» цыганские, потому что в Южной Азии, и в частности в Индии, их нет. Они были «позаимствованы» в Европе уже после прибытия цыган, но от разных носителей этой гаплогруппы. Поэтому общий предок тоже был «позаимствован».

То, что это гаплотипы гаплогруппы I2a, свидетельствует совпадение большинства маркеров (21 из 23) у «цыганских» гаплотипов с соответствующими маркерами референсного базового гаплотипа гаплогруппы I2a (Клёсов А. А. Практическая ДНК-генеалогия для всех. М.: Концептуал, 2018), полученного при обработке 98 гаплотипов гаплогруппы I2a в 111-маркерном формате:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13

11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 **23** 18 **10** 15 19 9 12 11.

### 39. ТАДЖИКИ

Согласно Всероссийской переписи населения, в России проживают (являясь гражданами РФ) чуть больше 200 тыс. таджиков. Это — не считая около миллиона мигрантов на территории Российской Федерации (по данным 2015 г.). Состав таджиков по гаплогруппам приведен в табл. 46.

Таблица 46 показывает, что несмотря на некий разнородность в числах по каждой гаплогруппе, в целом ситуация концептуально понятна — среди таджиков преобладает, причем с большим отрывом, гаплогруппа R1a, за ней следует J2,

и далее — целая галерея гаплогрупп в количестве менее 10 % от всех. Как обосновано ниже в этом разделе, относительно высокое содержание гаплогруппы R1a у таджиков — от древних ариев гаплогруппы R1a, мигрировавших по территории будущего Таджикистана между серединой III тыс. и серединой II тыс. до н. э. на пути в Индию с прибытием туда в середине II тыс. до н. э. Для сравнения, у киргизов высокое содержание гаплогруппы R1a — от скифов, как обосновано ниже в соответствующем разделе. Датировки общих предков гаплогруппы R1a у таджиков —  $4650 \pm 545$  лет назад, середина III тыс. до н. э., у киргизов — между 1650 и 1,1 тыс. лет назад, между IV и IX вв. н. э. (Клёсов А. А., Саидов Х. С. Евреи и пуштуны Афганистана. М.: Концептуал, 2015).

**Таблица 46.** Состав гаплогрупп таджиков по нескольким независимым источникам. Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	Состав в %, 198 чел.*	Состав в %, 168 чел.**	Состав в %, 24 чел.***	Состав в %, 19 чел.****	Число образцов в списке YFull
R1a	27	36	25	21	2
J2	15	14	21	5,3	
C	8,1	2,4	0	11	
L	6,6	9,5	17	21	2
R2	6,6	6	17*****	11	
G	6,1	н/п	8	5,3	
H	6,1	1,2	н/п	н/п	
R1b	5,1	9	4,2	11	
O	4,5	0,6	0	н/п	
Q	3,1	0	н/п	11	1
N	3,1	0	0	н/п	
T	3,1	0	н/п	н/п	
J1	2,5	н/п	н/п	н/п	
I2	2	0	0	н/п	
E	1	3,6	0	5,3	

\* Клёсов А. А., Саидов Х. С. Евреи и пуштуны Афганистана. М.: Концептуал, 2015. 460 с.

\*\* Wells R. S. et al. The Eurasian heartland: A continental perspective on Y-chromosome diversity // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 2001. V. 98. №18. P. 10244–10249.

\*\*\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\*\*\* «Памирский Проект» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Pamiri?iframe=yresults>.

\*\*\*\*\* Суммарно P, Q, R and R2.

Ниже приведено дерево гаплотипов гаплогруппы R1a на территории исторической Бактрии, среди них — таджикские, узбекские и пуштунские гаплотипы (А. А. Клёсов, Х. С. Саидов, ссылка на книгу дана в предыдущем абзаце). Но они в значительной степени разделены — пуштунские образуют плотную, то есть относительно недавнюю ветвь на дереве справа сверху, а таджикские и узбекские гаплотипы распределены широким ареалом на значительно более древней остальной части дерева. Из 33 гаплотипов в плотной ветви справа сверху (помечено Z2124) есть всего 2 узбека и ни одного таджика.

То, что ветвь таджиков и узбеков значительно более древняя, видно в сравнении с более плотной и низкой ветвью Z2124, а более плотная и более низкая — это более молодая ветвь, разнообразие гаплотипов сравнительно малое. Ветвь более раскидистая — значит, разнообразие гаплотипов больше, ветвь более древняя. Действительно, все 25 гаплотипов таджиков в раскидистой ветви имеют 275 мутаций, что дает  $275/25/0,076 = 145 \rightarrow 169$  условных поколений, то есть  $4225 \pm 490$  лет до общего предка.

Это — времена исторических ариев. И язык их привлекать необязательно, здесь арии — древний род, который прошел по территории современного Таджикистана по пути в Индостан. Пуштуны — это значительно более недавняя ветвь арийского рода, как и киргизы. Их происхождение, видимо, от скифов, дальних потомков древних ариев.

Остальную часть дерева выше занимают древние гаплотипы — в том смысле, что они происходят от древних общих предков. Это видно и на глаз — ветвь слева и внизу широкая, раскидистая, принципиально отличается по виду от плотной молодой ветви пуштунов субклада Z2124. К сожалению, глубокие субклады этой древней ветви неизвестны, кроме как R1a-Z93, да и то далеко не всегда. Например, практически никто из таджиков и узбеков не типирован на принятые в классификациях субклады гаплогруппы R1a. Общий предок этой широкой ветви жил  $4200 \pm 450$  лет назад, отдельно таджиков —  $4225 \pm 490$  лет, то есть та же самая датировка. Более того, общий предок для всей широкой ветви, а также для таджиков и узбеков — один и тот же.



**Рис. 123.** Дерево 108 гаплотипов гаплогруппы R1a на территории исторической Бактрии в 39-маркерном формате. Справа сверху — ветвь преимущественно пуштунов из 33 гаплотипов, в основном субклада R1a-Z93-Z2124, справа и внизу — ветвь из 75 гаплотипов, в которой 25 гаплотипов таджиков, 25 гаплотипов узбеков, а также разбросанные гаплотипы других современных этносов Средней и Передней Азии гаплогруппы R1a — 12 гаплотипов пуштунов, 5 туркмен, 5 хорасан, 3 хазарейца. Общий предок всей большой ветви слева и внизу жил  $4200 \pm 450$  лет назад. Общий предок группы из 25 таджиков в той же ветви жил  $4225 \pm 490$  лет назад. Построено по гаплотипам из баз данных, представленных И. Л. Рожанским (Клёсов А. А., Саидов Х. С. Евреи и пуштуны Афганистана. М.: Концептуал, 2015)

Все 75 гаплотипов широкой ветви на рисунке содержат 819 мутаций, что дает  $819/75/0,076 = 144 \rightarrow 168$  условных поколений (0,076 — константа скорости мутации для 39-маркерных гаплотипов), то есть  $4200 \pm 450$  лет до общего предка ветви, в которую входят гаплотипы 25 таджиков, 25 узбеков, 12 пуштунов, 5 туркмен, 5 хорасан и 3 хазарейцев. Все они — прямые потомки исторических ариев. Если рассмотреть отдельно таджиков, то их 25 гаплотипов содержат 275 мутаций, что дает  $275/25/0,076 = 145 \rightarrow 169$  условных поколений, то есть  $4225 \pm 490$  лет до общего предка, что практически одно и то же. Базовый гаплотип всей большой ветви из 75 гаплотипов (слева и внизу на дереве гаплотипов выше) в 39-маркерном формате следующий:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31 — 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 — 11 13 19 23 15 13 11 14 12 11  
30 12 14 24 13 9 23 11,

из них базовый гаплотип 25 гаплотипов таджиков отличается всего на 2 мутации (отмечено ниже), но это только на взгляд:

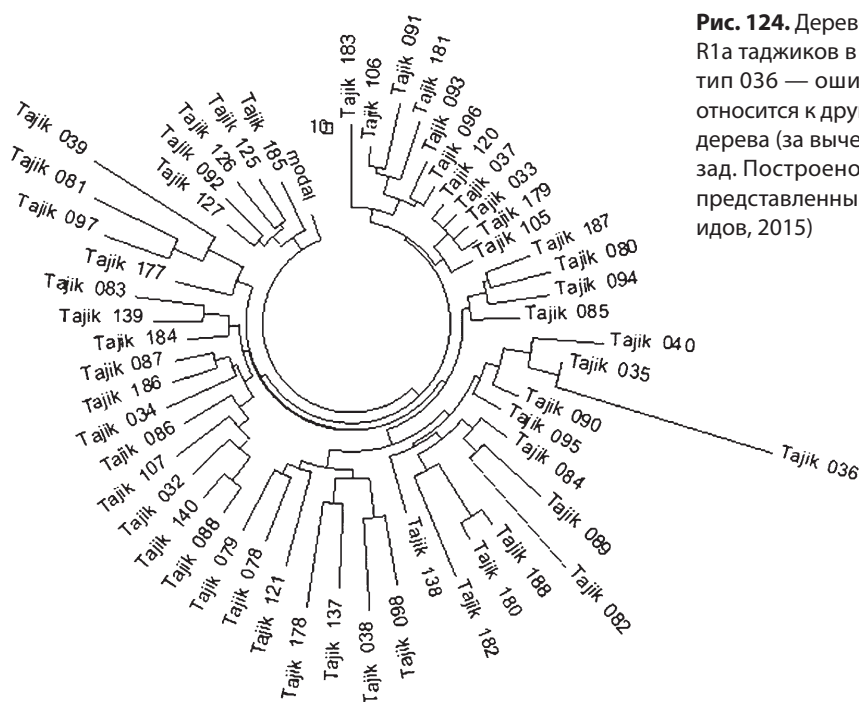
13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 31 — 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 — 11 12 19 23 15 13 11 14 12 11  
30 12 14 24 13 9 23 11.

На самом деле там разницы нет. Так, четвертый по счету маркер (DYS391) равен в среднем 10,57 и 10,44, поэтому формально округлено до 11 и 10 соответственно. То же самое в маркере GATA H4, там аллель в среднем равна 12,52 и 12,48 соответственно.

Для проверки этих данных рассмотрим другую выборку из 53 гаплотипов таджиков в 17-маркерном формате. Соответствующее дерево гаплотипов показано на рис. 124. Общий предок данной выборки жил  $4200 \pm 760$  лет назад, то есть практически тогда же, когда и общий предок выборки из 25 гаплотипов таджиков в 39-маркерном формате. Базовый гаплотип выборки имеет вид:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 31 — 16 14 20 12 15  
11 23,

то есть практически точно такой же, как и соответствующие аллели в 39-маркерной выборке. Опять, четвертый по счету маркер, усредненный по всей выборке, равен в среднем 10,59, потому и округлен до 11 в записи выше, а в выборке в 39-маркерном формате он равен 10,44. Остальные значения маркеров те же. Как видно, ветвь вполне репрезентативна, датировка воспроизводится от всей ветви к ее частям, и все это



**Рис. 124.** Дерево из 53 гаплотипов гаплогруппы R1a таджиков в 17-маркерном формате. Гаплотип 036 — ошибочный на данном дереве, он относится к другой гаплогруппе. Общий предок дерева (за вычетом 036) жил  $4220 \pm 760$  лет назад. Построено по гаплотипам из баз данных, представленным И. Л. Рожанским (Клёсов и Саидов, 2015)



указывает на арийские миграции перед прибытием ариев в Иран и Индию. Прямые потомки тех ариев живут сейчас в Таджикистане, Узбекистане и, в меньшей степени, в Туркменистане и Афганистане, среди афганских племен. Обращает на себя внимание, что ни одного таджика не оказалось в плотной ветви (справа сверху) Z2124, которую занимают на три четверти пуштуны.

Заметим также, что в целом среди 1023 гаплотипов с территории исторической Бактрии, рассмотренных в книге, цитированной выше (Клёсов А. А. и Саидов Х. С., 2015), имеются 198 таджикских гаплотипов, из них максимальная доля приходится на гаплогруппу R1a (27 % от всех), на втором месте гаплогруппа J2 (15 %), на третьем — гаплогруппа C (8,1 %), остальные — относительно минорные доли из 13 гаплогрупп. В той же выборке — 142 узбека, из которых на гаплогруппу R1a приходится 26 %, на втором месте гаплогруппа J2 (15 %), на третьем — гаплогруппа R1b (12 %), остальные — относительно минорные доли из 11 гаплогрупп.

Вывод — базовый гаплотип возрастом  $4200 \pm 450$  лет является одним и тем же для всех гаплотипов на дереве выше из исторической Бактрии — таджиков, узбеков, пуштунов (помимо субклада Z2124), туркмен, хорасан, хазарейцев. У них был один общий предок, который относился к историческим ариям. Хотя надо сказать, что у туркмен, например, по некоторым данным, только 18 % мужчин относятся к гаплогруппе R1a, треть относятся к гаплогруппе Q, по 9 % гаплогруппы J1 и J2, 7 % гаплогруппы N и 5 % гаплогруппы E. Остальные, по 1–3 %, относятся к гаплогруппам G, H, L, O, R1b и R2.

Важно узнать, как соотносятся предковые гаплотипы гаплогруппы R1a Бактрии и этнических русских, базовый гаплотип которых в формате 39 маркеров имеет вид:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 — 11 12 19 23 16 14 11 14 12 11  
30 12 13 24 13 9 23 11.

Здесь 5 «визуальных» мутаций от базового бактрийского гаплотипа, которых на самом деле три, поскольку все они дробные. Это разводит общих предков праславянских и бактрийских гаплотипов на  $3/0,076 = 39 \rightarrow 41$  условное поколение, или всего 1025 лет, и общий их предок

жил примерно  $(1025 + 4900 + 4200)/2 = 5060$  лет назад. Это времена расхождения гаплогруппы R1a на субклады Z93 и Z280, первый из которых является сейчас основным для Средней Азии, Ирана, Индии и арабских стран Ближнего Востока, второй — основной субклад на Русской равнине, включая этнических русских, украинцев, белорусов, поляков, носителей гаплогруппы R1a балканских стран.

На основании вышесказанного уместно обозначить субклад R1a-Z645 как основной (или родительский) арийский субклад, а нисходящие Z2122, Z2123, Z2124, Z2125 как младшие арийские или скифские. Эти названия не являются абсолютными и зависят от контекста. Например, Z2123 может быть в дальнейшем уточнен и назван, например, аланским (в определенном контексте), если это будет подтверждено археологическими данными и анализом ископаемых гаплотипов. По той же причине не должно смущать то, что эти «скифские» субклады образовались во времена, намного ранние, чем те, куда историки помещают скифов (обычно между VII в. до н. э. и началом новой эры, но это ведь тоже условность), и для Z2123 это начало II тыс. до н. э., для остальных трех — начало III тыс. до н. э. Называть их «праскифскими» или «протоскифскими», на мой взгляд, большого смысла нет, поскольку это дублирование термина «арийские». В общем, пусть историки разбираются, это их вопрос. Наш вопрос — это обозначить проблему и сопроводить ее конкретными фактами.

По-видимому, древние арийские гаплотипы таджиков, узбеков, части пуштунов, части туркмен и других современных жителей Средней и Передней Азии являются наследием арийских миграций по этим территориям в III–II тыс. до н. э. и последующими расселениями потомков ариев по близлежащим регионам. Судя по древности общих предков, это могут быть субклад R1a-L657, параллельный ему Z2124 и дочерние последнего Z2122 и Z2125. Все они образовались в ходе исходных ранних арийских миграций по указанным территориям. Z2123 образовался уже на исходе древних арийских миграций,  $3900 \pm 500$  лет назад, когда арии были уже на Южном Урале и жили в Средней Азии перед переходом на Иранское плато, то есть во времена, описанные в Авесте. Его «дедушка»,

субклад R1a-Z2124, был обнаружен в ископаемых костных остатках в синташтинской культуре на Южном Урале с датировкой  $4200 \pm 100$  лет назад, а сам субклад Z2123 был найден в срубной культуре (в Самарской области) с датировкой  $3725 \pm 125$  лет назад.

Столь же подробный анализ других гаплогрупп таджиков в настоящее время затруднен, так как «Таджикский проект» FTDNA содержит всего 19 гаплотипов таджиков, и почти все — в 12-маркерном формате и в основном с поверхностными субкладами гаплогрупп. В списке YFull есть всего 5 сний таджиков, и еще три относительно глубоких сния приведены в «Таджикском проекте». Рассмотрим их.

В гаплогруппе R1a обе цепочки сний относятся к южной арийской группе. Первая цепочка:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > Y30 > Y29 > **Y28652**.

Последний сноп образовался 28 сний, или примерно 4 тыс. лет, назад, когда миграции южных ариев уже прошли до Южного Урала, и недавно обнаружены там в ископаемых костных остатках со сниями «параллельной» линии:

Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123.

Но в случае прямых предков таджиков со снием L657 этот сноп с серией нижестоящих сний найден у казахского племени бабасан:

... Y29 > Y944 > Y2439 > Y2428 > Y16494.

Вторая цепочка:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > **Y934**,

как видим, относится к той самой «параллельной» линии, которая найдена в древних ДНК на Южном Урале. Такие же конечные сны, в том числе с нижестоящими субкладами, найдены у татар и башкир и описаны выше в этой книге. Последний сноп в этой цепочке, Y934, образовался 26 сноп-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад.

Сноп L26, найденный у таджиков и приведенный в «Таджикском проекте», широко известен у многих современных народов. Ничего специфически таджикского в нем нет:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > **L26**.

Более того, он образовался 126 сноп-мутаций, или примерно 18 тыс. лет, назад, и неудивительно, что он распространился по всей Евразии.

В гаплогруппе R1b «Таджикский проект» приводит сноп Z2103, широко известный сноп ямной

культуры. Он мог попасть в Таджикистан в относительно недавние времена.

В гаплогруппе Q у таджиков найдены 2 сния, один приведен в «Таджикском проекте»:

Q-M242 > Q2-L275 > F1213 > M378 > Y2265 > Y2244 > Y5185 > **L301**,

и такой же найден у китайца, грузина и иранца, второй находится в списке YFull:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Y2659 (= Y4801) > Z5902 > Y6802 > **Y6826**.

Последний сноп — древний, образовался примерно 15,5 тыс. лет назад, так он для таджиков явно не специфичный.

Наконец, в списке YFull находятся 2 сния гаплогруппы L:

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 (= M357) > M2398 > Y12415 > **Y29730**,

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 (= M357) > M2398 > Y12415 > **Z20267**.

Фактически, там одна цепочка сний, которая расходится только перед конечными сниями от сния Y12415, который образовался 54 сноп-мутации, или примерно 7,8 тыс. лет, назад. Сами конечные сны (выделены) образовались 51 и 53 сноп-мутации соответственно, или примерно 7,3 тыс. и 7,6 тыс. лет, назад. Ясно, что они вряд ли являются специфическими для таджиков.

## 40. КАЛМЫКИ

В России, согласно переписи населения (граждан РФ), проживает несколько более 180 тыс. калмыков. Из них 89 % живут в Калмыкии, около 4 % — в Астраханской области, и примерно 2 % — в Москве, это суммарно составляет уже 95 % калмыков в России.

Гаплотипов калмыков в открытых базах данных не найдено, как нет их в списке YFull. Но калмыков исследовали в отношении их Y-хромосом по меньшей мере в двух академических статьях.

Хотя данные обеих статей значительно отличаются друг от друга, главный вывод, что доминирующей гаплогруппой у калмыков является C, был сделан в обеих статьях. Правда, на второй по численности гаплогруппе идет сбой между двумя статьями, по одной статье содержание гаплогруппы O равно 11 %, по второй статье ее вообще не нашли (табл. 47). Возможно, выборки по обеим статьям проводили в разных регионах, и статья

**Таблица 47.** Состав гаплогрупп калмыков по данным двух независимых статей. Обозначение «н/п» — данные не приведены. Отнесения по сницам и субкладам сделаны И. Л. Рожанским в тех случаях, когда такого отнесения в статье\* не было

Гаплогруппа	Состав в %, 219 чел.*	Состав в %, 68 чел.**
C	59	71
O	11	0
R2a	8,7	н/п
N	5,9	2,9
J2a	5,9	0
R1b	4,6	2,9
R1a	2,3	5,9
Q	0,9	н/п
E	0,9	0
D	0,5	0
I2a	0	0
G2a	0	0
K	н/п	4,4
L	н/п	1,5
P, Q, R, R2 — суммарно	н/п	11,8

\* *Balinova et al. Y-chromosomal analysis of clan structure of Kalmyks, the only European Mongol people, and their relationship to Oirat-Mongols of Inner Asia // European Journal of Human Genetics. 2019. V. 27. №9. P. 1466–1474.*

\*\* *Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139. Те же данные приведены в более ранней статье Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277.*

(Balinova et al., 2019) показывает, где именно проводили выборки (рис. 125). В целом, статья (Balinova et al., 2019) представляется значительно более детальной и качественной, и мы будем на нее ориентироваться в большей степени, чем на статью Tambets et al., 2018.

## Гаплогруппа C

Как показано в табл. 47, гаплогруппа C является самой распространенной гаплогруппой среди калмыков, ее больше половины среди всех гаплогрупп. Такая же картина с основными родоплеменными группами калмыков: в составе дербетов ее 61 %, торгоутов — 55 %, бузавов — 65 %, хошеутов — 54 %, среди синцзяньских (Северо-Западный Китай) калмыков — 50 % (рассчитано по данным Balinova et al., 2019). С учетом погрешностей расчетов при выборках в несколько десятков человек это практически одни и те же величины. Последующие данные по калмыкам основываются на той же статье, хотя расчеты, датировки, дерево гаплотипов

и выводы, полученные здесь, в той статье не приводились, за исключением тех, которые мы специально укажем.

Поскольку авторы цитируемой статьи использовали устаревшую номенклатуру субкладов (например, они приводят субклад C3c1b-F6379, хотя субкладов уровня C3 нет в номенклатуре с 2014 г., а в более ранних номенклатурах сница F6379, он же Y12793, нет), то используемые в их статье сницы были пересмотрены И. Л. Рожанским и используются в современном виде нами далее. Сницы гаплогруппы C (137 человек) в выборке из 219 калмыков описываются следующими пятью цепочками:

C-M130 > **C2-M217** > **C2a-L1373** > F3447 > F1699 > **M48** > **Y12792** (= F6379),

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > M48 > F11120 > **B469**,

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > **F1918**,

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > M504 > Y11121 (= **F914**),



**Рис. 125.** Родоплеменные группы Калмыкии, в которых проводились сборы образцов ДНК для тестирования. Это — дербеты, хошеуты, бузавы и торгоуты. Бузавы по документальным источникам формировались из донских калмыков. Численность выборок была соответственно 69, 28, 52 и 58 чел., суммарно 207 чел. В табл. 47 к ним добавлены синцзяньские калмыки, выборка из 12 чел. По данным статьи (Balinova et al., 2019). См. цветную вклейку.

C-M130 > C2-M217 > C2b-F1067 > F2613 > Z1300 > CTS2657 > CTS11990 > CTS8579 > Y13856 > **M407**.

Здесь выделены сніпы, обнаруженные у калмыков. Конечные сніпы датируются следующим образом: Y12792 — 21 сніп-мутация, или примерно 3 тыс. лет, назад, B469 — та же датировка, F1918 — 105 сніп-мутаций, или примерно 15,1 тыс. лет, назад, M48 — та же датировка, F914 — 20 сніп-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад, M407 — 52 сніп-мутации, или примерно 7,5 тыс. лет, назад. Ясно, что во всех случаях сніпы недотипированы, и на это указывает дерево 23-маркерных гаплотипов калмыков в данных выборках (рис. 126), в котором все ветви относительно неглубокие, то есть недавние.

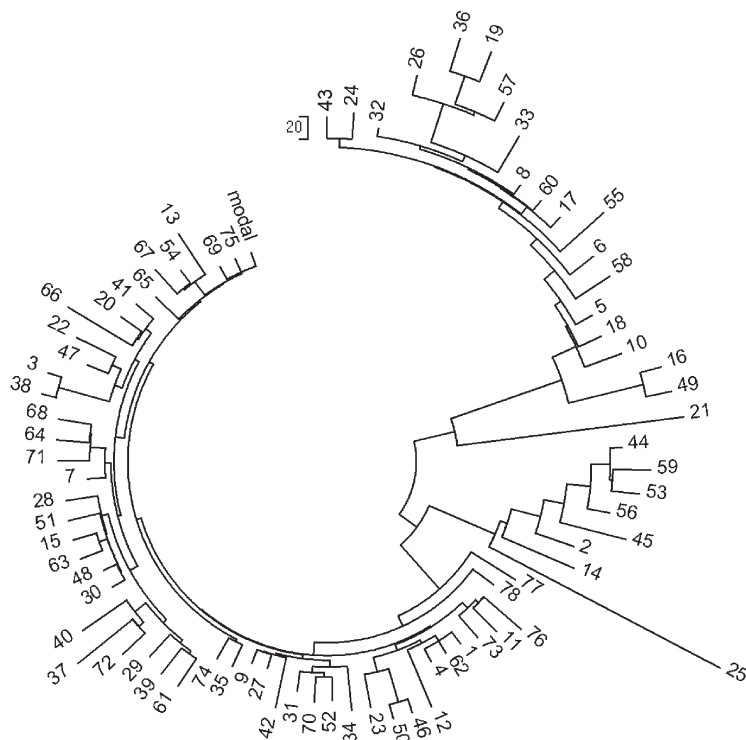
На дереве выделяются четыре ветви — (первая слева вверху) из 28 гаплотипов, вторая (против часовой стрелки) из 21 гаплотипа, третья из 7 гаплотипов, четвертая из 19 гаплотипов. Из последней ветви можно выделить подветвь из 5 гаплотипов, отходящую из средней части ветви.

Поскольку авторы цитируемой статьи ввели в серию гаплотипов гаплогруппы С кал-

мыков Российской Федерации также серию гаплотипов калмыков-монголов из тех же родоплеменных образований (дербеты, торгоуты и хошеуты), а также калмыков из китайского Синцзяна, то это представило возможность сравнить полученные базовые гаплотипы и датировки калмыков-монголов и калмыков-китайцев. Оказалось, что базовые гаплотипы у всех групп калмыков — из Российской Федерации, Монголии и Китая — совершенно идентичны, как практически одинаковы и датировки их общих предков в пределах погрешности расчетов. Иначе говоря, в отношении происхождения все группы калмыков гаплогруппы С идентичны друг с другом и по территориям, и по родоплеменным формированиям.

Все гаплотипы первой ветви из 28 гаплотипов относятся к сніпу C2a-Y12792 (= F6379), включая все гаплотипы калмыков РФ, монгольских калмыков, калмыков китайского Синцзяна, а также киргизских сарт-калмаков (все их 3 гаплотипа находятся в первой ветви). Базовый гаплотип ветви:

13 24 16 9 12 12 11 14 11 31 — 18 14 20 9 15 20  
18 10 28 12 11 23 10,



**Рис. 126.** Дерево из 78 гаплотипов калмыков (Российской Федерации, а также калмыков Монголии и китайского Синцзяня и киргизских сарт-калмаков) гаплогруппы C2-M217 (для которых в статье Balinova et al., 2019 были представлены 23-маркерные гаплотипы). Как показано в тексте, калмыки РФ, Монголии, китайского Синцзяня и киргизские сарт-калмаки практически индентичны по Y-хромосомам. Условный общий предок дерева (за вычетом явно выпадающих гаплотипов 25 и 21) жил  $5200 \pm 550$  лет назад. Построено по гаплотипам из цитируемой выше статьи

и общий предок ветви жил  $1350 \pm 200$  лет назад. Если из серии удалить все гаплотипы калмыков-монголов (гаплотипы 20, 28, 30, 51, 63, 66, 75), китайцев (гаплотипы 22 и 64), киргизов (гаплотипы 41, 61, 71), то базовый гаплотип останется тем же, и датировка общего предка останется практически той же,  $1490 \pm 250$  лет назад.

Вторая ветвь из 21 гаплотипа относится к тому же снипу, C2a-Y12792, хотя на самом деле это может быть родственный снип, выше- или нижестоящий, потому что ветви довольно четко разделяются. Базовый гаплотип ветви:

13 24 16 9 12 12 11 14 11 31 — 18 14 20 9 15 **19**  
17 10 27 12 11 23 10,

то есть отличается всего на 3 мутации (выделены), хотя усреднение дает разницу всего в 1,79 мутаций, что эквивалентно  $1,79/0,057 = 31 \rightarrow 32$  условным поколениям, или 800 лет разницы между общими предками. Общий предок ветви жил  $1055 \pm 185$  лет назад. Таким

образом, общий предок обеих ветвей жил  $(800 + 1055 + 1350)/2 = 1600$  лет назад, примерно в середине I тыс. н. э., скорее всего, на территории современной Монголии.

Третья, малая по численности ветвь, всего из 7 гаплотипов, в которой всего 1 гаплотип калмыков из РФ (бузав, под номером 14), 4 калмыка-монгола (2, 44, 45, 53, из них 2 дербета и 2 торговца) и 2 калмыка-китайца (56 и 59), имеет общего предка  $1340 \pm 330$  лет назад и базовый гаплотип:

13 25 16 10 12 13 10 13 11 29 — 18 14 22 10 15  
17 16 10 25 12 12 21 10,

в котором уже 20 мутаций по сравнению с базовым гаплотипом первой ветви (и 17 — по сравнению с базовым гаплотипом второй ветви). Такая разница не удивительна — все гаплотипы этой ветви относятся к снипу C2a-F914. Они разошлись с первой ветвью от снипа F1699, который образовался 105 снип-мутаций, или примерно 15 тыс. лет, назад. Разница между двумя



23-маркерными базовыми гаплотипами, которые разделяют 20 мутаций, эквивалентна  $20/0,057 = 351 \rightarrow 594$  условным поколениям, или 14 850 годам. Общий предок этих двух ветвей жил  $(14\,850 + 1340 + 1350)/2 = 8800$  лет назад.

Обратим внимание, что общие предки всех трех ветвей жили примерно в одно и то же время, в середине I тыс. н. э. И эти времена соблюдаются и для калмыков России, и для калмыков Монголии и Китайского Синцзяня, а также для киргизских сарт-калмаков. Следовательно, это не времена ухода из предположительно монгольского региона, иначе монгольские предки были бы значительно древнее, а скорее времена прохождения «бутылочного горлышка» выживания для всех этих этно-племенных образований.

Четвертая ветвь калмыков гаплогруппы С из 19 гаплотипов относится опять к другому снипу, теперь С2b-M407. Это — совсем другая ветвь гаплогруппы С2. Первые три ветви относились к ветви С2а, четвертая — к ветви С2b. Понятно, что базовый гаплотип будет заметно отличаться от первых трех:

14 23 15 10 11 12 11 13 11 28 — 18 14 21 11 15  
19 16 10 24 12 13 22 9.

Действительно, он отличается от первого на 22 мутации. Общий предок ветви жил  $1250 \pm 250$  лет назад, опять середина I тыс. н. э. в пределах погрешности расчетов. И даже несколько гаплотипов, образующих малую подветвь в середине обсуждаемой ветви, имеют общего предка  $1015 \pm 320$  лет назад (без округления).

Как видим, вести расчет времени жизни общего предка по всем гаплотипам дерева на рис. 126 не имеет большого смысла, поскольку разные ветви дерева относятся к разным субкладам, в том числе к принципиально разным ДНК-линиям дерева. Поэтому условно рассчитанное число  $5200 \pm 550$  лет до общего предка может случайно оказаться более-менее верным, если разные факторы при расчете скомпенсируются, но на это особенно рассчитывать не приходится.

### Гаплогруппа О

Носителей этой гаплогруппы среди калмыков 11 %, согласно данным статьи (Balnova et al., 2019). Эта гаплогруппа наиболее выражена среди торгоутов (24 %), хотя гаплогруппы С у них

было 55 %. У остальных родоплеменных групп ее содержание варьировалось от 2 % (бузавы) до 24–25 % (торгоуты и калмыки Синцзяня).

Снипы гаплогруппы О у калмыков описываются следующими цепочками:

O-M175 > O1-F265 > O1b-P31/M268,

**O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > O2a2-P201.**

Выделенные снипы в огромной степени недотипированы и потому малоинформативны.

### Гаплогруппа R2a

Эта гаплогруппа найдена (в пределах данных выборок) у дербетов (19 % от всех) и бузавов (12 %). Типирование было совершенно поверхностным, на уровне R2a-M124.

### Гаплогруппа N

Данная гаплогруппа у калмыков представлена двумя принципиальными ветвями, N1a2b-P43 и N1a1-M46:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46,

N-M231 > Z4762 > L729 > N1a2-L666 > N1a2b-P43.

Расхождение на ветви произошло от субклада Z729, который образовался 119 снип-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад, субклад N1a1 образовался 101 снип-мутацию, или примерно 14,5 тыс. лет, назад, и субклад P43 образовался 54 снип-мутаций, или примерно 7,8 тыс. лет, назад. Судя по распределению современных потомков этих ветвей, носители субклада N1a1-M46 расселились на Среднем Урале, субклада N1a2b-P43 — севернее, поскольку многие северяне имеют этот субклад. Но интересно, что обе этих ветви представлены у калмыков монгольского происхождения, поэтому можно полагать, что расхождение этих ветвей 17 тыс. лет назад произошло на территории современной Монголии или Китая.

У современных калмыков ветви, показанные выше, продолжают следующим образом (выделены снипы, найденные у конкретных людей):

N1a2b-P43 > VL67 > (**VL64 + VL73**),

N1a1-M46 > F1419 > Y24317 > **B187**,

N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > **M2019**,

N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > Y16323 > **F4205**.

Эти сніпы, как обычно наблюдается в академических статьях, в значительной степени недо-типированы. Самый (относительно) недавний из них — VL73, который образовался 29 сніп-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад. Сніп F4205 образовался 32 сніп-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Примерно тогда же образовались сніпы VL67 и VL64. Сніп M2019 образовался 44 сніп-мутации, или примерно 6,3 тыс. лет, назад, а сніп B187 образовался 75 сніп-мутаций, или примерно 10,8 тыс. лет, назад. На основании этой поверхностной информации можно заключить, что сніпы VL73 и F4205, относительно недавние, вряд ли образовались в среде древних калмыков на территориях современной Монголии или Китая, это — уральские сніпы, которые попали к калмыкам «диффузным» путем.

В отношении выявления этих сніпов в отдельных родоплеменных образованиях информации мало, тем более что и выборки с гаплогруппой N1a малы, всего 12 человек. Но можно предварительно заметить, что у дербет-калмыков найден только сніп VL64 (образовался 35 сніп-мутаций, или примерно 5 тыс. лет, назад) и что у хошеутов — максимальное представительство гаплогруппы N1a1 (N1a2b-P43 не найдены) в количестве 9 человек из 28, то есть треть от всех. Это — сніпы M2019 (6 человек) и F4205. У китайских калмыков найден сніп VL73.

### Гаплогруппа J2a

Эта гаплогруппа типирована только на самый «верхний» сніп, M410. Она присутствует в небольших относительных количествах у дербетов, торгоутов и бузавов, а также у китайских калмыков. Ее заметно больше у киргизских сарт-калмаков, но они не включены в статистические данные калмыков.

### Гаплогруппа R1b

У калмыков найдены два субклада гаплогруппы R1b, правда, в небольших относительных количествах. У дербетов найден только сніп R1b-M478 (параллельный сніпу M269 в цепочке ниже), который образовался примерно 13,3 тыс. лет назад. В меньших количествах он найден у бузавов и торгоутов. Помимо него, у бузавов и торгоутов

найден сніп L51 (выделен ниже), который образовался 43 сніп-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > **L51**.

То, что у калмыков оказался сніп M478 (= M73) — неудивительно, он, вероятно, южно-сибирского происхождения, а вот то, что у них же найден сніп L51 — это уже несколько неожиданно, тем более что происхождение этого сніпа весьма загадочно. Хотя, если сніп L23 тоже сибирский (возможно, из афанасьевской культуры), то нижестоящий от последнего L51 вполне мог оказаться в регионе Монголии или Южного Урала.

### Гаплогруппа R1a

Из трех сніпов, найденных у калмыков, только R1a-Z280-CTS1211 является неожиданным, это карпатский сніп. Видимо, пришел к калмыкам «диффузным» путем. Он найден только у бузавов, в количестве единичных процентов. Остальные — сніп R1a-Z93 и его производный R1a-Z93-Z2125. Они найдены только у торгоутов, но при столь малой статистике это может быть не столь важным.

### Гаплогруппы Q, E, D, I2a, J1, G2a

Их присутствие у калмыков настолько мало, менее процента, что проводить их анализ не представляет особого интереса. Все они типированы только на поверхностные сніпы. Гаплогруппа D найдена только у китайских калмыков, E — только у калмыков-дербетов, G2a, I2a и J1 — только у киргизских сарт-калмаков, гаплогруппа Q — только у торгоутов.

## 41. ЛАКЦЫ (ЛАКИ, ЛЕКИ)

По результатам переписи населения 2010 г. в России проживают около 180 тыс. лакцев (лаков, леков), из которых в Дагестане живут 90 %, после чего идет резкий сброс в численности: в Ставропольском крае — 1,5 %, в Москве — 1,2 % лакцев от их общей численности в Российской Федерации.

Данных по составу лакцев по гаплогруппам почти нет. В базе данных Дагеста-

на: <https://www.familytreedna.com/public/dagestan?iframe=yresults> есть три носителя гаплогруппы R1b (два M269 и один L23) и один — гаплогруппы J1, ее самого поверхностного снипа, M267. В базе данных древних R1b есть два лакца гаплогруппы R1b-L23-Z2103, оба повторяют данные из дагестанской базы данных: <https://www.familytreedna.com/public/R1bBasalSubclades?iframe=yresults>.

Хотя понятно, что три гаплотипа, даже 67-маркерных, это неудовлетворительная статистика, при том, что здесь мы имеем 201 экспериментальную «точку», с чем уже можно работать. Расчет показал, что общий предок этих трех лакцев гаплогруппы R1b-L23-Z2103 жил  $1620 \pm 380$  лет назад, то есть примерно в середине I тыс. н. э. Поскольку это гаплотипы исходно ямной культуры (или ее ближайших предшественников), которая датируется в археологии 5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад, то понятно, что путь от той культуры до общего предка этих трех лакцев был долгим, хотя и, видимо, прямым.

Гаплотипы 9 лакцев приведены в статье Tofanelli S. et al. J1-M267 Y lineage marks climate-driven pre-historical human displacements // *European Journal of Human Genetics*. 2009. V. 17. №11. P. 1520–1524. В этой статье приведен список из свыше 200 гаплотипов гаплогруппы J1 в 20-маркерном формате, собранных в разных регионах мира, в том числе 87 гаплотипов из Дагестана. В дагестанской выборке были представлены 9 лакцев гаплогруппы J1. Дерево всех этих гаплотипов было построено и проанализировано в статье (Алиев А. А., Клёсов А. А. Часть горских евреев — потомки Авраама по мужской линии // *Вестник Академии ДНК-генеалогии*. 2010. Т. 3. №3. С. 379–384), в которой показано, что носители гаплогруппы J1 в Дагестане образуют весьма сложный конгломерат генеалогических ветвей, многие из которых относительно недавние, «возрастом» всего несколько сотен лет (плоские ветви), но некоторые — весьма древние, те, что далеко отходят от основания дерева. Все дерево в целом имеет общего предка, который жил  $3850 \pm 650$  лет назад. Сведения о гаплотипах лакцев кратко обсуждаются ниже в разделе «Горские евреи».

Лакцы должны представлять значительный интерес для языкознания, поскольку обнаружены

неожиданные и достаточно массовые языковые совпадения между лакским и аккадским языками (Омариёва Р. А., *Вестник Академии ДНК-генеалогии*. 2011. Т. 4. №8, 9, 11; 2012. Т. 5. №3; 2013. Т. 6. №2, 4, 11; 2014. Т. 7. №3; 2015. Т. 8. №1; 2016. Т. 9. №2).

## 42. ГРУЗИНЫ

Субэтноты грузин — аджарцы, лазы, мегрелы, сваны, ингилойцы и другие — будут упомянуты здесь или описаны в отдельных главах в порядке численности этих народностей.

Численность граждан РФ, которые в ходе переписи записали, что они грузины, составляет около 160 тыс. человек. Грузины — очень разнообразный этнос, хотя однородных этносов почти не существует, и только две гаплогруппы, G2a и J2, в сумме составляют 65 % от гаплогрупп всех грузин. Любое обсуждение того, кто такие грузины, упирается в аргументы, что множество грузинских субэтнотсов записаны под другими названиями, а они все равно грузины. Поэтому в этом разделе, как и во всех других, необходимо подчеркнуть, что «грузины» здесь — это те, которые считают и записывают себя грузинами, а не те, которых грузинами считают другие. Если некто считает себя грузином, это означает не только (и не столько) древнее происхождение, о котором обычно мало кто знает, но принадлежность к грузинской культуре, языку, ментальности, даже если постоянно (или временно) проживает на другой территории, вне Грузии, и имеет другое гражданство. Как правило, их предки жили в свое время на территории современной Грузии. Таких, как показывает Всероссийская перепись населения, около 160 тыс. человек, имеющих российские паспорта.

Вместе с тем надо отметить, что хотя в переписных листах (2010 г.) грузинами записались 157 803 человека, из них только немногие указали субэтнотсы, как аджарцы (211 человек), ингилойцы (98 человек), лазы (160 человек), мегрелы (600 человек), сваны (45 человек). Это не означает, что они не считают себя грузинами, просто они так восприняли вопрос о своей этнической принадлежности.

Состав грузин по гаплогруппам показан в табл. 48.

**Таблица 48.** Состав гаплогрупп грузин по данным «Грузинского Проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Georgia?iframe=yresults>), сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	Проект FTDNA, 510 чел., %	Eupedia, 250–500 чел.*, %	Численность в списке YFull
G	37	30	20
G1	1	н/п	0
G2a	36	н/п	20
J2	28	27	12
R1b	8,8	10	1
Z2103**	7,8	н/п	1
J1a	6,3	16	2
L1b	5,1	1,5***	0
R1a	4,3	9	1
Z93	3,7	н/п	0
Z280	0,2	н/п	0
Архаичные	0,4	н/п	1
I2a	4,1	2****	1
I2a1	0,8	н/п	0
I2a2-L596	3,3	н/п	1
E1b	3,9	2*****	0
Q	1,2	1	2
R2a	0,4	н/п	0
T	0,4	1,5	0
T1	0,2	н/п	0
T2	0,2	н/п	0
N	0	0	0

\* По сообщению сайта Eupedia.

\*\* Включая нижестоящие субклады.

\*\*\* Представлена как L.

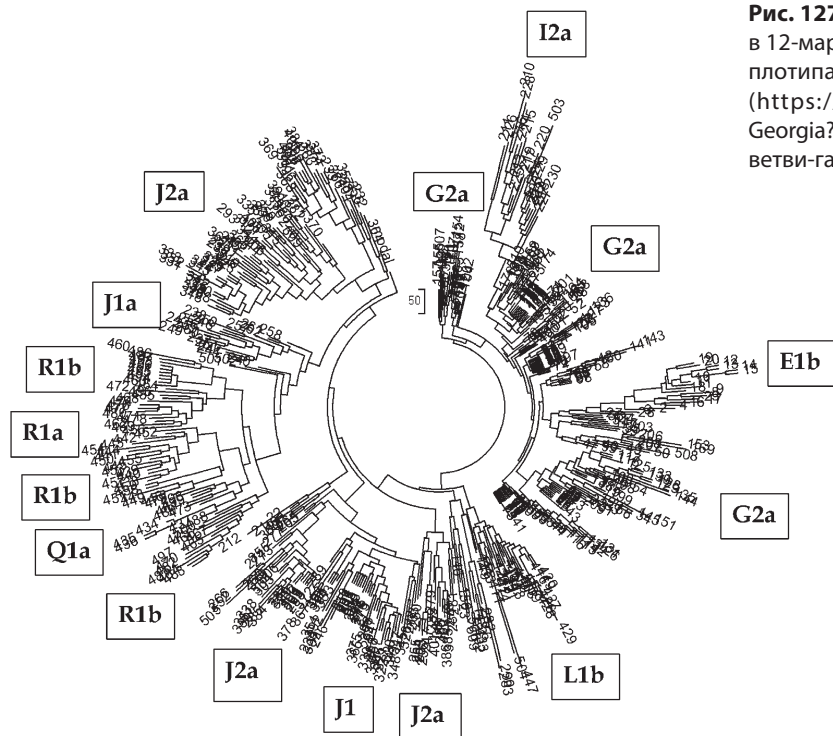
\*\*\*\* Представлена как I.

\*\*\*\*\* Представлена как E.

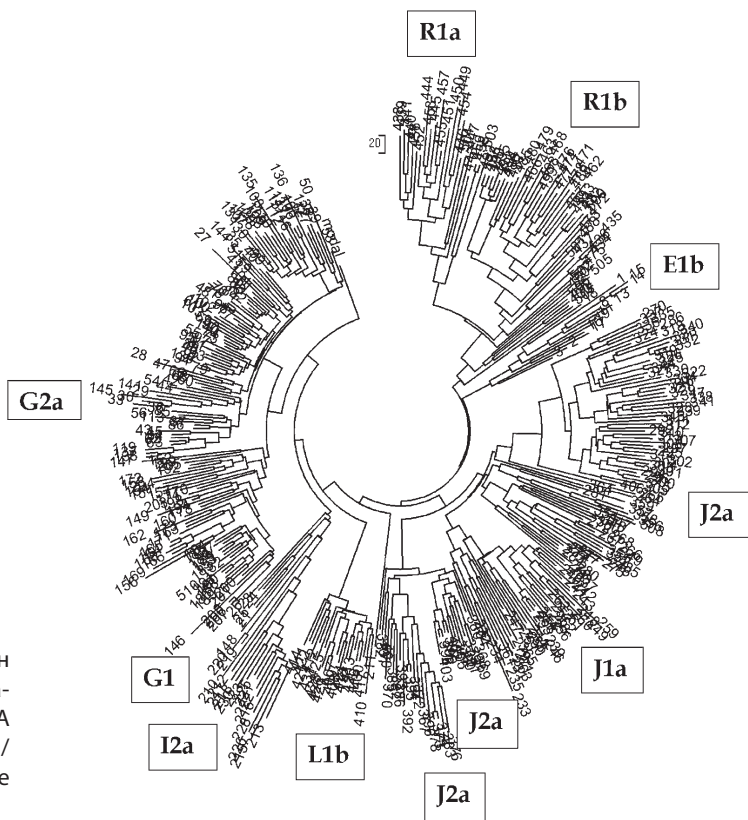
Из табл. 48 видно, что основными гаплогруппами грузинских мужчин являются G2a, J2 и R1b, они в сумме составляют три четверти от общего количества грузин. В табл. 48 есть определенный разнобой, но в отношении трех основных — в количественном отношении — гаплогрупп данные вполне согласуются. По списку YFull первые две гаплогруппы тоже лидируют по численности репрезентации.

На рис. 127 и 128 представлены деревья гаплотипов грузин в 12- и 37-маркерных форматах. Как уже пояснялось выше, в 12-маркерном формате дерева обычно включены все гаплотипы из представленной серии данных, в 37-мар-

керном формате — только часть гаплотипов, поскольку обычно далеко не все гаплотипы имеют 37-маркерный формат. В данном случае 12-маркерное дерево включало все 510 гаплотипов грузин из базы данных FTDNA, 37-маркерное дерево — 408 гаплотипов, то есть на 20 % меньше. В количественном отношении первое дерево включало  $510 \times 12 = 6120$  маркеров, 37-маркерное — 15 096 маркеров. Иначе говоря, второе дерево потеряло 102 гаплотипа, но в сумме намного более информативное в отношении оставшихся 408 гаплотипов. Исследователь выбирает, какое дерево ему изучать исходя из поставленной задачи.



**Рис. 127.** Дерево из 510 гаплотипов грузин в 12-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «Грузинского Проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Georgia?iframe=yresults>). Показаны основные ветви-гаплогруппы



**Рис. 128.** Дерево из 408 гаплотипов грузин в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «Грузинского Проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Georgia?iframe=yresults>). Показаны основные ветви-гаплогруппы



## Гаплогруппа G

У грузин есть две ветви этой гаплогруппы — G1 и G2, первая имеется в минимальных количествах, вторая — преобладающая по численности. Сами ветви разошлись десятки тысяч лет назад:

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15,

точнее, сний G1-M342 образовался 167 сний-мутаций, или 24 тыс. лет, назад, сний G2-P287 — 173 сний-мутации, или 25 тыс. лет, назад. Ясно, что эти ветви прибыли из разных источников, и, скорее всего, независимо друг от друга. Мы пока не знаем, где находились эти источники, но ряд данных указывает на Бактрию, где сходятся территории Передней Азии и Средней Азии, с датировкой пребывания там носителей G2a 14 тыс. лет назад, и вторая, последующая датировка гаплогруппы G2a, — в Европе примерно 7 тыс. лет назад.

Что касается ветви G1, то ее носителей в базе данных FTDNA всего шесть из 510 грузин. Все они типированы совершенно поверхностно, что обычно свойственно довольно экзотическим линиям:

**G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124,**

G-M201 > G1-M342 > **G1b-L830.**

Все выделенные здесь снии приписаны конкретным представителям грузин. Все они (выделенные снии) образовались между 14 и 25 тыс. лет назад. В списке сний YFull для представителей грузин из линии G1-M342 данных нет. Сний G1b-L830 имеет также представитель из Саудовской Аравии.

Почти все грузины из базы данных FTDNA относятся к линии G2a, таких 97 % от всех носителей гаплогруппы G. Как мы обсуждали выше, есть два основных источника этой линии — один в древней Передней Азии и один в древней Европе. Сам сний G2a-P15 образовался 137 сний-мутаций, или примерно 20 тыс. лет, назад, так что у его древнейших носителей было достаточно времени, чтобы дойти из Передней Азии в Европу, видимо, вскоре после ледникового периода, поскольку их древнейшие ископаемые ДНК в Европе датируются не позднее 7 тыс. лет назад. Примерно 4,5 тыс. лет назад они подверглись истреблению, вместе с другим (фактически) коренным населением Европы, и немногие выжившие носители гаплогруппы

G2a бежали в Малую Азию и оттуда прибыли на Кавказ и сопредельные регионы. В результате гаплогруппа G2a наблюдается по всему Западнему Кавказу и в намного меньшей степени — по Восточному Кавказу. На датировки общих предков мы посмотрим несколько ниже.

Чтобы понять, как связаны (родственно) друг с другом линии гаплогруппы G2a в Грузии, рассмотрим соответствующие цепочки сний грузин. Начнем с данных в списке YFull:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > **Y36036** (2 человека).

Точно такая же линия есть у карачаевцев.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > Z31459 > Y36736 > **Z31461** > Z45053 > **Z31460** (2 человека и 1 человек).

Такая же линия есть у чеченцев и у карачаево-балкарцев, более того, продвинутая на 2 сния глубже.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z7940 > **FT70700.**

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > FGC959 > U1 > L1266 > Y18370 > **PH1780** > PH311 > **Y18376** (1 человек и 3 человека).

Последний сний образовался 14 сний-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > FGC959 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > **Y30992.**

Последний сний найден также в Кабардино-Балкарии. Он образовался 27 сний-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > M406 > M3317 > FGC5089 > FGC5081 > Z41194 > Y24772 > Y24446 > **Z41193** (2 человека).

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > L1259 > PF3147 > PF3148 > PF3177 > **FGC34725.**

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > PF3148 > PF3177 > FGC6669 > FGC6663 > Y14935 > FGC58131 > **M286.**

Предпоследний сний найден также у армян.

Как видно, в отношении гаплогруппы G2a просматривается близость кавказских народов,

в особенности на Западном и Центральном Кавказе, поскольку на Восточном Кавказе численное преимущество гаплогруппы G2a сменяется на таковое у гаплогруппы J2.

Возвращаясь к грузинам, мы видим, что показанные выше восемь цепочек снийпов относятся к субкладу G2a-P15, но после него расходятся на линии снийпов Z6552 (три примера) и L1259 (пять примеров). Из последних пяти примеров две линии проходят через снийпы L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303, одна через L1259 > L30 > CTS574 > M406 и две через L1259 > PF3147 > PF3148 > PF3177. Все эти расхождения произошли 16 тыс. — 17 тыс. лет назад. Это означает, что происхождение основных грузинских линий гаплогруппы G2a разное, с разной историей. Возможно, все они присутствовали в Европе во времена «гибели старой Европы» и одной группой прибыли на Кавказ, но они не близкородственные по происхождению, поскольку, как приведено выше, их линии разошлись 16 тыс. — 17 тыс. лет назад.

Для проверки найденной картины посмотрим на снийпы грузин, приведенные в базе данных FTDNA. Большинство их уже рассмотрены выше, но некоторые цепочки снийпов добавились:

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > Z7940 > Z7961 > F2575 > **Z7941**.

Такой же конечный снийп найден у чеченцев.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 (= FGC693) > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 (= Z7962) > Z7940 > Z7961 > **FGC719**.

Такой же конечный снийп найден у осетина.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > Z31459 > Y36736 > **Z31461**.

Такой же конечный снийп найден у чеченца.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > FGC750 > Z31459 > Y36736 > Z31461 > Z45053 > **Z31460**.

Такой же конечный снийп найден в Кабардино-Балкарии.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > **FGC1159** (= FGC1160).

Такой же конечный снийп найден у казахов.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 > **Y36036**.

Такой же конечный снийп найден в Карачаево-Черкесии.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L13 > **Z2022**.

Такой же конечный снийп найден у чеченца.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L1266 > Y12277 > L1264 > FGC21495 > **Z44145**.

Последний снийп найден также у карачаевцев, он образовался 27 снийп-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад.

Как видно, среди этих снийпов практически нет ни одного, специфичного именно для грузин. Это неудивительно, так как если носители этих снийпов гаплогруппы G2a прибыли на Кавказ из Европы, спасаясь от истребления, описанного выше, и в ходе этого прибытия снийпы распространились по всему Кавказу, в основном по Западному и Центральному Кавказу, включая Грузию, то как результат на Кавказе нет ни одного региона, где бы гаплогруппа G2a являлась специфической для конкретного этноса или страны. Специфичными могут быть только самые «молодые» снийпы, которые образовались, скажем, 500–800 лет назад или более недавно. Но такие определяют редко.

Мы видим опять, что из добавленных (к предыдущим восьми цепочкам снийпов грузин из списка YFull) восьми цепочек снийпов, реконструированных по данным «Грузинского проекта» FTDNA, все относятся к субкладу G2a-P15 и далее расходятся на линии Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6653 (шесть примеров) и L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 (два примера). Эти расхождения произошли во времена 16 тыс. — 17 тыс. лет назад, как и в предыдущей серии примеров. Иначе говоря, разные независимые выборки снийпов в Грузии дают одну и ту же картину заселения ее древней территории носителями гаплогруппы G2a, причем заселяли, конечно, носители намного более «молодых» снийпов.

Перед тем как ответить на вопрос, когда же это произошло, рассмотрим, есть ли связь этнических групп Грузии с определенными снийпами. Иначе говоря, могли бы этнические группы Грузии от-

носиться, хотя бы в основном, к определенным ДНК-линиям или здесь ДНК-линии первичны, а на них наслаивались этнические группы, вбирая в себя разные ДНК-линии?

### О взаимоотношении этнических групп Грузии с определенными снипами (ДНК-линиями)

Дадим ответ сразу и подкрепим его примерами: никакой определенной и безоговорочной связи этногрупп Грузии с ДНК-линиями не обнаружено. Одни и те же снипы характерны для разных этнических групп, и одни и те же этнические группы вобрали в себя разные ДНК-линии. Основной вывод — что формирование этнических групп Грузии происходило на других принципах, нежели наследственность по мужской линии и родовые связи по мужской же линии.

Возможен и другой вариант — многие снипы образовались тысячелетия назад и разошлись по разным этническим группам Грузии еще до их формирования. Тогда для выявления специфических снипов современных этнических групп надо рассматривать только (или преимущественно) относительно недавние снипы, которые образовались, скажем, в последние 1 тыс. — 1,5 тыс. лет, а лучше, как упомянуто выше, не ранее 500–800 лет назад. Все снипы, которые упомянуты ниже, приведены в цепочках снипов в предыдущем разделе.

В этой связи должно быть понятно, почему сноп Z6653 (образовался 68 сноп-мутаций, или примерно 9,8 тыс. лет, назад) наблюдается у кахетинцев, рачинцев, сванов и имеретинцев, а сноп Z6692 (образовался 45 сноп-мутаций, или примерно 6,5 тыс. лет, назад) наблюдается у сванов, мегрелов, имеретинцев, рачинцев, аджарцев. Хотя эта, казалось бы, стройная схема, несколько нарушается картиной со снопом Z7958, который образовался тоже давно, 37 сноп-мутаций, или примерно 5,3 тыс. лет, назад, но его имеют по выборке 22 свана, 2 мегрела, 2 имеретинца и 1 кахетинец. Здесь явно численное преимущество сванов. Более того, при продлении цепочки снипов до Z7941, который образовался 4,2 тыс. лет назад:

**Z7958 > Z7940 > Z7961 > F2575 > Z7941,**

в выборке остаются 3 свана и 1 рачинец, то есть численное преимущество сванов остается. Подобная картина наблюдается со снопом FGC719 (образовался 26 сноп-мутаций, или примерно

3,7 тыс. лет, назад), который в выборке найден только у 2 сванов.

С другой стороны, у сванов наблюдается много разных цепочек снипов, которые заканчиваются снипами Z31461 (образовался 23 сноп-мутации, или примерно 3,3 тыс. лет, назад), Z31460 (образовался 14 сноп-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад), M286 (образовался 55 сноп-мутаций, или примерно 7,9 тыс. лет, назад), PH1780 (образовался 48 сноп-мутаций, или примерно 6,9 тыс. лет, назад), FT70700 (образовался 20 сноп-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад). Если посмотреть на цепочки снипов выше, то все эти снипы относятся к разным ДНК-линиям, которые разошлись более 8 тыс. лет назад. Ряд из них относятся к линии Z6553-Z6653, некоторые к линии L1259, последняя линия тоже расходит на путь через сноп P303 (образовался 86 сноп-мутаций, или примерно 12,4 тыс. лет назад) или через сноп PF3147 (образовался 111 сноп-мутаций, или примерно 16 тыс. лет, назад).

И мы еще не рассматривали другие гаплогруппы сванов (как и других этнических групп Грузии). Ясно, что их формирование проходило далеко не только по наследственным, родовым образованиям. Их мы опишем в отдельном разделе.

Эти же выводы относятся и к лазам (снипы PH1780, L1264, Z7940), мегрелам (снипы Z6692, M286, M406, U1, L1264, PH1780, Z7958), имеретинцам (снипы Y18376, Y30992, Z6653, Z6692, Z7958, Z7940, FGC1160, FGC21495, PH1780, Z44145), кахетинцам (снипы Z6653, Z7958, Z7940, L264, PH1780, M406), рачинцам (снипы L1264, PH1780, Z6653, Z7940, Z6692), картлийцам (FGC34725, Z41193, PH1780, Z31461, Z7940), гурийцам (Y18376, FGC1160, Z7940), аджарцам (снипы G2a-Z6692 и G1-L830). В последнем случае у аджарцев наблюдаются даже две главные ветви гаплогруппы G, то есть G1 и G2, и не только у них — ветвь G1 наблюдается также у имеретинцев, кахетинцев, гурийцев, мегрелов.

Вывод простой и очевидный — субэтнические группы в Грузии строились не только на основании родовых (наследственных) принципов, а также впитывали в себя людей разного родового происхождения. Со временем формировались субэтноты. Впрочем, практически так же было у большинства народов. Собственно, об этом же

говорит и разнообразие гаплогрупп в каждом разделе настоящей книги.

### Времена жизни общих предков носителей гаплогрупп G1 и G2 у грузин

Понятно, что пытаться определить «в лоб» датировку общего предка всего набора грузинских гаплотипов, которые включают пять 37-маркерных гаплотипов линии G1 и 140 гаплотипов линии G2a, было бы неразумно, как и некорректно для такой неоднородной серии. Поэтому расчет был проведен отдельно для обеих линий. Для гаплотипов серии G1 был получен базовый гаплотип:

13 23 14 10 15 16 11 12 12 13 12 31 — 16 9 9 11  
11 24 16 22 28 12 14 14 14 — 11 10 20 20 15 13  
17 18 33 34 12 10,

с датировкой общего предка  $4453 \pm 706$  лет назад (без округления), и для гаплотипов серии G2a базовый гаплотип был:

14 22 15 10 14 16 11 12 11 12 10 29 — 17 9 9 11  
11 24 16 21 29 13 13 14 14 — 10 10 20 21 15 14  
16 18 36 38 11 10,

с датировкой общего предка  $5316 \pm 544$  года назад (без округления).

Между этими базовыми гаплотипами (G1 и G2a) — 27 мутаций, что эквивалентно расстоянию между ними  $27/0,09 = 300 \rightarrow 461$  условное поколение, или 11 525 лет, и их общий предок жил  $(11\,525 + 4453 + 5316)/2 = 10\,700$  лет назад. Эти расчеты показывают, что общие предки обеих принципиально разных линий (G1 и G2a), которые образовались соответственно 24 тыс. и 20 тыс. лет назад, жили почти в одно и то же время (с учетом погрешности расчетов), причем это были времена уничтожения этих линий в Европе (см. выше). Надо понимать, что это общие предки тех, кто сейчас живет в Грузии, и их корни, видимо, оборвались в Европе. Но по «вершкам» гаплотипов G1 и G2, которые разделяет более 11 тыс. лет, получается, что их общий предок жил во времена конца ледникового периода. Возможно, это случайное совпадение, возможно, нет. Но в любом случае ясно, что мы наблюдаем провал во времени между временами образования линий G1 и G2a и датировками общих предков гаплотипов в современной Грузии. Это — обычная особенность «бутылочного горлышка» выживания предков современных гаплотипов, в данном случае в Грузии.

### Гаплогруппа J2

Носители этой гаплогруппы насчитывают от четверти до трети мужского населения Грузии, как показывают разные выборки. Зададим тот же вопрос, что не раз задавали выше, — насколько гаплогруппа J2 в Грузии является «этнообразующей», иначе говоря, насколько ее носители относятся к ограниченному кругу ДНК-линий гаплогруппы J2, или они относятся к разнообразным линиям, веер которых разошелся 10 тыс. — 20 тыс. лет назад и охватил не только Грузию, но и другие кавказские и прочие народы. Для этого рассмотрим цепочки сний гаплогруппы J2 у грузин. Для этого полезен список YFull (<https://www.yfull.com/tree/J2/>), в сочетании с базой данных «Грузинского проекта» FTDNA, ссылка на который дана выше.

Начнем с того, что все обнаруженные у грузин снии гаплогруппы J2 относятся к линии J2a-M410, исходный сний которой образовался 178 сний-мутаций, или примерно 25,6 тыс. лет, назад. Этот сний у грузин (в частности) продолжился снием PF4610 и от него разошелся на линии Z6046 и L26, с явным численным преимуществом последнего. Это расхождение произошло 118–120 сний-мутаций, или 17 тыс. — 17,3 тыс. лет назад.

В первой линии, через снии PF4610-Z6046-Y12603-Y12379, прошла генеалогия многих кавказцев, и в цепочке ниже выделены снии, найденные у грузин. Естественно, каждый сний автоматически включает все вышестоящие, поэтому выделены те снии, которые фактически были обнаружены как конечные в цепочке. Ясно, что многие промежуточные снии недотипированы. Два последних выделенных сния (в цепочках ниже) образовались 23 и 48 сний-мутаций назад соответственно, то есть примерно 3,3 тыс. и 6,9 тыс. лет, назад.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Y12603 > Y12379 > **Y12378** > **Y27964** > Y26651 > **Y26654** > Y25815 > **Y25816**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Y12603 > Y12379 > Y12378 > Y12599 > **Y12618** > **Y16464**.

Понятно, почему они встречаются как в Грузии — у сванов (Y25816) и кахетинцев (Y16464), так и у осетин и карачаево-балкарцев. Сний Y12618 есть у имеретинцев и у осетин.



Вторая линия, проходящая через снипы L26-PF5087-PF5116-PF5119-L558-M67-Z1847, от последнего снипа опять разошлась на снипы Z7671-V2639, Z7671-CTS900 и Z500, это произошло примерно 11 тыс. лет назад. Линия через CTS900-Z7661-Y3020 у грузин в большинстве, но далее она опять расходится на линии Y11200 и CTS6804-Y3612-Y3640. Последний снип образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > V2639 > Y25813 > **Y59625**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > Y11200 > Z30677 > Y20512 > **Y30811** > **Y32688**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > Y6961 > **Y6957**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > Y3612 > Y3640 > Y3620 > **Y7291**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > CTS6804 > **Y3612** > Y3640 > Y17600 > **Y17408**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > **M92**.

Мы уже видим, что у грузин наблюдается набор древних линий гаплогруппы J2, определенно для грузин неспецифических. И действительно, Y59625 наблюдается у сванов и рачинцев, как и у ингушей, сам снип образовался 14 снип-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад. Снип Y30811 наблюдается в Абхазии и Кабардино-Балкарии, он намного более древний, образовался 42 снип-мутации, или примерно 6 тыс. лет, назад. Его продолжает снип Y32688, который образовался 38 снип-мутаций, или примерно 5,5 тыс. лет, назад. Он есть у сванов и в Кабардино-Балкарии.

Эти ветвления цепочек снипов продолжают и дальше, в сторону более недавних снипов. Но даже Y6957, который образовался всего 14 снип-мутаций, то есть примерно 2 тыс. лет, назад, на-

блюдается в Кахетии, у чеченцев и у ингушей. Такие перемешивания наследственности, как мы видим, нормальное дело. Можно сказать и по-другому — разные ДНК-генеалогические линии с древности входят в разные племена, которые в дальнейшем образуют разные субэтноты.

Для справки добавим, что снип Y27964 найден у аджарцев, Y17408 — у месхетинцев и ингушей, Y7291 — у месхетинцев и кабардинцев.

### Времена жизни общих предков носителей гаплогрупп J2a у грузин

Дерево гаплотипов на рис. 128 показывает три ветви гаплогруппы J2a. Если их объединить и для всех 114 гаплотипов рассчитать время жизни условного общего предка, что не слишком корректно для данного случая (ветви имеют разные размеры), то получится, что их общий предок жил  $8171 \pm 834$  года назад (без округления), и его условный базовый гаплотип имел следующий вид:

12 23 14 10 13 15 11 15 12 13 11 30 — 17 9 9 11  
12 25 15 20 30 13 14 15 16 10 10 19 22 16 14 18  
16 33 37 11 9.

Самая малая ветвь между ветвями J2a и J1a большого интереса не представляет. Туда оказались сброшены гаплотипы J2a, которые по разным причинам (возможно, по наличию необычных мутаций) не вписывались в другие, более корректные ветви этой гаплогруппы. Там оказались гаплотипы разных субкладов, и поэтому фантомный (скорее всего) «общий предок» получил датировку  $7000 \pm 1000$  лет назад.

Две другие, более однородные ветви гаплогруппы J2a из 14 и 19 гаплотипов имели базовые гаплотипы:

12 25 14 10 14 15 11 16 13 13 11 30 — 18 9 9 11  
11 26 16 20 29 13 15 16 16 11 10 19 22 15 15 17  
14 34 37 10 9,  
12 25 14 10 13 15 11 15 12 13 11 30 — 19 8 9 11  
11 26 16 19 29 13 15 16 16 11 12 19 22 15 15 17  
16 33 35 10 8.

Общие предки этих двух ветвей жили  $2691 \pm 364$  и  $4630 \pm 545$  лет назад (без округления).

Это хорошо согласуется с отнесением ветвей. Первая ветвь обозначена как имеющая родительский снип Y12378 (образовался 74 снип-мутации,



или примерно 10,7 тыс. лет, назад), но сами гаплотипы в базе данных FTDNA имеют снип Y25816, который образовался 23 снип-мутации, или примерно 3,3 тыс. лет, назад. Цепочка снипов в ветви имеет вид:

Y12378 > Y27964 > Y26651 > Y26654 > Y25815 > **Y25816**.

Повторим, что общий предок этой ветви жил  $2691 \pm 364$  года назад.

Вторая ветвь, с тем же родительским снипом Y12378, но прошедшая по другой линии:

Y12378 > Y12599 > Y12618 > Y16464 > **Y56633**,

в которой конечный снип образовался 32 снип-мутации, то есть примерно 4,6 тыс. лет, назад, что практически в точности совпадает с датировкой общего предка ветви ( $4630 \pm 545$  лет назад).

Наконец, самая большая ветвь гаплогруппы J2a у грузин, из 76 гаплотипов, имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 15 11 15 11 13 11 30 — 17 9 9 11  
12 25 15 20 30 12 14 15 16 10 9 19 22 16 14 18  
16 33 37 11 9,

который почти в точности (с отличием в 3 мутации на 37 маркерах) совпадает с «фантомным» базовым гаплотипом всех 114 гаплотипов гаплогруппы J2a грузин, и общий предок ветви жил  $6746 \pm 698$  лет назад (без округления). Это — времена урукских миграций на Кавказ из Месопотамии примерно 7 тыс. лет назад. Ясно, что далеко не все мигранты прибыли именно на территорию будущей Грузии, они и их потомки разошлись по всему Кавказу, от Черного моря до Каспийского.

## Гаплогруппа R1b

Эту гаплогруппу в Грузии имеет почти каждый десятый мужчина. Из предшествующих разделов данной книги мы знаем, что главный источник гаплогруппы R1b на Кавказе — это древняя ямная культура (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), прямые потомки которой, носители субклада Z2103, прибыли на Кавказ из Волжских степей и прилегающих территорий. Помимо того, в составе гаплогруппы R1b на Кавказе есть небольшая доля архаичных субкладов, которые образовались 15 тыс. — 20 тыс. лет назад, и, наконец, есть совсем немного западно- и центральноевропейских

субкладов, которые образовались уже в Европе, после 4,5 тыс. лет назад, и относительно недавно прибыли на Русскую равнину и на Кавказ как военные специалисты, ремесленники, служащие.

Эта же картина характерна для гаплогруппы R1b в Грузии. Хотя представления о том, что большинство будущих грузин гаплогруппы R1b перебрались в древности с берегов Волги, являются непривычными и неожиданными, тем не менее это так. Таких в современной Грузии, как показывают выборки, почти 90 %. Остальные 10 % — архаичные субклады, такие, как в четырех цепочках снипов, показанных ниже. Как обычно, выделены субклады, которые найдены у конкретных людей, в данном случае у лазов, картлийцев, кахетинцев, имеретинцев:

R1b-M343 > **PH155**,

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > **M73 (= M478)**,

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > **V1636**,

R1b-M343 > R1b1-L754 > P297 > M269 > **PF7562 > PF7563**.

Все остальные грузинские мужчины гаплогруппы R1b (в обсуждаемой выборке) имеют в своих Y-хромосомах снип-мутацию Z2103, характерную для ямной культуры и найденную в захоронениях ямной культуры в волжских степях и в Калмыкии.

R1b-M343 > R1b1-L754 > P297 > M269 > L23 > **Z2103** > Y13369 > **L584 > FGC14590** > Y19434 > **A12332**.

R1b-M343 > R1b1-L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > **Y70805 (= Y60519)**.

R1b-M343 > R1b1-L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y13369 > L584 > **Y18781** > PH2731 > (**BY35053** или **Y18441**).

R1b-M343 > R1b1-L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > **Y4364**.

R1b-M343 > R1b1-L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > **Z2106** > Z2108 > Z2110 > **FGC24408**.

Датировки образования конечных снипов довольно древние, между 4,4 тыс. и 5,4 тыс. лет назад, это все времена ямной культуры, за исключением более недавнего Y18441, который образовался 14 снип-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад. Иначе говоря, все эти ДНК-линии

недотипированы и не показывают снийпов, специфических для Грузии.

Все 42 гаплотида грузин субклада R1b-Z2103 (и нижестоящих субкладов) в 37-маркерном формате имеют базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — **16 9 10 11**  
11 25 15 19 **28** 15 15 16 17 — 11 **12** 19 23 16 15  
18 17 36 38 12 12,

который отличается всего на 3 мутации (выделены) от предкового гаплотида того же субклада, который был получен из большой серии 111-маркерных гаплогрупп, с общим предком  $4583 \pm 462$  года назад (без округления). Это тоже времена ямной культуры в пределах погрешности расчетов.

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
10 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 11 11.

Общий предок 42 гаплогрупп грузин того же субклада жил  $4563 \pm 506$  лет назад (без округления). Датировка практически совпадает с приведенной выше. Это 3 мутации разницы эквивалентны  $3/0,09 = 33 \rightarrow 34$  условным поколениям, или 850 лет назад, и общий предок гаплогрупп Z2103 (и нисходящих субкладов) Грузии и ямной культуры жил  $(850 + 4583 + 4563)/2 = 5000$  лет назад. Времена ямной культуры.

В отношении субэтнических групп Грузии — какие из них более характерны для потомков ямной культуры — ответ опять состоит в том, что никаких закономерностей не прослеживается. Те, у кого найден сноп Z2103, относятся к имеретинцам, кахетинцам, аджарцам, лазам. Правда, больше половины из них кахетинцы, но статистика слишком мала, чтобы это утверждать. Но примечательно, что нижестоящий сноп L584 найден пока только у кахетинцев, как и два последующих нижестоящих снипа FGC14590 и Y18781, с обоими найдены только кахетинцы. Конечные снпы в этих трех параллельных цепочках, A12332, Y18441 и Y70805, найдены у кахетинцев, свана, гурийца и нескольких лазов. Сноп Y4364, нижестоящий от Z2103, найден у имеретинца. Ответ на такую неспецифичность довольно прост — потому что ямной культуры прибыли на территорию будущей Грузии задолго до формирования будущих

субэтнических групп и в итоге распределились по всем или по нескольким из них.

Интересно, что ни одного западно- или центральноевропейского (по происхождению) гаплотида группы R1b в Грузии в данной выборке не обнаружено.

### Гаплогруппа J1a

Грузины гаплогруппы J1, в которой у них наблюдаются, во всяком случае в выборке из 510 человек, только гаплогруппа J1a, характеризуются типичными кавказскими линиями. Они более характерны для Восточного Кавказа, но встречаются и у грузин, на уровне единичных процентов. То, что на сайте Eupedia долю носителей этой гаплогруппы указали как 16 %, вызывает удивление как явно завышенное число (см. табл. 48). Подобные сбои бывают, например, в известной статье Спенсера Уэллса (в журнале PNAS, то есть Доклады Национальной Академии наук США, за 2001 г.), где указано, что сваны в Грузии на 92 % имеют гаплогруппу F. С тех пор никто и никогда такого не замечал. Среди 510 гаплогрупп «Грузинского проекта» FTDNA, цитированного выше, нет ни одного, который бы относится к гаплогруппе F. Видимо, С. Уэллс положился на данные нескольких соавторов статьи с типичными грузинскими фамилиями, которые, правда, числились по статье в Чикагском университете, и они его подвели.

В списке YFull есть 2 снипа, найденных в Грузии (у гурийца и месхетинца соответственно), которые заканчивают следующие цепочки снийпов:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > **Z1842** > Y4423 > CTS1460 > CTS1460a > **Y5353** > **ZS3009**,

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > CTS1460 > **CTS7188** > BY100 > **ZS2872** > ZS2910 > **ZS2870**.

Эти же снпы найдены у чеченцев.

В дополнение к этим снипам «Грузинский проект» FTDNA показывает еще несколько снийпов, но они, как часто бывает в проектах, значительно недотипированы. Это снпы, выделенные выше (не включая конечных), и следующие (выделены) в цепочках снийпов:

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > **Z1842** > **ZS3114**,

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > **ZS3042**,

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > **CTS1460** > CTS7188 > BY100 > ZS2872 > ZS2910 > **ZS7661**,

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > **Z1884**,

J-M304 > J1-L255 > J1a-Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Y15152 > **Z18293**.

Датировки образования всех конечных снийпов соответствуют временам между 4,6 тыс. и 6,3 тыс. лет назад.

Мы видим, что пять цепочек снийпов, показанных выше, расходятся от снийпа Z2217, который образовался 115 снийп-мутаций, или примерно 16,6 тыс. лет назад. Две верхние цепочки разошлись от снийпа Z1842, который образовался 59 снийп-мутаций, или примерно 8,5 тыс. лет, назад. Две последние разошлись от снийпа Z643, который образовался 57 снийп-мутаций, или примерно 8,2 тыс. лет, назад. Как видим, все пять цепочек снийпов рассыпались по грузинам гаплогруппы J1, тем самым веером разошлись их ДНК-родословные.

Обратим внимание на две последние цепочки снийпов, которые проходят через снийп P58, последующий снийп Z643 и далее расходятся на снийпы Z1884 и Z1865. Разветвления идут и дальше, на арабские и еврейские линии гаплогруппы J1 (после снийпа Z1884), которые в этом случае идентифицировать затруднительно, так как Z1884 — последний в этой цепочке. Во второй цепочке последующие снийпы уходят в несемитские линии, их много у армян, как показано выше, а также в Нидерландах, Италии и у немногочисленных русских.

Все 30 гаплотипов грузин субклада J1a (и нижестоящих субкладов) в 37-маркерном формате имеют базовый гаплотип:

12 23 14 10 12 18 11 14 11 13 11 **30** — 19 8 9 11  
11 27 14 21 **29** 14 15 **15** 16 — 11 10 20 22 15 13  
18 19 34 **37** 12 10,

носитель которого жил  $5396 \pm 595$  лет назад (без округления). Здесь отмечены 4 мутации, которые отличают этот базовый гаплотип от ближайшего кавказского, которым оказался базовый гаплотип карачаево-балкарцев гаплогруппы J1, он приведен в соответствующем разделе выше (об-

щий предок последних жил  $5548 \pm 724$  года назад). На самом деле между ними не 4 мутации, а в среднем 1,74 мутации, 4 получились в результате округления аллелей.  $1,74$  мутации в 37-маркерных гаплотипах эквивалентны  $1,74/0,09 = 19$  условным поколениям, или всего 475 годам. Для сравнения, с базовым гаплотипом армян гаплогруппы J1a у грузин разница в 8 мутаций. Расчеты показывают, что общий предок гаплогруппы J1a у грузин и карачаево-балкарцев жил  $(475 + 5548 + 5396)/2 = 5700$  лет назад, так что похоже, что у них был один общий предок в данной гаплогруппе.

### Гаплогруппа L1b

Эта гаплогруппа не принадлежит к числу распространенных в Грузии, на нее приходится только 5 % грузинских мужчин. В выборке из «Грузинского проекта» есть только гаплотипы линии L1b (снийп-мутации выделены):

L-M20 > L1-M22 > **L1b-M317** > **L1b1-M349**,  
L-M20 > L1-M22 > L1b-M317 > SK1412 > Y18366 > Y16187 > Y18413 > **Y18891** (= PH1099),  
L-M20 > L1-M22 > L1b-M317 > SK1412 > Y18366 > Y16187 > **PH2079**.

Сама гаплогруппа L образовалась 294 снийп-мутации, или примерно 42 тыс. лет, назад. Несмотря на такую древность, общие предки этой гаплогруппы на Кавказе относительно недавние. Например, все чеченцы линии L1b имеют снийп PH1099 (= PH18891), с общим предком серии гаплотипов  $425 \pm 179$  лет назад (без округления). У армян общий предок линии L1b значительно древнее и жил  $3913 \pm 467$  лет назад. У грузин базовый гаплотип этой линии имеет вид:

11 23 15 10 13 17 11 12 12 13 13 30 — 15 9 9 11  
11 **23** 16 19 31 15 15 16 16 — 10 9 **17** 21 15 14 17  
16 **31 32** 11 10,

и общий предок ее жил  $2000 \pm 260$  лет назад. От базового гаплотипа армян он отличается всего на 4 мутации (выделены выше), что эквивалентно  $4/0,09 = 44 \rightarrow 46$  условным поколениям, или 1150 лет, и их общий предок жил  $(1150 + 3913 + 2000)/2 = 3500 \pm 500$  лет назад. Видимо, распространение линии L1b на Кавказе началось с древних прямых предков армян.

## Гаплогруппа R1a

Этой гаплогруппы у грузин немного, примерно 4 % и 9 %, последнее число дала Eupedia, что явно завышено (табл. 48). Из этих немногих процентов 86 % — субклад R1a-Z93 со следующими цепочками снийпов:

R1a-Z645 > **Z93** > **Z94** > **Z2124** > Z2122 > **Y57**.

Остальные цепочки проходят через снииы субклада R1a-Z280:

R1a-Z645 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP35 > YP234 > YP295 > **L366**.

или относятся к архаичным сниям:

R1a > YP4141 > YP5018 > **YP5664**,

(последний сний принадлежит имеретинцу).

Это — типичная ситуация на Кавказе, где подавляющее большинство носителей гаплогруппы R1a относится к субкладу Z93 и нижестоящим сниям. Это — потомки древних южных ариев, которые 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад мигрировали через Кавказ в Месопотамию, чтобы стать будущими хеттами или митаннийскими ариями. Возможно, еще кем-то, о ком мы пока не знаем.

Субклад R1a-Z280-L366 относится к балтийской ветви и определенно не из «коренного» грузинского источника.

Все 17 гаплотипов субклада Z93 (и нижестоящих субкладов) в 37-маркерном формате показывают базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 **30** 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 16 11 11 19 23 **15** 16 18  
**20** 34 38 13 11,

который всего на 3 мутации (выделены) отличается от базового гаплотипа армян субклада R1a-Z93, который был вычислен по 16 гаплотипам в 37-маркерном формате. Поскольку общий предок грузин этой серии жил  $4612 \pm 552$  года назад (без округления), а армян —  $4500 \pm 500$  лет назад, то мы видим, что это были одни и те же люди с одними и теми же гаплотипами, они были предками как армян, так и грузин в гаплогруппе R1a.

## Гаплогруппа I2a

Эта гаплогруппа у грузин имеет принципиальные отличия от большинства европейских родов — у грузин выражена линия I2a2-L596, а не

I2a1, как, например, у южных славян, характерный сний которых встретился только у одного грузина в выборке:

I-M170 > I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > I2a1a-P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > **CTS10228**, у южных славян он продолжается дальше как: CTS128 > Y3120 > (Y4460, S17350, Y18331, Z17855),

но в данном случае, видимо, недотипирован.

Носители этих субкладов расселились по Восточной Европе, от Греции до Польши и прибалтийских стран Восточной Европы, с максимумом гаплогруппы I2a на Балканах и с прогрессивным снижением численности на север. Грузия для них совершенно нехарактерна. Напротив, для грузин характерна линия I2a2-L596:

I-M170 > I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a2-L596 > I2a2b-Y16649 (= Z26391) > **Y16419** > **BY2818**.

Этот конечный сний был найден у кахетинца. Та же линия характерна и для чеченцев и карачево-балкарцев.

Помимо того, у грузин есть единичные гаплотипы западноевропейского происхождения, проходящие через сний M223:

I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > **M223** > CTS616 > Y3721 > Y3670 > **L1229**,

I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > **M223** > CTS616 > CTS10057 > L701 > Y5606 > L699 > **S12195**.

Последние два конечных сния значительно недотипированы и образовались 7,5 тыс. — 8,8 тыс. лет назад.

В базе данных «Грузинского проекта» FTDNA есть 17 гаплотипов субклада Y16419, тринадцать из которых приведены в 37-маркерном формате. Они дают базовый гаплотип:

14 24 15 10 12 13 11 13 11 13 11 30 18 8 8 11 11  
24 15 20 31 11 14 15 16 11 10 19 21 15 13 17 18  
35 36 12 10

с общим предком, который жил  $3152 \pm 421$  год назад (без округления).

## Гаплогруппа E1b

Эта гаплогруппа в Грузии тоже относится к минорным по численности (табл. 48), и ее представители по сниям попадают в следующие цепочки (снииы конкретных носителей выделены):



E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > **M35** > L539 > M78 > Z1902 > **V12** > Y2863 > **CTS693**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > **CTS1273**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > **M84**.

Все конечные сніпы в этих цепочках недотипированы, все образовались ранее 10 тыс. лет назад, за исключением CTS1272, который образовался 32 сніп-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Носителей именно этого сніпа большинство (85 %) в выборке, и они сходятся к базовому (предковому) гаплотипу:

13 24 13 11 16 18 11 12 12 13 11 31 15 9 11 11  
11 25 14 20 32 15 16 17 17 9 11 19 21 16 12 18  
20 31 33 11 10,

носитель которого жил  $3025 \pm 500$  лет назад.

Здесь можно сделать следующее наблюдение — гаплогруппа E1b, которая в Европе в большинстве своем проходит через сніп V13, носители которого (наряду с другими носителями гаплогруппы E1b) были почти полностью истреблены в Европе 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад и прошли «бутылочное горлышко» выживания примерно 3450 лет назад, отличается по гаплотипам от таковой в Грузии. Европейский базовый гаплотип гаплогруппы E1b (в основном субклад V13, получен из выборки в 193 гаплотипов в 67-маркерном формате) имеет вид:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11,

(с общим предком  $3450 \pm 350$  лет назад), то есть отличается от грузинского V12 на 9 мутаций, то есть на  $9/0,09 = 100 \rightarrow 111$  условных поколений, или на 2775 лет, и их общий предок жил  $(2775 + 3450 + 3025)/2 = 4625$  лет назад. Это и есть время истребления в Европе коренного населения, к которому и относились носители гаплогруппы E1b. Видимо, выжившие носители субклада V12 ушли из Европы на Кавказ. Интересно, что современные носители субклада V12 в Армении имеют базовый гаплотип:

13 **23** 13 **10** 16 **16** 11 12 12 13 11 31 **16** 9 9 11 11  
25 14 20 **34** 14 **15** **15** 17 **11** **10** 19 **23** 16 12 **16** **18**

**35 36 12** 10 10 8 15 17 8 11 10 8 12 10 **0** 22 22 19  
12 12 12 17 7 12 24 18 12 12 11 14 11 11 11 11,

с датировкой общего предка  $2300 \pm 400$  лет назад, который отличается на 30 мутаций (!) от базового грузинского гаплотипа. Это расстояние эквивалентно  $30/0,09 = 333 \rightarrow 541$  условному поколению, или 13 525 годам, и их общий предок жил  $(13\,525 + 2300 + 3025)/2 = 9425$  лет назад. Это означает, что будущие грузинские E1b-V12 и будущие армянские E1b-V12 прибыли на Кавказ совершенно независимыми миграциями и впоследствии не перемешивались.

### Гаплогруппа Q

Таких в выборке «Грузинского проекта» FTDNA всего 6 человек из 510 со следующими цепочками сніпов, у кого известны:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > **L712**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Y2659 (= Y4801) > L940 > L932 > L933 > BZ1466 > **L939**.

Сніп L712 имеют сван и мегрел, L939 — картлиец, кахетинец, имеретинец. Из цепочек сніпов мы видим, что они (сніпы) попали в среду грузин совершенно разными ДНК-генеалогическими путями, разойдясь десятки тысяч лет назад. Сами конечные сніпы недотипированы и образовались примерно 6 тыс. лет назад (L939) и 16,3 тыс. лет назад (L712).

Базовый гаплотип 4 гаплотипов линии L939 имеет вид:

13 25 13 11 14 17 12 12 12 14 13 30 16 9 10 11  
11 26 15 19 32 14 16 16 16 10 10 19 23 15 16 20  
18 37 38 12 12,

с общим предком, который жил всего  $2063 \pm 447$  лет назад (без округления).

### Гаплогруппы R2a и T

Эти гаплогруппы представлены у грузин в единичных количествах, и их анализ не является информативным.

## 43. ЕВРЕИ

По данным переписи населения РФ за 2010 г., людей, которые указали, что они евреи, насчитывалось около 157 тыс. человек. В основном или практически полностью, это европейские евреи,



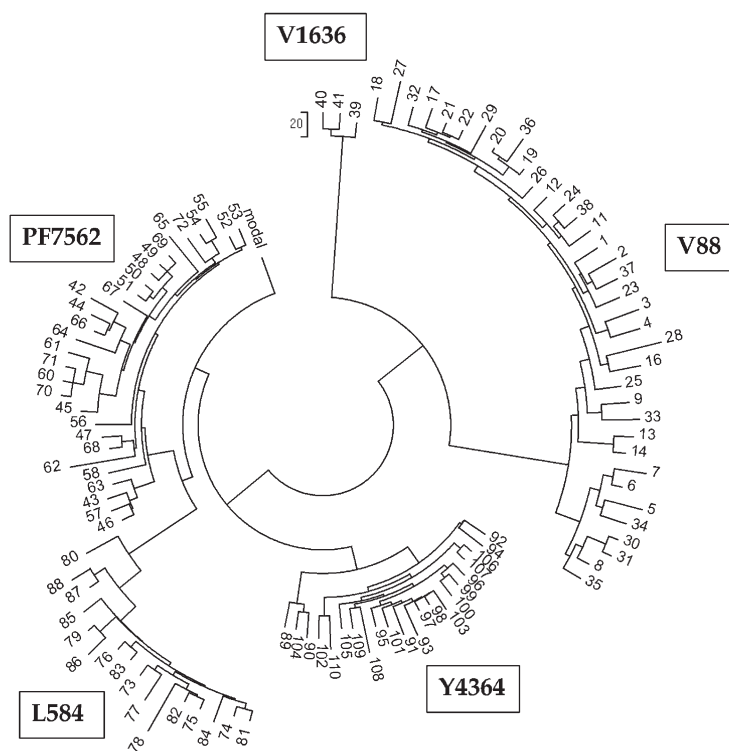
ашкеназы, в отличие от испанских евреев, сефардов, или от евреев, рожденных в Израиле, сабров. Поскольку за основу численности евреев в России принята самоидентификация, это избавляет нас от дискуссий, кто такие евреи, поскольку универсального ответа на этот вопрос не существует.

Как следствие непростой истории еврейского народа, в составе евреев присутствуют почти все гаплогруппы из классификации. За исключением немногих гаплогрупп, которые в наибольшей степени наблюдаются на территории Ближнего Востока (J1, J2, E1b), остальные гаплогруппы у евреев не являются автохтонными, то есть «коренными», хотя и этот термин является довольно условным. Как показано ниже, практически все «примкнувшие» гаплогруппы примкнули к евреям относительно недавно, как правило, уже в нашей эре, во времена Рассеяния евреев. Каким путем они «примкнули», тоже остается неясным. Основных вариантов два — или проникновение гаплогрупп в еврейскую среду «диффузным» путем, неупорядоченно, например, насильственным путем, или прибытие в Европу хазар, степняков, в которых эти гаплогруппы присутствовали исторически, многие вынесены из Азии. Но это «про-

никновение» гаплогрупп было в каждом случае практически разовым и дальше сопровождалось появлением выжившего потомства, четко «очерченного» своим общим предком.

Надо сказать, что помимо данной главы, гаплогруппы и субклады евреев подробно рассматривались в разделах «Арабы» и «Немцы», в особенности гаплогруппы J1, J2 и R1b. В этой главе внимание будет уделено и евреям-ашкенази, или европейским евреям.

Поскольку европейские евреи в основном жили изолированными общинами, в местечках, то потомство развивалось в замкнутых общинных структурах. Это в итоге приводило к четким гаплотипам и субкладам, характерным для евреев, что без труда опознается по характерным гаплотипам, как показано ниже. На рис. 129 в качестве типичного примера приведено дерево гаплотипов гаплогруппы R1b, для построения которого из базы данных «Базального проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/R1bBasalSubclades?iframe=yresults>) были выбраны гаплотипы с характерными еврейскими именами-фамилиями предков. Как правило, они идут в базе данных группами и легко идентифицируются.



**Рис. 129.** Дерево из 107 гаплотипов евреев гаплогруппы R1b в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «Базального проекта гаплогруппы R1b» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/R1bBasalSubclades?iframe=yresults>. Показаны основные ветви данной гаплогруппы у евреев. Сами ветви образовались: V88 — 16,4 тыс. лет назад (по линии R1b-L754-V2219-V88), V1636 — 14 тыс. лет назад (R1b-L754-L389-V1636), Y4364 — 5 тыс. лет назад (R1b-L754-P297-M269-L23-Z2103-Y4364), L584 — 5 тыс. лет назад (R1b-M269-L23-L2103-Y13369-L584) и PF7562 — 5,9 тыс. лет назад (R1b-M269-PF7562). Несмотря на древность родительских ветвей, общие предки показанных ветвей евреев жили уже в нашей эре (датировки в тексте)

В табл. 49 приведен состав евреев по гаплогруппам по данным «Еврейского проекта» FTDNA. Вряд ли стоит придавать показанным числам абсолютное значение, хотя бы потому, что данных для перекрестной проверки нет. Гаплогруппы евреев рассеяны по многим публикациям, которые не могут быть сведены в общую таблицу, «нормированную» по выборкам. Таблица 49 показывает, какие основные гаплогруппы есть у евреев, и порядок их представительства здесь довольно условен. В этой главе будут показаны данные и по другим выборкам.

**Таблица 49.** Состав гаплогрупп евреев по данным «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.family-treedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>). Доли гаплогрупп рассчитаны по количеству 12-маркерных гаплотипов в Проекте. Все рисунки (деревья гаплотипов) в тексте построены по гаплотипам в 37-маркерном формате, которых в базе данных всегда меньше, чем 12-маркерных

Гаплогруппа	Проект FTDNA, состав в %, 1691 чел.*	Гаплогруппа	Проект FTDNA, состав в %, 1691 чел.*
E1b	21	I2	2,5
J2	18	T	3,1
R1b	17	Q	3,1
J1	17	R2	0,9
R1a	7,5	N	0,5
G	6,7	L	0,1
I	5	H	0,05
I1	2,5	D	0,05

## Гаплогруппа E

Эта гаплогруппа — одна из наиболее распространенных у евреев. Тем не менее, по сравнению с гаплогруппами J1 и J2, она находится «в тени», видимо, потому, что очень распространена в не-семитских регионах, как правило, в виде субклада E1b.

Дерево гаплотипов гаплогруппы E, все из которых относятся к субкладу E1b, приведено на рис. 130.

Обращает на себя внимание протяженная, относительно «плоская» ветвь из 64 гаплотипов в левой верхней части дерева. Ее базовый гаплотип:

14 25 13 9 17 18 11 12 12 13 11 31 16 9 9 11 11  
21 14 20 28 14 14 15 17 10 10 19 19 15 13 12 16  
33 34 13 10,

имел общий предок, который жил  $1090 \pm 130$  лет назад. Иначе говоря, четверть евреев гаплогруппы E1b в данной выборке происходит от общего предка, который жил всего тысячу лет назад. Все эти гаплотипы относятся к снипу M34 в соответствующих цепочках, сам снип M34 образовался 126 снип-мутаций, или примерно 18 тыс. лет, назад:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > **M34**.

Многие гаплотипы в этой ветви типированы только на M34, то есть значительно недотипированы. Но часть гаплотипов типированы и на значительно более «глубокие» снипы, и в тех случаях, проходя этот снип, цепочки снипов в данной ветви продолжают следующим образом (выделены конечные снипы в цепочках):

M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > **Y4968** (= Y4971) > Y6926 > **Y6923** > Y6938 > Z36123 > Y15561 > **A11309**,

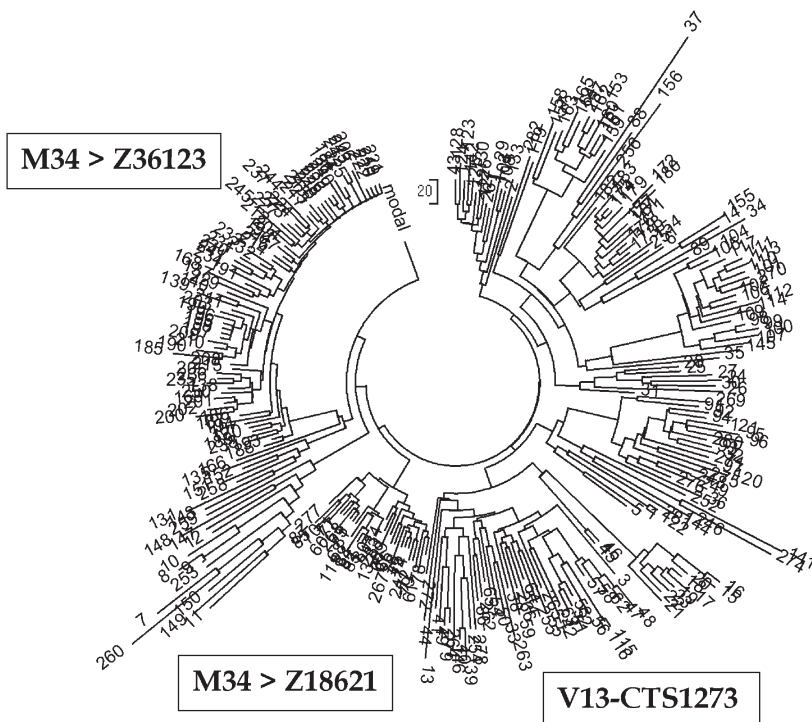
M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4968 (= Y4971) > Y6926 > Y6923 > Y6938 > Z36123 > Y15937 > **Y15936** > **Y18347** (= Y15938),

M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4968 (= Y4971) > Y6926 > Y6923 > Y6938 > Z36123 > Y15937 > Y15936 > **Y22843** (= Y22842).

Три конечных снипа образовались соответственно 6, 4 и 6 снип-мутаций, или между 600 и 900 лет, назад. Это в целом не противоречит датировке образования ветви  $1090 \pm 130$  лет назад, поскольку и снип-мутации датируются с определенной погрешностью, обычно превышающей погрешности в датировке общих предков по мутациям в гаплотипах.

Мы видим, что M34 — слишком древний снип, чтобы на него ориентироваться. На самом деле все три цепочки, приведенные выше, проходят через одни и те же снипы вплоть до Z36123, который образовался 8 снип-мутаций, или примерно 1150 лет, назад и затем расходится на самые недавние снипы. Это и есть датировка общего предка, рассчитанная по мутациям в гаплотипах.

Следует отметить, что те же линии в древности наблюдаются, например, у армян, но у последних после снипа M34 цепочки снипов



**Рис. 130.** Дерево из 281 гаплотипа евреев гаплогруппы E1b в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из основной части «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>). Показаны три значимых по численности субклада — M34-Z36123, M34-Z18621 и V13-CTS1273. Эти три субклада составляют около 50 % всех гаплотипов на дереве

уходят в сторону по сравнению с евреями. То есть расхождение ДНК-генеалогии у армян и евреев в данной гаплогруппе и в линии E1b-M34 произошло уже 18 тыс. лет назад.

Еще одна ветвь на рис. 130, привлекающая внимание, это ветвь субклада E1b-V13, самая распространенная в Европе (в значительной степени на Балканах). Ее положение показано на дереве в нижней правой части, в ней 41 гаплотип. Таким образом, на эти две ветви приходится более трети евреев гаплогруппы E1b. Сам субклад V13 образовался 56 снип-мутаций, или примерно 8 тыс. лет, назад.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > **M78** > Z1919 > L618 > **V13**.

Этот субклад был найден в захоронениях на севере Испании и юге Франции с датировками 7 тыс. лет назад, но в период 4,6 тыс. — 4 тыс. лет назад его носители были истреблены, и субклад прошел так называемое «бутылочное горлышко» выживания и пошел в рост  $3450 \pm 350$  лет назад. Именно тогда жили общие предки современных носителей E1b-V13. Посмотрим, какова окажется датировка общего предка евреев этого субклада.

Как и в предыдущем примере с ветвью M34, многие гаплотипы в ветви V13 значительно недотипированы и в базе данных евреев приведены только с указанием V13. Но часть гаплотипов типированы и на значительно более «глубокие» снипы, и в тех случаях цепочки снипов в данной ветви продолжают после V13 следующим образом (выделены конечные снипы в цепочках):

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > **L17**,

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > S2979 > Z16659 > **L241**,

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > S2979 > FGC11457 > **FGC11450**,

V13 > Z1057 > CTS1273 > Y30976 > Y35953 > PF6784 > **Z21371**.

Мы видим, что до снипа CTS1273 (образовался 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад) все четыре линии идут вместе и затем расходятся — три продолжают по линии CTS1273 > BY3880 > Z5018 (последний снип образовался 24 снип-мутации, или примерно 3,5 тыс. лет, назад) и затем расходятся опять, и одна линия отходит раньше, проходя через снип Y30976 (образовался 25 снип-мутаций, или примерно 3,6 тыс.

лет, назад). Это — времена истребления носителей снипа E1b-V13.

Все конечные снипы (выделены) в этих цепочках недотипированы и образовались 3,2 тыс. — 3,5 тыс. лет назад. Видимо, потому они встречаются у армян, которые евреями, конечно, не являются. Примеры снипов армян — L241 и Z21371.

Весь 41 гаплотип ветви евреев V13 > CTS1273 сходится к общему предку, который жил  $3430 \pm 380$  лет назад и имел базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 15 16 17 17 9 11 19 21 16 12 17 20  
31 34 11 10.

Он отличается всего на 2 мутации (выделены) от базового гаплотипа, полученного для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, которые показали время жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад, что практически то же самое, что и у евреев:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Это означает, что потомки выжившего снипа V13-CTS1273, которые прошли «бутылочное горлышко» выживания примерно 3,5 тыс. лет назад, являлись в самом начале прохождения «бутылочного горлышка» или евреями, или «гоями» (неевреями), которые вскоре повели свои ДНК-линии, отличные от евреев. На основании данных, приведенных выше, это установить невозможно, нужны данные по глубоким снипам вплоть до их образования несколько веков назад.

Еще одна ветвь из 31 гаплотипа, сразу за первой обширной ветвью против часовой стрелки, имеет базовый гаплотип:

13 24 13 10 17 18 11 12 12 13 11 30 19 9 9 11 11  
27 14 20 32 15 16 16 17 10 10 19 22 16 13 17 17  
31 33 13 10,

с общим предком  $1275 \pm 170$  лет назад. Опять мы видим датировку общего предка всего тысячелетие от настоящего времени, что характерно для многих линий евреев в разных гаплогруппах.

Рассмотрим их немногие «глубокие» снипы, чтобы понять, как ДНК-линии евреев гаплогруппы E1b расходились, чтобы сформировать современное еврейское общество гаплогруппы

E1b. Линии этой ветви опять проходят через снип M34, как и в первой рассмотренной ветви:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > **M35** > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > **M34**,

но далее линия идет не через снип Z841, а через M84, то есть эти две ветви расходятся около 18 тыс. лет назад. И тем не менее обе ветви в недавнее время относятся к евреям. Ясно, что никакого «общего предка» этих двух групп евреев не было на протяжении последних почти 18 тыс. лет:

**M34** > **M84** > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y14899 > **Y14891** > Y16781 > Y17225 > Y17227 > Y18621 > FT41690 > **A12313** (= A12255).

Предпоследний выделенный здесь снип (Y14891) значительно недотипирован и наблюдается у современных немцев (он образовался около 8 тыс. лет назад). Последний снип образовался у евреев всего 5 снип-мутаций, или примерно 700 лет, назад.

**M34** > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y14899 > Y14891 > Y16781 > **Y17225** (= Y17226) > Y17227 > **Y18621** > FT41690 > **A16692**.

Последние здесь снипы образовались 8–10 снип-мутаций, или примерно 1150–1400 лет, назад.

**M34** > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y14899 > Y14891 > Y16781 > **Y17225** (= Y17226) > Y17227 > Y18621 > **A20218**.

Последний снип образовался всего 2 снип-мутации, или примерно 300 лет назад.

Все это в совокупности привело к датировке общего предка ветви, рассчитанной по мутациям в гаплотипах,  $1275 \pm 170$  лет назад. В отношении цепочек снипов мы видим, что все три ДНК-линии, которые включают 12 снипов, определенных у конкретных носителей гаплотипов в базе данных, идут вместе до снипа Y18621 (образовался 6 снип-мутаций, или примерно 900 лет, назад) и затем, совсем недавно, расходятся на несколько ДНК-линий, в том числе FT41690 и A20218.

Остальные ветви на дереве гаплотипов (рис. 130) типированы неудовлетворительно. Например, ветвь в верхней части справа из 15 гаплотипов с базовым гаплотипом:

13 24 13 10 16 16 11 12 12 13 11 31 18 9 9 11 11  
26 14 20 32 15 15 16 16 10 10 18 22 15 13 18 19  
31 33 13 10

и с датировкой общего предка  $2750 \pm 365$  (без округления) типирована только на сніпы M35 и M84 (см. расположение этих сніпов в цепочках выше). Но мы уже определили основную задачу настоящего раздела — показали, что гаплотипы евреев гаплогруппы E1b не образуют сколько-нибудь компактной группы, как, например, в гаплогруппах J1 и J2, и начинают расходиться на линии начиная как минимум с 18 тыс. лет назад.

Подтверждение последнего положения следует из табл. 50, которая составлена по базе данных IRAKAZ – Русская равнина, составленной И. Л. Рожанским. В этой базе данных имеется более 8 тыс. протяженных гаплотипов, из которых 515 относятся к гаплогруппе E1.

**Таблица 50.** Состав гаплогруппы E1 евреев по базе данных IRAKAZ – Русская равнина. Первым в таблице идет субклад E1a, все последующие – сніпы субклада E1b в процентном содержании от субклада E1b.

Субклад	Состав в %, 515 чел.	Субклад	Состав в %, 515 чел.
E1a-M132	4	V13	4.6
E1b-P177	96	V12	2.6
L791	37	L19	2.6
Z841	27	M2	0.8
PF1975	17	M34	0.2
V22	7.5		

Все ДНК-линии, приведенные в виде сніпов в Таблице 50, являются древними, их исходные сніпы образовались многие тысячелетия назад. Чтобы это проиллюстрировать, приведем их цепочки:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1a-M132

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > V38 > **M2**

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 (= Z1145) > M123 > **M34** > **Z841** > Z849 > CTS1727 > **L791**

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > **PF1975**

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > **L19**

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > **V22**

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > **V13**

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1902 > **V12**

## Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа традиционно считается основной по численности у евреев, и негласно сложилось, что она является основной и по значимости. Это, конечно, не так. Как видно из табл. 50, численность гаплогрупп J1 и J2 в «Еврейском проекте» FTDNA примерно одинакова и меньше, чем численность гаплогруппы E1b у евреев. Что касается значимости, то это понятие к гаплогруппам и другим показателям ДНК категорически не подходит.

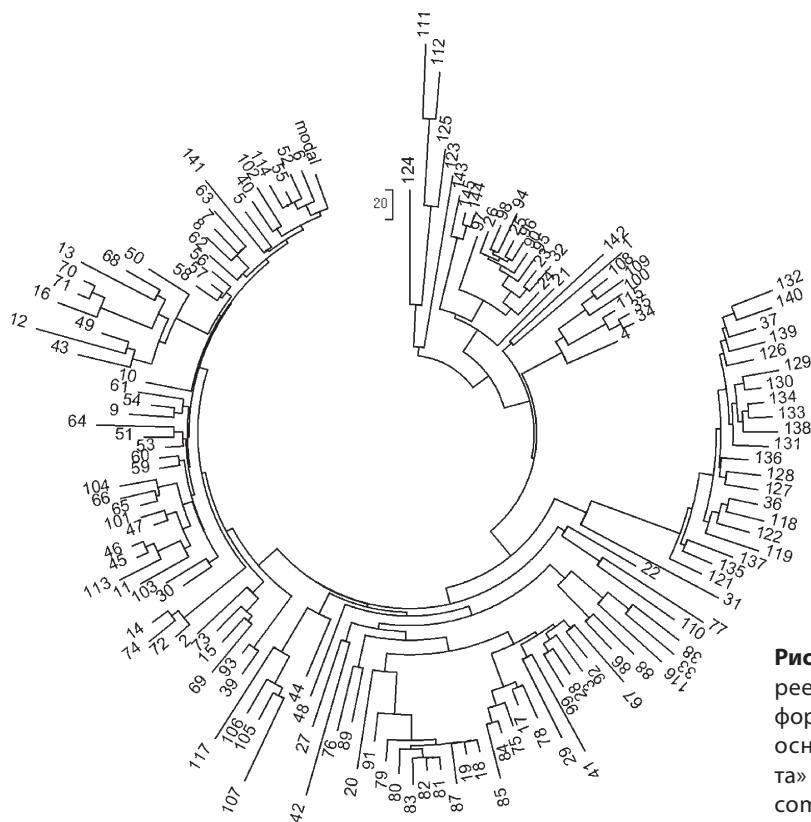
Левая ветвь дерева из 94 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 16 11 16 12 13 11 30 17 8 9 11 11  
26 14 21 26 12 14 16 17 11 10 22 22 15 14 19 18  
32 35 13 10,

с датировкой общего предка  $3630 \pm 380$  лет назад. Здесь выделены 6 маркеров, образующие так называемый «модальный гаплотип коэнов» (маркеры DYS393, 390, 19, 391, 388, 392), название которого ошибочно (такие же выделенные величины маркеров, которые называются аллели, наблюдаются также у многих арабов гаплогруппы J1), и если привлекать названия, которые по сути базируются на Библии (коэны — это прямые потомки Аарона, первосвященника по Библии), то эту «подпись» уместнее называть гаплотипом Авраама. Поскольку по Библии Авраам был общим предком евреев и арабов (хотя слова «арабы» в Библии нет, но по сути это так). Если так, то выше — базовый гаплотип общего предка евреев и арабов, который мы идентифицировали и опубликовали уже много лет назад. Поскольку выборка была совершенно другой, причем взятая у многих сотен евреев и арабов, то не стоит удивляться, что некоторые аллели в базовом гаплотипе отличаются от приведенного выше, хотя совпадает 6-маркерный «гаплотип Авраама», как и датировка, в пределах погрешности расчетов,  $3850 \pm 390$  лет назад. Этот более детальный 111-маркерный гаплотип следующий:

12 23 14 10 13 18 11 16 11 13 11 30 — 18 8 9 11  
11 25 14 20 25 12 14 16 17 — 11 10 22 22 15 14





**Рис. 131.** Дерево из 145 гаплотипов евреев гаплогруппы J1 в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из основной части «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>)

118 18 32 36 12 10 – 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12  
21 22 18 10 12 12 16 8 12 25 21 14 12 11 14 12 12  
12 11 – 34 15 8 15 12 25 27 20 13 12 12 11 12 9  
11 11 10 11 11 29 11 13 22 15 11 10 20 15 20 10  
23 15 11 15 24 12 21 18 9 15 17 9 11 11.

Здесь выделены те же маркеры «гаплотипа Авраама» в первой части гаплотипа.

В «Еврейском проекте» FTDNA (ссылка на который приведена выше) некоторые гаплотипы, которые размещены на дереве на рис. 131, сопровождаются снипами, причем в ряде случаев весьма глубокими. Это дает важную информацию для прояснения вопроса, отличаются ли гаплотипы евреев (в данном случае гаплогруппы J1) от гаплотипов других носителей гаплогруппы J1, в частности, кавказцев, многочисленные примеры гаплотипов которых приведены выше. Ответ, как выяснилось, вполне очевиден — да, в целом отличаются. Давайте рассмотрим соответствующие цепочки снипов евреев, «потомков Авраама», если условно принять библейскую

терминологию. Они — на левой части дерева на рис. 131. Выделены снипы, которые выявлены у конкретных евреев, гаплотипы которых представлены в базе данных под названием «Еврейский проект».

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > **P58** > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > **YSC0000234** > Z1884 > **Z640** (= Z644) > Z2292 > **Z642**.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > Z640 > FGC5230 > FGC5239 > FGC5206 > **FGC5215** > FGC5229 > **FGC59164**.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > **Y2919** (= **YSC0000076**) > **FGC8223** (= Y3441).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 >

FGC11 > S21237 > Y4348 > Y4349 > **FGC8712** (= Y6074).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Y3081 > Y3082 > Y3087 > S20075 > Y3088 > S17446 > Y5400 > Y31161 > **ZS2374** > Y113483 > **Y89545** (= BY117385).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Y3081 > Y3082 > Y3087 > S20075 > Y3088 > S17446 > Y5400 > Y5399 > Y5402 > **Y13968** (= ZS2361).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Y3081 > Y3082 > Y3087 > S20075 > Y3088 > ZS2432 > **BY172422** (= BY25901).

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > FGC4745 > ZS6270 > ZS6261 > **ZS6262**.

Нетрудно заметить, что эти цепочки снийов относятся к немногим ДНК-генеалогическим линиям. Но для них общее то, что все цепочки проходят через сний P58 (образовался 84 сний-мутации, или примерно 12,1 тыс. лет, назад), и далее через ряд этапов все они проходят через сний YSC0000234 (образовался 30 сний-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад — разумеется, с соответствующей погрешностью расчетов). Это уже близко к датировкам общего предка гаплотипов евреев гаплогруппы J1, приведенным выше, —  $3630 \pm 380$  и  $3850 \pm 390$  лет назад.

После сния YSC0000234 цепочки снийов начинают расходиться на отдельные ветви. Горячие головы тут же предполагают, что это расхождение «потомков Авраама» по «коленам Израилевым». Может, и так, но мы это пока не знаем. В первой, относительно многочисленной группе, следующим идет сний Z1884, и таких четыре цепочки из восьми. Еще в трех цепочках после YSC0000234 идет сний Y3081, и в последней цепочке линия идет через сний FGC4745. И далее идут последующие разветвления, вплоть до нашего времени. Наиболее недавние по времени образования снии — ZS2374, Y89545, Y13968, BY172422, FGC59164 — образовались от 3 до 7 сний-мутаций назад, то есть между 400 лет и 1 тыс. лет назад.

Напомним, что цепочки сний-мутаций у армян гаплогруппы J1 или не доходят до сния P58 и уходят в сторону, на другие линии, еще от сния Z2217, или проходят через сний P58 и уходят в сторону от снийов Z1884, Z640, Y2919, образуя «несемитские линии».

Установить подобные закономерности позволяет именно рассмотрение цепочек снийов.

На дереве гаплотипов на рис. 131 обращает на себя внимание группа из 21 гаплотипа справа, по виду определенно недавняя ДНК-линия. Так и оказалось, общий предок этой ветви евреев гаплогруппы J1 жил  $970 \pm 150$  лет назад, базовый гаплотип:

12 25 14 10 16 17 11 16 10 13 13 29 16 8 9 11 11  
26 14 20 28 13 14 14 17 11 9 19 22 17 14 18 18  
31 37 12 11.

Эта ветвь уже не относится к «гаплотипу Авраама» 12 23 14 10 16 11, показанному выше. Здесь соответствующий гаплотип имеет вид 12 25 14 10 16 13, отличается на 4 мутации в 6-маркерном формате. Это большое различие. Но в целом понятно, что это относительно недавняя ветвь, поскольку за тысячелетия предковый гаплотип изменился.

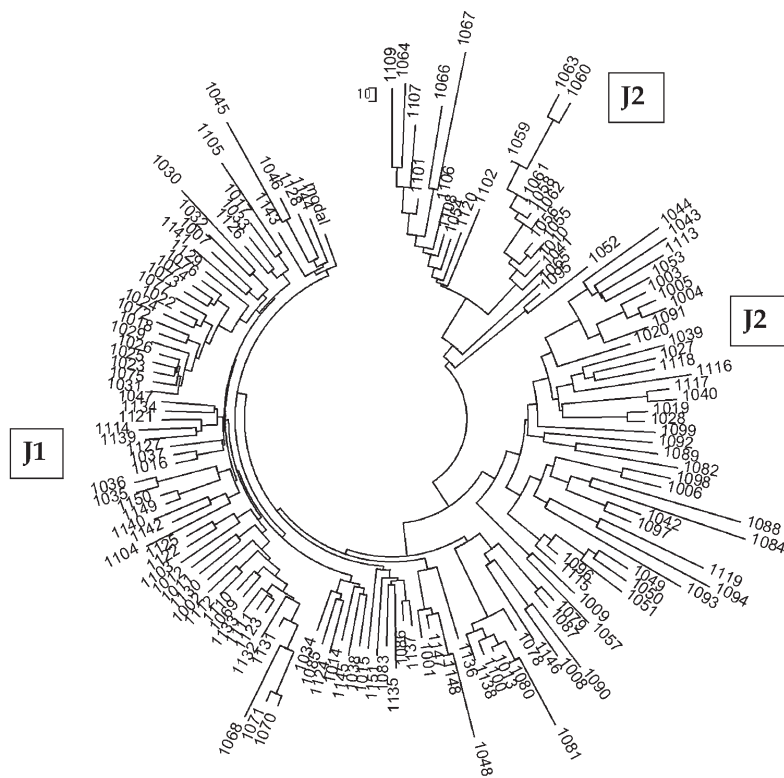
В верхней правой части дерева гаплотипов на рис. 131 есть еще ветвь с базовым гаплотипом:

12 23 14 10 13 18 11 16 12 13 11 31 17 8 9 11 11  
26 14 20 24 13 14 16 16 11 10 19 22 15 13 16 18  
33 36 12 10.

Он тоже относится к «гаплотипу Авраама» и имеет соответствующий 6-маркерный гаплотип 12 23 14 10 16 11. Это уже показывает некий абсурд с «гаплотипом Авраама», когда его имеют самые разные ветви. Общий предок этой ветви жил  $3764 \pm 440$  лет назад (без округления), опять в пределах погрешности во времена «жизни Авраама».

Наконец, 4 гаплотипа на самом верху дерева показывают датировку общего предка  $7960 \pm 1110$  лет назад, и их доля в общем составе дерева (около 3 %) не стоит того, чтобы их рассматривать. Их типирование совершенно поверхностно (J1-M267), следовательно, неинформативно.

На рис. 132 приведено комбинированное дерево гаплотипов гаплогрупп J1 и J2, построенное по данным «несгруппированного» раздела «Еврейского проекта» FTDNA. Левая часть дерева из 89 гаплотипов гаплогруппы J1, 82 гаплотипа из которых были в 67-маркерном формате, дающим более точные расчеты, сводится к следующему базовому гаплотипу:



**Рис. 132.** Дерево из 150 гаплотипов евреев гаплогрупп J1 и J2 в 37-маркерном формате. Слева — ветвь гаплогруппы J1 из 89 гаплотипов, справа — две ветви гаплогруппы J2 суммарно из 61 гаплотипа. Построено по гаплотипам из «несгруппированной» части «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=results>)

12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 30 — 18 8 9 11 11  
25 14 20 26 12 14 16 17 — 11 10 21 22 15 14 18 18  
32 36 12 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12 21 22  
19 10 12 12 15 8 12 25 21 14 12 11 14 12 12 11,

общий предок которого жил  $4905 \pm 505$  лет назад. Этот гаплотип отличается всего на 5 мутаций от 67-маркерного гаплотипа евреев той же гаплогруппы, приведенного выше (с датировкой общего предка  $3850 \pm 390$  лет назад). Это различие в целом понятно, потому что на дереве в левой части видны явно нетипичные гаплотипы, далеко выдающиеся из ветвей дерева. Это примесные гаплотипы, но из-за того, что они только поверхностно типированы (на уровне J1-M267), причина этих «выбросов» неизвестна. Выше выделены опять 6 маркеров, типичные для «гаплотипа Авраама», предкового для современных гаплотипов евреев и арабов гаплогруппы J1. Интересно, что в базовых гаплотипах имеются незначительные вариации в маркерах, но те самые «маркеры Авраама», как правило, сохраняются. Это можно было бы объяснить «коленами Израиля», то есть расхождением разных ДНК-генеалогических линий от патриархов (которые в Библии имели имена Исаака и Иакова), но такое

предположение было бы преждевременным, так как прямых данных в этом отношении нет.

### Гаплогруппа J2

Как и для других гаплогрупп «Еврейского проекта» FTDNA, гаплотипы гаплогруппы J2 в основном типированы по субкладам-снипам поверхностно, для большинства показаны только J2-M172, это самый «верхний» субклад, образовался 191 снип-мутацию, или примерно 27,5 тыс. лет, назад.

Беглый взгляд на рис. 133 показывает, что дерево состоит из серии довольно «плоских», «неглубоких», то есть относительно недавних ветвей. Например, верхняя ветвь слева из 36 гаплотипов имеет общего предка, который жил всего  $1436 \pm 180$  лет назад (без округления), то есть в середине I тыс. н. э., с базовым гаплотипом:  
12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 30 18 9 9 11 11  
26 15 20 29 12 14 15 16 10 11 19 22 15 13 19 17  
36 38 12 9.

Она расходится на две ветви с датировками общих предков  $1347 \pm 195$  и  $1155 \pm 186$  лет назад (без округления), что картину не меняет, датировки одинаковы в пределах погрешности,

и базовые гаплотипы их тоже почти одинаковые. Суть в том, что эти ветви относительно недавние. База данных показывает 4 снипа для этой ветви, цепочки которых следующие (выделены снипы, найденные у конкретных носителей гаплотипов данной ветви):

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > **M67** > Z1847 > Y4036 > Z467 > L210 > Z489 > CTS2282 > **Z482** > Y15222 > Y15223 > BY194993 > **BY45295** (= Y53435),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > L210 > Z489 > CTS2282 > Z482 > Y15222 > Y15223 > Y15238 > **Y23456** (= Y23161).

Последние два конечных снипа образовались 5 и 7 снип-мутаций назад соответственно, то есть примерно 700 лет и 1 тыс. лет назад. Их цепочки расходятся от снипа Y15223, который образовался 21 снип-мутацию, или примерно 3 тыс. лет, назад.

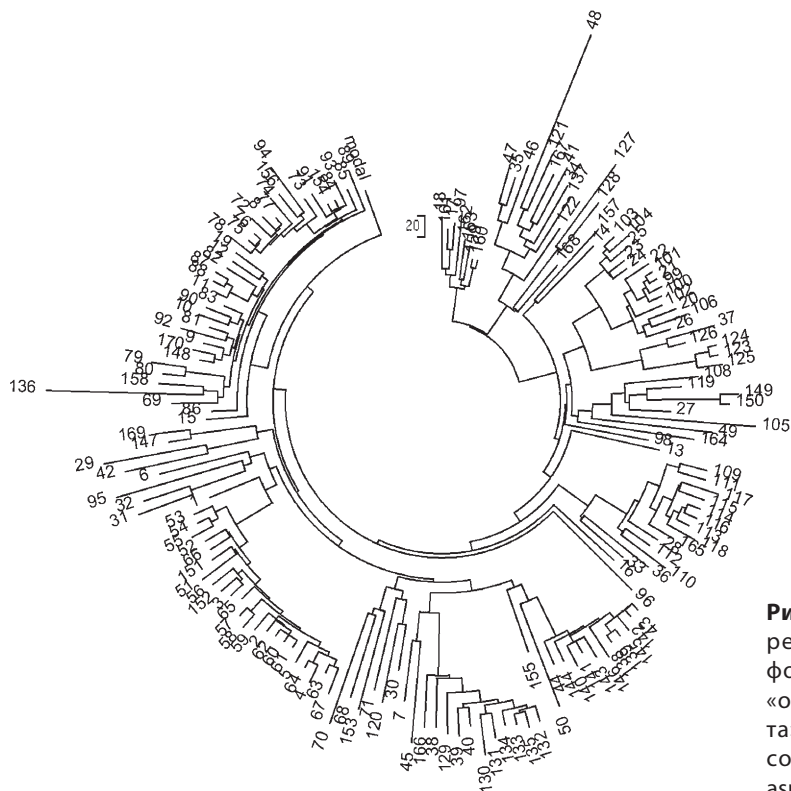
При продвижении по дереву вниз по часовой стрелке заметим довольно четко выраженную ветвь из 23 гаплотипов (на 8 часов), у которой общий предок жил всего  $750 \pm 120$  лет назад, и его базовый гаплотип:

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 31 15 9 9 11 11  
26 15 20 29 13 13 15 16 10 10 19 22 15 12 15 17  
34 36 12 9.

В базе данных у этой ветви определены 5 снипов, которые или находятся в следующих цепочках, или ими заканчиваются:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > **M92** > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > **L556** (= L560) > Y11782 > Y22280 > Y20053 > **Y19681**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 (= L560) > **Y9005** > **Y13511**.



**Рис. 133.** Дерево из 169 гаплотипов евреев гаплогруппы J2 в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «основной» части «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>)

Отсюда видно, что снип M92, определенный у носителя гаплотипа из этой ветви, намного недотипирован и в этом случае не является информативным. В целом же данная ветвь определяется плотной группой снипов, которые расходятся незначительно и относительно недавно. Три последних (выделенных) в цепочках снипов образовались 4, 8 и 6 снип-мутаций назад соответственно, то есть в интервале 600 лет — 1,2 тыс. лет назад, что в пределах погрешности расчетов согласуется с датировкой общего предка ветви по мутациям в гаплотипах. Но сами гаплотипы этих двух ветвей, которые мы только что рассмотрели, в 37-маркерном формате различаются на 22 мутации, что соответствует расстоянию между ними  $22/0,09 = 244 \rightarrow 343$  условных поколения, то есть примерно 8575 лет, и общий предок этих двух ветвей жил  $(8575 + 1436 + 750)/2 = 5380$  лет назад.

Иначе говоря, мы видим, что сами ветви недавние, но они представляют собой фрагменты древнего дерева гаплотипов, которое возможно реконструировать, хотя бы отчасти. Здесь можно также упомянуть ветви на дереве с датировками  $1060 \pm 200$  лет назад,  $520 \pm 130$  лет назад и другие. К ним ведут следующие цепочки снипов:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > PF7412 > **Z515**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > **Z7671** > CTS900 > Z7661 > Y3020 > **CTS6804**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > Y11200 > Z30677 > Y17946 > FGC62187 > Y18397 > Y23162 > **Y27539**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > Y13534 > FGC9942 > **FGC9961** (= Y14696),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > PF5366 > FGC4975 > FGC30508 > BY37646 > **Z41512**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > PF5366 > **PF5380** (= PF5381),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > **L243**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > **L25** > Z438 > Z387 > **L70** > Z435 > Z2148 > **Z2177**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > Z438 > Z387 > L70 > Z435 > Z2148 > CTS3601 > **PF5456** > Y24651 > FGC21085 > **Z39494**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > PF5172 > Z7314 > **PF5169**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > Z6064 > Z6055 > Z6057 > Y7013 > Y28259 > Y33849 > **Y112338**.

По этим цепочкам можно проследить динамику прохождения снипов в еврейские сообщества. Все показанные выше цепочки проходят через общий снип L26, который образовался 120 снип-мутаций, или примерно 17,3 тыс. лет, назад. Это в некотором смысле аналог снипа YSC0000234, который наблюдался у всех евреев гаплогруппы J1 в выборке. Но последний снип образовался всего 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, то есть «пучок» цепочек снипов евреев значительно более компактный. В гаплогруппе J2a подобный «пучок» если и есть (а он есть, и он сходится к общему предку арабов и евреев), «затушевывается» множеством других линий евреев гаплогруппы J2a.

Большинство цепочек в данной выборке имеет снип L26 > PF5087, но одна цепочка уже на этом этапе уходит в сторону как L26 > Z6064 и после серии последующих снипов завершается как Y112338, который образовался всего 6 снип-мутаций, или примерно 860 лет, назад. Серия цепочек снипов продолжается как PF5087 > PF5116 > L558 > M67 > Z1847, где последний снип образовался 80 снип-мутаций, или примерно 11,5 тыс. лет, назад, то есть тогда же, когда снип P58 в гаплогруппе J1 (образовался 79 снип-мутаций, или примерно 11,4 тыс. лет, назад). Понятно, что евреев тогда еще не было, но складывались популяции, из которых они впоследствии сформируются.

В отошедшей, «параллельной», цепочке снипов снипы продолжались как PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25, где последний снип образовался 71 снип-мутацию, или примерно 10,2 тыс.



лет, назад. Затем разветвления цепочек сний продолжались вплоть до последнего времени, и ряд конечных сний в цепочках, показанных выше, образовались относительно недавно, сохраняя «еврейскую принадлежность». Примеры — снии Z41512 и Z39494, которые образовались соответственно 6 и 9 сний-мутаций, или примерно 860 лет и 1,3 тыс. лет, назад.

Набор ветвей в верхней правой части дерева — это гаплотипы субклада J2b, древней линии гаплогруппы J2 «параллельной» линии J2a, цепочки для которых приведены выше. Для ветвей J2b на дереве цепочки субкладов, в частности, такие:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > **Z1043**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > **Z1825** (Z575) > Z593 > **M241** > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Y15058 > Z38240 > CTS6190 > **Y22040** (= Y22038).

Видно, что в случае J2b расхождение этих цепочек сний произошло давно, еще от сния Z2507 (образовался 31 сний-мутацию, или примерно 4,5 тыс. лет, назад). Это и привело к образованию серии ветвей J2b в верхней правой части дерева на рис. 133.

Если вычесть ветви J2b, оставив только ветви J2a, то общий предок этой части дерева из 150 гаплотипов, занимающей более чем три четверти всего дерева, жил  $7300 \pm 740$  лет назад и имел базовый гаплотип:

12 23 14 10 14 16 11 15 12 13 11 30 16 9 9 11 11  
26 15 20 30 12 14 15 16 10 10 19 22 15 13 17 17  
35 37 12 9.

Ранее нами было показано, что общий предок евреев и арабов гаплогруппы J2a жил примерно 4 тыс. лет назад. Сопоставление с данными, приведенными выше, показывает, что многие гаплотипы евреев гаплогруппы J2 расходятся не от общего предка евреев и арабов, а включают набор относительно недавних ветвей, имеющих другое происхождение, и там самым делают условного «общего предка» этих гаплотипов и ветвей древнее, уходя во времена более 7 тыс. лет назад.

Ветви гаплогруппы J2 показаны также на правой стороне дерева гаплотипов на рис. 132, которое построено из гаплотипов «несгруппированных» в «Еврейском проекте». Мы видим

такую же картину — ветви гаплогруппы J2b в верхней правой части дерева и гаплогруппы J2a в нижней, более обширной части ветви. Общий предок 61 гаплотипа правой части дерева (гаплогруппа J2) жил  $8364 \pm 968$  лет назад (без округления), что согласуется в пределах погрешности с данными на рис. 133.

## Гаплогруппа R1b

Рисунок 129 показывает несколько представительных субкладов гаплогруппы R1b по базе данных «Базального проекта» FTDNA. Название проекта там по сути неверное. Авторы Проекта обнаружили древние гаплогруппы в ряде выборок, свели их в один список и полагали, что это «древнейшие по происхождению» (базальные) гаплотипы. Но они не учли, что древнейшие по происхождению гаплотипы порой имеют относительно недавних общих предков, как результат того, что популяции прошли «бутылочное горлышко» выживания. Так, одна из популяций, проживающих ныне в Камеруне (Африка), имеет гаплогруппу A00, которая образовалась 240 тыс. лет назад, а выборка самой популяции имеет общего предка, который жил всего 425 лет назад (*Клэсов А. А. Ваша ДНК-генеалогия. М.: Концептуал, 2016*). Поэтому следует различать датировку образования гаплогруппы или субклада, с одной стороны, и датировку общего предка современных носителей этой гаплогруппы или субклада — с другой.

Так, правая ветвь дерева на рис. 129 собрана из 36 гаплотипов евреев, относящихся к субкладу V88, который образовался 114 сний-мутаций, или примерно 16,4 тыс. лет, назад, и по оценкам авторов Проекта эта ветвь относится к цепочке сний:

R1b-M343 > L754 > V2219 > V88 > Y7777 > Y8451 > Y8447 > Y8452 > Y8452a > V4746 > FGC20973 > **FGC20980**.

Последний сний (выделен) образовался 24 сний-мутации, или примерно 3,5 тыс. лет, назад. Однако этот сний вошел к евреям, потомки которых образовали показанную ветвь из своих 36 гаплотипов всего  $1454 \pm 182$  лет назад (без округления), и предковый гаплотип имел вид:

13 23 16 10 12 14 11 12 12 14 13 29 18 9 10 11  
12 27 14 19 28 12 12 15 15 11 12 21 23 15 15 18  
19 32 38 11 11.

Следующая ветвь (по часовой стрелке) из 22 гаплотипов на дереве имеет базовый гаплотип:

12 24 14 10 11 15 12 12 12 13 14 28 15 9 9 11 11  
25 14 19 29 15 15 16 17 11 12 19 23 16 17 19 17  
34 38 12 12,

с датировкой общего предка всего  $896 \pm 141$  год назад (без округления). Это — субклад Y4364, конечный в следующей цепочке снийов:

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > **Y4364**.

Мы видим ту же картину — сам сний Y4364 образовался 35 сний-мутаций, или примерно 5 тыс. лет, назад, а у евреев этой ветви общий предок жил примерно 900 лет назад. Или сний этой группы евреев значительно недотипирован, поскольку ниже него находятся несколько десятков снийов, или его носители у евреев прошли «бутылочное горлышко» выживания.

Следующая ветвь из 16 гаплотипов относится по отнесениям базы данных к субкладу L584, конечного в следующей цепочке снийов:

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y13369 > **L584**,

который образовался 35 сний-мутаций, или примерно 5 тыс. лет, назад. Базовый гаплотип этой ветви имеет вид:

12 24 14 11 11 13 12 12 13 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 20 28 15 15 16 19 12 11 19 19 15 15 17  
17 37 37 12 12,

с датировкой общего предка  $682 \pm 130$  лет назад. Мы видим, что этот сний вошел в среду евреев совсем недавно по историческим меркам.

Очередная ветвь на дереве — слева вверху, из 30 гаплотипов, относится к субкладу PF7562:

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > **PF7562**,  
который образовался 41 сний-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад, и базовый гаплотип соответствующей ветви евреев имеет вид:

12 24 14 10 11 14 11 12 12 13 14 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 30 15 15 16 16 11 10 19 23 17 16 17  
17 37 39 12 12,

с датировкой общего предка  $1175 \pm 159$  лет назад (без округления).

Есть еще одна малая ветвь, из 3 гаплотипов, на самом верху дерева, которая отнесена к снипу V1636:

R1b-M343 > L754 > L389 > **V1636**,  
тоже очень древнему снипу, который образовался 97 сний-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад. Его базовый гаплотип, определенный по трем современным гаплотипам, имеет вид:

13 23 14 11 12 13 12 13 13 29 15 9 9 11 11  
25 15 18 28 13 14 14 16 11 11 18 23 15 17 19 15  
36 40 14 11,

и его носитель жил всего  $377 \pm 192$  года назад.

Мы видим, что из 107 гаплотипов дерева 38 гаплотипов, или более трети, относятся к потомкам ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад). Понятно, что это «потомство» исторически не прямое, хотя ДНК-генеалогически прямое. Судя по всему, субклады, нижестоящие от R1b-Z2103, уже в нашей эре вошли в еврейское сообщество и повели свои, вторичные линии. Та же схема относится и к остальным трем ветвям — древние линии вошли, видимо, единичными событиями в еврейскую среду. Судя по характеру этих субкладов, их «переносчиками» могли быть сарматы на Русской равнине, которые входили в состав степняков в конце прошлой — начале нашей эры.

Помимо серии гаплотипов евреев гаплогруппы R1b, представленных на дереве на рис. 129, где они расходятся на несколько характерных ветвей, есть еще несколько выборок гаплотипов в «Еврейском проекте» FTDNA, который чрезвычайно плохо организован. В основной части Проекта есть серия из 138 гаплотипов в 37-маркерном (и выше) формате, дерево которых представлено на рис. 134.

Как видно, в отличие от довольно четкой организации дерева на рис. 129, в данном случае (рис. 134) дерево состоит из большого количества ветвей, большинство из которых относительно недавние. Например, ветвь из 9 гаплотипов на самом верху дерева имеет общего предка, который жил  $1454 \pm 263$  года назад (без округления), то есть примерно в середине I тыс. н. э. Но поскольку почти все гаплотипы этой ветви типированы крайне поверхностно, на уровне M273 и M269, то идентифицировать эту ветвь весьма затруднительно. Так и остальные ветви дерева, они из-за поверхностного типирования малоинформативны. Есть там и ветвь субклада PF7562 (ветвь справа на 3 часа из 13 гаплотипов), уже рассмотренная выше, со следующей цепочкой снийов:

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > **PF7562**,  
и базовым гаплотипом:

12 24 14 10 11 14 11 12 12 13 14 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 30 15 15 16 16 11 10 19 23 17 16 17  
17 37 39 12 12,

с датировкой общего предка  $1539 \pm 243$  года назад. Та же ветвь, рассмотренная выше (рис. 129),

показала датировку общего предка  $1175 \pm 159$  лет назад, что то же самое в пределах погрешности.

Вся левая ветвь дерева, из 75 гаплотипов в 37-маркерном формате, имеет условный базовый гаплотип:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 17 11 11 19 23 16 15 18  
17 36 38 12 12,

и первое число (13) здесь указывает на явный перевес в выборке европейских гаплотипов. Общий предок этой довольно обширной ветви жил  $4109 \pm 433$  года назад (без округления). Ясно, что это совокупность самых разных ДНК-генеалогий и детальная обработка дерева большого смысла не имеет.

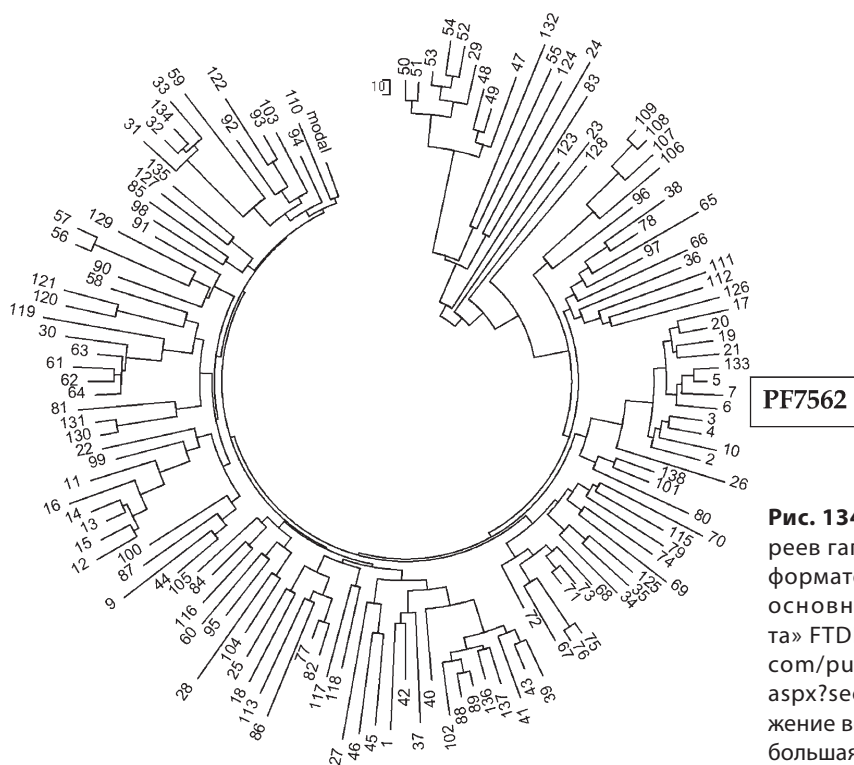
В упомянутом «Еврейском проекте», а именно в его «несгруппированной» части, есть еще одна выборка гаплотипов общей гаплогруппы R1, без разделения в базе данных на гаплотипы R1b и R1a, в общем количестве 129 гаплотипов. Построение дерева гаплотипов разделило эти гаплогруппы, как показано на рис. 135.

В составе гаплогруппы R1b оказалось 90 гаплотипов, в составе гаплогруппы R1a — 39 гап-

типов. Вся ветвь гаплотипов R1b имеет базовый гаплотип:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 17 11 11 19 23 16 15 18  
17 36 38 12 12,

то есть точно такой же, как для 75 гаплотипов из основной части «Еврейского проекта», показанных на рис. 133. Датировка общего предка для 90 гаплотипов на рис. 135 равна  $4498 \pm 468$  лет назад, что согласуется в пределах погрешности с датировкой  $4109 \pm 468$  лет назад (обе датировки даны без округления). Как и следовало ожидать, эта ветвь состоит из множества ветвей гаплотипов евреев из разных субкладов с разными снипами. Все эти подветви относительно недавние, среди них мы опять видим ветвь снипа PF7562, которая имеет отличительную особенность — у всех гаплотипов первый маркер равен 12 (DYS393 = 12), поэтому она легко распознается. Правда, такой же первый маркер есть и в гаплотипах R1b-L23-Z2103, но базовые гаплотипы у них различаются. Примеры даны выше, в соответствующих разделах.



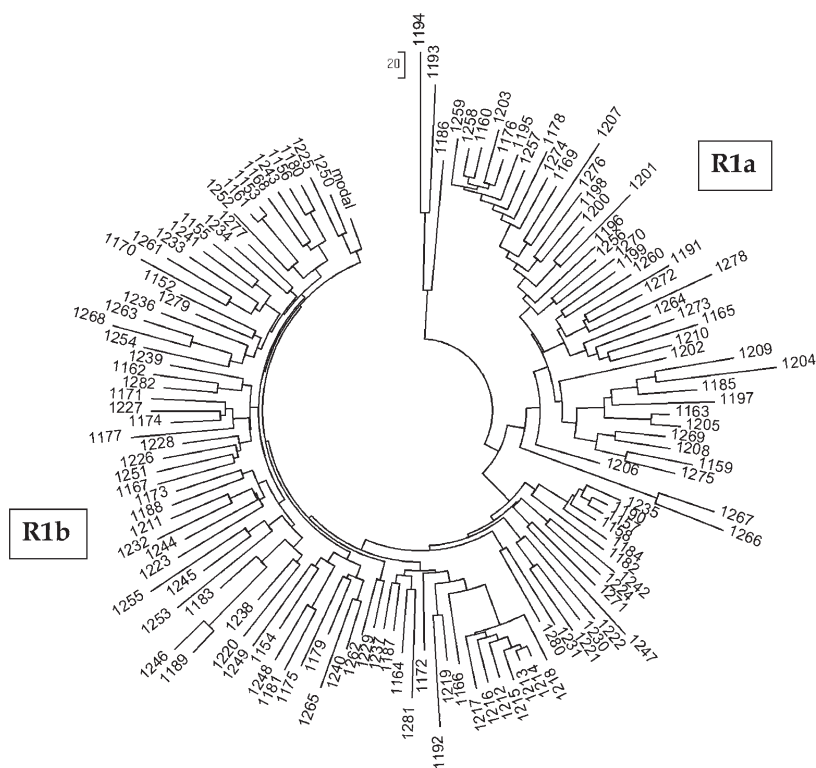
**Рис. 134.** Дерево из 138 гаплотипов евреев гаплогруппы R1b в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из основной части «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>). Показано положение ветви субклада R1b-PF7562. Левая большая ветвь состоит из 75 гаплотипов

Возникает вопрос — есть ли у евреев специфические субклады гаплогруппы R1b, которые относятся только к евреям? То, что у них есть множество снийпов и субкладов этой гаплогруппы, это ясно, достаточно посмотреть на деревья гаплотипов на рис. 129, 134, 135. Если на дереве на рис. 129, для построения которого использованы только гаплотипы древних субкладов (в этом была цель «Базального проекта»), поэтому выражены всего несколько ветвей, то для построения деревьев на рис. 134 и 135 собирали гаплотипы всех евреев (гаплогруппы R1b) подряд. Результат — деревья усыпаны небольшими ветвями самых разных субкладов и снийпов. В их числе множество современных субкладов, к евреям не имеющих никакого специфического отношения, например, суперветвей R1b-P312 и R1b-U106, типичных для Западной и Центральной Европы.

Но при этом стоит выделить субклады, которые для евреев более специфичны. Среди них — субклад-снийп PF7562. Он выражен на дереве на рис. 129, и он присутствует на деревьях на рис. 134 и 135. Этот субклад есть не только у евре-

ев, он есть у многих кавказцев, среди них армяне, грузины, азербайджанцы. Но если мы перейдем на Русскую равнину, то носителями этого снийпа в выборках являются практически исключительно евреи. Так, в базе данных IRAKAZ–Русская равнина есть 60 гаплотипов субклада PF7562, 58 из которых принадлежат евреям с датировкой общего предка  $1548 \pm 178$  лет назад (без округления). Впрочем, два нееврейских (по записи) гаплотипа русского и поляка с тем же снийпом оказались по структуре их гаплотипов еврейскими и включены в расчеты времени жизни общего предка. Обратим внимание, что эта датировка практически идентична полученной выше для ветви из 15 гаплотипов,  $1539 \pm 243$  года назад (рис. 134), и согласуется в пределах погрешности расчетов с датировкой  $1175 \pm 159$  лет для ветви из 30 гаплотипов (рис. 129), причем во всех трех случаях 37-маркерные гаплотипы идентичны друг другу.

Без разделения ветвей по снийпам рис. 134 и 135 имеют относительно малую ценность, потому что определяют лишь датировку общего предка



**Рис. 135.** Дерево из 129 гаплотипов евреев гаплогрупп R1b и R1a в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «несгруппированной» части «Еврейского проекта» FTDNA. (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>). Три гаплотипа в самой верхней части дерева относятся к гаплогруппе R2 и в расчеты не включались. Поскольку в ветви гаплогруппы R1a (слева сверху) имеются нехарактерные для евреев гаплотипы, например, R1a-M458-L1029, то ветвь не обрабатывалась

всех евреев гаплогруппы R1b данной выборки, то есть всех малых подветвей в их совокупности. Рисунок 129, для сравнения, намного более информативен.

Рассмотрение ветви гаплогруппы R1a дано ниже в соответствующем разделе.

### Левиты гаплогруппы R1b

В цитированном выше «Еврейском проекте» FTDNA приведены 6 гаплотипов левитов, с примечанием, что они образуют «кластер». Никакого кластера там, конечно, нет, потому что эти 6 гаплотипов разошлись по разным сторонам дерева на рис. 134. Для справки, это гаплотипы под номерами 133–138. Их «общий предок», который определенно является фантомным, формально жил  $3500 \pm 550$  лет назад, что, конечно, снимает всякую вероятность «кластера». Более того, для 3 левитов из этого списка в базе данных приведены сніпы — L408, BY317 и BY16581, которые относятся к разным линиям гаплогруппы R1b. Вот как выглядят соответствующие цепочки сніпов (в сокращении):

R312 > U152 > L2 > **L408**,

R312 > S461 > L21 > DF13 > Z251 > S11556 > A555 > L583 > **BY317**,

U106 > A689 > FGC41958 > **BY16581** (= Y32786).

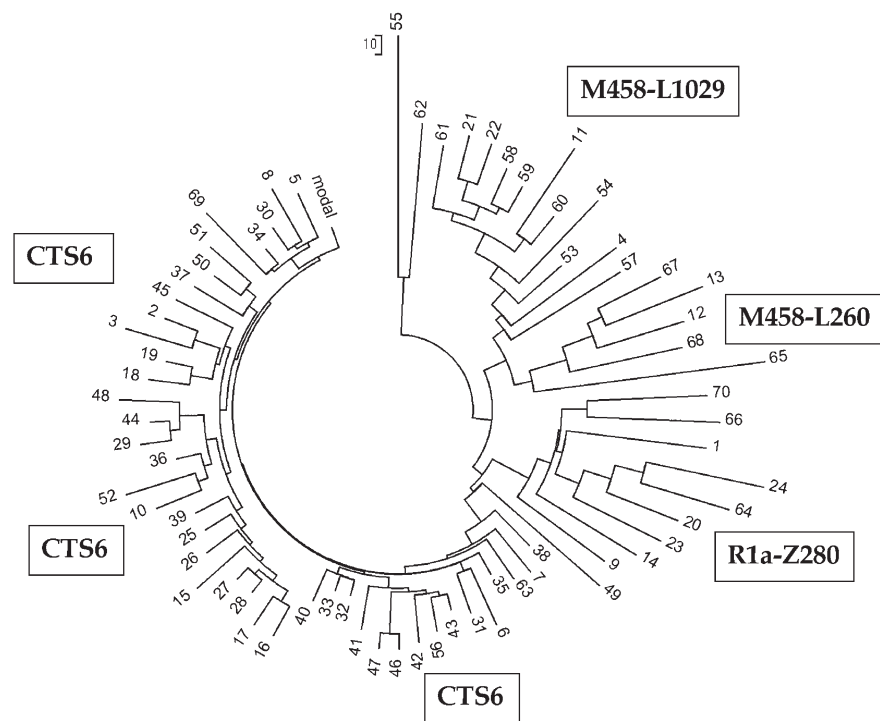
Мы видим, что они относятся к разным линиям и не могут образовать никакого «кластера».

### Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа занимает у евреев менее 10 % от общей численности, во всяком случае в представленной выборке (табл. 50). Соответствующие линии разделяются на две группы — «неупорядоченная», где линии «заимствованы» у носителей самых разных субкладов гаплогруппы R1a, и «группа левитов» (название относительно условное), в которой практически все линии — характерные еврейские, с общим предком около 1,3 тыс. лет назад. Действительно, почти все евреи из этой группы называют себя левитами.

На рис. 136 приведено дерево гаплотипов гаплогруппы R1a.

Справа на дереве — гаплотипы евреев «первой группы». Они — не характерные еврейские гаплотипы, а «позаимствованные» у славян, одним путем или другим. Видимо, типичным вариантом является такой, когда отец — русский (или поляк, чех, словак, украинец, белорус и так далее), а мать — еврейка, и сын считает, что он —



**Рис. 136.** Дерево из 68 гаплотипов евреев гаплогруппы R1a в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «основной» части «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>). Два гаплотипа в самой верхней части дерева относятся к архаичным субкладам и в расчеты не включались. Вся левая и нижняя половины дерева — характерный субклад евреев R1a-CTS6 с нижающимися субкладами



еврей, и так и записывает в базу данных или в бюллетень переписи населения. Две главные ветви этой части дерева относятся к субкладам — европейскому R1a-M458, с двумя подветвями: центральноевропейской R1a-M458-L1029 и западнославянской R1a-M458-L260, и субкладу Русской равнины R1a-Z280, с подветвями, из которых идентифицированы по сникам только балто-карпатская ветвь CTS1211-CTS3402 и североазиатская ветвь Z92-Y4459.

Субклады правой трети дерева (верхний сегмент) рассмотрены выше в этой книге, и мы не будем на них подробно останавливаться. Приведем только базовые гаплотипы и датировки ветвей. В верхней правой ветви (R1a-M456-L1029) базовый гаплотип:

13 25 16 10 12 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 9 11  
10 23 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23 17 16  
19 19 35 40 15 11

очень похож на соответствующий базовый гаплотип, рассчитанный ранее по 137 гаплотипам в 111-маркерном формате (приведен выше в этой книге), а немногие мутации легко объяснимы тем, что на дереве рис. 136 в этой ветви всего 11 гаплотипов. Датировка общего предка евреев этой ветви —  $3108 \pm 430$  лет назад, у референсного 111-маркерного гаплотипа —  $2300 \pm 240$  лет назад, датировка образования L1029 по сникам 18 сноп-мутаций, или  $2600 \pm 400$  лет, назад.

У соседней подветви (L260) базовый гаплотип:

13 25 17 10 10 14 12 12 11 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 14 16 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 38 14 11,

с датировкой общего предка  $3135 \pm 550$  лет назад, датировка по сникам 28 сноп-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад. Но на рис. 136 ветвь состоит всего из 5 гаплотипов.

Последняя ветвь справа внизу из 9 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 23 14 20 32 13 15 15 16 — 11 11 19 22 15 16  
18 18 34 38 13 11,

который опять же похож на гаплотип Русской равнины и имеет практически такую же датировку —  $4737 \pm 636$  лет назад (без округления). Вывод — что евреи описанных ветвей гаплогруппы R1a действительно имеют типичные славянские

гаплотипы, но таких только треть от евреев гаплогруппы R1a, во всяком случае в данной выборке. Перейдем к более типичной ветви евреев гаплогруппы R1a, значительно более обширной (слева и внизу на рис. 136 из 43 гаплотипов), и приведем ее базовый гаплотип:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 14 9 10 11  
11 24 14 20 30 12 12 15 15 11 11 19 23 14 16 19  
20 35 38 14 11.

Датировка ее общего предка —  $1313 \pm 162$  года назад (без округления).

Как мы увидим ниже, эта датировка почти идеально согласуется с датировкой образования основного сника евреев гаплогруппы R1a, от которого идут недавние расхождения цепочек индивидуальных сников.

В базе данных IRAKAZ-2019 есть 179 гаплотипов евреев гаплогруппы R1a в 67-маркерном формате. Дерево этих гаплотипов показано на рис. 137.

Базовый гаплотип дерева на рис. 137 следующий:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 — 14 9 11  
11 11 24 14 20 30 12 12 15 15 — 11 11 19 23 14  
16 19 20 35 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11  
10 12 22 22 15 10 12 12 14 8 14 23 21 12 12 11  
13 10 11 12 13.

В 111-маркерном формате базовый гаплотип такой:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 — 14 9 11 11  
11 24 14 20 30 12 12 15 15 — 11 11 19 23 14 16  
19 20 35 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 14 8 14 23 21 12 12 11 13  
10 11 12 13 — 32 15 9 17 12 27 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 12 25 13 9 10 20 15  
20 11 23 15 12 15 25 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

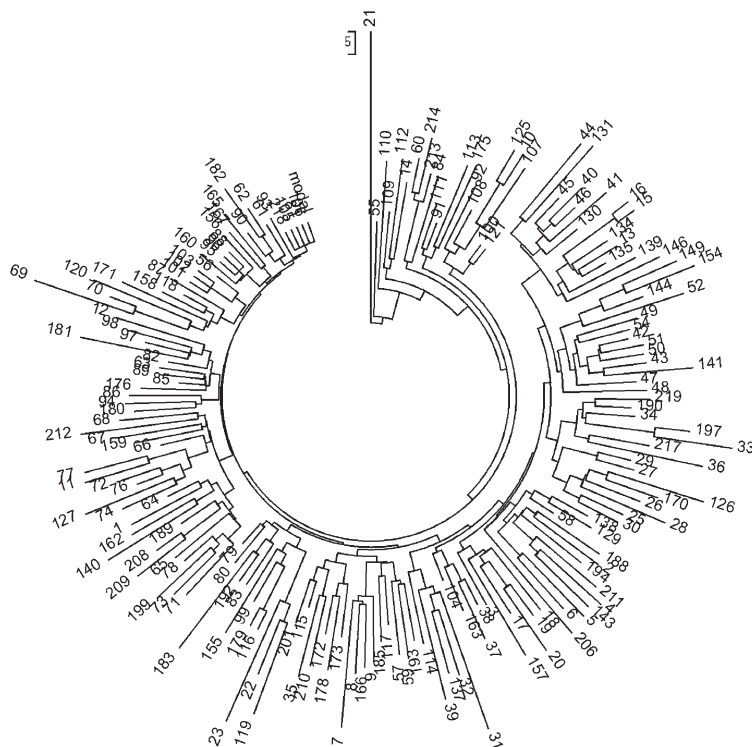
Датировка общего предка  $1180 \pm 120$  лет назад по 67-маркерным гаплотипам и  $1300 \pm 136$  лет назад по 111-маркерным гаплотипам.

Надо сказать, что цепочки сников у арабов и евреев гаплогруппы R1a расходятся довольно рано, от сника Z94 (образовался 30 сноп-мутаций, или 4,3 тыс. лет, назад). У арабов эта цепочка такая:

R1a-M420 > M459 > M198 > M417 > Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657.

У евреев такая:

R1a-M420 > M459 > M198 > M417 > Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > Y2630.



**Рис. 137.** Дерево из 179 гаплотипов евреев гаплогруппы R1a в 67-маркерном формате. Построено по гаплотипам из базы данных гаплогруппы R1a IRAKAZ, в которой имеется около 9 тыс. протяженных гаплотипов гаплогруппы R1a. Гаплотип под номером 21 в верхней части дерева принадлежит арабу гаплогруппы R1a-Z93 из Саудовской Аравии и помещен на дерево, чтобы показать его (дерева) чувствительность к примесным гаплотипам даже той же гаплогруппы

Все цепочки снипов евреев гаплогруппы R1a проходят через снипы CTS6 > Y2619 (второй образовался 18 снип-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад) и Y2630 (образовался 9 снип-мутаций, или 1,3 тыс. лет, назад). Именно к последней датировке сходится подавляющее большинство гаплотипов евреев гаплогруппы R1a.

Схемы выше показывают последовательность образования снипов с самого начала образования гаплогруппы R1a, примерно 24 тыс. лет, назад. Снип Z645 маркирует арийскую группу (образовался 5,9 тыс. лет, назад), и снип F1345 — первый снип евреев в этой последовательности. В этой цепочке выше последним показан снип Y2630, но на этом цепочки снипов евреев гаплогруппы R1a не заканчиваются. Вот так выглядят несколько основных цепочек, расходящихся от снипа Y2619 (последние две цепочки — архаичные, редкие у евреев этой гаплогруппы). Снип BY29826 имеет такое же время образования, как и снип FGC18222.

Y2619 > **Y2630** > **YP4538**.

Y2619 > Y2630 > YP1387 > YP1386 > YP4516 > **YP4807**.

Y2619 > Y2630 > **YP4488**.

Y2619 > Y2630 > YP264 > FGC10641 > YP268 > **YP5232**.

Y2619 > **BY29826**.

Y2619 > FGC18222 > FGC18226 > FGC18218 > **FGC18215**.

Специальное многолетнее исследование, проведенное членом левитского ДНК-сообщества Meir Halevi Gover (при скромном участии автора настоящей книги), привело к следующей картине цепочек снипов в нескольких сотнях евреев гаплогруппы R1a. Эта картина позволяет получить достаточно полное представление о динамике переходов снипов во многих поколениях евреев:

Y2619 > Y2630 > YP1387 > YP1386 > YP4516 > YP4807 > YP6322,

Y2619 > Y2630 > YP1387 > YP1386 > YP4516 > BY24975,

Y2619 > Y2630 > YP1387 > YP1386 > YP4516 > YP4807,

Y2619 > Y2630 > YP1387 > YP1386 > BY27348,

Y2619 > Y2630 > YP1387 > BY24974 > YP5512,

Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > YP265 > YP268 > YP5303 > YP4304,

Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > YP265 >  
 YP268 > YP5303 > BY102256,  
 Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > YP265 >  
 YP268 > BY26196,  
 Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > YP265 >  
 YP268 > YP5232,  
 Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > YP265 >  
 YP268 > Y19799,  
 Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > YP265 >  
 YP268 > 13407387,  
 Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > YP265 >  
 YP4943,  
 Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > BY24969 >  
 BY24966 > BY26889,  
 Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > BY24969 >  
 YP1429 > YP1432,  
 Y2619 > Y2630 > YP4538 > A12585,  
 Y2619 > Y2630 > YP4538 > 19041417,  
 Y2619 > Y2630 > BY105445,  
 Y2619 > Y2630 > BY156726,  
 Y2619 > Y2630 > YP266 > BY27367,  
 Y2619 > Y2630 > FGC15527 > FGC15531,  
 Y2619 > Y2630 > YP4671,  
 Y2619 > Y2630 > BY24613,  
 Y2619 > Y2630 > A5672,  
 Y2619 > Y2630 > YP4488,  
 Y2619 > Y2630 > YP264 > FGC10641 >  
 YP268 > YP5232,  
 Y2619 > BY29826 > YP3939,  
 Y2619 > BY29826 > BY30799,  
 Y2619 > BY29826 > BY36575,  
 Y2619 > FGC18222 > FGC18226 >  
 FGC18218 > FGC18215 > BY37000,  
 Y2619 > FGC18222 > FGC18226 >  
 FGC18218 > FGC18215 > FGC18223,  
 Y2619 > FGC18222 > FGC18226 >  
 FGC18218 > FGC18215 > BY33442,  
 Y2619 > FGC18222 > FGC18226 >  
 FGC18218 > YP1385 > YP4487,  
 Y2619 > FGC18222 > FGC18226 >  
 FGC18218 > BY24987,  
 Y2619 > FGC18222 > FGC18226 > BY24995 >  
 BY27090,  
 Y2619 > FGC18222 > FGC18226 > YP5480,  
 Y2619 > FGC18222 > FGC18226 > BY24896,  
 Y2619 > FGC18222 > YP1074 > YP1366,  
 Y2619 > FGC18222 > YP1074 > YP4690 >  
 YP4691,  
 Y2619 > M8944.

Из приведенных цепочек снипов вырисовывается картина формирования ДНК-линии евреев гаплогруппы R1a, субклада F1345 и нижестоящих. Тот субклад, что выше, Z93-Z2122, никак не может рассматриваться как специфический субклад евреев, он наблюдается у многих народностей Кавказа, Средней Азии, Передней Азии, Ближнего Востока, Аравийского полуострова. Только F1345, который образовался 29 снип-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад, возможно, в ходе миграции ариев со стороны Кавказа на юг, может рассматриваться как начало будущих евреев гаплогруппы R1a. Эта линия стала приумножаться через последующие субклады CTS6 (образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад) и далее Y2619 (18 снип-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет назад). Когда-то в те времена эта линия евреев гаплогруппы R1a практически пресеклась и в течение 1,3 тыс. лет проходила «бутылочное горлышко» выживания. Примерно 1,3 тыс. лет назад, в конце I тыс. н. э., случайно или нет в хазарские времена, эта линия стала приумножаться и в наше время составила около 10 % от количества мужчин-евреев.

Здесь мы видим удивительную закономерность — не женщины, а мужчины гаплогруппы R1a-CTS6-Y2619 > Y2630/BY29826/FGC18222 плотно сопровождают «еврейство» в своей гаплогруппе.

Диаграмма снипов евреев гаплогруппы R1a, построенная Meir Halevi Gover, упомянутом выше, выглядит как показано на рис. 138:

Здесь каждый маленький прямоугольник — носитель гаплогруппы R1a-F1345 с соответствующим нижесходящим снипом. Носители в темной, нижней части диаграммы, идентифицированы как выходцы с Ближнего Востока, а также Турции, Армении, Персии, Балкарии (Северный Кавказ), Курдистана, Испании, территории современного Израиля, а также Галиции на Украине, Англии и Шотландии. Носители гаплогруппы R1a, прямоугольники которых отходят от верхней, более светлой части диаграммы, происходят из Германии, Польши, Чехии, Словакии, Венгрии, Румынии, Литвы, Латвии, Украины, Белоруссии, Молдавии, России.



**Рис. 138.** Диаграмма сипов евреев гаплогруппы R1a, построенная Meir Halevi Gover. Персональное сообщение автора. Пояснения в тексте. См. цветную вклейку.

### Гаплогруппа G

Как и в других гаплогруппах евреев, в гаплогруппе G евреи имеют относительно недавних общих предков ветвей на дереве гаплотипов, пример которого по выборке «Еврейского проекта» FTDNA приведен на рис. 139.

Левая сторона дерева из 48 гаплотипов, то есть почти половина всего дерева, относится к древнему субкладу G2b-M377, который образовался 134 снип-мутации, или примерно 19 тыс. лет, назад. К гаплотипам этой ветви ведут, в частности, следующие цепочки снипов:

G-M201 > G2-P287 > G2b-M3115 > M377 >  
Y12297 > Y12975 > Y15861 > Y15563 > **Y67052**.

G-M201 > G2-P287 > G2b-M3115 > M377 > Y12297 > Y12975 > Y14600 (= FGC32413) > **Y50032** (= Y48752).

Они расходятся от снипа Y12975, который образовался 36 снип-мутаций, или примерно 5,2 тыс. лет, назад. Конечные снипы (выделены) образовались соответственно 2 и 8 снип-мутаций, или 300 и 1150 лет, назад. Если же провести анализ гаплотипов ветви G2b-M377, то получаем базовый гаплотип:

13 23 15 10 13 16 11 12 11 14 11 32 18 8 9 11 11  
24 16 21 28 13 14 15 15 10 11 20 20 17 16 15 16  
34 35 12 10,

с датировкой общего предка ветви  $920 \pm 120$  лет назад.

Соседняя малая ветвь из 12 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

13 22 15 10 12 16 11 12 11 12 11 29 16 9 9 11 11  
24 16 21 29 12 13 14 14 11 11 20 21 16 14 18 19  
34 35 11 10,

с датировкой общего предка ветви  $1100 \pm 200$  лет  
назад.

Между этими базовыми гаплотипами — 24 мутации, что соответствует  $24/0,09 = 267 \rightarrow 389$  условным поколениям, или 9725 годам, и общий предок этих двух ветвей жил  $(9725 + 920 + 1100)/2 = 5870$  лет назад. Это было еще до почти полного уничтожения носителей этих предковых гаплотипов в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад. Тогда же эти ДНК-линии разорвались, и их потомки сейчас так далеко отстоят друг от друга по мутациям в ДНК. Можно ожидать, что и снипы этих ветвей далеко отстоят друг от друга. Проверим соответствующие цепочки снипов для второй ветви:



**Рис. 139.** Дерево из 103 гаплотипов евреев гаплогруппы G в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>). Три гаплотипа в самой верхней части дерева относятся к архайичным субкладам и в расчеты не включались. Протяженная ветвь в левой части дерева — гаплотипы субклада G2b-M377 и нижестоящих субкладов

G - M 201 > G 2 - P 287 > G 2a - P 15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > Z3428 > Z6025 > Z5856 > Z6028 > FGC228 > FGC31715 > **FGC31708**.

Точно такая же цепочка найдена в Германии и описана в соответствующем разделе выше. Последний снип образовался всего 5 снип-мутаций, то есть примерно 720 лет, назад.

G - M 201 > G 2 - P 287 > G 2a - P 15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > Z3428 > Z6025 > Z5856 > Z6028 > FGC228 > **FGC263**.

Последний снип образовался 10 снип-мутаций, или примерно 1,4 тыс. лет, назад. Эти две датировки в целом согласуются с датировкой общего предка ветви, определенной по гаплотипам, 1100 ± 200 лет назад в пределах погрешности расчетов. Снипы показывают, почему эти две ветви

столь различаются по базовым гаплотипам — они относятся к двум принципиально разным ветвям гаплогруппы G2 — G2a и G2b.

Остальные, на вид намного более древние ветви, анализировать нецелесообразно, в них есть только поверхностные снипы, в основном G-M201.

То, что гаплотипы евреев гаплогруппы G расходятся по принципиально разным линиям и не образуют компактной группы, следует также из рассмотрения базы данных IRAKAZ–Русская равнина (составленной И. Л. Рожанским), значительно превышающей по численности гаплотипов гаплогруппы G в «Еврейском проекте» FTDNA. В базе IRAKAZ–Русская равнина имеются более 8 тыс. протяженных гаплотипов, из которых 334 относятся к гаплогруппе E1.

Мы видим, что евреи в гаплогруппе G расходятся на разные ДНК-линии, сначала на G1 и G2, далее на G2a и G2b и далее на субклады, как показано ниже.



**Таблица 51.** Состав гаплогруппы G евреев по базе данных IRAKAZ–Русская равнина. Первым в таблице идет субклад G1, все последующие — нижестоящие сипы субклада G2 в процентном содержании от субклада G2

Субклад	Состав в %, 334 чел.
G1	14
G2	86
G2a	32
CTS342	19
M406	3,1
Z6552	2,8
L1266	2,8
L140	2,1
PF3146	2,1
G2b	68
M377	68

Все ДНК-линии, приведенные в виде сипов в табл. 51, являются древними, их исходные сипы образовались многие тысячелетия назад. Чтобы это проиллюстрировать, приведем их цепочки:

G-M201 > G2-P287 > G2b-M3115 > **M377**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > **M406**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > **L140** > PF3346 > PF3345 > **CTS342**,

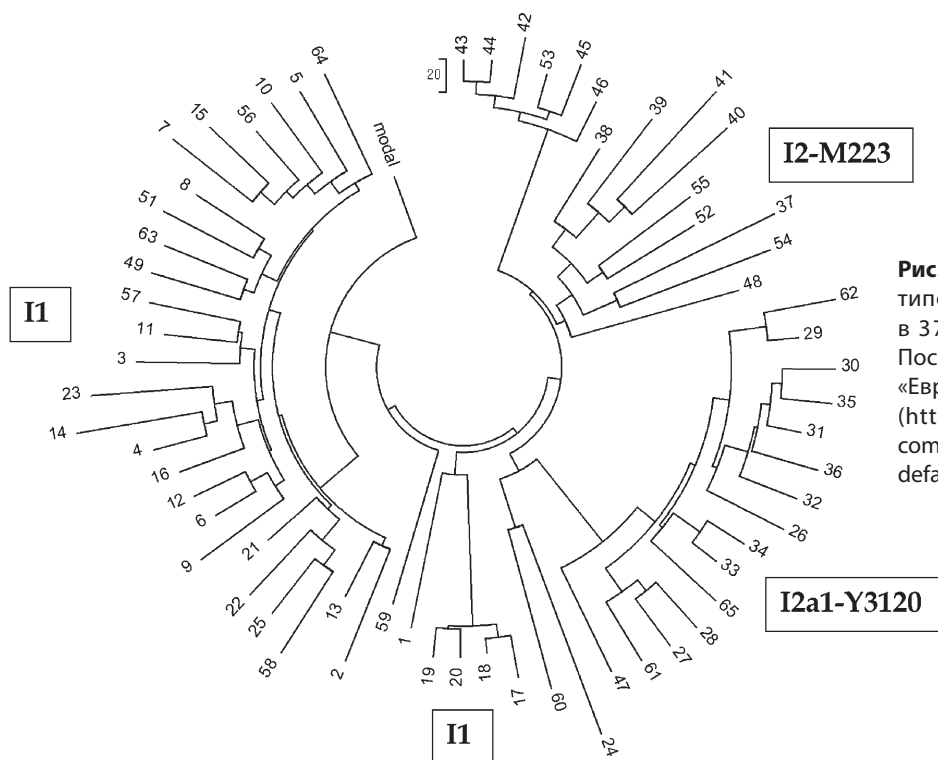
G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-**Z6552**,  
G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > **L1266**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > **PF3146**.

Все 195 гаплотипов субклада M377 из базы данных IRAKAZ–Русская равнина сходятся к предковому гаплотипу, который в точности на всех 37 маркерах идентичен базовому гаплотипу, полученному на 48 гаплотипах, и датировка общего предка на 195 гаплотипах равна  $850 \pm 90$  лет назад, на 48 гаплотипах (см. выше) —  $920 \pm 120$  лет назад. Как видим, эти величины практически одинаковые в пределах погрешности расчетов.

### Гаплогруппы I1 и I2a

В базе данных «Еврейского проекта» эти гаплогруппы не разделены. Восполним этот недостаток, построив дерево гаплотипов (рис. 140). Оно разделилось на ветви, основные сипы которых указаны там же.



**Рис. 140.** Дерево из 64 гаплотипов евреев гаплогруппы I в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>)

Оказалось, что в выборке в «Еврейском проекте» FTDNA гаплотипы субкладов I1 и I2 разделились точно поровну. Но это отражение европейской выборки с перевесом в сторону Западной и Центральной Европы. Как показано ниже, при переходе на Русскую равнину гаплотипы группы I1 почти исчезают из выборки, как не характерные для славян. Этот положение важно, потому что гаплогруппа I (как I1, так и I2) для евреев нехарактерна, это все «заимствованные» гаплотипы. По той же причине на дереве на рис. 140 есть ветвь западноевропейского снипа I2-M223, а на Русской равнине она не представлена.

Левая сторона дерева (гаплогруппа I1) из 26 гаплотипов имеет следующий базовый гаплотип: 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 — 10 10 19 21 14 14 16 20 35 37 12 10,

что в точности соответствует первым 37 маркерам в предковом гаплотипе, полученным при анализе 968 гаплотипов гаплогруппы I1 в 111-маркерном формате:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11 11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24 17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

Датировка общего предка левой части дерева —  $3600 \pm 420$  лет назад, что практически совпадает с датировками по «референсным» выборкам из 968 гаплотипов —  $3686 \pm 369$  и  $3618 \pm 363$  года назад (без округления) при расчетах по 111- и 67-маркерным гаплотипам.

Ветвь из 15 гаплотипов в правой нижней части дерева, отнесенной к субкладу I2a-Y3120, имеет базовый гаплотип:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11 11 25 15 20 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12 18 17 34 35 11 10,

с датировкой общего предка  $2560 \pm 345$  лет назад (без округления). Это тот же базовый гаплотип, найденный ранее как «референсный» для субклада I2a-Y3120 и описанный выше. Его 111-маркерный вариант выглядит следующим образом:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11 11 25 15 20 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12 18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12

22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11 12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13 11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25 14 11 16 23 11 **23** 18 10 15 19 9 12 11

и на первых 37 маркерах отличается всего на 1 мутацию (выделена). Общий предок «референсной» серии из 98 гаплотипов жил  $2200 \pm 230$  лет назад, что согласуется с датировкой выше в пределах погрешности расчетов.

Еще одна ветвь на дереве гаплотипов относится к субкладу I2a-M223, который распространен в Западной и Центральной Европе. Эта ветвь в составе 9 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

14 23 15 10 15 16 11 13 11 13 12 31 — 16 8 10 11 11 25 14 20 28 12 14 14 15 — 11 10 19 21 15 14 18 18 34 37 12 10

с датировкой общего предка  $5950 \pm 770$  лет назад. Как видно, между ветвями I2a-M223 (Западная и Центральная Европа) и I2a-Y3120, точнее, между их предковыми гаплотипами, имеется 23 мутации, что эквивалентно расстоянию  $23/0,09 = 256 \rightarrow 366$  условных поколений, или 9150 лет, и их общий предок жил  $(9150 + 5950 + 2560)/2 = 8800$  лет назад. Видимо, это тот общий предок, потомки которого почти все погибли во время «гибели старой Европы», и выжили только носители I2a на Британских островах (в основном) и на Балканах. Потому ветви и расходятся так далеко друг от друга.

Наконец, группа евреев Проекта FTDNA, представленная субкладом I2a2-L596, показывает малую ветвь из 6 гаплотипов в верхней правой части дерева. Она имеет общего предка, который жил  $670 \pm 190$  лет назад с базовым гаплотипом:

14 24 15 10 12 13 11 13 11 12 11 29 — 19 8 8 11 11 24 15 20 33 11 15 15 16 — 11 10 19 21 15 13 17 18 34 39 12 11.

Рассмотрим гаплотипы групп I1 и I2 евреев в базе данных IRAKAZ–Русская равнина. Картина там значительно отличается от той, что показывает база данных «Еврейского проекта». Поскольку на Русской равнине имеется немного носителей гаплогруппы I1, их там немного и среди евреев с этой гаплогруппой. Из 83 гаплотипов группы I только семь относятся к гаплогруппе I1-M253, 54 — к гаплогруппе I2a1-L460, и 22 — к гаплогруппе I2a2-L596 (старое название I2c).

Три образца с гаплогруппой I1 в базе данных типировано просто как I1-M253, два — как I1-Z58, и еще два — как Z63.

Образцы евреев гаплогруппы I2a включают 25 гаплотипов субклада Y3120 с базовым гаплотипом:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 18 8 10 11  
11 25 15 20 31 13 14 15 15 — 10 10 21 21 14 12  
19 16 34 35 11 10,

с датировкой общего предка  $881 \pm 134$  года назад (без округления). Мы видим, что эта серия на Русской равнине имеет намного более недавнего общего предка, чем европейская выборка, и базовый гаплотип отличается от предыдущего (европейских евреев) на 5 мутаций. Это эквивалентно  $5/0,09 = 56 \rightarrow 60$  условным поколениям, или 1,5 тыс. лет дистанции между двумя общими предками, и общий предок этих двух базовых гаплотипов жил  $(1500 + 881 + 2560)/2 = 2500$  лет назад. Очевидно, что это и был общий предок гаплотипов субклада Y3120 европейских евреев, который по расчетам жил  $2560 \pm 345$  лет назад (см. выше).

Группа евреев Русской равнины субклада I2a-M223 из 27 человек имела базовый гаплотип:

13 22 16 10 15 16 11 13 11 13 12 29 — 16 8 9 11  
11 23 14 20 27 14 15 16 16 — 11 10 19 21 15 16  
19 22 35 35 11 10,

с датировкой общего предка  $1130 \pm 160$  лет назад. Это чрезвычайно отличается от базового гаплотипа и датировки соответствующей ветви на рис. 140. Между этими гаплотипами — 24 мутации, что эквивалентно  $24/0,09 = 267 \rightarrow 389$  условным поколениям, или 9725 годам, и их общий предок жил  $(9725 + 5950 + 1130)/2 = 8400$  лет назад. Это согласуется с расчетами 8,8 тыс. лет назад, проведенными выше для соответствующих базовых гаплотипов, в пределах погрешности расчетов. Получается, что европейские евреи получили мутацию субклада I2a-M223 от его носителей, общий предок которых жил почти 6 тыс. лет назад, а евреи Русской равнины — относительно недавно, в конце I тыс. н. э. Эти события были независимыми. Этим и объясняется столь большая разница между двумя группами евреев в базовых гаплотипах и датировках общих предков.

Наконец, группа евреев Русской равнины, представленная субкладом I2a2-L596 в количе-

стве 22 гаплотипов в выборке IRAKAZ, имеет общего предка, который жил  $610 \pm 110$  лет назад и имел базовый гаплотип:

14 24 15 10 12 13 11 13 11 12 11 29 — 19 8 8 11  
11 24 15 20 33 11 15 15 16 — 11 10 19 21 15 13  
17 18 34 39 12 11.

Это — в точности гаплотип того же субклада в ветви из 9 гаплотипов на рис. 140 и сходная датировка в пределах погрешности ( $670 \pm 190$  лет назад).

Таким образом, мы видим, что совершенно разные выборки и с разными количествами гаплотипов дают воспроизводимые данные.

## Гаплогруппа T

Гаплогруппа T — одна из минорных по численности гаплогрупп евреев (см. табл. 49). Но на Русской равнине из выборки в 98 гаплотипов этой гаплогруппы 78 принадлежат евреям (80 %). Поэтому мы рассмотрим как гаплотипы «Еврейского проекта» FTDNA, так и базу данных IRAKAZ — Русская равнина.

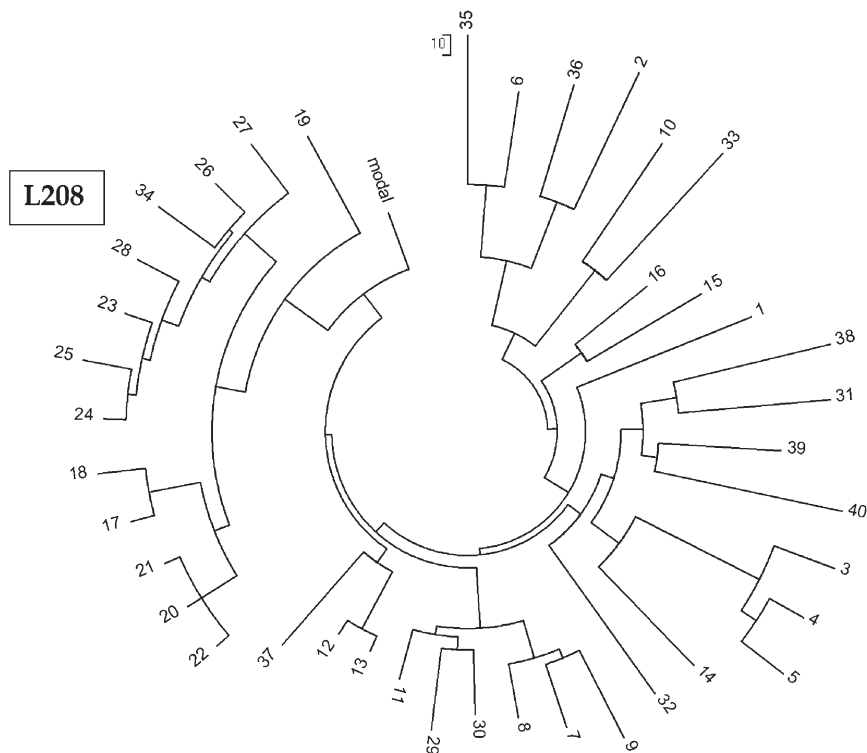
Дерево гаплотипов, построенное по гаплотипам гаплогруппы T евреев базы данных FTDNA, приведено на рис. 141. Как обычно для этой базы данных, большинство гаплотипов типированы только на исходный снип гаплогруппы T-M70. Поскольку гаплотипов мало, то большинство ветвей фрагментарные. На этом фоне выделяется ветвь слева вверху, в которой 7 гаплотипов, из которых пять типированы только на T1a-M70 и один гаплотип указан как относящийся к снипу L208:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > **L208**.

Этот снип образовался 86 снип-мутаций, или примерно 12 тыс. лет, назад и не является информативным при рассмотрении динамики снипов. Сама же ветвь имеет общего предка, который жил всего  $610 \pm 150$  лет назад и имел базовый 67-маркерный гаплотип:

13 23 14 10 15 16 11 12 12 12 13 27 18 9 9 11 13  
26 14 18 33 11 13 15 19 10 9 22 23 16 14 17 16  
38 39 12 9 11 8 16 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 17  
10 12 12 14 8 12 23 19 14 11 11 13 11 11 9 11.

Это опять вписывается в уже известную картину, когда в минорных (по численности) гаплогруппах евреев доминируют «заимствованные» снипы из архаичных ветвей.



**Рис. 141.** Дерево из 40 гаплотипов евреев гаплогруппы Т в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>)

В базе данных IRAKAZ–Русская равнина есть 10 гаплотипов субклада L131:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > **L131**,

но они очень разнородные и сходятся к условному общему предку с датировкой  $4620 \pm 610$  лет назад. Это нехарактерно для линий евреев и может означать, что в этой выборке находятся гаплотипы разных, далеко отстоящих друг от друга линий, которые к евреям практически не относятся. Это же наблюдается с группой гаплотипов субклада L162:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 (= L454) > L208,

68 гаплотипов которого сходятся к условному общему предку с датировкой  $5060 \pm 530$  лет назад.

### Гаплогруппа Q

Количество гаплотипов этой гаплогруппы в «Еврейском проекте» FTDNA равно такому же количеству гаплотипов гаплогруппы Т (3,1 %), рассмотренных в предыдущем разделе. Но про-

исхождение этих гаплогрупп совершенно разное. Судя по имеющимся данным, гаплогруппа Т пришла в Европу с Ближнего Востока, гаплогруппа Q — из Сибири. Из Сибири же древние носители гаплогруппы Q ушли в своей части в Америку через Берингию и заселили обе части американского континента от Аляски до мыса Горн на юге Чили.

Как мы уже не раз описывали в этой книге и в других работах, евреи самых разных гаплогрупп, независимо от их (гаплогрупп) древности, за исключением нескольких, наиболее распространенных, имеют общих предков примерно тысячу лет назад. Это относится и к гаплогруппе Q.

На рис. 142 приведено дерево гаплотипов группы Q. Мы видим, что гаплотипы рассеяны по всему дереву, выраженных доминирующих ветвей там нет, к тому же большинство гаплотипов в Проекте FTDNA отнесены к исходной гаплогруппе Q-M242. Остальные снippets, которые приведены в Проекте, показывают, что почти все гаплотипы дерева относятся к субкладу F1213,

который образовался 95 снип-мутаций, или примерно 14 тыс. лет, назад:

Q-242 > Q2-L275 > Q2a-F1213.

Исключением являются 3 гаплотипа в самой верхней части дерева, которые относятся к субкладам Q1a (гаплотип под номером 36) и Q1b (гаплотипы под номерами 31 и 32). В последующие расчеты они не включались.

Поэтому мы проведем расчеты по определению времени жизни общего предка всего дерева, не отвлекаясь на рассеянные мелкие ветви. Оказалось, что базовый гаплотип всего дерева на рис. 142 следующий:

13 22 13 10 14 16 12 12 12 13 15 29 17 9 9 11 11  
25 14 19 29 14 15 15 16 10 9 19 19 15 14 17 16  
33 38 12 11,

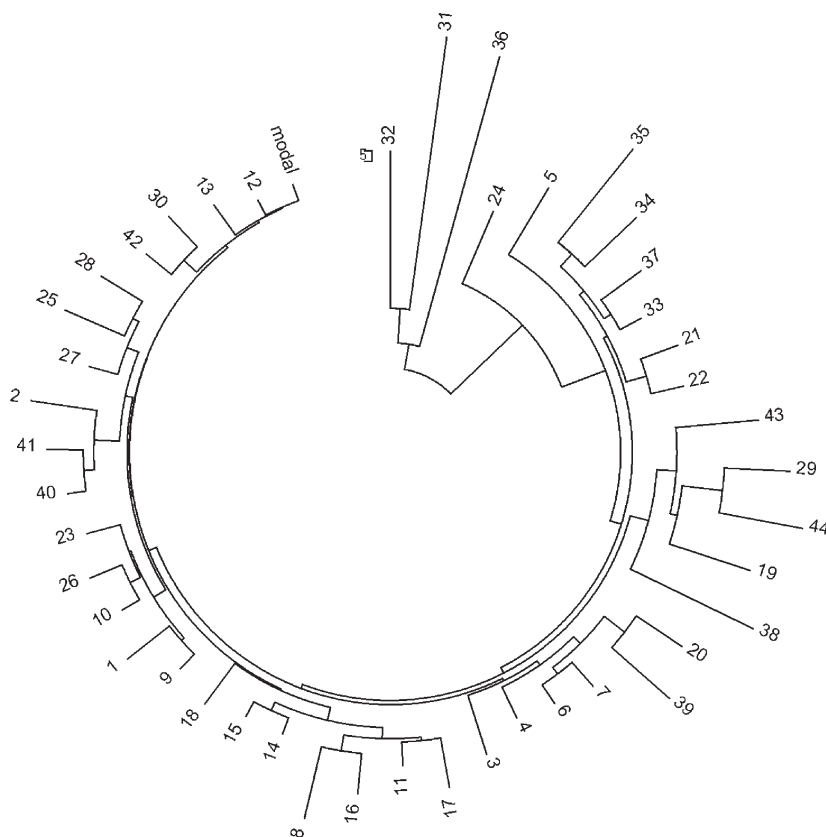
с датировкой общего предка  $1280 \pm 160$  лет назад. Как видим, носители гаплогруппы Q у ев-

реев следуют общему правилу (для минорных в количественном отношении гаплогрупп) — их предки жили в конце I тыс. н. э. Это — хазарские времена, и соответствующие исторические обобщения проведены в первой части настоящей книги.

Рассмотрение базы данных IRAKAZ–Русская равнина, в которой 194 гаплотипа евреев относятся к гаплогруппе Q, показало, что они все имеют снип Y2209, который в иерархии снипов находится значительно «глубже», чем F1213 (см. выше), и образовался 24 снип-мутации, или примерно 3,5 тыс. лет, назад:

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > Q1a1-L214 > L245 > Y2202 > Y2209.

Ясно, что и этот снип недотипирован, и мы можем узнать, насколько. Расчеты показали, что базовый гаплотип всех 194 гаплотипов почти



**Рис. 142.** Дерево из 43 гаплотипов евреев гаплогруппы Q в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>)



такой же, что и приведенный выше для 40 гаплотипов «Еврейского проекта» FTDNA:

13 22 13 10 14 17 12 12 12 13 15 29 17 9 9 11 11  
25 14 19 29 14 15 15 16 10 9 19 19 15 14 17 16  
33 38 12 11,

с той разницей (это и есть «почти»), что в базовом гаплотипе «Еврейского проекта» шестой маркер слева имеет усредненную величину 16,35 (по сорочка этим маркерам серии гаплотипов) и округлен до 16, а в базовом гаплотипе серии гаплотипов из базы IRAKAZ усредненная величина маркера (выделен) равна 16,51 и округлена до 17. На самом деле, конечно, разницы практически нет.

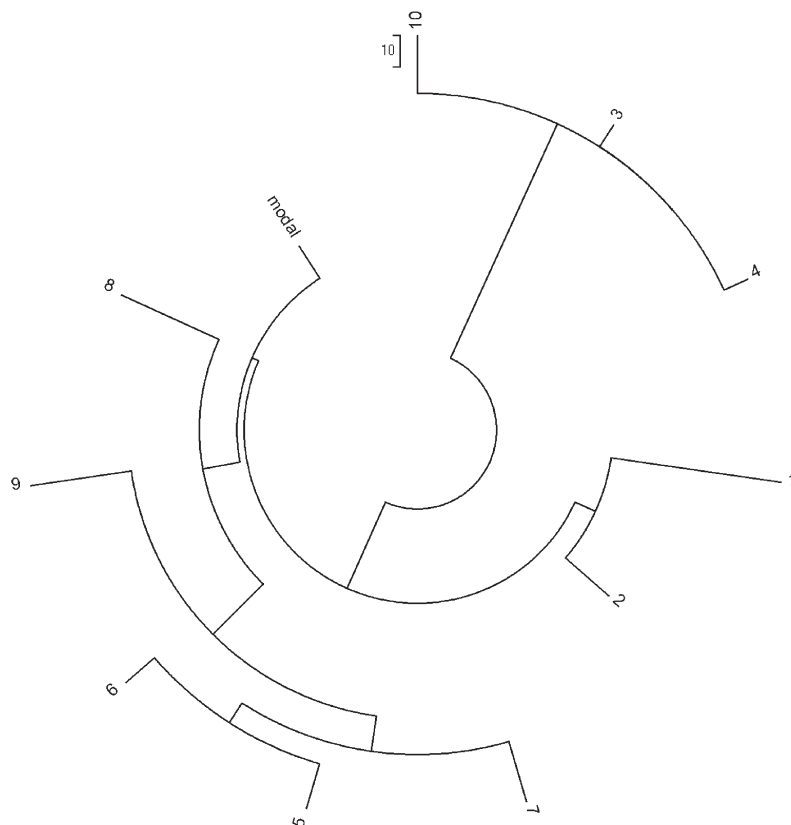
### Гаплогруппа R2a

Дерево евреев этой гаплогруппы из 10 гаплотипов евреев показано на рис. 143. Оно настолько

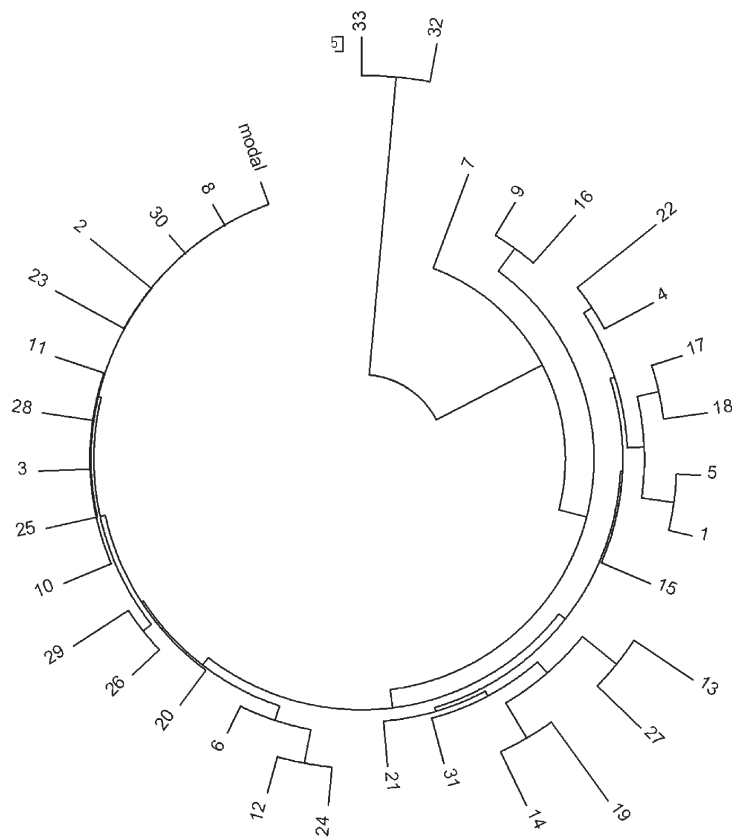
бедное, что анализировать его нецелесообразно, но мы его приводим, чтобы показать неоднородность дерева. Иначе говоря, линии евреев здесь смешанные в отношении разных субкладов. Действительно, расчет датировки условного общего предка по всему дереву (здесь «условный» означает, что мы намеренно идем на смешивание в расчетах разных ДНК-линий) показал, что они жили  $3025 \pm 430$  лет назад, и базовый гаплотип следующий:

14 23 14 10 13 20 12 12 11 14 10 30 17 9 9 11 11  
26 15 19 33 12 12 15 16 10 10 20 21 15 15 18 19  
34 35 12 11.

Обратимся к базе данных IRAKAZ–Русская равнина. В ней — 33 гаплотипа евреев гаплогруппы R2a, с использованием которых построено дерево на рис. 144.



**Рис. 143.** Дерево из 10 гаплотипов евреев гаплогруппы R2a в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из «Еврейского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/JewishDNAProject/default.aspx?section=yresults>)



**Рис. 144.** Дерево из 33 гаплотипов евреев гаплогруппы R2a в 37-маркерном формате. Построено по гаплотипам из базы данных IRAKAZ–Русская равнина. Все гаплотипы на дереве, кроме двух, относятся к субкладу R2a2a-FGC13203, два гаплотипа под номерами 32 и 33 (на вершине дерева) относятся к субкладу R1a2b-Y1211, в последующие расчеты они не включались

Все гаплотипы на дереве (см. подпись к рис. 144) относятся к субкладу R2a2, из них почти все — к линии R2a2a1, и только два гаплотипа относятся к линии R2a2b, в расчеты они не включались. Гаплотипы на дереве в количестве 31 имеют базовый гаплотип, который относится к субкладу F1092:

R2-M479 > R2a-M124 > R2a2-P267 > R2a2a-FGC13203 > FGC13188 > F1092.

Этот последний снип образовался 61 снип-мутацию, то есть примерно 8,8 тыс. лет, назад, и, конечно, недотипирован. На это указывает датировка общего предка 31 гаплотипа, равная  $830 \pm 120$  лет назад, то есть во времена, характерные для минорных (по численности) гаплогрупп евреев. Становится ясным, что гаплотипы группы R2 в «Еврейском проекте» действительно представляют смесь разных линий, что показывают дерево гаплотипов и датировка их «условного общего предка». Базовый гаплотип гаплотипов дерева на рис. 144 (за исключением двух гаплотипов) равен:

14 23 14 10 13 20 12 12 11 14 10 29 16 9 9 11 11  
25 14 19 33 12 12 15 16 10 10 20 20 15 15 17 20  
34 34 12 11.

Опять получаем, что евреи на Русской равнине имеют более однородные линии, чем те, которые представили свои гаплотипы в «Еврейский проект» FTDNA. Возможно, это отражает исторические реальности Европы, но это требует специальных исследований.

### Гаплогруппы N, L, H и D

Эти гаплогруппы в «Еврейском проекте» представлены единичными образцами, и анализировать их нецелесообразно.

## 44. МОЛДАВАНЕ

Согласно данным Всероссийской переписи населения, количество молдаван в РФ составляет 156,4 тыс. человек. Это — первая народность, из перечисленных выше, у которых нет своего ДНК-Проекта (FTDNA или другого) и ко-

торые чрезвычайно мало обращаются за определением своих гаплогруппы и/или гаплотипа. Например, в базе данных IRAKAZ–Русская равнина из 8237 гаплотипов нет ни одного молдаванина, есть только гаплотипы восьми евреев из Молдавии. В «Русском проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/russiadna/default.aspx?section=yresults>) из 1879 гаплотипов есть 3 молдаванина — 1 гаплогруппы E-V13 и 2 R1a, совершенно недотипированных (на уровне сипов M512 и M198, что, впрочем, синонимы). В базе данных IRAKAZ-R1a из почти 9 тыс. гаплотипов есть 2 молдаванина, с субкладами Z280-Z92-Z645-YP270 и Z93-Z94-Z2124-Z2125-S23592-S23201-S10438. В списке YFull из 3 пред-

ставителей Молдавии — все три относятся к южнославянской ветви I2-Y3120.

Сведения о гаплогруппах молдаван есть в базе данных Eupedia (гаплотипы в которой отсутствуют), в академической статье и немного — в списке YFull, см. табл. 52.

Из таблицы вполне очевидно, что сайт Eupedia просто списал данные из цитируемой там таблицы, не дав ссылки, которые на сайте Eupedia не приводят. На самом деле данные цитируемой статьи складываются из двух выборок в Молдавии — в селе Карагасаны на юго-востоке страны и Софии на севере. Это сложение произвели сами авторы, но данные заметно различаются (табл. 53).

**Таблица 52.** Состав гаплогрупп молдаван, приведенный на сайте Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и в статье\*, ссылка на которую дана под таблицей. Обозначение «н/п» — не приведено

Гаплогруппа	По данным Eupedia, 100–250 образцов	По статье*, % от 125 чел.	Согласно списку YFull, чел.
R1a	31	30,4	1
R1a-M17	н/п	17,6	
R1a-M458	н/п	12,8	
I2	24	24	3
I2a	21	24	3
I2a-M423	н/п	20,8	
Y3120	н/п	н/п	3
I2a-M223	3	3,2	0
R1b	16	16	
R1b-M269	н/п	7,2	
R1b-L51	н/п	7,2	
R1b-U106	н/п	1,6	
E1b	13	12,8	
E1b-V13	н/п	8,8	
E1b-M123	н/п	2,4	
E1b-M78	н/п	1,6	
I1	5	4,8	
J1	4	4	2
J2	4	4	1
J2-M172	н/п	3,2	
J2a-M67	н/п	0,8	
N	1,5	1,6	
G	1	0,8	1
T	1	0,8	
Q	0	0,8	

\* Varzari A. et al. *Paleo-Balkan and Slavic Contributions to the Genetic Pool of Moldavians: Insights from the Y Chromosome* // PLOS ONE. 2013. V. 8. №1. P. 1–9.

**Таблица 53.** Состав гаплогрупп молдаван, приведенный в статье, цитированный в предыдущей таблице, по двум выборкам — Карагасаны на юго-востоке страны и Софии на севере страны

Гаплогруппа	Карагасаны, % от 71 чел.	София, % от 54 чел.	Гаплогруппа	Карагасаны, % от 71 чел.	София, % от 54 чел.
R1a	37	22	I1	2,8	7,4
I2a	21,2	27,9	J1	5,6	1,9
I2a-M423	17	26	J2	4,2	4
I2a-M223	4,2	1,9	J2-M172	2,8	3,7
R1b	16	17	J2a-M67	1,4	0
E1b	12,7	13	N	1,4	1,9
E1b-V13	8,5	9,3	G	0	1,9
E1b-M123	4,2	0	T	0	1,9
E1b-M78	0	3,7	Q	0	1,9

Но это различие не столь критично, поскольку гаплогруппа R1a в любом случае является у молдаван численно лидирующей, на втором месте гаплогруппа I2a, на третьем — R1b, на четвертом — гаплогруппа E1b. Локальные перестановки субкладов здесь не имеют особого значения, если только не отвечают на некий специальный вопрос, но малая статистика все равно не позволяет на таковые ответить. Этот набор лидирующих гаплогрупп в целом довольно типичен для Балкан, куда носители гаплогрупп R1a-Z280 прибыли из культуры шнуrowой керамики (5,2 тыс. — 4,3 тыс. лет назад) и/или фатьяновской культуры (4,9 тыс. — 3,5 тыс. лет назад), гаплогруппа I2a является или местной, балканской (I2a-M423-Y3120), или западноевропейской (I2a-M223), где местная определенно численно доминирует. Остальные гаплогруппы и субклады у молдаван мы рассмотрим ниже.

### Гаплогруппа R1a

В цитируемой выше статье приводятся 39 гаплотипов гаплогруппы R1a в нестандартном, 17-маркерном формате, среди которых 23 гаплотипа типированы как M17 (xM458), то есть «не M458», и остальные 16 гаплотипов как M458. Среди последних явно просматриваются гаплотипы субкладов M458-CTS11962 (центральноевропейской группы) и L260 (западнославянской группы). Даже если M17 (xM458)

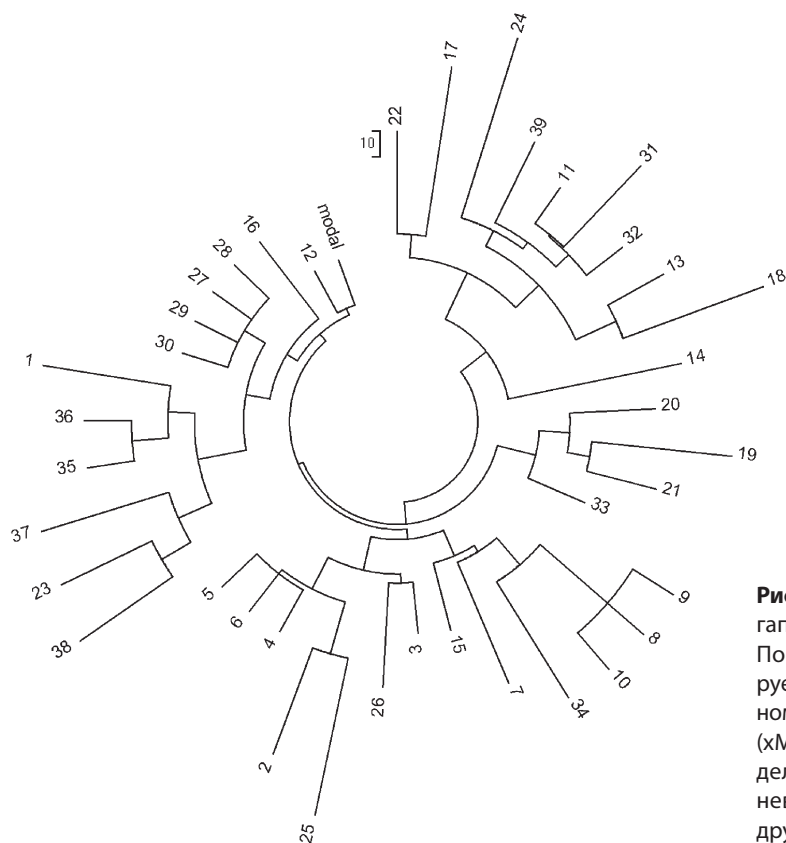
представляют только Z280, мы имеем смесь как минимум трех субкладов, да еще в коротком, 17-маркерном формате. Разделить такую смесь близко к невозможному. Так и получилось, см. дерево гаплотипов на рис. 145.

Формальная обработка всех 39 гаплотипов дает время жизни общего предка всей серии как  $3560 \pm 500$  лет назад (без округления). В принципе, исходя из наличия гаплотипов субкладов Z280 и M458, их общий предок не мог жить позже  $5000 \pm 500$  лет назад, но, как ясно из предыдущего объяснения, эти расчеты могут быть не более чем оценочными.

Единственный молдаванин в списке YFull имеет конечный сноп в следующей цепочке (выделен):

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > Y2630 > **FGC15532**.

Это интересный случай. Вплоть до предпоследнего снипа (Y2630) это типичная еврейская линия («линия левитов») гаплогруппы R1a (см. предыдущий раздел). Но самый последний сноп у евреев не обнаружен, он образовался 7 сноп-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад. Видимо, в те времена некто, будучи членом еврейского сообщества и, возможно, левит, вышел из сообщества по каким-то причинам, и сноп FGC15532 образовался уже в нееврейской среде, поэтому у евреев за последнее тысячелетие не замечен.



**Рис. 145.** Дерево из 39 гаплогипов молдаван гаплогруппы R1a в 17-маркерном формате. Построено по гаплогипам из статьи, цитируемой в подписи к табл. 52. Гаплогипы под номерами 1–23 обозначены в статье как M17 (xM458), 24–39 как M458. Ветви явно не разделяются — либо типирование проведено неверно, либо серия гаплогипов включает другие субклады

## Гаплогруппа I2a

Основной субклад этой гаплогруппы среди молдаван I2a-M423, который представляет в основном сноп Y3120, балканского (дунайского) происхождения.

Дерево гаплогипов этого субклада приведено на рис. 146. Видно, что на дереве имеются несколько примесных гаплогипов, которые выдаются за пределы обычно симметричного дерева. Так, в гаплогипе под номером 16 пара DYS426-DYS388 вместо обычных 11–13 имеет аллели 12–14, в гаплогипе под номером 18 эта пара имеет аллели 11–14, есть еще несколько гаплогипов с необычными мутациями. В итоге хотя базовый (предковый) гаплогип имеет обычный вид в первых 14 аллелях (три последние нестандартные):

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 15 10 12 9 11, датировка времен жизни условного общего предка получается  $3800 \pm 590$  лет назад, вместо обычных  $2100 \pm 230$  лет при расчете по сериям

стандартных гаплогипов, как показано в предшествующих разделах.

В списке YFull имеются три примера молдаван гаплогруппы I2a, все три они относятся к субкладу Y3120, как и ожидалось:

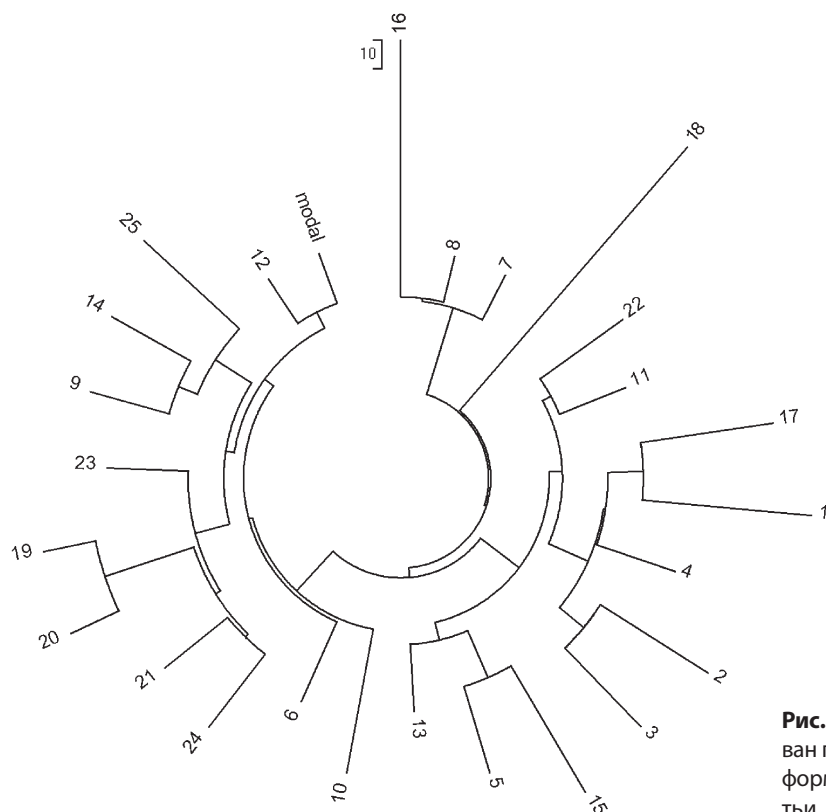
I - M170 > I2 - M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > I2a1a-P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > Y4460 > Y3106 > **Y3118**.

Последний сноп (выделен) образовался 14 сноп-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад.

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > S17250 > RH908 > FT14506 > **Y52621**.

Последний сноп образовался 10 сноп-мутаций, или примерно 1550 лет, назад. Один из предшествующих снопов RH908 найден у немца из земли Баден-Вюртемберг и у русского из Пензы, последний сноп (выделен) — в Сербии и в Боснии-Герцеговине.





**Рис. 146.** Дерево из 25 гаплотипов молдаван гаплогруппы I2a-M423 в 17-маркерном формате. Построено по гаплотипам из статьи, цитируемой в подписи к табл. 52

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > Z17855 > Z17855a > Y12341 > **A19454**.

Последний снип образовался 12 снип-мутаций, или примерно 1,7 тыс. лет, назад.

В цитируемой выше статье приведено только 4 гаплотипа группы I2a-M223, которая образовалась 114 снип-мутаций, или примерно 16,4 тыс. лет, назад. Эти гаплотипы у молдаван очень разнообразны, достаточно сказать, что аллели при маркере DYS393, очень «медленном» в отношении мутаций, равны 13, 14, 15 и 15, что уже означает, что их общий предок жил очень давно. Действительно, все 4 гаплотипа имеют условного общего предка, который жил  $10400 \pm 2300$  лет назад. Это — древние гаплотипы мезолитической Европы.

### Гаплогруппа R1b

Гаплотипов гаплогруппы R1b в цитируемой выше статье мало, и они расходятся по результатам

типирования на различные группы. К сожалению, в статье авторы, популяционные генетики, использовали весьма примитивный и устаревший подход — определяли не конкретные субклады, а «методом тыка», за вычетом других субкладов. Например, сообщали о субкладе M269 (xL51), который мог соответствовать и самому M269, и субкладу L23 (вместе с M269 и другими субкладами), и Z2103, опять в сочетании с M269 и L23, и многим другим. Это же относится и к другим «групповым определениям». Можно сказать только, что в серии были два субклада R1b-U106 с нижестоящими субкладами, что для анализа не подходит, и что в серии были как европейские субклады, так и более древние субклады Русской равнины.

### Гаплогруппа E1b

Основной субклад в гаплогруппе E1b у молдаван — E1b-V13, наиболее распространенный на Балканах. Одиннадцать гаплотипов молдаван этого субклада показали время жизни общего

предка  $3965 \pm 805$  лет назад (без округления) и следующий базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 14 10 12 9 11,  
который в точности соответствует тем же маркерам в базовом гаплотипе, полученным для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате с временем жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Как видим, эти датировки согласуются в пределах погрешностей расчетов.

Три основных субклада гаплогруппы E1b, отмеченные в табл. 52, связаны между собой следующими цепочками снийпов:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > L539 > **M78** > Z1919 > L618 > **V13**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > **M123**.

Они расходятся от снипа M35, который образовался 241 снип-мутацию, то есть примерно 35 тыс. лет, назад. Снип M78 образовался 136 снип-мутаций, или примерно 20 тыс. лет, назад, снип M123 — те же 136 снип-мутаций, и, наконец, снип V13 — 58 снип-мутаций, или примерно 8,3 тыс. лет, назад. Как видим, снийпы в табл. 52 очень недотипированы и несут немного информации в отношении молдаван. По понятным причинам, самого древнего снипа M78 в них почти не осталось, он давно мутировал в нижестоящие субклады, и приведенные в таблице 1,6 % этого снипа у молдаван практически ничего не означают, просто авторы статьи как определили нечто промежуточное, так и сообщили. Этот снип продолжается далее в снипе V13, которого, по сообщению, 8,8 %. Та же история со снипом M123, который образовался 20 тыс. лет назад. Максимум, что можно извлечь из таких измерений, это отнести их к той или другой цепочке снийпов.

Но есть еще одна особенность, которую авторы цитируемой статьи не упомянули, видимо, просто не знали. Древнего носителя снипа E1b-V13 определили по костным остаткам, найденным в некрополе на северо-востоке Испании с археологической датировкой 7 тыс. лет

назад. Поскольку сам V13 образовался примерно 8,3 тыс. лет назад, то неплохое согласование здесь имеется, к тому же нашли носителя этого снипа, а не его первого носителя, как можно полагать. Но современные носители снипа E1b-V13 сходятся к общему предку, который жил всего  $3450 \pm 350$  лет назад (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016. С. 115). Это означает, что данная линия прошла «бутылочное горлышко» выживания после истребления носителей гаплогруппы E1b в Европе, которое проходило как часть «гибели старой Европы» во времена 4,6 тыс. — 4 тыс. лет назад, как описано выше в этой книге.

### Гаплогруппа J1

В списке YFull (<https://www.yfull.com/tree/J1/>) имеются 2 снипа молдаван. Один из них явно еврей, с цепочкой снийпов, рассмотренных выше в разделе о евреях:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Y3081 > Y3082 > Y3087 > S20075 > Y3088 > ZS2432 > **BY172422** (= BY25901).

Его снип (выделен) образовался 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад, как у множества других евреев, уже необязательно из Молдавии. Другая цепочка снийпов следующая:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Y3081 > Y3082 > Y3087 > S20075 > Y3088 > S17446 > Y5400 > Y31161 > **ZS2374**.

Это тоже типичная еврейская ДНК-линия, рассмотренная выше. Последний снип (выделен) образовался 6 снип-мутаций, или примерно 860 лет, назад.

В принципе, носители гаплогруппы J1 далеко не всегда евреи (по происхождению), как многократно показано в данной книге, особенно на примере кавказцев. Но они (не евреи), как правило, уходят своими цепочками снийпов в сторону до снипа P58 или, даже если имеют снип P58, то уходят в сторону на снипах с датировками образования ранее 4 тыс. лет, в крайнем случае ранее 3 тыс. лет. Те люди гаплогруппы J1, снийпы которых образовались позднее 3 тыс. лет, и тем более

позднее 2 тыс. лет, как правило, знают о своих еврейских предках. Если не знают, то с удивлением узнают.

### Гаплогруппа J2

В списке YFull есть всего 1 снип молдаванина, завершающий цепочку снипов:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 > Y11782 > **Y13373**.

Такая же цепочка снипов встречается у немцев, только у них проходит еще ближе к нам по времени. Последний снип здесь (выделен) образовался 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад.

### Гаплогруппа G2a

Снипы этой гаплогруппы нередко кавказского происхождения, где они встречаются особенно часто, особенно линии снипа P303, но потом соответствующие цепочки расходятся на несколько линий, в частности, линий евреев. Единственный снип молдаванина, описанный в списке YFull, завершает следующую цепочку снипов:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > Z3428 > Z6025 > Z5856 > Z6028 > FGC228 > FGC31715 > **FGC31708**.

Он образовался 5 снип-мутаций, или примерно 720 лет, назад. Точно такой же снип опять встречается у евреев.

### Гаплогруппы I1, N, T и Q

Это гаплогруппы у молдаван встречаются в выборке в единичных количествах, в списке YFull их нет, поэтому их анализ в такой ситуации почти невозможен.

## 45. КОРЕЙЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 153 тыс. корейцев. Данных по их ДНК-генеалогической структуре мало, в основной базе данных FTDNA «Корея» ([https://www.familytreedna.com/public/Korea\\_](https://www.familytreedna.com/public/Korea_)

DNA?iframe=yresults) всего 40 гаплотипов. Распределение их по гаплогруппам и субкладам показано в табл. 54. Данные практически всегда относятся к южным корейцам, но поскольку разделение Кореи произошло по историческим меркам недавно, этим разделением в понятиях ДНК-генеалогии можно пренебречь до появления данных, которые позволили бы пересмотреть это предположение.

Как видно, у корейцев в данной выборке численно лидирует гаплогруппа O, причем с большим отрывом, несмотря на некоторый разнобой в данных. Об этом также свидетельствуют совершенно независимые данные о гаплогруппе O в списке YFull, которые тоже лидируют с большим отрывом. На втором месте — гаплогруппа C2, а далее — единичные образцы. Рассмотрим имеющиеся данные. Они показаны в виде дерева гаплотипов на рис. 147.

### Гаплогруппа O

К этой гаплогруппе на дереве гаплотипов на рис. 147 относятся две самые большие ветви — всю левую половину занимает субклад O1b, половину правой части — субклад O2a, которые в минимальном виде записываются следующим образом:

O-M175 > O1-F265 > O1b-P31/M268,

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324.

Все 11 гаплотипов левой части дерева (O1b) сходятся к базовому гаплотипу:

13 23 16 10 10 19 11 12 12 14 13 30 18 9 10 11  
11 25 14 18 30 13 15 16 17 11 10 19 23 15 13 18  
19 33 38 11 13,

с общим предком  $3620 \pm 490$  лет назад (без округления).

Ветвь субклада O2a (верхняя правая часть дерева) сходится к базовому гаплотипу:

12 23 15 10 12 17 11 12 12 12 13 28 18 9 9 11 11  
24 15 20 32 13 13 14 15 10 11 20 22 15 15 19 18  
35 38 11 10,

с общим предком  $7450 \pm 910$  лет назад (без округления). Как видим, в данной выборке относительно недавние ветви отсутствуют, если только не уходить в локальные ветви. Например, верхняя справа ветвь из 6 гаплотипов (17–20, 22, 23) имеет общего предка, который жил  $1810 \pm 350$  лет назад и имел базовый гаплотип:

**Таблица 54.** Состав гаплогрупп (южных) корейцев по данным статьи\*, базы FTDNA «Корея» ([https://www.familytreedna.com/public/Korea\\_DNA?iframe=yresults](https://www.familytreedna.com/public/Korea_DNA?iframe=yresults)) и списку YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	По данным статьи*, 1526 чел., %	По данным статьи**, 506 чел., %	По данным статьи***, 83 чел., %	По данным базы FTDNA, 39 образцов, %	Согласно списку YFull, чел.
O-M175	77,7	78,9	87****	72	49
O1a-M119	2,1	2,2	н/п	0	0
O1b-M268	32,7	32,4	н/п	41	19
O2-M122	42,9	44,3	н/п	31	30
C-M130	14,4	12,5	12	23	10
C1a1-M8	0,4	0,2	н/п	0	3
C2a-L1373	14*****	12,3*****	н/п	3	2
C2b-F1067			н/п	20	5
D1a-M55	1,3	1,6	1,2****	2,5	0
N1	4,7	4,5	0	2,5	5
N1a1-M46	н/п	н/п	н/п	н/п	3
N1a2-L666	н/п	н/п	н/п	н/п	2
Q-M242	1,4	1,4	н/п	н/п	1

\* Рожанский И. Л. Япония и Корея. Ранняя история, этногенез и новый взгляд на образование алтайской языковой макросемьи с позиций ДНК-генеалогии // Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2012. Т. 5. № 12. С. 1526–1551.

\*\* Kim S. H. et al. High frequencies of Y-chromosome haplogroup O2b-SRY465 lineages in Korea: a genetic perspective on the peopling of Korea // Investigative Genetics. 2011. V. 2. № 10. P. 1–11.

\*\*\* Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. № 2. С. 273–277.

\*\*\*\* В цитируемой статье Деренко и др. использовалась архаичная номенклатура гаплогрупп, указанные показатели реконструированы.

\*\*\*\*\* Суммарно C2a и C2b.

13 23 16 10 10 18 11 12 12 14 13 29 18 9 10 11  
11 25 14 18 30 13 14 16 17 11 10 19 23 15 13 18  
18 33 38 11 13,

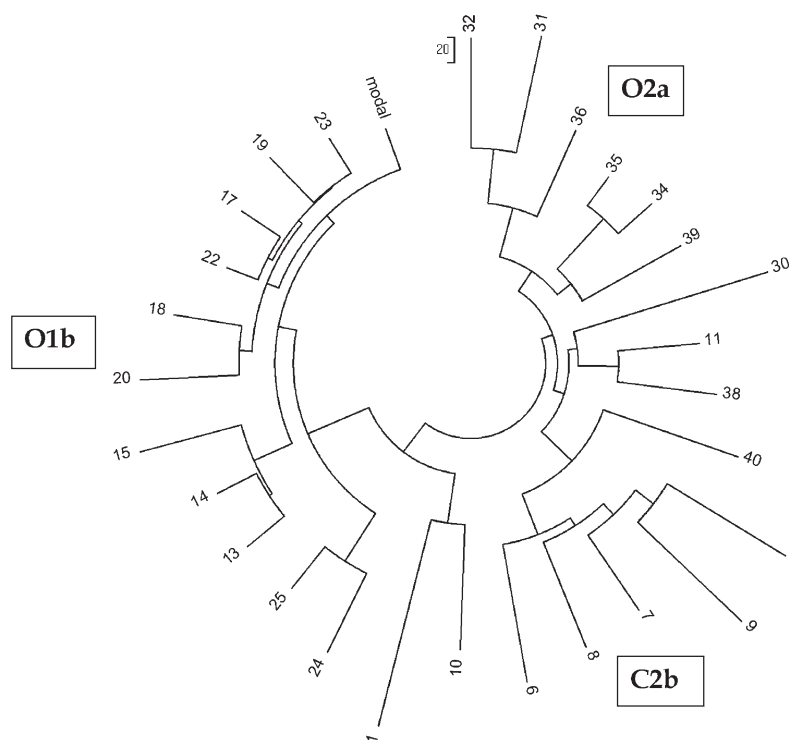
на 6 мутаций отличающийся от предкового гаплотипа всей широкой ветви. Это явно достаточно распространенная ветвь среди корейцев и относительно недавняя, уже нашей эры. Ее характерная снип-мутация RH40, последняя в следующей цепочке снипов:

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > K4 > L682 > K485 > CTS723 > Y24057 > A12448 > **RH40**.

Последний снип образовался 16 снип-мутаций, или  $2300 \pm 700$  лет, назад (погрешности даны на сайте YFull), то есть эта датировка согласуется с датировкой ветви по гаплотипам ( $1810 \pm 350$  лет назад) в пределах погрешности расчетов. Шесть мутаций различия между ба-

зовым гаплотипом всей широкой ветви и подветви эквивалентны  $6/0,09 = 67 \rightarrow 73$  условным поколениям, или 1825 годам. Таким образом, общий предок всей широкой ветви и подветви жил  $(3620 + 1810 + 1825)/2 = 3630$  лет назад, что и есть датировка широкой ветви субклада O1b-M268. Это означает, что расчеты проведены правильно.

В списке YFull есть целая серия снипов корейцев гаплогруппы O. Некоторые мы уже перечислили выше в цепочке снипов (P49, CTS723, A12448, RH40), приведем еще несколько примеров. Это позволит понять динамику образования снипов у ряда корейцев. Эти цепочки снипов показывают, что ДНК-линии корейцев с самого начала расходятся по снипам O1b-M268 и O2a-M324, как указано выше.



**Рис. 147.** Дерево из 28 гаплотипов корейцев в 37-маркерном формате. Построено по данным «Корейского проекта» FTDNA: [https://www.familytreedna.com/public/Korea\\_DNA?iframe=yresults](https://www.familytreedna.com/public/Korea_DNA?iframe=yresults). Показаны основные гаплогруппы

**Линия O1b-M268-P49-F1658-CTS9259 (до 11,4 тыс. лет назад)**

Эта линия продолжалась от образования снипа O1b-M268 еще 198 снип-мутаций, или примерно 28,5 тыс. лет, назад, до снипа CTS9259, который образовался 79 снип-мутаций, или примерно 11,4 тыс. лет, назад. От последнего снипа линии разошлись на два «рукава», через снипы CTS562 и K10.

**Линия CTS9259-CTS562 (до 11,7 тыс. лет назад)**

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > CTS562 > BY71443 > **BY115072**.

Последний снип (выделен) встретился еще у японца. Этот снип образовался более 5 тыс. лет назад, так что неудивительно, что встретился у других современных народов. Поэтому древние снипы мы здесь не будем датировать, это малоинформативно, отметим только недавние, как более специфичные по территориям.

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > CTS562 > BY71443 > **MF14248** (2 человека в списке YFull среди 36).

**Линия CTS9259-K10-K4-L682 (до 5,9 тыс. лет назад)**

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > K4 > L682 > K485 > **CTS723** > A23652 > **A23653** > **A23658** > **Y165475** (последний снип — 2 человека в списке YFull).

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > K4 > L682 > K485 > CTS723 > Y24057 > **MF14220** (2 человека в списке YFull).

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > K4 > L682 > K485 > CTS723 > Y24057 > **A12448** > **PH40** (2 и 1 человек).

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > K4 > L682 > K485 > CTS723 > Y24057 > Y26376 > Y65460 > **MF14346** (2 человека).

**Линия CTS9259-K10-47Z-K2 (до 5,5 тыс. лет назад)**

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > 47Z > **K2** > K14 > **Z24594**.

Снип K2 найден еще у японца. Последний снип (Z24594) образовался всего 13 снип-



мутаций назад, то есть примерно 1,9 тыс. лет назад, уже в нашей эре.

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > 47Z > K2 > Z24599 > **Y181118**.

Последний снип найден также в Китае. Он образовался за 1,5 тыс. лет до н. э.

**Линия O2a-M324-L465-IMS-JST002611 (до 17,3 тыс. лет назад)**

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > L465 > IMS-JST002611 > CTS10573 > MF7367 > **MF9367**.

Последний снип найден также у японца.

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > L465 > IMS-JST002611 > F18 > F238 > F134 > F1894 > MF18144 > **F18567**.

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > L465 > IMS-JST002611 > F18 > F117 > F11 > CTS12877 > **F16635**.

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > L465 > IMS-JST002611 > F18 > F117 > F11 > CTS12877 > **CTS257**.

Последний снип найден также у японца.

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > L465 > IMS-JST002611 > F18 > F117 > F11 > F4062 > FGC54474 > **MF9523** (2 человека).

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > L465 > IMS-JST002611 > F18 > F117 > F11 > F4062 > Y15976 > Y16154 > Y26383 > SK1686 > **Y46851** > **Y166118**.

Последний снип образовался 8 снип-мутаций, или примерно 1150 лет, назад, в конце первого — начале второго тысячелетия нашей эры.

**Линия O2a-M324-P201-M188 (до 22 тыс. лет назад)**

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > P201 > M188 > CTS445 > CTS201 > MF18110 > FGC50643 > FGC50649 > FGC50558 > **Y165513**.

У последнего снипа в списке стоит редкая приписка, что он — из Северной Кореи.

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > P201 > M188 > CTS445 > CTS201 > MF18110 > FGC50643 > FGC50649 > FGC50558 > FGC50535 > FGC50540 > **FGC50613**.

**Линия O2a-M324-P201-P164-F3237 (до 18,4 тыс. лет назад)**

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > P201 > P164 > F3237 > A16433 > Y125645 > PF5573 > **Y101407**.

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > P201 > P164 > F3237 > F871 > F706 > F1010 > **Y170907**.

**Линия O2a-M324-P201-P164-M134 (до 19,2 тыс. лет назад)**

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > P201 > P164 > M134 > Y20 > Y12 > CTS2643 > F275 > F14411 > **CTS2815**.

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > P201 > P164 > M134 > Y20 > Y12 > CTS2643 > CTS3776 > CTS3763 > Y7110 > Y13527 > FGC16888 > **MF805**.

Последний снип найден также в Китае.

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > P201 > P164 > M134 > CTS12991 > M1706 > A9459 > F14249 > **Y81597**.

Последний снип найден и в Северной Корее.

Мы видим, что основные ДНК-линии корейцев разошлись еще в далекие доисторические времена, так что корейцы никак не являются компактным родовым образованием.

## Гаплогруппа С

Гаплогруппы С в данной выборке корейцев относительно мало (см. табл. 54). Об этом же говорит и намного меньшее число примеров в списке YFull (та же таблица). В основном это линия C2b с единичным примером линии C1.

Гаплотипы группы C2b образуют довольно четкую ветвь на дереве гаплотипов (рис. 147) с базовым гаплотипом:

14 23 15 10 11 18 11 13 11 13 11 30 16 8 8 11 11  
26 14 21 30 12 13 14 15 11 10 21 22 15 15 18 16  
32 37 13 10,

носитель которого жил  $5560 \pm 840$  лет назад. Судя по отнесениям гаплотипов этой ветви в указанной базе данных, они соответствуют снипу CTS3385, который образовался 64 снип-мутации, или примерно 9,2 тыс. лет, назад, и/или его нижестоящим снипам, например, таким, которые были найдены у чеченцев, последний снип образовался 31 снип-мутацию, или примерно 4,5 тыс. лет, назад, предпоследний — 45 снип-мутаций, или примерно 6,5 тыс. лет, назад.

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > Z1300 > K700 > CTS3385 > FGC45548 > RH2194.

В списке YFull есть серия снипов корейцев гаплогрупп C2 и C1. Как во многих примерах выше, они позволяют понять динамику образования снипов у ряда корейцев.

**Линия C2-M217-F1067-F2613-Z1300 (до 10,9 тыс. лет назад)**

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > Z1300 > K700 > CTS3385 > FGC45548 > PH2194 > **Y37829**.

Это — те самые снии, что соотносятся с ветвью на древе гаплотипов, обсуждаемой выше. Последний сноп образовался 28 сноп-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад. Это даже более поздняя датировка, чем жил общий предок ветви C2b дерева гаплотипов. Этот сноп, Y37829, был найден в Китае и в Чеченской Республике.

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > Z1300 > CTS2657 > A14895 > **Y37069**.

Последний сноп был также найден в Китае.

**Линия C2-M217-F1067-F2613-F845-CTS10923 (до 7,6 тыс. лет назад)**

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > F845 > CTS10923 > **Y81530**.

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > F845 > CTS10923 > F5477 > F11898 > MF1015 > MF1017 > Y81534 > **Y83141**.

**Линия C2-M217-L1373-F3447 (до 16,7 тыс. лет назад)**

C-M130 > C2-M217 > L1373 > F3447 > ACT1932 > **Y165510**.

Последний сноп был также найден в Китае.

C-M130 > C2-M217 > L1373 > F3447 > F1699 > M8574 > **Y176542**.

**Линия C1-F3393 (сноп образовался 47 тыс. лет назад)**

C-M130 > C1-F3393 > C1a-CTS11043 > M8 > CTS9336 > CTS6678 > **Z7972**.

Как видим, линии гаплогруппы С у корейцев являются очень древними и расходились много тысяч лет назад, порой и десятки тысяч лет назад.

**Гаплогруппа N**

Гаплотипов этой гаплогруппы нет в корейской базе данных, ссылка на которую дана выше. Но в списке YFull есть 5 образцов, принадлежащих корейцам, правда, цепочки этих снов переплетаются с японскими и будут обсуждаться совместно с японскими в разделе «Японцы». Здесь приведем только одну цепочку снов:

N-M231 > N1-L24762 > N1a-L729 > N1a2-L666 > N1a2a-F1101 > F1154 > Y23741 > M128 > CTS1350 > **F1998**,

чтобы заметить, что от снпа L666 цепочка расходится на N1a2a-F1101 и N1a2b-P43, последний довольно широко распространен на севере и северо-востоке европейской части России.

**Гаплогруппа D**

В корейской базе данных имеется только один гаплотип этой гаплогруппы, со сном Z1500, который найден также в Японии. Он завершает следующую цепочку снов:

D-CTS3946 > D1-M174 > D1a-CTS11577 > Z3660 > M64.1 > Z1622 > M125 > IMS-JST022457 > IMS-JST006841 > CTS3397 > **Z1500** и образовался 27 сноп-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад.

\*\*\*

Мы вернемся к обсуждению ДНК-генеалогии корейцев в разделе, описывающем ДНК-генеалогия японцев, в той части, где проводится сравнительное обсуждение гаплогрупп, субкладов и гаплотипов японцев и корейцев.

**46. ТАБАСАРАНЫ**

Табасараны — одна из народностей Дагестана, согласно Всероссийской переписи населения (2010 г.), их насчитывают несколько больше 146 тыс. человек. Из них 81 % проживает в Дагестане, около 5 % — в Ставропольском крае, 1,7 % — в Ростовской области, 1,1 % — в Чеченской Республике, остальные — в Краснодарском крае, в Саратовской и Астраханской областях и так далее. В отношении их родовой принадлежности (гаплогруппы и субклады) данных почти нет, в базах данных FTDNA они практически не встречаются. Немногие показатели приведены в табл. 55.

Гаплотипы 23 табасаран приведены в статье Tofanelli S., et al. J1-M267 Y lineage marks climate-driven pre-historical human displacements // European Journal of Human Genetics. 2009. V. 17. №11. P. 1520–1524. В этой статье приведен список из свыше 200 гаплотипов гаплогруппы J1 в 20-маркерном формате, собранных в разных регионах мира, в том числе 87 гаплотипов из Дагестана. В дагестанской выборке были пред-

ставлены 23 табасарана гаплогруппы J1. Дерево всех этих гаплотипов было построено и проанализировано в статье А. А. Алиева и А. А. Клёсова «Часть горских евреев — потомки Авраама по мужской линии» (Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2010. Т. 3. №3. С. 379–384). Все дерево в целом имело общего предка, который жил  $3850 \pm 650$  лет назад. Сведения о гаплотипах табасаран кратко обсуждаются ниже в разделе «Горские евреи».

**Таблица 55.** Состав гаплогрупп табасаранов по данным диссертации канд. биол. наук Б. Б. Юнусбаева\*

Гаплогруппа	По данным диссертации*, 43 чел., %
J1	49
R1b	40
C	7
J2	2
R1a	2
G	0

\* Юнусбаев Б. Б. Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y-хромосомы и A1U-инсерций: дисс. канд. биол. наук: 03.00.15. Уфа, 2006. 107 с.

В литературе считается, что табасараны близки лезгинам, поскольку их язык относится к лезгинской группе. Но данные табл. 33 в главе о лезгинах показывают, что в отношении родового состава это не совсем так. В табл. 56 эти данные воспроизводятся в сокращенном виде.

Хотя основная гаплогруппа J1 является преобладающей у табасаранов и лезгинов и в целом согласуется по процентному содержанию, но такая же картина наблюдается по всему Восточному Кавказу. Содержание гаплогруппы R1b у табасаранов намного выше, гаплогруппы C у лезгинов по выборкам не обнаружено, и, хотя гаплогрупп J2 и R1a у табасаранов и лезгинов одинаково мало, содержание гаплогруппы G у лезгинов несравненно выше, чем у табасаранов. Конечно, выборки малы, но таково сравнение «на первый взгляд».

**Таблица 56.** Состав лезгин по гаплогруппам. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	По данным Eupedia в %, 100–250 чел.	По данным статьи*, % от 80 чел.	По данным диссертации**, % от 31 чел.
J1	43,5	44	58
R1b	21,5	30	16
C	н/п	н/п	н/п
J2a	1,5	2,5	н/п
R1a	2,5	4	н/п
G2a	17,5	14	10

\* Balanovsky, O. et al. (2011) Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region. *Mol. Biol. Evol.* 28, 2905–2920.

\*\* Б. Б. Юнусбаев. Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y-хромосомы и a1u-инсерций. Дисс. канд. биол. наук, Уфа, 2006.

## 47. ТУРКИ

По данным Всероссийской переписи, в РФ проживают 105 тыс. турок. Состав турок по гаплогруппам приведен в табл. 57. Поскольку Проект «Турки» FTDNA включает гаплотипы представителей 58 стран мира, в том числе таких, как Япония, Финляндия, страны Ближнего Востока, Украина, Россия, Белоруссия, Израиль, Англия, Ирландия, Шотландия и многие другие, и таких было две трети от всех гаплотипов на сайте, то в табл. 57 оба варианта были представлены отдельными колонками — все гаплотипы Проекта и только те, которые были помечены «Турция». Как видно из табл. 57, все представители других народностей на самом деле были действительно турками, так как статистика по гаплогруппам в обоих случаях примерно одна и та же. Поэтому в дальнейшем в этой главе все гаплотипы Проекта будут рассматриваться как принадлежащие туркам.

Как видно из табл. 57, состав турок по гаплогруппам в целом совпадает с данными сайтов Eupedia и Проекта «Турки» FTDNA, и превалирующие по относительному количеству гаплогруппы у турок в целом одни и те же. С порядком гаплогрупп в таблице в целом согласуется также число снипов турок по гаплогруппам, приведенное в списке YFull.

**Таблица 57.** Состав гаплогрупп турок по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna-haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna-haplogroups.shtml)), Проекта «Турки» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/turkey?iframe=yresults>) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	Eupedia, состав в %, 500–1000 чел.*	Проект FTDNA, состав в %, 409 чел.**	Проект FTDNA, состав в %, 145 чел.***	Численность в списке YFull, чел.
J2	24	22	24	28
R1b	16	17	15	15
G2a	11	9,3	11	11
E1b	11	8,8	8,3	9
R1a	7,5	11,5	11,7	3
J1	9	9	9,7	12
I2	4,5	4,4	3,5	4
I2a	н/п	4,4	3,5	
I2a2	н/п	1	0	
I2b	0,5	н/п	н/п	
L	н/п	4,2	4,8	13
N1a	4	2,7	2,8	8
T	2,5	2,2	3,4	6
Q	2	1	0,7	3
I	н/п	1,5	0,7	
1	1	1	0,7	3
R2	н/п	1,5	2,1	0
C	н/п	1,5	1,4	1
O	н/п	0,7	0	0
D	н/п	0,5	0	0
H	н/п	0,2	0	0
F	н/п	0,2	0	0
B	н/п	0,2	0	0

\* По сообщению сайта Eupedia.

\*\* По данным Проекта «Турки» с включением представителей 58 стран мира, вероятно, турок, хотя на сайте не пояснено.

\*\*\* По данным проекта «Турки», только те, кто обозначен «Турция».

## Гаплогруппа J2

Четверть всех гаплотипов в выборке относится к этой гаплогруппе. На дереве гаплотипов (рис. 148) видно, что они разделяются на две неравные по числу гаплотипов ветви: в одной 20 гаплотипов, в другой 48 гаплотипов. Обработка данных показывает, что базовый (условный предковый) гаплотип малой ветви:

12 24 15 10 14 17 11 15 12 13 11 29 16 8 9 11 11  
24 15 20 28 13 14 15 16 11 10 19 21 14 14 17 17  
34 36 11 9

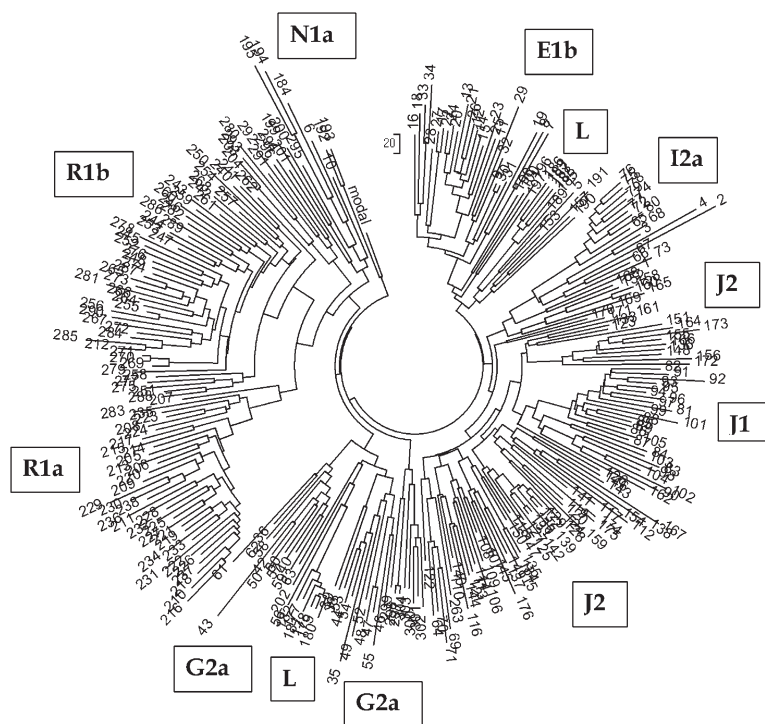
относится к субкладу J2b-M102 и похож на соответствующие гаплотипы того же субклада жите-

лей Армении, Грузии, России, Белоруссии, эрзи, мокши и представителей других регионов. Общий предок турок этой ветви жил  $9570 \pm 1050$  лет назад (без округления), что по древности согласуется с общими предками субклада J2b-M102 в других регионах.

Базовый гаплотип большой ветви на дереве относится к субкладу J2a-M410:

12 23 14 10 13 16 11 16 11 13 11 29 16 9 9 11 11  
25 15 21 30 12 13 15 16 10 10 19 22 15 14 17 17  
35 37 11 9,

и его общий предок жил  $7515 \pm 790$  лет назад. Эти два гаплотипа различаются на 18 мутаций, то есть



**Рис. 148.** Дерево из 296 гаплотипов турков в 37-маркерном формате. Построено по данным Проекта «Турки» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/turkey?iframe=yresults>. Показаны основные гаплогруппы

на  $18/0,09 = 200 \rightarrow 263$  условных поколения, или на 6575 лет, и их общий предок жил примерно  $(6575 + 9570 + 7515)/2 = 11\,830$  лет назад, с соответствующей погрешностью  $\pm 1000$  лет. Эта погрешность ничего не меняет, поскольку вывод такой, что это древние гаплогруппы, заметно более древние, чем предковые гаплотипы гаплогруппы J1. Собственно, такая многотысячелетняя разница во временах жизни общих предков J2a и J2b будущих турков и разводит столь заметно соответствующие ветви на дереве гаплотипов.

Причина такого различия в датировках предков «выживших» гаплотипов групп J2 и J1 остается непонятной, но она почти повсеместно имеет место. Например, гаплотипы евреев гаплогруппы J1 имеют общего предка не древнее 4 тыс. лет назад, в крайнем случае 5 тыс. лет назад. Это можно было бы объяснить «библейским потопом», который мог произойти на Ближнем Востоке и который по каким-то причинам не затронул места обитания гаплогруппы J2a у будущих евреев и арабов, но к этому нет других убедительных данных.

Мы не будем выписывать здесь все 28 цепочек сипов для турецких образцов гаплогруппы J2 из списка YFull, но приведем несколько репре-

зентативных примеров для субкладов J2a и J2b. Многие из них встречаются в других регионах, помимо Турции, особенно в Армении, но также в Осетии, России, Белоруссии, Казахстане. Как правило, конечные сипы в этих цепочках образовались многие тысячелетия назад, поэтому не являются специфичными для Турции.

#### **Субклад J2a-M410**

**Линия, расходящаяся от J2a-M410-PF4610 до Z6046 (17 тыс. лет назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Y12603 > Y12379 > Y12378 > Y12599 > Y12618 > Y16464 > **Y25817**.

**Линия, расходящаяся от J2a-M410-PF4610-L26-PF5087 (15,8 тыс. лет назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > **CTS6804**. J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > SK1382 > **L192**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > **L243**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 >



F3133 > Z7706 > Y13534 > FGC9942 > Y23159 > **Z39009**.

Последний сноп образовался всего 4 сноп-мутации, или примерно 575 лет, назад.

**Линия, расходящаяся от J2a-M410-PF4610-L26-PF5087-PF5116-PF5119 (15 тыс. лет назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > **Z6065** > Y13341 > Z7515 > FGC15895 > FGC15923 > YP879 > Y83702 > Y93015 > Y56234 > **Y174925**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > **M67** > Z1847 > Y4036 > Z467 > S11842 > Y15913 > **SK1337**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > Y5014 > M319 > Z17221 > Y5009 > Y5007 > Y5177 > T5178 > Z39482 > **Y23998**.

**Линия J2a-M410-PF5008-L581-Z37823-PF5000 (последний сноп образовался 14,5 тыс. лет назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF5008 > L581 > Z37823 > PF5000 > **Y29673**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF5008 > L581 > Z37823 > PF5000 > PF4993 > PH1795 > **BY114993**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF5008 > L581 > Z37823 > PF5000 > PF4993 > P279 > Y36579 > M340 > **L582**.

**Линия J2a-M410-PF4610-L26-PF5087-PF5116-PF5119-L558-M67-Z1847-Z500 (последний сноп образовался 11,7 тыс. лет назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > Y6240 > PF7394 > Z6264 > Z28602 > **Z28580**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > **PF5116** > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > PF7412 > SK1344 > **Z36892**.

**Линия J2a-M410-PF4610-L26-PF5087-PF5116-PF5119-L558-M67-Z1847-Z7671 (последний сноп образовался 11,5 тыс. лет назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > **Y11200** > Z30677 > **Y17946**.

**Линия J2a-M410-PF4610-L26-PF5087-PF5116-PF5119-L558-M67-Z1847-Y4036-Z467-FGC21348-S11842 (последний сноп образовался 9,8 тыс. лет назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > FGC21348 > S11842 > Y15913 > FGC21347 > **SK1337**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > FGC21348 > S11842 > Z6271 > Z6274 > **PH4809**.

**Линия J2a-M410-PF4610-L26-PF5087-PF5116-PF5119-L558-M67-Z1847-Z500-M92-Z508-Z504 (последний сноп образовался 7,9 тыс. лет назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > PF7412 > SK1344 > **Z36892**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > **Z8096**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > **Y37487**.

#### Субклад J2b-M102

J2 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > **Z600**.

J2 > J2b-M102 > Z534 > M205 > PF7321 > CTS1969 > YP51 > Y22075 > **Y128487**.

Мы видим, что «турецкие» линии гаплогруппы J2 расходятся очень давно, в основном более 10–15 тыс. лет назад, и никак не являются компактными.

#### Гаплогруппа R1b

Из всех субкладов этой гаплогруппы в базе данных «Турки» FTDNA больше половины (54 %) занимают гаплотипы с первым маркером (DYS393), равным 12. Это означает, что более половины гаплотипов в выборке относятся к субкладу R1b-L23-Z2103 и нижестоящим, это — субклады ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) и их потомки. В европейских субкладах гаплогруппы R1b 93 % гаплотипов имеют первый маркер 13. Это, в свою очередь, иллюстрирует направления миграции выходцев из ямной культуры и их по-

томков со стороны Волги через Кавказ по направлению к Турции. Видимо, этим объясняется форма ветви гаплогруппы R1b на дереве гаплотипов (рис. 148), близкая к симметричной. Все гаплотипы гаплогруппы R1b из турецкой выборки в 37-маркерном формате имеют датировку общего предка  $4850 \pm 520$  лет назад, все гаплотипы из той же выборки с первым числом 12 (DTS393 = 12) имеют датировку общего предка  $4540 \pm 530$  лет назад, то есть согласуются с археологической датировкой ямной культуры, как и базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 18 11 11 19 23 16 15 18  
17 36 38 12 12,

который всего на 2 мутации (фактически, на 1,45 мутации по усредненным величинам) отличается от базового гаплотипа субклада R1b-Z2103, полученного в независимой выборке из 204 гаплотипов (в основном российской) в 111-маркерном формате:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
10 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 11 11.

Остальные гаплотипы в турецкой выборке включают типичные европейские гаплотипы субкладов R1b-P312, R1b-U106 и другие, а также гаплотипы архаичных линий, показанных ниже в виде цепочек снупов по списку YFull. Почти все показанные ниже цепочки снупов найдены также в Армении.

Z2103 > Y13369 > L584 > Y18781 > PH2731 > PH655 > PH1732 > PH3425 > **PH3610** (2 человека).

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > **Y70805** (= **Y60519**).

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y18687 > **BY127002**.

Z2103 > Y4364 > BY13762 (= BY13763) > 35893 > **Y102733**.

Z2103 > Y4364 > M12135 > Y91901 > Y86971 > Y81705 > **Y92006**.

По списку YFull, почти половина всех носителей гаплогруппы R1b в Турции имеют снупы,

нижестоящие от Z2103. Почти столько же носителей снупов архаичных линий:

R1b-M343 > PH155 > PH200 > **Y81807**,  
R1b-M343 > L754 > L389 > V1636 > Y106006 > **Y135345**,

R1b-M343 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > **FGC31929**,

R1b-M343 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > **Z2118**.

Остальные снупы — типичные для европейских линий (P312, U106 и U152) и Британских островов (L21):

P312 > DF27 > FGC20747 > V3505 > FGC20767 > FGC20770 > V2240 > FGC20758 > V3476 > **Y31658**,

P312 > S461 > L21 > DF13 > DF21 > S5488 > **BY11117**,

P312 > U152 > L2 > DF90 > **FGC32042**,

U106 > S263 > S499 > L48 > L47 > Z159 > S3249 > Y2924 > Y3264 > Y3465 > Y3265 > Y3262 > Y4364 > Y5051 > FGC8564 > A689 > **Y99541**.

## Гаплогруппа G2a

Практически все (или все) образцы гаплотипов гаплогруппы G в Турции относятся к субкладу G2a. Субклада G1 (пока) не найдено.

На дереве гаплотипов имеются две ветви гаплогруппы G2a одинакового размера, отделенные друг от друга ветвью гаплогруппы L. Первая ветвь (с левой стороны дерева) имеет базовый гаплотип:

14 23 15 10 14 16 11 12 12 13 11 30 17 9 9 11 11  
24 16 21 29 12 13 14 14 10 11 20 20 15 14 16 18  
35 38 11 10,

с датировкой общего предка  $7300 \pm 870$  лет назад, вторая ветвь имеет базовый гаплотип:

14 22 15 10 13 15 11 12 12 12 11 29 16 9 9 11 11  
23 16 22 29 12 13 14 14 10 10 19 20 15 14 17 18  
34 37 11 10,

с датировкой общего предка  $5950 \pm 730$  лет назад. Между этими базовыми гаплотипами 12 мутаций, что дает  $12/0,09 = 133 \rightarrow 158$  условных поколений, или 3950 лет, и общий предок обеих ветвей жил  $(3950 + 7300 + 5950)/2 = 8600$  лет назад.

Базовый гаплотип второй ветви соответствует субкладу G2a-M406. На это указывают ряд снупов отдельных гаплотипов ветви, а также то, что базовый гаплотип субклада G2a-M406 армян

(с датировкой  $4407 \pm 483$  года назад) имеет почти такой же вид:

14 **21** 15 10 13 15 11 12 11 12 11 **28** 16 9 9 11 11  
23 16 22 29 12 13 14 14 10 10 19 20 **16** 14 **16** 18  
34 37 11 10.

Между ними всего 4 мутации (выделены), которые на самом деле округлены, и разница составляет 2,5 мутации. Это соответствует разнице между двумя базовыми гаплотипами  $2,5/0,09 = 28 \rightarrow 29$  условных поколений, или примерно 725 лет, и общий предок армянского и турецкого базовых гаплотипов жил примерно 5,5 тыс. лет назад. Это ближе к датировке турецкого гаплотипа, но при таких погрешностях предковым вполне мог бы быть и армянский гаплотип. Сам субклад G2a-M406 образовался 103 снип-мутации, или примерно 15 тыс. лет, назад. Поскольку носители гаплогруппы G2a жили в мезолитической и неолитической Европе как минимум 7 тыс. — 5 тыс. лет назад, что было показано по ископаемым ДНК, и затем были почти полностью истреблены, то есть основания полагать, что выжившие носители G2a, в том числе и G2a-M406, прибыли в Анатолию и будущую Армению после тех трагических событий.

Ряд турецких образцов снипов приведены в списке YFull, и они, как правило, неспецифичны для Турции. Такие же снипы найдены в Алжире, Франции, Греции, Армении, в Чеченской Республике, не в малой степени потому, что все они довольно древние, образовались от 11 тыс. до 3 тыс. лет назад. Соответствующие цепочки снипов следующие.

**Линия G2a2-L1259, а именно M201-P287-P15-L1259-L30-CTS574 (последний снип образовался примерно 13,8 тыс. лет назад)**

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > M3317 > FGC5089 > FGC5081 > L14 > Z17887 > **L645** > Y134757 > **Y134776**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > M3317 > FGC5089 > FGC5081 > L14 > FGC5185 > **Y38327**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > M3317 > FGC5089 > FGC5081 > Z17887 > **Z17886**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > PF3147 > Z36520 > **Z45976**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > **M278**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L13 > Z2022 > Z6759 > Z2017 > Z2026 > CTS12777 > **Z30718**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L13 > Z2022 > Z6759 > Z6764 > FGC1016 > S9751 > Z29424 > **L1263**.

**Линия G2a2-L1259, а именно M201-P287-P15-L1259**

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > Z36520 > **Z45976**.

**Линия G2a1-Z6552**

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Z34352 > Z6553 > Z6653 > Z6679 > Z6692 > Z7958 > Z7940 > **Z7961** > **F2575**.

Как видим, большинство турецких линий гаплогруппы G2a проходят по линии G2a2-L1259, и далее до снипа CTS574, и затем расходятся по нижестоящим линиям. Эти расхождения происходили ранее 10 тыс. лет назад, отсюда высокое разнообразие линий этой гаплогруппы в Турции.

## Гаплогруппа E1b

Этой гаплогруппы у турок всего около 10 %, к тому же ветвь ее на рис. 148 гетерогенная и состоит из шести подветвей, из которых самой большой, занимающей более трети всей ветви, является ветвь снипа E1b-V13. В Европе и, в частности, на Балканах, эта ветвь значительно преобладает, в Турции, как видим, это преобладание меньше выражено.

Если формально посчитать, когда жил общий предок всех шести подветвей, то это будет, конечно, весьма условный общий предок, поскольку все ветви разного размера и, соответственно, вносят разный вклад в расчеты. Его условная датировка  $7000 \pm 760$  лет назад. Все, что можно сказать, что это не ветвь E1b-V13, датировка общего предка которой в Европе  $3450 \pm 350$  лет назад, как сообщалось выше. Последняя датировка была получена с использованием 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, которые показали базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Если же из ветви гаплогруппы E1b на древе турецких гаплотипов (рис. 148) выделить подветвь E1b-V13, то получим базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 **15** 16 17 17 9 11 19 21 **16** 12 17 20  
31 34 11 10,

который отличается от референсного всего на 2 мутации (выделены), а на самом деле там 1,3 мутации разницы, если считать не округляя, а по усредненным аллелям. Общий предок этой малой подветви, в которой всего 10 гаплотипов, жил  $2390 \pm 360$  лет назад. Это позже, чем  $3450 \pm 350$  лет назад в Европе, но от Европы в Турцию еще надо было дойти выжившим европейцам с этим субкладом. К тому же те гаплотипы подветви V13, которые удалось выявить, относятся к нижестоящим снопам данного субклада, например:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > S2979 > Z16659 > **L241**, E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > **L17**.

Как видим, в случае этих цепочек снопов они разошлись от снopa Z5018, который образовался 24 сноп-мутации, при примерно 3,5 тыс. лет, назад, как раз при завершении «бутылочного горлышка» выживания носителей субклада E1b-V13.

Список снопов турецких представителей гаплогруппы E1b на ресурсе YFull включен в следующие цепочки снопов. Многие из них обнаружены у армян, некоторые, особенно древние, — в Англии и в Пуэрто-Рико.

**Линия M96-M5479-P147-M215-M35-L539-M78, в которой последний сноп образовался 20 тыс. лет назад**

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > Y30976 > Y35953 > **PF6784**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 >

Z5016 > Y3762 > CTS6377 > CTS9320 > Z17264 > RH1173 > BY4404 > **BY4418**.

## 48. НОГАЙЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают немногим более 100 тыс. ногайцев, они же ногайские татары, крымские степные татары или носители других наименований, они же имеют статус одного из коренных народов Дагестана. В Дагестане проживает 39 % ногайцев, в Ставропольском крае — 21 %, в Карачаево-Черкесии — 15 %, в сумме это уже составляет 75 %, то есть три четверти от всех ногайцев или во всяком случае тех, кто записал себя как ногайцев в опросные листы. Как видно, это в основном Дагестан и Северный Кавказ, потомки древнего кочевого и полукочевого степного населения, которые жили и кочевали от Дуная до Дона и Волги, реки Урал и Терека.

Данных по гаплогруппам и гаплотипам ногайцев мало, они разрознены по разным источникам, в том числе непрофессиональным. Так, в «Казахском Проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/alash/default.aspx?section=yresults>) среди многих сотен гаплотипов 20 относятся к ногайцам, и они представляют гаплогруппы C, D, E, G, J1, J2, L, N, R1a, R1b. Уже из этого ясно, что ногайцы как степняки имели самое разное происхождение. Принято считать, что ногайцы, казахи и каракалпаки родственны друг другу, и в культурном отношении это может быть верно, но вряд ли преимущественно в ДНК-происхождении.

Упомянутые выше 20 гаплотипов из Проекта FTDNA расходятся не только по гаплогруппам, но и представляют разные древние рода ногайцев — найманы, кобаны, ассы, едишкульцы, мангыты, мажары, куми, коньраты, койясы и другие, это все по самоназваниям тем, кто предоставил гаплотипы и гаплогруппы в Проект. Эти рода тоже расходятся по гаплогруппам, например, куми (один из них конират) имеют гаплогруппы C, J1 (он еще каракипчак), R1b-M73 (кипчак), R1a-Z280 и L; кобаны — гаплогруппы J1 (он еще конират), R1a (он же ас, то есть, по его собственному определению), R1b (тоже ас), D (он еще кара-мангыт); едишкульцы — гаплогруппы C и G, причем носитель C — еще байята, а G — еще кой-



яс; мажар (он еще мангыт) — гаплогруппа E; найманы — гаплогруппы J2 (он еще и кобан) и R1a (еще кобан). Нет сомнений, что эти ногайцы записывали в базу данных свои рода не просто так, а на основании семейных легенд, но эта картина показывает, что она сложная.

Наиболее систематизированная картина состава гаплогрупп ногайцев представлена на сайте Eupedia (табл. 58).

**Таблица 58.** Состав гаплогрупп ногайцев по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), в выборке 100–150 человек (по данным сайта)

Гаплогруппа	Ногайцы, % в выборке
R1b	18
R1a	14,5
J2	13,5
J1	13
N	9
G	8
I	6
Q	0,5
T	0,5
E	0
L	0

Эти данные довольно характерны для популяций со смешанным множественным происхождением, в данном случае — смешивания многочисленных племен, кланов, народностей.

Есть некоторые относительно систематизированные данные по гаплогруппам ногайцев на основании полевых выборок, но они часто друг другу противоречат. Скорее всего, малые выборки брали у различающихся по происхождению популяций. Например, в статье: Сабитов Ж. М., Абдуллин А. К. Y-STR гаплотипы ногайцев в базе данных Family Tree DNA // The Russian Journal of Genetic Genealogy. 2015. Т. 7. №2. С. 40–50, приводятся две выборки — одна кубанских ногайцев (87 чел.), другая караногайцев (76 чел.). Выборки относительно близки друг к другу по численности, но результаты получились буквально противоположными (табл. 59).

Понятно, что при таких расхождениях дальнейшее рассмотрение в подобном формате смысла не имеет.

Можно сопоставить еще несколько выборок ногайцев (табл. 60).

**Таблица 59.** Состав гаплогрупп ногайцев по данным статьи (Сабитов и др., 2015, цитируется выше)

Гаплогруппа	Кубанские ногайцы, чел. в выборке	Караногайцы, чел. в выборке
J1	17	2
R1b1a2	15	2
R1b1a1a	0	12
G2a	12	1
I2a	0	10

По последней ссылке имеются еще разрозненные данные по ногайцам, но вывод достаточно прост — ногайцы имеют самое разное ДНК-происхождение, и это — единственная система, которая просматривается. Из-за разнородности ногайцев исследование их происхождения должно проводиться более систематически и в больших выборках. Более того, сами ногайцы должны быть в этом заинтересованы и более активно определять свои Y-хромосомные показатели. Это позволит им лучше и достовернее понять историю своих родов.

## 49. КИРГИЗЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживает немногим более 100 тыс. киргизов, что составляет приблизительно 2 % от населения Киргизии. В наибольшей численности киргизы живут в сибирских краях: в Красноярском крае — 8 % от количества киргизов в РФ, в Новосибирской области — 6 %, за ними идут Свердловская область, Якутия, Иркутская область — в сумме четверть киргизов в РФ. В Москве и Петербурге — около 5 % от численности киргизов в РФ.

Хотя киргизов порой сравнивают с казахами, как представителями степных народов, их гаплогруппы, значит, и происхождение, значительно различаются. У казахов ведущая гаплогруппа C (42 %), затем идет R1a (19 %), далее G (12 %), которой у киргизов ниже статистического предела обнаружения, и так далее, данные по казахам приведены выше в соответствующем разделе. Киргизы — потомки древних ариев, которые не ушли в Индию, а отправились в Зауралье, много позже стали скифами, хотя сохранили в своих Y-хромосомах снип-мутации древних ариев (сокращенно) R1a-Z93-Z94-Z2123.



**Таблица 60.** Состав гаплогрупп ногайцев по данным статьи (Сабитов и др., 2015, цитируется выше; данные выборки в 87 человек представлены также в статье Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139). Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Кубанские ногайцы*, 87 чел., % в выборке	Караногайцы**, 77 чел., % в выборке	Ногайцы Дагестана***, 16 чел., % в выборке	Ногайцы***, 59 чел., % в выборке
J	38	13	н/п	27
J1	н/п	3	н/п	10
J2	н/п	10	6	17
R1a	13	9	13	15
R1b	17	н/п	н/п	5
G	14	н/п	н/п	12
C	8	10	н/п	15
R1	н/п	н/п	25	н/п
N	4,6	15	н/п	10
N1a1	2,3	н/п	н/п	н/п
Другие	2,3	н/п	н/п	н/п
O	3,4	н/п	6	7
D	1,1	н/п	6	2
K	1,1	н/п	25	н/п
F	0	н/п	6	н/п
L	0	н/п	н/п	3
I1	0	н/п	н/п	2
E	0	н/п	н/п	2

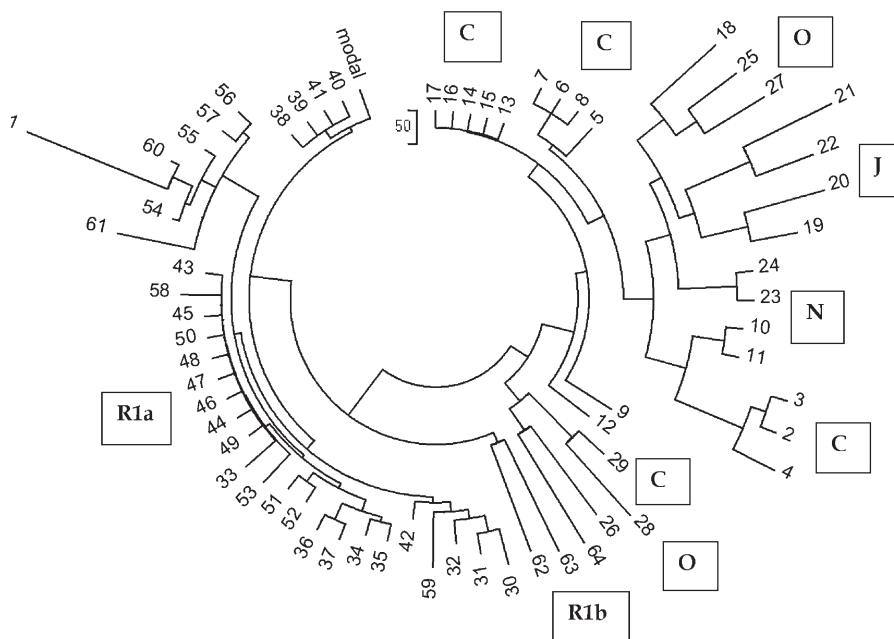
\* Карачаево-Черкессия и Ставропольский край.

\*\* Юнусбаев Б. Б. Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y-хромосомы и A1U-инсерций: дисс. канд. биол. наук: 03.00.15. Уфа, 2006. 107 с.

\*\*\* <https://historic.forum2x2.ru/t62-topic>.

**Таблица 61.** Состав гаплогрупп киргизов по данным «Киргизского Проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/kirgiz/default.aspx?section=yresults>) и статьи Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139, а также списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>)

Гаплогруппа	Выборка FTDNA, 64 чел., %	По статье Tambets et al., 91 чел., %	Число снипов в списке YFull
R1a	50	49.5	3
Z93		н/п	3
Z280		н/п	0
C	27	19	1
O	8	6	0
J	5	8	1 (J1)
R1b	3	2	0
N	3	9	0
E	1.6	0	0
I1	1.6	0	0
R2	1.6	н/п	0
Q	н/п	3	н/п



**Рис. 149.** Дерево 64 гаплотипов в 12-маркерном формате «Киргизского проекта» FTDNA. Указаны гаплогруппы отдельных ветвей. Гаплотип 1 (слева сверху) в Проекте не идентифицирован и в расчеты не включался

В сети есть «Киргизский проект» FTDNA, в котором после удаления казахских гаплотипов осталось 64 участника. К сожалению, большинство из них имеют только 12-маркерные гаплотипы, 20 человек — 37-маркерные, 12 человек — 67-маркерные, и 9 человек — 111-маркерные. Поэтому рассмотрим дерево 12-маркерных гаплотипов киргизов, для иллюстративной цели этого достаточно.

Мы видим, что ветвь гаплогруппы R1a, которая занимает всю левую половину дерева, самая «молодая», ее гаплотипы находятся ближе всего к центральной части дерева. Ветви гаплогруппы C разбросаны по всей остальной части дерева, остальные ветви или очень малы, или представлены всего одним гаплотипом (R2, E, I1).

### Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа представлена на дереве (рис. 149) тремя неравными ветвями, поэтому при расчетах их нельзя смешивать. Самая большая ветвь из 14 гаплотипов имеет в 12-маркерном формате базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 32,

это типичный гаплотип субклада R1a-Z93, обычно нижестоящих снийов Z94 > Z2124 > Z2125 и далее. Общий предок этой ветви у киргизов жил

всего  $730 \pm 270$  лет назад. Родственная ветвь имеет базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 11 14 11 32,

то есть отличается всего на 1 мутацию (выделена) и имеет общего предка  $640 \pm 460$  лет назад, они пересекаются во времени в пределах погрешности расчетов. Различие в 1 мутацию между двумя 12-маркерными гаплотипами разводит из общих предков на  $1/0,02 = 50 \rightarrow 52$  условных поколения, или на 1,3 тыс. лет. Тогда общий предок этих двух базовых гаплотипов жил  $(1300 + 730 + 640)/2 = 1335$  лет назад с определенной погрешностью, то есть в I тыс. н. э. Еще ветвь из 4 гаплотипов (под номерами 38–41) показывает все гаплотипы идентичными друг другу:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31.

Этот гаплотип показывает 1 мутацию с первым базовым гаплотипом выше и 2 мутации со вторым базовым гаплотипом, но этот базовый гаплотип недавний. В итоге так и получается, что общий предок гаплогруппы R1a у киргизов жил в середине-конце I тыс. н. э. Они — потомки скифов.

### Гаплогруппа C2

Это — вторая по численности гаплогруппа у киргизов. Если провести расчеты по всем малым

ветвям гаплогруппы С на дереве гаплотипов (рис. 149), то базовый гаплотип для всех 16 гаплотипов будет следующий:

13 25 15 10 12 13 11 14 10 13 11 29,

и датировка общего предка  $2900 \pm 580$  лет назад. Это тоже не очень древняя датировка и в пределах погрешности согласуется со скифскими временами. Точно такой же гаплотип наблюдался у казахов, как описано в соответствующем разделе выше. Все гаплотипы гаплогруппы С в киргизской базе данных типированы очень поверхностно, все имеют субклад М216 или М217, что соответствует фрагменту цепочки снупов:

С-М130 (= М216) > С2-М217.

Большого с этими гаплотипами сделать практически нельзя.

Остальные гаплогруппы в «Киргизском проекте» представлены единичными гаплотипами.

## 50. ГРЕКИ

Число греков, проживающих в Российской Федерации, согласно Всероссийской переписи населения составило чуть больше 85 тыс. человек. Их состав по гаплогруппам Y-хромосомы представлен в табл. 62.

**Таблица 62.** Состав гаплогрупп греков по сайту Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и данным Проекта «Греки» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Greece?iframe=yresults>). Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	% в выборке Eupedia, более 1000* чел.	% в выборке по данным проекта «Греки», 261 чел.	Число человек в списке YFull. Всего 51 образец
J2	23	20	3
J2a	н/п	13	1
J2b	н/п	7	2
E1b	21	16	12
V13			7
M34			5
R1b	16	16	8
Z2103	н/п	5,7	2
P312	н/п	1,5	4
U106	н/п	0,8	1
V2219	н/п	н/п	1
R1a	12	9	1
I2a1-L460	11	18	20
Y3120	н/п	н/п	15
Y18331			8
Z17855			1
Y4460			2
S17250			4
M436			4
M223			1
I2a2-L596	0	0	0
G2a	6,5	10	3
T	4,5	1,1	1
I1	3,5	2,7	2
J1	3	2,7	2
L	н/п	2,3	0
N	0	0,4	1
Q	0	0,4	0
R2	н/п	0,4	0

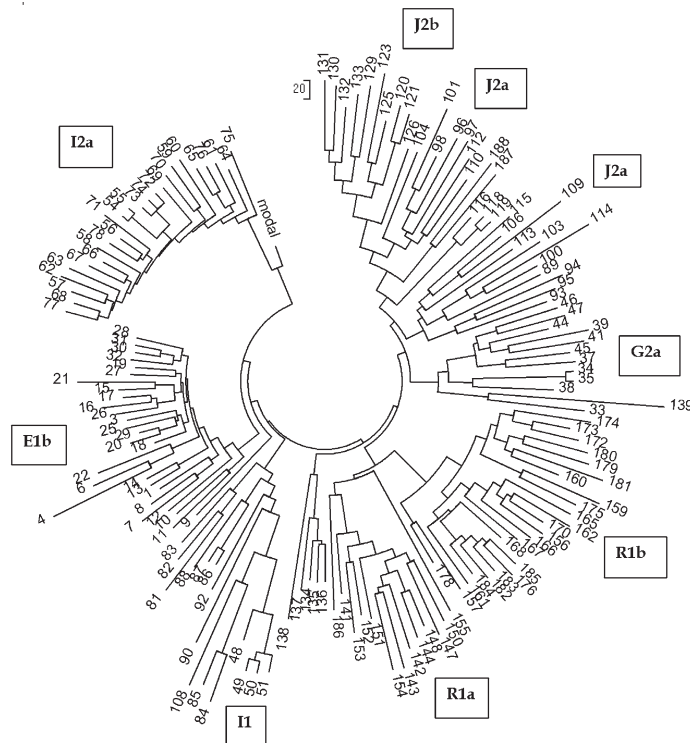
\* По данным Eupedia.

В целом обе выборки, Eupedia и FTDNA, не противоречат друг другу, хотя в ряде позиций несколько различаются. Три основные по численности гаплогруппы у греков — J2, E1b и R1b, хотя гаплогруппа I2 в Проекте «Греки» определенно занимает по численности высокую позицию, выходя на возможное второе место. Как мы позже увидим, это самые «молодые» линии, обычно представленные у южных славян и зародившиеся в самом конце прошлой эры — начале новой эры. Линии J2 и E1b — по всем признакам имеют древнее египетское происхождение и с древности численно разрослись. Линии гаплогруппы R1b смешанные, прибыли из Западной и Центральной Европы в ходе заселения континента носителями культуры колоколовидных кубков и их потомками 4,5 тыс. — 3 тыс. лет назад (субклады R312 и U106), субклада Z2103, который выражен на Кавказе и в Закавказье, а также в Турции, в Греции или обнаружен в относительно малом количестве (выборка FTDNA) или не обнаружен (выборка в списке YFull).

Дерево гаплотипов греков приведено на рис. 150.

### 51–56. АЛТАЙЦЫ (АЛТАЙ-КИЖИ, ТЕЛЕНГИТЫ, ТУБАЛАРЫ, ЧЕЛКАНЦЫ, ТЕЛЕУТЫ, КУМАНДИНЦЫ)

Все перечисленные народности входят в состав алтайцев, но в разных классификациях некоторые из этих народностей выделяются в отдельные категории. По результатам Всероссийской переписи населения, алтайцами себя назвали 74 238 человек, в это число входят более двадцати наименований народностей, которые порой являются синонимами друг друга, и их численность в результатах переписи отдельно не указывается. Среди них, например, алтай-кижи, по которым есть некоторые данные ДНК-генеалогии, поэтому они вынесены в название раздела. Далее, в число, указанное выше, входит численность теленгитов (3712 человек), тубаларов (1965 человек) и челканцев (1181 человек).



**Рис. 150.** Дерево из 155 гаплотипов греков в 37-маркерном формате по данным Проекта «Греки» FTDNA. Указаны гаплогруппы отдельных ветвей

Помимо этого, есть народности, которые по обычным классификациям входят в состав алтайцев, но вынесены отдельными строками в результаты переписи населения, это телеуты (2643 человека) и кумандинцы (2892 человека). Поскольку данных ДНК-генеалогии по ним мало или они не найдены, все эти народности помещены в данный раздел.

Не все они географически относятся к алтайцам. Например, 95 % телеутов и челканцев проживают в Кемеровской области, которая, хотя и граничит на юге с Республикой Алтай и на юго-западе с Алтайским краем, Алтаем не является. Напротив, теленгиты на 98 % проживают в Республике Алтай.

**Таблица 63.** Состав гаплогрупп алтайцев и входящих в них народностей по данным статей Tambets et al. (2018). Указан процент гаплогруппы в выборке. Примечания к табл. 25 о точности приводимых данных относятся и к настоящей таблице. Данные для выборки алтайцев в количестве 98 чел. получены (Karafet et al., 2002)

Гаплогруппа	Алтайцы*, 380 чел.	Алтайцы, 98 чел.	Алтай-кижи*, 120 чел.	Тубалары*, 27 чел.	Челканцы*, 25 чел.
R1a	47,4	46,9	50	37,1	16
Q	16,6	17,3	18,3	44,4	60
C2-M217	11,1	22,4	20	0	0
N-M231	8,4	3	4,2	11,1	20
N1a1-M46	4,2	2	2,5	0	0
D	3,7		5	0	0
R1b	2,9	0	0	0	0
J2	2,6		2,5	0	0
O	2,4		0	0	0
I-M170	1,6	0	0	3,7	0
K*-M9	1,3		0	0	0
F-M89	1,3		0	0	0
G-M201	0,5		0	0	0
E1b	0,3		0	3,7	0
L	0		0	0	4

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

**Таблица 63 (продолжение).** Состав гаплогрупп алтайцев и входящих в них народностей по данным статьи Деренко\* и др. (2006). Указан процент гаплогруппы в выборке

Гаплогруппа	Телеуты, 47 чел., %	Алтай-кижи, 92 чел., %	Гаплогруппа	Телеуты, 47 чел., %	Алтай-кижи, 92 чел., %
R1a	55,3	41	O	0	0
Q	0	28	I-M170	4,3	2,2
C2-M217	8,5	13	K*-M9	0	0
N-M231	10,6	7,6	F-M89	6,4	0
N1a1-M46	10,6	5,4	G-M201	0	1,1
D	0	3,3	E1b	0	0
R1b	12,8	1,1	L	0	0
J	2,1	2,2			

\* Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277.



В табл. 63 не приведены гаплогруппы теленгитов и кумандинцев, поскольку по ним имеются лишь отрывочные данные (некоторые данные по теленгитам приведены ниже в этом разделе). Но у всех основная по численности гаплогруппа — R1a, у всех примерно по 50–55 %. Помимо нее, у теленгитов присутствуют гаплогруппы N1a (около 15–20 %), I (примерно 10 %). У кумандинцев, помимо гаплогруппы R1a, найдены гаплогруппы N1a (12 %) и R1b (15 %).

По данным Всероссийской переписи населения, число теленгитов в РФ составляет примерно 3712 человек, как указано выше, из них в Республике Алтай проживают 98 % от всех. Теленгиты считаются субэтносом алтайцев и — официально — считаются коренным малочисленным народом Российской Федерации.

Теленгиты довольно бегло изучались в статье М. Б. Лавряшиной и др. «Коренные народы Алтае-Саян: соотношения генофондов» (2003–2008) (<https://www.genofond.ru/genofond.binec.ru/default225f0.html?s=0&p=701>).

Работа выполнялась под руководством и при участии популяционных генетиков, и опять, как водится, к «генофондам» никакого отношения не имела. Как обычно, популяционные ошибочно (или по неряшливости, или «чтобы было красиво») назвали «генофондом» гаплогруппы, что не есть генофонд. Гаплогруппы — не гены, об этом уже писалось в этой книге в предыдущих разделах. В статье многократно повторяется, что по «генофонду» (на самом деле по составу гаплогрупп) теленгиты близки к народу алтай-кижи. Как показано на рис. 151, относительная близость есть, но скорее на качественном уровне или в лучшем случае на полуколичественном. Конкретных чисел по доле гаплогрупп в статье нет, авторы ограничились диаграммой, воспроизведенной на рис. 151.

Из показанной диаграммы можно оценить, что у теленгитов в данной выборке было примерно 50 % носителей гаплогруппы R1a, примерно 15 % гаплогруппы N, примерно 10 % гаплогруппы I и около 2 % гаплогруппы Q. Другие гаплогруппы и цвета на диаграмме в статье не расшифрованы. К сожалению, статья подготовлена весьма неряшливо, что обыкновенно присуще группе Е. Балановской, которая возглавляла данное исследование.



**Рис. 151.** Диаграмма состава теленгитов (и алтай-кижи для сравнения), по данным статьи, ссылка на которую приведена в тексте, гаплогруппы определяли у 130 теленгитов, хотя, возможно, не именно гаплогруппы, а проводили некоторый ДНК-анализ, помимо определения гаплогрупп. См. цветную вклейку.

По некоторым, несистематическим сведениям, основной субклад гаплогруппы R1a у алтайских народов — R1a-Z93. Это — вклад ариев и их потомков.

В заключение остановимся на статье популяционных генетиков (Е. Балановская и др. Влияние природной среды на формирование генофонда тюркоязычного населения гор и степных предгорий Алтае-Саян, Тянь-Шаня и Памира // Вестник Московского университета: Серия XXIII, Антропология, 2014, №26. С. 46–55), в которой упоминаются челканцы. Про них сообщается: «*это единственная народность северных алтайцев, которая может быть отнесена к восточноевразийскому кластеру. Тем не менее, как и другие две народности северных алтайцев, они значительно отдалены от обобщенного генофонда южносибирской общности*». Помимо невнятности такой «информации», здесь — масса несуразностей, что, впрочем, типично для работ популяционных генетиков, начиная с того, что «генофонд» здесь совершенно ни при чем, генофонд — это совокупность генов, а авторы рассуждают о гаплогруппах Y-хромосомы, которые к генам не имеют никакого отношения. Как и к «потoku генов», в то время как авторы опять говорят о гаплогруппах Y-хромосомы. Это — системная ошибка Балановских, которую они повторяют в десятках своих статей.

Далее, как выясняется из цитируемой статьи, говоря о гаплогруппах, которые авторы

перечисляют «в совокупности», без конкретизации по регионам и популяциям, авторы вообще не упоминают «восточно-евразийский кластер». Они говорят о «генофонде Западной Евразии» с их гаплогруппами I, R1b, J, E; о центральноазиатском с гаплогруппами D, C, O; о североазиатском с гаплогруппами Q, N1b, R1b, N1a1 (авторы используют устаревшую номенклатуру N1c1); о североевразийском с гаплогруппами N1b, N1c (сейчас это N1a), Q. «Восточноевразийского кластера» здесь нет, так что челканцы оказались неохваченными по гаплогруппам, несмотря на указанную выборку их в 66 человек.

Наконец, Е. Балановская и др. в своей статье объединяют в одну группу три северо-алтайских народности — челканцев, кумандинцев и тубаларов, хотя из настоящей главы мы видим, что они

заметно различаются по гаплогруппам. У кумандинцев 50–55 % гаплогруппы R1a, у тубаларов — 37 %, у челканцев — 16 %. Гаплогруппы N у челканцев 20 %, у тубаларов — 11 %, вдвое меньше. У челканцев гаплогруппы Q 60 %, у тубаларов — 44 %, у других северных алтайцев заметно меньше. Как обычно, у популяционных генетиков здесь обычная для них неряшливость — гаплогруппы в статье они не дают, но объединяют популяции по группам на основании неких своих принципов.

## 57. Хакасы

Хакасы, они же енисейские татары или минусинские татары, проживающие в основном в Южной Сибири, насчитывают примерно 73 тыс. человек, по результатам Всероссийской переписи населения.

**Таблица 64.** Состав гаплогрупп хакасов и входящих в них этнографических групп по данным статей (Tambets et al\*, 2018), Деренко и др\*\*, 2006) и (Харьков и др., 2017; Нилогов, 2019; Харьков и др., 2020\*\*\*\*\*). Указан процент гаплогруппы в выборке\*\*\*\*\*

Гаплогруппа	Хакасы*, 228 чел.*	Хакасы**, 53 чел., %	Сагайцы		Качинцы Ширинский р-н, 51 чел.
			Аскизский р-н, 119 чел.	Таштыпский р-н, 81 чел.	
N-M231	48,2	41,5	68***	42	90
N1a2b-P43****	22,8	н/п	46	14	88
N1a1-M46	25,4	13,2	22	28	2
R1a-Z93*****	33,3	28,3	29	41	3,9
R1b	5,7	7,6	н/п	н/п	н/п
R1b(xM73)	н/п	н/п	0,8	2,5	0
Q	4,8	7,6	0	14	2
C2-M217	2,2	5,7	0	0	3,9
I-M170	2,2	3,8	н/п	н/п	н/п
O	0,9	5,7	н/п	н/п	н/п
E	н/п	0	0	1,2	0

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277.

\*\*\* Содержание гаплогруппы N, в которую не входят P43 и N1a1-M46.

\*\*\*\* В среднем у бельтыров, бирюсинцев и качинцев, в сумме из 9 сеоков (родов), содержание P43 составляет 44 %, содержание N1a1 — 20 % в среднем.

\*\*\*\*\* В среднем по пяти разным родам/племенным образованиям, включая бельтыров, бирюсинцев, сагайцев и качинцев из 11 сеоков содержание гаплогруппы R1a (в основном или только Z93) составляет 28 %.

\*\*\*\*\* В статье (Харьков В. Н. и др. Генофонд хакасов и шорцев по маркерам Y-хромосомы: общие компоненты и генетическая структура родов // *Генетика*. 2020. №56. С. 826–833) авторы сообщают, что исследовали выборку хакасов в количестве 292 человек, но состав гаплогрупп не сообщают и гаплотипы не приводят, хотя сообщили, что определяли и гаплотипы.

Их подразделяют на шесть этнографических групп — бельтыры, бирюсинцы, качинцы, койбалы, кызыльцы и сагайцы. В свою очередь в состав этих групп входит более сотни родов (сеоков), которые строятся по мужской линии и обычно восходят к одному родоначальнику, который жил в относительно недалеком прошлом (В.Н. Харьков и др., 2017, 2020; А. С. Нилогов, 2019). Изучение состава некоторых сеоков и их этнографических групп привело к предварительным выводам, что сеоки в большинстве случаев действительно относятся к одному субкладу-снипу, а их вышестоящие группы имеют, скорее всего, собирательное географическое наименование, смешанное в отношении гаплогрупп.

Как видно из таблицы, состав гаплогрупп у хакасов очень гетерогенный. Если принять, что рода (сеоки) каждый довольно (или исключительно) однороден по гаплогруппам и субкладам), как сообщают (Харьков и др., 2017), то получается, что неоднородности являются результатом объединения сеоков в этногеографические группы. Поэтому «усреднения» по составу гаплогрупп у хакасов не является информативным. Примеры того есть почти в каждой строке таблицы. Так, гаплогруппы Q, типично сибирской, в усредненном варианте (данные Tambets et al., выборка 228 человек) 4,8 %, хотя ее на самом деле не найдено у сагайцев в одном районе, 14 % у сагайцев в другом районе и 2 % у качинцев в третьем районе. Можно ожидать, что содержание этой гаплогруппы будет варьироваться у хакасов в широких пределах.

Гаплогруппы, которые почти безоговорочно численно доминируют у хакасов, это N1a и R1a. Содержание первой доходит до 90 % у качинцев (одного района), причем это субклад N1a2b-P43, которому принадлежит только определенный сегмент в Европе — это, как правило, северные территории и пограничные с ними районы Поволжья (например, у татар), а также немного у турок, куда носители этого субклада прибыли, видимо, окольными путями, с восточной стороны Каспия (поскольку на Кавказе их практически нет). Но субклад N1a1-M46 тоже выражен у хакасов, и не удивительно, поскольку он образовался 99 снип-мутаций, то есть примерно 14,3 тыс. лет назад, видимо, в алтайском регионе.

Гаплогруппа R1a находится в количестве 30–40 % у хакасов, хотя у качинцев ее почти нет, они почти все — носители гаплогруппы N1a. По имеющимся данным гаплогруппа R1a почти (или полностью) относится к субкладу R1a-Z93. Это — гаплогруппа древних ариев, которые прошли за Урал и дошли до алтайского региона примерно 3,2 тыс. — 3 тыс. лет назад, образовав ряд археологических культур с численным доминированием гаплогруппы R1a-Z93. Это — в основном культуры скифского круга (I тыс. до н. э.). Остальные гаплогруппы хакасов — минорные по численности, приобретенные у носителей афанасьевской культуры (R1b), монгольских народов (C и O), или довольно неожиданные, видимо, случайные «визитеры» (гаплогруппы I и E).

В списке YFull есть всего один снип хакасов, который определен у двух человек и относится к снипу B187:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > Y24317 > **B187**.

Он образовался 75 снип-мутаций, или примерно 10,8 тыс. лет, назад. Неудивительно, что он распространился далеко от Алтая и встречается, например, у калмыков.

«Глубокий» снип, найденный у хакасов, был опубликован в статьях Харькова и др. (2017, 2020), и ниже встроен в соответствующую цепочку снипов, в цитируемой статье эти снипы и их история не обсуждаются:

N-M231 > Z4762 > L729 > N1a2-L666 > N1a2b-P43 > **VL67**.

Этот снип (выделен) был найден в сеоках харга, сарыг и табан (бельтыры), том, сайын и сарга (бирюсинцы), соххы, ызыр, пурут и хасха (качинцы). Более того, этот снип был найден у всех обследованных мужчин сеока табан.

В статье (Харьков, 2020) отмечено, что в сеоках хый и хобый численно преобладает нижестоящий вариант гаплогруппы N1a1, который авторы обозначили как N1a1a2-B499, но в наиболее употребительных современных классификациях такого снипа нет, как нет и субклада N1a1a2.

Относительно гаплогруппы Q, для нее у хакасов (сеок хахпына) был идентифицирован снип YP1102, причем был найден у всех обследованных мужчин этого сеока:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > L53 > L54 > L330 > **YP1102**.

Этот снип (выделен) тоже весьма древний, образовался 55 снип-мутаций, или примерно 7,9 тыс. лет, назад. Он найден также у тувинцев.

Гаплогруппа R1a-Z93 была найдена во многих хакасских сеоках, например, пилтыр и чистар (бельтыры), туран, хызыл хая, халар, хаяс, чити пуур, кичин, таяш, сор, чилей (бирюсинцы). Например, в сеоке кичин (Мрасско-Изушерского рода) был найден единственный носитель конечного снипа в следующей цепочке (выделен):

R1a-Z93 > FGC82884 > Y39884 > **Y43019** (= Y41571).

Этот снип образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад. Но эта же линия заметна или даже численно преобладает у хакасских сеоков таяс и халар (Изушерского рода), таяш (Мрасско-Изушерского рода), сор (Карачерского рода) и челей (сеока шорцев, которых мы рассматриваем в отдельной главе данной книги).

Конечно, при такой неоднородности состава хакасов по гаплогруппам для достоверных выводов об истории происхождения их родов необходимы более масштабные исследования с привлечением подходов и методов ДНК-генеалогии.

## 58. РУССКИЕ КАЗАКИ

Раздел перенесен на стр. 223–226, в общий раздел РУССКИЕ.

## 59. КАРЕЛЫ

Насчитывают несколько историко-географических регионов расселения карелов — это Беломорская Карелия, Северная Карелия, Олонецкая Карелия, Приладожская Карелия и Южная Карелия. На территории Российской Федерации проживают около 61 тыс. карелов, что составляет 68 % от всех карелов, остальные живут главным образом в Финляндии. В самой российской Карелии проживают 75 % карелов России, в Тверской области еще 12 %, в Санкт-Петербурге — 2%, и это уже составляет 89 % карелов России.

В таблице 65 приведены данные состава карелов по гаплогруппам по двум выборкам.

Данные по двум приведенным выборкам, с одной стороны, и третьей (по статье Tambets et al.) — с другой, кардинально различаются. В последующем анализе мы рассмотрим в основном выборку из 118 человек (из Проекта FTDNA), поскольку вторая выборка в значительной степени дублировала первую, а третья включала необычно высокую долю носителей гаплогруппы R1a для Севера, она не предоставляла данных по гаплотипам, важных для последующего анализа, наконец, контрольная проверка по Проекту «Финно-угорских народов» (<https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>), в которой есть раздел по карелам из нескольких образцов, показывает только гаплогруппы N1a

**Таблица 65.** Состав гаплогрупп карелов по данным Проекта «Беломорские карелы»\* FTDNA, базы данных «IRAKAZ–Русская равнина»\*\* и по данным статьи\*\*\*. Указан процент гаплогруппы в выборке. Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	Карелы, 118 чел.*, %	Карелы, 120 чел.***, %	Карелы, 140 чел.***, %
N1a1	71	71	36
I-M253	14	9	10
R1a	13	16	41
I2a	1	2	н/п
H	1	1	н/п
E1b	н/п	н/п	7,1
J	н/п	н/п	0,7
R1b	н/п	н/п	2,9

\* [https://www.familytreedna.com/public/White\\_Sea\\_Karelian\\_families?iframe=yresults](https://www.familytreedna.com/public/White_Sea_Karelian_families?iframe=yresults).

\*\*\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

и I1 и не имеет R1a. Мы примем третью выборку к сведению, но выводов на ее основе делать не будем.

Дерево гаплотипов по выборке карелов по Проекту FTDNA приведено на рис. 152. Как видно, почти все дерево занимает неглубокая (значит, относительно недавняя) ветвь гаплогруппы N1a1 из 74 гаплотипов, и далее, в верхней правой части дерева, находятся ветви гаплогруппы I1 и R1a, которые заметно древнее ветви N1a1, которая, в свою очередь, состоит из двух подветвей. Одна — из 60 гаплотипов, слева и внизу дерева, и одна — из 14 гаплотипов в правой нижней части дерева. Мы их проанализируем ниже. Это, соответственно, западная («финская») и восточная («уральская» или «волжская») подветви.

### Гаплогруппа N1a1

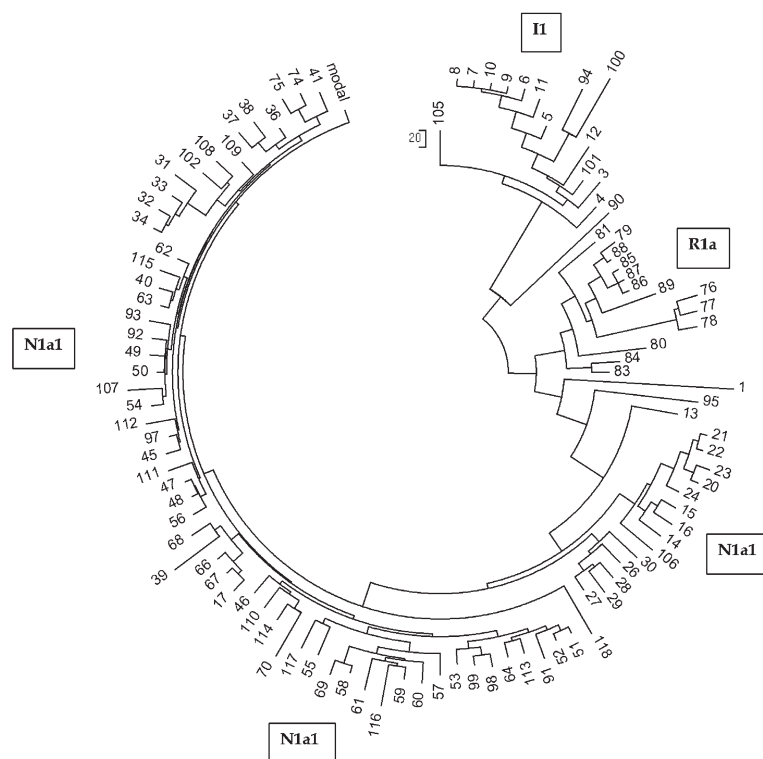
Характерно, что у карелов практически отсутствует субклад N1a2b-P43, который довольно часто встречается у татар, башкир, корейцев, турок, отражая пути древней миграции этого суб-

клада. Это, видимо, означает, что предки карел в ходе миграции на запад продвигались довольно однородной группой носителей гаплогруппы N1a1-M46, которая образовалась предположительно в алтайском регионе. Строго говоря, в составе 120 гаплотипов карел в базе данных «IRAKAZ–Русская равнина» есть один гаплотип субклада P43, но это и есть «практически отсутствует».

Большая ветвь гаплогруппы N1a1 из 60 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 13 13 14 14 — 11 11 18 19 14  
15 18 18 36 36 12 10,

который всего на 1 мутацию (выделена) отличается от «классического финского» базового гаплотипа, рассмотренного в предыдущих разделах и общий предок которого жил  $1900 \pm 320$  лет назад. Общий предок этой ветви у карелов жил  $1824 \pm 206$  лет назад (без округления), то есть практически тогда же. Для этого гаплотипа характерна четверка 13 13 14 14 для маркеров DYS464a, b, c, d.



**Рис. 152.** Дерево из 102 гаплотипов карелов в 37-маркерном формате по данным Проекта «Беломорские карелы» FTDNA. Указаны гаплогруппы отдельных ветвей



Малая ветвь гаплогруппы N1a1 из 14 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 **13** 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 30 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14  
15 **17 19 35 35** 13 10,

который на 4 маркера (выделены) отличается от «классического балтийского, или славянского, или уральского» базового гаплотипа, у которого та же четверка маркеров имеет другой вид: 14 14 15 15, и общий предок жил  $1900 \pm 280$  лет назад. Общий предок 14 карельских гаплотипов жил  $1790 \pm 270$  лет назад, то есть практически тогда же.

Обе ветви карелов, «финская» и «восточная», различаются на 10 мутаций, что эквивалентно  $10/0,09 = 111 \rightarrow 128$  условным поколениям, или 3,2 тыс. лет, и общий предок обеих линий жил  $(3200 + 1824 + 1790)/2 = 3400$  лет назад. Это практически совпадает с оценками, изложенными выше в настоящей книге, что носители гаплогруппы N1a1 вышли с Урала на Русскую равнину в середине II тыс. до н. э.

Чтобы лучше понять, как носители гаплогруппы N1a1 проносили свои сніпы, чтобы стать будущими карелами, рассмотрим эти сніпы. В списке YFull есть 5 таких сніпов (выделены), и еще несколько сніпов приведены в Проекте «Беломорские карелы» (выделены):

**Линия N1a1-M46 — L708 — L1026 — Z1936 — Z1934 (в сокращении), последний сніп образовался 28 сніп-мутаций, или 4 тыс. лет, назад**

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > YP6091 > YP6094 > YP6062 > B195 > **Y62142**.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 > Z1927 > Z1933 > CTS4329 > CTS8565 > Z4998 > CTS3223 > Z5894 > Z5893 > Y133690 > Z19819 > **YP1141**.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 > Z1927 > Z1933 > CTS4329 > CTS8565 > Z4998 > CTS3223 > **Z5892**.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 >

Z1927 > Z1933 > VL62 > **Z1939** > Z2445 > **CTS7189** > CTS7189b > **Y95413**.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Y18421 > Y19110 > Y19108 > Y19453 > Y19451 > **YP5254**.

**Линия N1a1-M46 — L708 — L1026 — VL29 — CTS9976 (в сокращении), последний сніп образовался 27 сніп-мутаций, или 3,9 тыс. лет, назад**

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > CTS9976 > CTS3451 > Y3667 > **CTS657** > **Y45925**.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > CTS9976 > L1022 > Y5004 > Y5005 > Y5003 > Y16503 > Y21734 > **Y132753** (2 человека).

Мы видим, что обе линии прошли путь образования мутаций до сніпов Z1934 и CTS9976, все еще оставаясь на Урале (откуда они вышли на запад примерно 3,5 тыс. лет назад). Сами же конечные сніпы (выделены) образовались в период времени 2 тыс. — 950 лет назад, уже в I тыс. н. э., в ходе начального формирования карелов на их будущей территории.

## Гаплогруппа R1a

Ветвь этой гаплогруппы из 13 гаплотипов находится на дереве справа (рис. 152), имеет базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 29 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 13 14 15 12 12 19 23 16 16 18  
20 34 37 13 11,

с общим предком  $3440 \pm 450$  лет назад. По виду, это типичный базовый гаплотип североазиатской ветви R1a-Z280-Z92 с наиболее вероятным нижестоящим сніпом YP569:

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > **YP569**.

Этот сніп образовался 21 сніп-мутацией, или примерно 3 тыс. лет, назад, что согласуется с датировкой ветви гаплогруппы R1a у карелов в пределах погрешности расчетов.

В списке YFull есть всего 1 сніп карела гаплогруппы R1a, и он тоже относится к североазиатской ветви:

R1a-Z280 > Z92 > Z685 > Z1907 > CTS9551 > YP5611 > FGC46016 > FGC45993 > **FGC45973**.

Этот снип (выделен) образовался 10 снип-мутаций, или примерно 1440 лет, назад, и наблюдается у многих жителей Русской равнины, особенно ее северной части.

## 60. ПОЛЯКИ

По данным Всероссийской переписи населения, число поляков, проживающих на территории Российской Федерации, насчитывает примерно 47 тыс. человек. Состав их мужской части по гаплогруппам из нескольких источников приведен в табл. 66.

Как следует из сопоставления табл. 2 и 66, общая структура гаплогрупп и субкладов поляков и русских похожа в этих двух этносах. Иначе говоря, они имеют одинаковое или сходное происхождение в главных по численности родах. У тех и других численно преобладает гаплогруппа R1a — при усреднении она более часто встречается у поляков, чем у русских (60,5 % и 52 % соответственно, при использовании одной базы данных), но у русских в южных областях (Курская, Орловская, Белгородская области) доходит до 67 %. В среднем у русских несколько меньше гаплогруппы R1a за счет большей близости к Уралу, от которого на запад в древности (3,5 тыс. — 2 тыс. лет назад) шли миграции носителей гаплогруппы N1a1, и их потомки сейчас составляют 15–16 % в России, но 4 % в Польше. Тем не менее основные субклады этой гаплогруппы, L1025, L550, Z1936 одни и те же в России и Польше, хотя последний в Польше значительно меньше выражен по сравнению с Россией.

Напротив, в Польше заметно больше гаплогруппы R1b (12 %) по сравнению с Россией (5–6 %), причем за счет того, что в Польше более выражены западно- и центральноевропейские субклады R1b-U106 и R1b-U152, их 37 % в составе польских R1b. В России таких очень мало, там основную часть R1b составляют потомки ямной культуры субклада Z2103 (то есть оценочно те же 5–6 % от всех), в Польше же таких 2,2 % от всех, причем, как показано ниже в разделе R1b, их общий предок жил относительно недавно, чем у современных русских той же гаплогруппы. Это в общем понятно — на территорию Польши эти

потомки прибыли не напрямую из ямной культуры, а намного позже.

Носителей гаплогруппы I2a, как правило, южнославянского субклада I2a-Y3120, у поляков (9 %) примерно столько же, сколько и у русских (9–14 %). Близко к этому и содержание гаплогруппы I1 у поляков (6,4 %) и русских (7 %). Сходно у поляков и русских содержание гаплогруппы J2, 3,1 % и 1,8–3 % соответственно, и гаплогруппы E1b (как правило, субклада V13) — 2,9 % и 3–4,5 % соответственно. Это же относится и к более минорным гаплогруппам.

В целом вывод бесспорный: поляки и русские — одинаковые по происхождению народы, которые разделили, главным образом, религия и последующие политические задачи и цели на протяжении тысячи лет, формулируемые правящей верхушкой.

### Гаплогруппа R1a

Содержание гаплогруппы R1a у поляков и русских соизмеримо, как указано выше: в среднем у поляков несколько выше (60,5 % по сравнению с 52 % у русских), но в южных регионах России содержание гаплогруппы R1a (до 67 %) выше, чем в среднем у поляков. Доля ряда субкладов в гаплогруппе заметно различается — у русских субклада Z280 (субклада Русской равнины) 77 % от всей R1a, у поляков — только 43 %. Основной субклад гаплогруппы у поляков — M458, европейский субклад, его у поляков 50 % от численности носителей гаплогруппы R1a, в то время как у русских — всего 19 %. В составе M458 есть два основных нижестоящих субклада — центральноевропейский CTS11962 и западнославянский L260, его у поляков 38 % и 61 % соответственно от численности M458, у русских — соответственно 74 % и 26 %. Иначе говоря, у поляков в субкладе M458 больше западнославянского субклада, у русских — центральноевропейского.

Что касается минорных по численности субкладов Z93 (южноарийского), Z284 (скандинавского) и L664 (североевропейского, тоже фактически скандинавского), то их и у поляков, и у русских — малые доли процента.

В списке YFull в разделе гаплогруппы R1a имеется 177 представителей Польши и 261 представитель России, хотя в последнее число входят

**Таблица 66.** Состав гаплогрупп поляков по данным сайта Eupedia (выборка от 250 до 500, [https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и базы данных «IRAKAZ–Русская равнина». Указан процент гаплогруппы в выборке. Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	База данных IRAKAZ, 1531 чел., %	Сайт Eupedia, от 250 до 500 чел.*, %	Число снипов поляков в списке TFull	Гаплогруппа	База данных IRAKAZ, 1531 чел., %	Сайт Eupedia, от 250 до 500 чел.*, %	Число снипов поляков в списке TFull
R1a	60,5	57,5	177	I2b	0	2	
Z280	26		96	N1a1	4	4	22
M458	30		68	L1025	3,5		20
CTS1162*	11,5			L550	0,1		1
L260**	18,4			Z1936	0,1		0
Z93***	0,7		10	J2	3,1	2,5	23
Z284****	0,07		1	J2a	1		
L664*****	0,07		2	J2b	2		
R1b	12	12,5	56	E1b	2,9	3,5	33
Z2103-Z2106	2		7	V13	2,7		
U106	3		21	G2a	1,4	1,5	13
P312-U152	1,2		26	C	0,3		2
L51	0,3		0	J1	0,2	0	12
I2a	9	5,5	37	Q	0,2	0,5	7
Y3120	6,8		25	H	0,07		1
M223	1,6		3	O	0,07		0
I1	6,4	8,5	34	L	0,07		1
I2a2 (I2c)	0,07			T	0	0,5	1

\* Центральноевропейская ветвь, субклады CTS11962 > L1029 и нижестоящие.

\*\* Западнославянская ветвь, субклад L260 и нижестоящие.

\*\*\* Южноарийская ветвь.

\*\*\*\* Скандинавская ветвь.

\*\*\*\*\* Североевропейская ветвь (в основном Швеция, Норвегия, Дания).

многие этносы России, в том числе кавказские, приволжские, северные и сибирские народы. Мы не будем здесь рассматривать снипы польских представителей R1a, потому что они практически идентичны русским, рассмотренным в соответствующих разделах выше. Относительные количества их могут меняться по регионам Польши и России, но это одни и те же снипы. В списке YFull они обычно идут парами — POL и RUS, порой в сопровождении индексов других стран.

Из табл. 66 мы также видим, что в Польше практически нет потомков скандинавов (гаплогруппы R1a-Z284 и R1a-L664), как их нет и в Рос-

сии, на Украине, в Белоруссии.

В качестве примеров гаплотипов поляков рассмотрим пять серий гаплотипов, собранных по четырем воеводствам — Великопольское (запад Польши), Поморское (север), Мазовецкое (восток) и Малопольское (юг), а также серию гаплотипов без конкретной идентификации. Гаплотипы приведены в базе данных IRAKAZ–R1a, собранной и систематизированной И. Л. Рожанским. Каждая серия состоит из гаплотипов субкладов M458 и Z280, которые мы анализировали отдельно. Таким образом, мы имеем 10 серий

гаплотипов — 5 серий M458 и 5 серий Z280. В каждую серию M458 входят гаплотипы субкладов CTS11962, L1029 и L260 в разных пропорциях, в каждую серию Z280 также входят гаплотипы разных субкладов, нижестоящих от Z280.

Это исследование было призвано получить сведения о степени разбросанности датировок общих предков и их базовых гаплотипов. Другими словами, сведения о воспроизводимости результатов расчетов, поскольку все серии гаплотипов в определенной степени разнородные. Мы знаем, что субклады M458 и Z280 образовались примерно 5 тыс. лет назад, и еще один вопрос состоял в том, насколько датировки жизни общих предков по гаплотипам отстают от датировок образования соответствующих сипов-субкладов.

### R1a-M458

**Великопольское воеводство** (запад), 83 гаплотипа (из них 30 центральноевропейских и 52 западнославянских):

13 25 16 10 10 14 12 12 11 13 11 30 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 38 13 11.

Общий предок жил  $3570 \pm 380$  лет назад.

**Поморское воеводство** (север), 19 гаплотипов (10 центральноевропейских и 9 западнославянских):

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 30 16 9 10 11  
11 23 14 20 31 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 37 13 11.

Общий предок жил  $3970 \pm 480$  лет назад.

**Мазовецкое воеводство** (восток), 109 гаплотипов (из них 44 центральноевропейских и 59 западнославянских):

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 30 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 35 39 13 11.

Общий предок жил  $3670 \pm 380$  лет назад.

**Малопольское воеводство** (юг), 89 гаплотипов (27 центральноевропейских и 62 западнославянских):

13 25 16 10 10 14 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 38 13 11.

Общий предок жил  $3615 \pm 380$  лет назад.

**Данные по другим воеводствам**, без определенного отнесения, 164 гаплотипа (65 центральноевропейских и 99 западнославянских):

13 25 16 10 10 14 12 12 11 13 11 30 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 38 13 11.

Общий предок жил  $3740 \pm 380$  лет назад.

Мы видим, что все пять датировок согласуются в пределах погрешности, и в среднем равны  $3700 \pm 200$  лет назад. Это логично, если предположить, что история субклада M458 по всей Польше была довольно единообразной. Тогда получается, что субклад M458 прошел «бутылочное горлышко» выживания примерно 3,7 тыс. лет назад, через 1,3 тыс. лет после образования самого субклада R1a-M458.

Еще наблюдение — базовые (предковые) гаплотипы по всем рассмотренным сериям по всем воеводствам почти одинаковы. Редкие мутации произошли только в самых «быстрых» маркерах (DYS439, DYS458, CDYa, b) и обычно объясняются разными пропорциями субкладов CTS11962 и L260 в рассматриваемых сериях гаплотипов. Например, там, где превышает количество западнославянских гаплотипов с их DYS391-DYS385a = 10–10, там и наблюдается 10–10 в базовом гаплотипе, как в серии гаплотипов великопольских, малопольских и смешанных. То есть на самом деле базовые гаплотипы одни и те же по всей территории Польши для рассматриваемых субкладов гаплогруппы R1a:

R1a-Z280.

**Великопольское воеводство** (запад), 43 гаплотипа:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 13 15 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 38 13 11.

Общий предок жил  $4820 \pm 520$  лет назад.

**Поморское воеводство** (север), 30 гаплотипов:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 13 15 15 16 11 12 19 23 16 15 18  
18 34 39 13 11.

Общий предок жил  $4240 \pm 480$  лет назад.

**Мазовецкое воеводство** (восток), 109 гаплотипов:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 13 14 15 16 11 12 19 23 16 16 18  
19 34 39 13 11.

Общий предок жил  $4390 \pm 450$  лет назад.

**Малопольское воеводство** (юг), 84 гаплотипа:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 13 15 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 35 38 13 11.

Общий предок жил  $4480 \pm 470$  лет назад.

**Данные по другим воеводствам**, без определенного отнесения, 134 гаплотипа:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 13 15 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 35 38 13 11.

Общий предок жил  $4400 \pm 450$  лет назад.

Из этих данных видно, что общие предки субклада R1a-Z280 датируются в среднем  $4500 \pm 200$  лет назад, близко к датировке образования самого субклада, 34 снп-мутации, или  $4900 \pm 500$  лет, назад. Видимо, история субклада Z280 в ходе передвижения на Русскую равнину была менее драматичной, чем субклада M458. Последний, как показано выше, прошел через «бутылочное горлышко» выживания, которое длилось более тысячи лет.

Базовые гаплотипы субклада R1a-Z280 по воеводствам тоже почти одинаковы, всего с немногими мутациями друг от друга, причем мутаций больше у базового гаплотипа Поморского воеводства, где рассматривались всего 30 гаплотипов, то есть статистика была наименьшей.

В списке YFull имеется 10 снп-полюков субклада R1a-Z93, но из них четыре находятся в типичной группе снп-полюков евреев (нижестоящей от снпа CTS6-Y2619):

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > FGC18222 > FGC18226 > FGC18218 > **FGC18215**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > Y2630 > **FGC15532**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > Y2630 > YP266 > YP264 > BY24969 > **YP1429**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > Y2630 > YP1387 > YP1386 > YP4516 > **YP4807**.

## Гаплогруппа R1b

Наличие гаплогруппы R1b у поляков, и в особенности то, какие там субклады, важно для понима-

ния истории формирования родовой структуры славянских народов. Наиболее значимыми являются несколько основных источников гаплогруппы R1b — (1) древнейшие, архаичные линии, (2) линии насельников ямной археологической культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) и их потомков (с востока) и (3) линии насельников культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад) и их потомков, и прочих линий родственных культур времен III тыс. до н. э. и их потомков (с запада). Древнейшие линии гаплогруппы R1b, как правило, не сохранились в наших современниках, о них обычно судят по результатам анализа ископаемых ДНК.

В отношении линий R1b из ямной археологической культуры информация важна, поскольку позволяет подтвердить или опровергнуть концепцию о прямом нашествии «ямников» в Центральную и Западную Европу, которые согласно навязанной в исторических науках «курганной теории», некритично принятой многими историками, гласит, что «ямники» ворвались в Европу «конными ордами» примерно 5 тыс. лет назад (хотя датировки меняются по вкусу их творцов, порой и до 6 тыс. лет назад и ранее) и принесли с собой индоевропейские языки. Откуда ИЕ языки взялись в ямной культуре, авторы этих концепций не поясняют. Но, если эти концепции верны, можно было бы ожидать на территории современной Польши наличия большого количества гаплотипов группы R1b, причем с датировками общих предков примерно 4,5 тыс. — 5 тыс. — 6 тыс. лет назад, при одновременном наличии субкладов ямной культуры, а именно R1b-Z2103 и нижестоящих субкладов, например, R1b-Z2103-Z2106-Z2108 и далее. Среди польских субкладов гаплогруппы R1b есть ряд носителей Z2106, и это можно взять за основу.

В отношении линий Центральной и Западной Европы ситуация наиболее ясная, это потомки выходцев с Пиренеев, куда они прибыли длинной миграцией, наиболее вероятно со стороны Малой Азии по средиземноморским островам, и миграцией оттуда же по Северной Африке вдоль Средиземного моря. Это — субклады R1b-P312-U152 и нижестоящие и R1b-U106 и нижестоящие. Таким образом, имеем два основных направления заселения Польши — с востока (со стороны ямной культуры) и с запада.



«Западных» гаплотипов (субкладов R312, то есть U106 и U152 и нижестоящих) в выборке поляков 37 % от общего содержания гаплогруппы R1b, «восточного» Z2106 — 19 %. Иначе говоря, «западных» гаплотипов среди поляков в рассматриваемой выборке вдвое больше, чем «восточных». Это уже позволяет усомниться, что основной приток носителей R1b был с востока, из ямной культуры. Не менее сильное сомнение, практически разрушающее суть «курганной теории», заключается в датировках времени жизни предков этих «восточных» гаплотипов. «Референсная выборка» из 204 гаплотипов субклада R1b-Z2103 (в основном российского происхождения) в 111-маркерном формате показывает базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
10 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 11 11,

с общим предком  $4583 \pm 462$  года назад (без округления). Это — времена ямной культуры, в пределах погрешности расчетов.

Вся выборка из 33 польских гаплотипов показала базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 **30** — **16** 9 10 11  
11 25 15 19 **31** **14** 15 16 17 — 11 11 19 23 16 **16**  
**19** **18** **36** **39** 12 12,

с общим предком  $3401 \pm 386$  лет назад (без округления). Он — на тысячу лет более поздний. К этому времени носители R1b уже давно заняли Европу, без якобы насельников ямной культуры с их якобы «конными ордами».

Между показанными выше двумя базовыми гаплотипами (на первых 37 маркерах) 9 мутаций, что дает  $9/0,09 = 100 \rightarrow 111$  условных поколений, или примерно 2775 лет, что помещает их общего предка на  $(2775 + 4583 + 3401)/2 = 5400$  лет назад. Это — времена ямной культуры. Можно было бы сказать — начала ямной культуры, но погрешности расчетов не позволяют. Понятно, что корни польских Z2106 лежат в ямной культуре, но дошли они до территории Польши значительно позже времен самой ямной культуры. На западе Польши, в Великопольском воеводстве, датировка общих предков этого субклада еще позже,

$2375 \pm 420$  лет назад (по 37-маркерным гаплотипам) и  $2170 \pm 360$  лет назад (по 67-маркерным гаплотипам). Принимая во внимание направление миграции потомков ямной культуры — с востока на запад, — это вполне логично.

В списке YFull у представителей Польши имеются 56 снийов гаплогруппы R1b, что отражает некоторую полуколичественную пропорциональность по отношению к числу снийов гаплогруппы R1a (177). Из них 26 снийов субклада R312-U152, 21 сний субклада U106 и 7 снийов субклада Z2103-Z2106 и нижестоящих. Есть еще 4 сния субклада L23-L51, но миграционный путь этого субклада остается неизвестным. Безусловно, он начался на подходах к Русской равнине со стороны востока, но не отметился на Кавказе и на Ближнем Востоке, или его там очень мало, ниже уровня детекции. Но его мало и у поляков, всего 0,3 % в базе данных.

## Гаплогруппа I2a

Это — субклад, который почти полностью погиб в Европе в ходе заселения ее эрбинами, и выжили в основном два его субклада — M223 в Западной Европе и Y3120 — южнославянский или дунайский субклад, который вышел из «бутылочного горлышка» выживания только в конце прошлой эры. Последнего — около половины гаплотипов I2 в выборке (табл. 66), возможно, и больше, но треть гаплотипов этой гаплогруппы в базе данных не отнесена к конкретным субкладам. Еще 18 % от всех I2 — «западный» субклад I2a-M223.

Эти субклады в целом изучены хорошо, как описано выше в настоящей книге. «Западный» I2a-M223 из польской выборки в количестве 24 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

14 23 15 10 14 15 11 13 11 14 12 31 15 8 10 11  
11 25 14 20 28 12 14 14 15 11 10 19 21 14 14 17  
19 35 39 12 10,

с датировкой общего предка  $5230 \pm 590$  лет назад. Это в пределах погрешности согласуется с временами начала заселения Европы эрбинами, так что особенного «бутылочного горлышка» выживания у носителей этих гаплотипов не было. Правда, судя по результатам раскопок, носители I2a во множестве жили в Европе еще 7 тыс. лет назад, так что многие их потомки погибли при

фактическом геноциде, который привел к «гибели старой Европы».

Для южнославянских гаплотипов субклада Y3120 и нижестоящих субкладов базовый гаплотип по результатам польской выборки:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10,

общий предок которого жил  $2196 \pm 234$  года назад (без округления).

Он полностью совпадает с «референсным» базовым гаплотипом субклада I2a-Y3120 (Клёсов А. А. Происхождение славян. СПб.: Питер, 2019) на первых 37 маркерах:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11,

общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад. Идеально совпадает не только 37-маркерный гаплотип, но и датировка общего предка.

### Гаплогруппа I1

Эта гаплогруппа у поляков имеется в количествах ниже 10 %, точнее, на уровне 6–8 %, по результатам выборок (см. табл. 66). Это заметно ниже, чем в соседней Германии (в среднем 16 %) и практически столько же, сколько есть в России (7 %). Частота встречаемости гаплогруппы I1 выше на периферии Европы — в Скандинавии и на Британских островах.

Все 98 гаплотипов польской выборки имеют базовый гаплотип:

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 — 10 10 19 21 14 14  
16 20 35 37 12 10,

с общим предком  $3170 \pm 330$  лет назад. Этот гаплотип полностью совпадает на первых 37 маркерах с «референсным» базовым европейским гаплотипом, полученным с помощью выборки из 968 гаплотипов в 111-маркерном формате:

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 — 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 12

11 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11,

общий предок которого жил  $3700 \pm 370$  лет назад. Мы видим, что общий предок польских I1 заметно «моложе», но он произошел от того же базового (предкового) гаплотипа.

### Гаплогруппа N1a1

Из данных табл. 66 мы видим, что спектр субкладов гаплогруппы N1a1 в Польше значительно более узкий, чем в России. В России больше выражен субклад N1a1-Z1936, который образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, видимо, еще на Урале. До Польши, как видно из табл. 66, он дошел в значительно меньшей степени. Напротив, в Польше выражен субклад N1a1-L1025, который образовался 18 снип-мутаций, или 2,6 тыс. лет, назад, уже в ходе миграции носителей гаплогруппы N1a1 по Русской равнине.

Все 52 гаплотипа субклада L1025 сходятся к следующему базовому гаплотипу:

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 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 36 36 14 10,

с общим предком  $2840 \pm 310$  лет назад, который полностью совпадает с «референсным» базовым гаплотипом того же субклада в России:

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 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 36 36 14 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12  
21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 — 39 15 8 15 12 23 27 19 13 14 11 12 13  
9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15 21 12  
22 13 13 14 26 12 22 18 11 13 16 8 12 11,

с общим предком  $2760 \pm 300$  лет назад, что было рассчитано по 27 гаплотипам субклада L1025 в России. Датировка, как мы видим, тоже практически совпала.

Миграционные пути носителей субкладов Z1936 и L1025, как и L550, были описаны выше в соответствующих разделах.

### Гаплогруппа J2

Гаплотипы этой гаплогруппы разошлись по двум ветвям — J2a и J2b, причем субклада J2b больше. Польша в этом отношении не исключение, хотя

на Кавказе, например, субклада J2b почти нет, примеры — армяне, чеченцы, азербайджанцы, также турки. Но, например, у греков субклада J2b всего в 2 раза меньше по сравнению с долей J2a. У русских и украинцев встречается тот и другой субклад. Обычно общие предки их очень древние, это означает, что носители этих субкладов прибывали порознь, в разные времена, потому в линиях наблюдается разнობой.

В Польше по обсуждаемой выборке общие предки субкладов J2a и J2b жили соответственно  $7000 \pm 800$  и  $3830 \pm 430$  лет назад и имели следующие базовые гаплотипы:

12 23 15 10 13 16 11 15 12 13 11 30 16 9 9 11 11  
25 15 21 29 12 13 16 16 10 10 19 22 16 13 17 16  
35 37 11 9 (J2a),  
12 24 15 10 14 17 11 15 12 12 11 28 16 8 9 11 11  
28 16 19 29 13 15 16 18 11 10 19 20 13 14 17 17  
36 38 11 9 (J2b).

Первый базовый гаплотип похож на соответствующие базовые гаплотипы у русских, украинцев, азербайджанцев, карачаево-балкарцев, казахов и определенно имеет тот же источник прибытия, что и у поляков. В России его общий предок жил  $8800 \pm 990$  лет назад, то есть согласуется в пределах погрешности расчетов с общим предком у поляков. Но здесь трудно ожидать полных совпадений, потому что у поляков, например, основной субклад в гаплогруппе J2a — M67, с добавлениями L70, M319, Z387, а у русских, видимо, — L26, но все имеют нижестоящие субклады, которые и вносят основной вклад в суперпозицию датировок и маркеров в базовых гаплотипах. Поэтому и датировки, и мутации в показанных гаплотипах имеют скорее концептуальный характер, показывая их общее происхождение. Например, у русских базовый гаплотип гаплогруппы J2a следующий:

12 23 15 10 13 16 11 16 12 13 11 30 16 9 9 11 11  
24 15 20 30 12 13 15 16 10 10 19 22 15 13 17 17  
35 37 11 9 (J2a, русские).

Второй базовый гаплотип тоже встречается в небольших модификациях у армян, турок, грузин, русских, белорусов, эрзи, мокши и других народов. Например, у турок базовый гаплотип гаплогруппы J2b имеет вид:

12 24 15 10 14 17 11 15 12 13 11 29 16 8 9 11 11  
24 15 20 28 13 14 15 16 11 10 19 21 14 14 17 17  
34 36 11 9 (J2b, турки).

Но его носитель жил намного древнее, чем у поляков,  $9570 \pm 1050$  лет назад. Этим в немалой степени объясняются мутации между турецким и польским базовыми гаплотипами, между ними 18 мутаций. Помимо того, там с хорошей вероятностью имеются разные нижестоящие субклады от гаплогруппы J2b-M102. В базе данных отмечено, что все польские J2b относятся к снипу L283, но он образовался 70 снип-мутаций, или примерно 10,1 тыс. лет, назад, и с тех времен разошелся на разные ветви-субклады-снипы.

Приведенные ниже примеры линий гаплогрупп J2a и J2b у поляков показаны в списке YFull.

### J2a-M410

**Линия L26-PF5119 (последний снип образовался 104 снип-мутаций, или 15 тыс. лет, назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y7687 > Y9268 > **Z43661**.

(Встречается также у армян.)

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > L210 > Z489 > CTS2282 > Z482 > Y15222 > Y15223 > Y15238 > **Y16180**.

(Встречается также у немцев.)

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > **Y6240**.

(Встречается также у армян.)

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 (= L560) > Y11782 > Y22280 > Y20053 > Y19681 > **Y19681a**.

(Встречается также у евреев.)

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 > Y11782 > **Y13373** (2 человека).

(Встречается также у немцев.)

**Линия L26-L24-L25 (последний снип образовался 77 снип-мутаций, или 11 тыс. лет, назад)**

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 >

PF4888 > PF5366 > FGC4975 > **FGC30508** > BY37646 > **Z41512**.

(Встречается также у евреев.)

### J2b-M102

**Линия L283-Z631 (последний снп образовался 24 снп-мутации, или примерно 3,5 тыс. лет, назад)**

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z622 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > **Y144394**.

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z622 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > FGC55768 > **PH1553**.

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z622 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Y26712 > Y29721 > **Y29718**.

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z622 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > CTS11760 > **BY41400** (2 человека).

**Линия L283-Y15058-Z38240 (последний снп образовался 25 снп-мутаций, или примерно 3,6 тыс. лет, назад)**

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z622 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Y15058 > Z38240 > **PH1602**.

Поскольку общий предок у польской линии J2b жил  $3830 \pm 430$  лет назад, то можно заключить, что для этой линии характерен не снп L283 (образовался примерно 11,1 тыс. лет назад), а снпы Z631 и Z3840, которые образовались 3,5 тыс. — 3,6 тыс. лет назад, то есть согласуются с датировкой общего предка, рассчитанного по гаплотипам, в пределах погрешности расчетов.

### Гаплогруппа E1b-V13

К субкладу V13 относятся почти все польские носители гаплогруппы E1b. Это не должно вызывать удивления — большинство других субкладов этой гаплогруппы не перенесли «гибели старой Европы», а фактически геноцида коренного населения Европы в ходе заселения Европы эрбинами (носителями гаплогруппы R1b)

в период 4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад. В настоящее время V13 — самый распространенный в Европе субклад гаплогруппы E1b. В польской выборке его 42 гаплотипа из 44 носителей гаплогруппы E1b, из общего числа 1531 человек всех гаплогрупп.

Все 42 гаплотипа дают следующий базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 16 12 18 20  
31 34 11 10,

с общим предком, который жил  $3760 \pm 410$  лет назад.

Он отличается всего на 2 мутации (выделены) от «референсного» базового гаплотипа, полученного для выборки из 193 европейских гаплотипов в 67-маркерном формате, которые показали время жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад, что практически то же самое в пределах погрешности расчетов:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 **17 12 18** 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Иначе говоря, с гаплогруппой E1b у поляков никаких сюрпризов нет, это типичный европейский субклад и типичный базовый гаплотип.

### Гаплогруппа G2a

Эта гаплогруппа на Восточно-Европейской равнине, и в том числе у поляков, как правило, пришла, скорее всего, со стороны Кавказа. На Кавказ носители этой гаплогруппы прибыли в значительной степени через Малую Азию из Европы после 4,8 тыс. — 4,5 тыс. лет назад, спасаясь от геноцида, вызвавшего «гибель старой Европы», о чем рассказывалось выше в данной книге.

В Польше носителей гаплогруппы G2a всего 1,5 % от всех гаплогрупп (табл. 66). Все они происходят от условного базового гаплотипа:

14 22 15 10 13 14 11 12 12 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 21 29 12 13 13 14 11 11 20 20 15 13 16 18  
35 38 11 10,

с условным же общим предком  $5830 \pm 660$  лет назад. Это — необычно древний общий предок для гаплогруппы G2a в современной Европе. Возможно, причина в том, что гаплотипы группы



G2a в польской выборке относятся к разным снипам — L497, CTS342, L13, M406, Z6552, все они относятся к линии G2a-P15, хотя и к последующим линиям G2a1 и G2a2:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-**Z6552**.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > **L497**.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > **CTS342**.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > **L13**.

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > **M406**.

### Гаплогруппы C, J1, Q, H, O, L, T

Эти гаплогруппы содержатся в польской выборке в единичных количествах, и их анализ здесь проводиться не будет.

## 61. НЕНЦЫ (устар. самоеды)

Ненцы входят в официальную категорию коренных малочисленных народов российского Севера, старое название — самоеды. Численность — около 45 тыс. человек. Из них 71 % проживают в Тюменской области, в основном в Ямало-Ненецком автономном округе (67 % от всех ненцев). Состав мужской части ненцев по гаплогруппам приведен в табл. 67.

Таблица показывает, что практически единственной гаплогруппой у ненцев является N1a, все остальные на уровне единиц процентов или отсутствуют.

На этом данные по ненецким родам на основе Y-хромосомы ДНК практически заканчиваются. Есть единичные разрозненные данные, как, например, единственный гаплотип ненца в «Финно-угорско-самодийском» Проекте FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>), его гаплотип относится к снипу N1a1-L1034, что фактически ничего не добавляет к данным табл. 67. Есть давний показатель (Karafet et al., 2002) содержания субклада N1a2b-P43 у ненцев, равный 57 %, что согласуется с данными табл. 67.

Есть данные, что содержание гаплогрупп I-M253 и R1a у ненцев равно 3 % и 5 % соответственно (В. Н. Харьков, Автореферат докторской диссертации «Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы», Томск, 2012, цит. по: В. Г. Волков (2013)), что расходится с данными табл. 67, но ничего существенно не меняет.

**Таблица 67.** Состав гаплогрупп ненцев по данным статьи\*. Указан процент гаплогруппы в выборке

Гаплогруппа	148 чел.*, %	Гаплогруппа	148 чел.*, %
N1a	98	R1a	0
N1a2b-P43	57	C	0
N1a1-M46	41	D	0
Q	1,4	E1b	0
O	0,7	J	0
I-M253	0	R1b	0

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. № 1. P. 139.

## 62. АБАЗИНЫ

Из 43 тыс. с небольшим абазин, записавшихся так в опросных листах Всероссийской переписи населения, 85 % проживают в Карачаево-Черкесии и еще 8 % в Ставропольском крае, что суммарно составляет уже 93 % абазин в составе Российской Федерации.

Состав абазин по гаплогруппам по двум выборкам, одна из которых совсем малая, приведен в табл. 68.

Хотя данные в табл. 68 плохо сопоставимы по результатам двух статей, тем не менее они показывают, что преобладающей гаплогруппой у абазин является G2a, как у многих кавказских народов. На втором месте — гаплогруппа R1a, хотя ее субклад не определен. На третьем — вероятно, гаплогруппа J2, как опять же часто встречается у кавказских народов.

## 63. ЕЗИДЫ

По результатам Всероссийской переписи населения, в стране проживает около 41 тыс. езидов,



которые расселены по многим областям и краям Российской Федерации без единого этнообразующего центра. Например, в Краснодарском крае живет максимальное количество езидов, примерно 12 % от всех, еще в десятке краев и областей — меньшие количества, в Москве — примерно 4 % от всех езидов. Происхождение их противоречиво, одни относят их к курдам, другие — к арабам, и то и другое оспаривается, поэтому в данной книге мы подобные сведения не приводим как спорные и недоказанные. Мы можем привести свои соображения по результатам ДНК-тестирования, но не для опровержения других точек зрения, а для соответствующего дополнения.

В табл. 69 приведены сведения по составу езидов по гаплогруппам.

**Таблица 68.** Состав гаплогрупп абазин по данным двух статей. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	88 чел. *, %	14 чел. **, %
G2a	41	29
R1a	24	14
J2	11	7
C	н/п	7
J1	5,7	н/п
E1b	4,5	0
R2b	3,4	0
Q	3,4	н/п
I	3,4***	0
L	2,3	14 (L или T)
R2	1,1	0
T	0	н/п

\* Yunusbayev B., Metspalu M., Järve M., Kutuev I., Roots S., Metspalu E., Behar D. M., Varendi K., Sahakyan H., Khusainova R., Yepiskoposyan L., Khusnutdinova E. K., Underhill P. A., Kivisild T., Villems R. *The Caucasus as an asymmetric semipermeable barrier to ancient human migrations* // *Molecular Biology Evolution*. 2012. V. 29. № 1. P. 359–365.

\*\* Nasidze I., Ling E. Y., Quinque D., Dupanloup I., Cordaux R., Rychkov S., Naumova O., Zhukova O., Sarraf-Zadegan N., Naderi G. A., Asgary S., Sardas S., Farhud D. D., Sarkisian T., Asadov C., Kerimov A., Stoneking M. *Mitochondrial DNA and Y-chromosome variation in the Caucasus* // *Ann. Hum. Genet.* 2004. № 68. P. 205–221.

\*\*\* I2a = 2,3 %, I2 (xI2a) = 1,1 %.

**Таблица 69.** Состав гаплогрупп езидов по данным статьи Dogan S. et al. A glimpse at the intricate mosaic of ethnicities from Mesopotamia: Paternal lineages of the Northern Iraqi Arabs, Kurds, Syrians, Turkmens and Yazidis // *PLOS ONE*, 2017

Гаплогруппа	101 чел., %	Гаплогруппа	101 чел., %
J2a*	23	J1	10
R1b	21	R1a	9
L	12	T	7
G2a	11	I2a***	0
E1b	11	I1	0
E1b1a-V38	3	H	0
E1b1b-M215**	8	Q	0

\* J2b = 0.

\*\* M215 — слишком поверхностный субклад, наш анализ показывает, что это скорее субклад E1b-V13 (см. текст).

\*\*\* Ошибочно определен в цитируемой статье, но самом деле это J1.

Относительно высокое содержание гаплогруппы J2 неудивительно, это типично для жителей Ближнего Востока, но то, что гаплогруппы L более 10 % — это уникально не только для Ближнего Востока (там ее обычно не больше 5 %), но и для Ирана (6,5 %) и всего кавказского региона (максимум 5–9 %). Гаплогруппа E1b по содержанию типична для курдов и для многих жителей Ближнего Востока, но намного превышает ее долю на Кавказе. Ясно, что езиды тяготеют по составу гаплогрупп к Ближнему Востоку (не считая гаплогруппы L), но совершенно выбивается содержание гаплогруппы R1b (21 %). На Ближнем Востоке оно обычно находится в пределах 4–10 %, превышает в Сирии (14 %) и в Иордании (18 %). У езидов — необычно высокая величина гаплогруппы R1b.

Некоторый свет на происхождение этой гаплогруппы у езидов проливает структура гаплотипов группы R1b. Из 21 гаплотипа этой гаплогруппы, опубликованных в цитируемой статье, что помещает долю гаплогруппы R1b на второе место среди езидов, 16 гаплотипов, то есть три четверти, имеют первый маркер (DYS393), равный 12, остальные пять — «13». Это — характерный признак субклада R1b-L23-Z2103, который тысячелетия назад прибыл из ямной

культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) через Кавказ в Месопотамию. Почти все гаплотипы народов Кавказа группы R1b имеют тот же маркер DYS393 = 12, лишь небольшая часть которого мутировала в DYS393 = 13. Такой же маркер, как и высокая доля гаплогруппы R1b, характерен для ассирийцев <https://www.familytreedna.com/public/AssyrianHeritageDNAProject?iframe=yresults>, у которых доля гаплогруппы R1b составляет 28 % (23 из 82 человек в Проекте). Преобладающие субклады у ассирийцев — R1b-L23 > Z2103 > L584 > (L943 + FGC14598). То есть именно потомков ямной культуры, прошедших через Кавказ в Месопотамию более 4 тыс. лет назад.

В цитируемой выше статье авторы получили 500 гаплотипов в 17-маркерном формате для езидов, арабов, туркменов, курдов и ассирийцев (сириак), примерно по 100 человек в каждой группе. По их данным было построено дерево гаплотипов, с соответствующими обозначениями гаплогрупп, у езидов (Yz). Целью построения дерева было выявить, к гаплотипам каких из указанных народностей склоняются гаплоти-

пы езидов. Дерево ниже (рис. 153) приводится только для иллюстративных целей, в общем виде, а конкретные находки будут показаны далее в увеличенном виде.

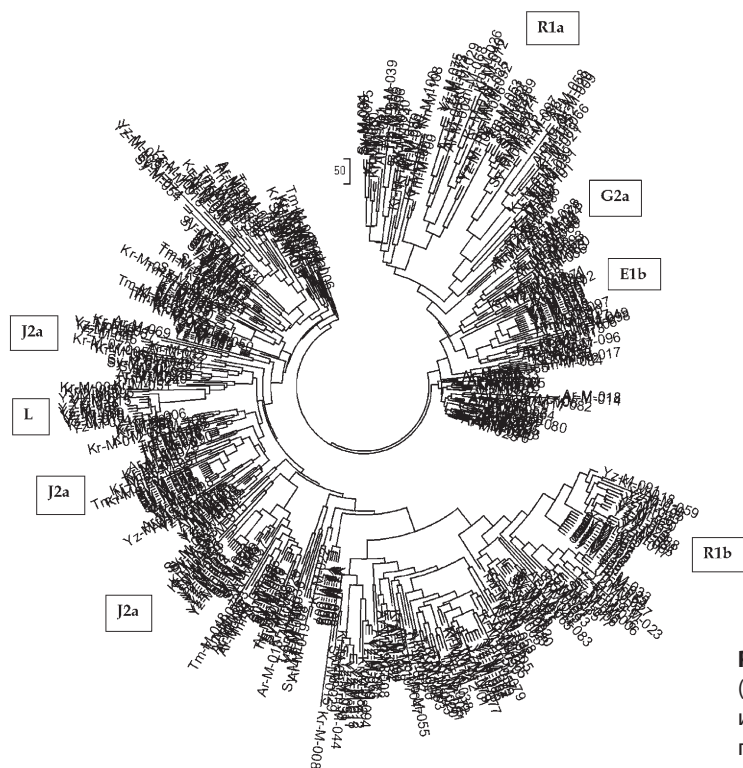
Мы также построили дерево гаплотипов только езидов, поскольку в ряде случаев важно видеть, как эти гаплотипы выстраиваются в ветви соответствующих гаплогрупп (рис. 154).

### Гаплогруппа R1b

Один из увеличенных фрагментов дерева, в данном случае R1b, показан на рис. 155.

В этой двойной ветви есть один гаплотип курда, сопряженный с гаплотипом араба, 14 гаплотипов езидов (из 21 гаплотипа в выборке) и 9 гаплотипов ассирийцев (из 26 в выборке). Все гаплотипы в двойной ветви начинаются с DYS393 = 12, то есть с хорошей вероятностью относятся к сніпам R1b-L23 > Z2103 и нижестоящим. Все ассирийцы имеют один и тот же гаплотип:

12 24 14 10 11 13 12 13 14 28 17 15 19 11 15  
12 23,

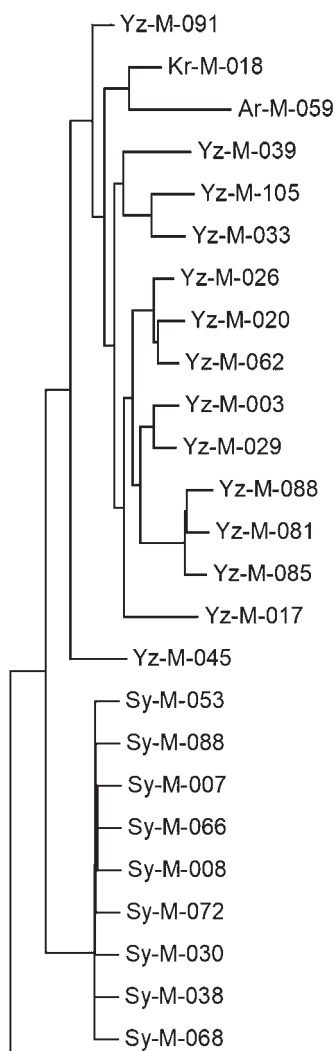


**Рис. 153.** Дерево из 500 гаплотипов езидов (Yz), арабов (Ar), туркменов (Tm), курдов (Kr) и ассирийцев (Sy) в 17-маркерном формате по данным статьи Dogan S. et al., 2017. Указаны гаплогруппы отдельных ветвей



но выше. Это означает, что общий предок езидов и ассирийцев, носителей гаплотипов группы R1b, жил  $(4000 + 1337 + [200-300])/2 = 2800$  лет назад.

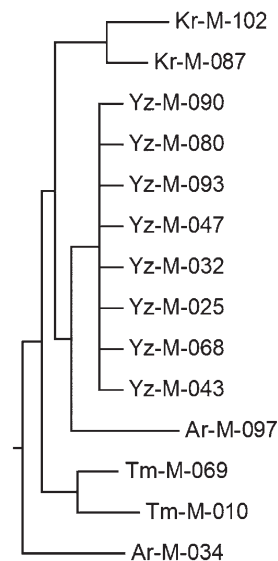
Получается, что предки езидов и ассирийцев гаплогруппы R1b-L23-Z2103 прибыли с севера, со стороны ямной культуры и далее со стороны Кавказа примерно 4 тыс. лет назад и примерно 2,8 тыс. лет назад, в начале I тыс. до н. э., разошлись на ветви езидов и ассирийцев.



**Рис. 155.** Фрагмент дерева гаплотипов на рис. 154, представляющий двойную ветвь, составленную в основном из гаплотипов езидов (верхняя подветвь) и ассирийцев (нижняя подветвь). Все гаплотипы относятся к гаплогруппе R1b

## Гаплогруппа E1b

В выборке езидов есть всего 11 гаплотипов этой гаплогруппы, из которых 8 идентичных друг другу гаплотипов образуют плоскую ветвь, как показывает рис. 156.



**Рис. 156.** Фрагмент дерева гаплотипов на рис. 154, представляющий ветвь езидов гаплогруппы E1b (в центральной части). Гаплотипы курдов, арабов и туркменов, показанные здесь, все относятся к той же гаплогруппе E1b

Все остальные гаплотипы этой ветви — курдов, арабов и туркменов, относятся к той же гаплогруппе, но дистанцируются от гаплотипов езидов. Гаплотипов ассирийцев в этой ветви вообще нет. Все гаплотипы езидов имеют вид:

13 24 13 10 16 18 11 13 11 30 15 14 20 11 16 10 20.

Идентичность этих гаплотипов означает, что их общий предок жил не позднее 250–350 лет назад. Сами гаплотипы немногим отличаются от соответствующих 16 маркеров (выделены) базового гаплотипа субклада E1b-V13:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11,

носитель которого жил  $3450 \pm 350$  лет назад, как было рассчитано по 193 европейским гаплотипам в 67-маркерном формате. Между ними — всего 2 мутации, так что субклад гаплогруппы E1b у езидов действительно можно отнести

к E1b-V13, при том что он вошел к езидам всего несколько веков назад.

Остальные три идентичных гаплотипа группы E1b езидов образовали отдельную ветвь на противоположной стороне дерева гаплотипов (рис. 154) и имеют строение:

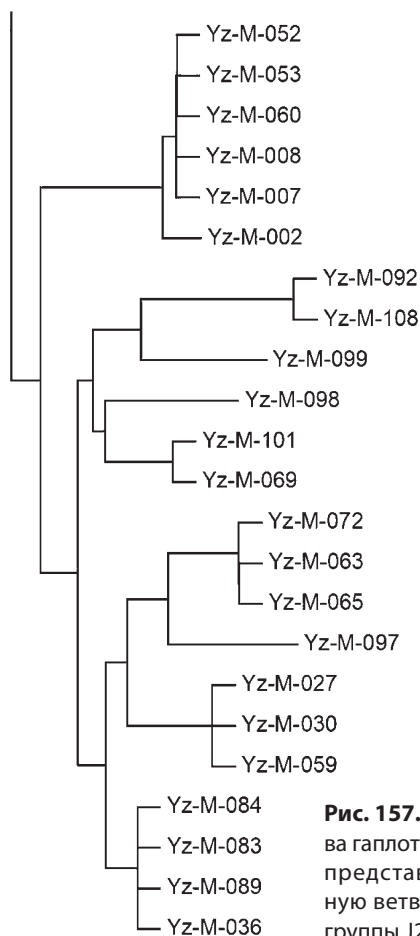
14 21 16 10 17 18 13 13 11 30 16 14 21 11 18 11 21.

Их общий предок жил тоже всего несколько веков назад.

Мы видим, что гаплогруппа E1b вряд ли имеет отношение к происхождению езидов, она приобретена езидами относительно недавно.

### Гаплогруппа J2a

Эта гаплогруппа у езидов на первом месте, впрочем, в пределах погрешности может делить первое и второе места с гаплогруппой R1b. Если построить дерево только из гаплотипов езидов (см. рис. 154), то основная ветвь гаплогруппы J2 выглядит следующим образом.



**Рис. 157.** Фрагмент дерева гаплотипов на рис. 154, представляющий сложную ветвь езидов гаплогруппы J2a

Мы видим, что ветвь гаплогруппы J2 является сложной, состоящей из ряда подветвей, хотя все гаплотипы, для которых в цитируемой статье определили снипы, относятся к субкладу J2a-L26, и некоторые к последующему субкладу M67. Цепочка снипов там такая:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > **L26** > PF5087 > L558 > **M67**,

с многими нижеследующими цепочками, расходящимися от L26 и от M67. Они и приводят к образованию многочисленных подветвей гаплотипов. Все подветви на рис. 157 сходятся к базовому гаплотипу:

12 23 14 10 13 17 11 13 11 30 16 15 20 11 15 9 21, с общим предком  $7630 \pm 940$  лет назад.

Почти такой же гаплотип наблюдался у евреев гаплогруппы J2, как показано выше в соответствующем разделе, гаплотип которых в 16-маркерном формате имел вид:

12 23 14 10 13 17 11 13 11 30 **18** 15 20 11 15 9.

Различие там было всего в 2 мутациях маркера DYS458 (выделены), но существенно то, что общий предок этого базового гаплотипа евреев жил всего  $1436 \pm 180$  лет назад (без округления), то есть в середине I тыс. н. э.

Снип J2-L26 образовался 123 снип-мутации, то есть примерно 17,7 тыс. лет, назад. Разумеется, за столь долгое время нижестоящие снипы прошли и к езидам этой гаплогруппы, и к евреям, и в другие ближневосточные, кавказские, средиземноморские племена. Но судя по датировкам общих предков гаплотипов езидов, их «ядро» составила именно гаплогруппа J2a.

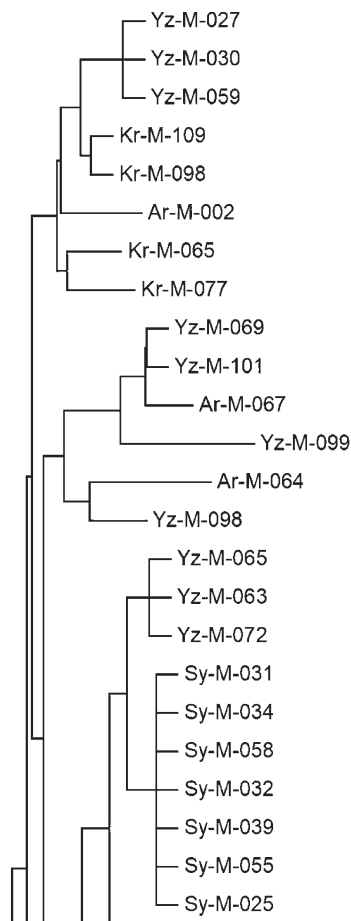
На рис. 158 показан фрагмент дерева гаплотипов на рис. 154, в котором имеются около половины гаплотипов езидов гаплогруппы J2a из выборки. Отсюда видно, что их гаплотипы не показывают особенного «родства» с гаплотипами арабов, курдов, туркмен и комбинируются с ними примерно в одинаковой степени. Несколько выделяются ассирийцы, которые составляют с езидами отдельную ветвь, но как и в случае гаплогруппы R1b, обе подветви — езидов и ассирийцев — состоят из идентичных (в своей подветви) гаплотипов:

12 22 14 10 13 16 11 13 11 29 14 15 21 11 16 9 21 (езиды),  
12 22 14 10 13 16 **12** 13 11 29 **15** 15 21 11 16 9 21 (ассирийцы),



и отличаются друг от друга всего на 2 мутации. Эта разница эквивалентна  $2/0,0365 = 55 \rightarrow 58$  условным поколениям, или 1450 годам, то есть эти подветви езидов и ассирийцев разделились примерно 725 лет назад.

Остальные гаплотипы разбросаны по левой стороне дерева гаплотипов в трех подветвях, как показано на рис. 154, и воспроизводятся здесь в увеличенном формате.



**Рис. 158.** Фрагмент дерева гаплотипов на рис. 154, представляющий ветвь езидов гаплогруппы J2a. Гаплотипы курдов, арабов, ассирийцев и туркмен, показанные здесь, все относятся к той же гаплогруппе J2a

### Гаплогруппа L

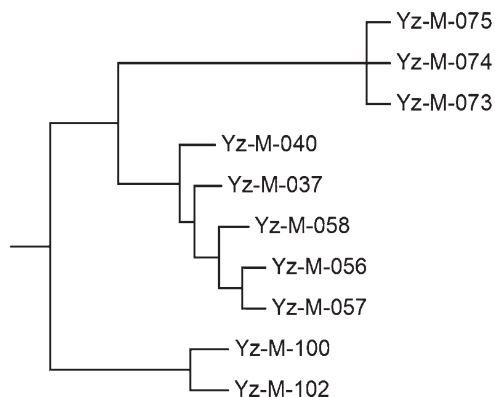
Эта гаплогруппа у езидов определенно не коренная, недавно заимствованная. Ветвь гаплогруппы L имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 17 17 11 14 14 30 18 16 19 12 14  
10 24,

с датировкой общего предка  $570 \pm 200$  лет назад.

### Гаплогруппа G2a

Эта гаплогруппа у езидов состоит из ряда различных ветвей, значительно отличающихся друг от друга (рис. 159).



**Рис. 159.** Фрагмент дерева гаплотипов на рис. 154, представляющий ветвь езидов гаплогруппы G2a

Центральная подветвь из шести гаплотипов имеет общего предка, который жил всего  $560 \pm 290$  лет назад, но боковые подветви различаются настолько, что датировка кажущегося общего предка уходит на  $6300 \pm 950$  лет назад. Похоже, что в состав езидов вошли три племени гаплогруппы G2a с очень различающейся историей и генеалогией, и это сделало езидов очень разнообразными по ветвям, следовательно, придало им кажущуюся «древность».

### Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа тоже определенно не «коренная» у езидов, ее ветвь состоит из двух подветвей и одиночного гаплотипа (рис. 160), и еще двух идентичных гаплотипов, далеко отстоящих на дереве и на рис. 160 не показанных. Три идентичных гаплотипа в верхней подветви имеют вид:

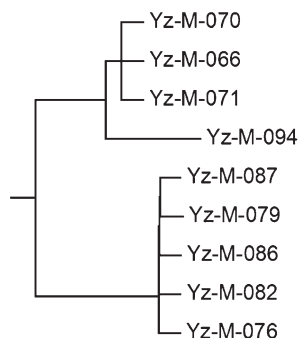
13 24 15 11 11 15 10 13 11 30 15 14 20 12 15  
11 24,

пять идентичных гаплотипов в нижней подветви имеют вид:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 16 14 20 13 16 11 23,  
одиночный гаплотип имеет вид:

13 24 15 11 11 15 10 13 11 30 16 15 ? 12 15 8 24,  
и два идентичных далеко отстоящих гаплотипа  
имеют вид:

13 24 15 10 12 14 12 13 13 29 14 14 18 12 13  
12 24.



**Рис. 160.** Фрагмент дерева гаплотипов на рис. 154, представляющий ветвь езидов гаплогруппы R1a

Такая структура подветвей показывает, что соответствующие носители гаплогруппы R1a вошли в состав езидов относительно недавно, всего несколько веков назад. Общие же предки этих подветвей жили довольно давно. Так, между предковыми гаплотипами (они же гаплотипы подветвей) верхней и нижней подветвей имеется 7 мутаций, что соответствует  $7/0,0365 = 192 \rightarrow 241$  условному поколению, или примерно 6025 годам, и их общий предок жил на половине этого срока, то есть примерно 3 тыс. лет назад.

Что касается двух далеко отстоящих на дереве гаплотипов, в цитируемой статье их сначала определили как относящихся к гаплогруппе R1a, но авторов смутило необычное значение  $DYS392 = 13$ , и они, пользуясь предиктором (что совершенно архаично для современных работ), решили, что они относятся к гаплогруппе R1b. Это не так, и на дереве гаплотипов они отстоят от ветви R1b еще дальше. Авторы, видимо, не знали, что архаичные гаплотипы R1a имеют  $DYS392 = 13$ , что предикторы не показывают (предикторы показывают только шаблонные, стандартные варианты, потому в науке и неприемлемы). Разница между нижней подветвью и двумя отстоящими (архаичными) гаплотипами составляет 19 мутаций на 17 маркерах, астрономическая величина, что со-

ответствует временной разнице между ними  $19/0,0365 = 521 \rightarrow 1057$  условных поколений, или примерно 26,4 тыс. лет. Их общий предок жил на половине этой временной дистанции, или примерно 13,2 тыс. лет назад. Именно в те времена, по современным представлениям, проходила миграция носителей гаплогруппы R1a через Переднюю Азию на запад, в сторону Европы. Видимо, с тех времен остались гаплотипы их прямых потомков среди езидов.

Среди результатов тестирования в Академии ДНК-генеалогии из 938 образцов был 1 езид, с корнями в Грузии почти 100 лет назад. У него оказалась гаплогруппа R1a > YP4141, и гаплотип с тем же «архаичным» маркером  $DYS392 = 13$ :

13 23 15 11 12 12 12 13 13 30 16 15 19 12 15  
11 23.

Снип YP4141 образовался 115 снип-мутаций, или примерно 16,6 тыс. лет, назад. Между этим гаплотипом и идентичными гаплотипами двух езидов выше имеется 13 мутаций, что разводит эти гаплотипы на  $13/0,0365 = 356 \rightarrow 560$  условных поколений, или примерно 14 тыс. лет. Их общий предок жил на половине этой временной дистанции, то есть примерно 7 тыс. лет назад.

Все это подтверждает, что среди езидов есть носители «архаичных» гаплотипов, оставшихся, видимо, со времен миграции древних носителей гаплогруппы R1a по «южной дуге», через Переднюю Азию и Месопотамию на запад, в сторону Европы.

## Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа у езидов тоже составная, из трех одинаковых или почти одинаковых пар и троек гаплотипов и двух отдельных отстоящих гаплотипов (рис. 154). Формально их общий предок жил более 6 тыс. лет назад, но это скорее набор ветвей разного происхождения, вошедших в состав езидов относительно недавно.

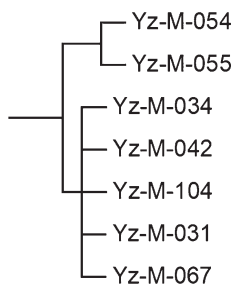
## Гаплогруппа T

Все семь гаплотипов этой гаплогруппы в выборке расходятся на две подветви (рис. 161), гаплотипы в которых идентичны в пределах подветви:

13 25 14 10 15 17 11 14 13 30 17 14 19 11 16  
10 21,

13 25 14 10 15 17 11 **13** 13 29 17 14 19 11 16  
10 21.

Между ними всего одна мутация (отмечено выше), так как вторая разница между двумя гаплотипами (30 и 29) мутацией не является по правилам подсчета мутаций. Это означает, что разница между двумя гаплотипами эквивалентна  $1/0,0365 = 27 \rightarrow 28$  условным поколениям, то есть 700 лет, и их общий предок жил на половине этой дистанции, то есть примерно 350 лет назад. Отметим, что если формально (и неверно) проводить расчет по всем семи гаплотипам и засчитывать в них 4 мутации, то общий предок обеих подветвей жил  $398 \pm 203$  года назад (без округления). Некоторое «завышение» возраста общего предка, впрочем, в пределах погрешности, произошло оттого, что здесь не учитывалась несимметричность общей ветви, отсюда «перекос» в расчетах.



**Рис. 161.** Фрагмент дерева гаплотипов на рис. 154, представляющий ветвь езидов гаплогруппы Т

Обращает на себя внимание, что езиды гаплогруппы Т сближаются с ассирийцами той же гаплогруппы (рис. 162).

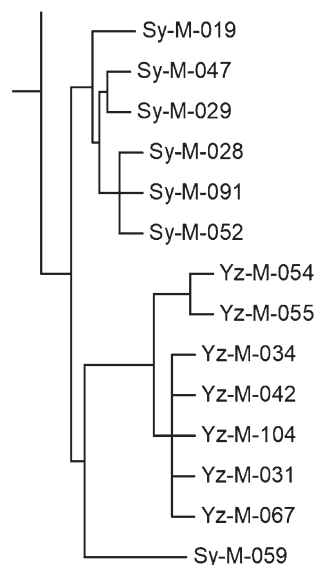
Ни с арабами, ни с туркменами или курдами такого сближения на дереве гаплотипов не было. Общий предок езидов и ассирийцев гаплогруппы Т на рис. 162 жил  $2920 \pm 500$  лет назад, его базовый гаплотип:

13 24 14 10 15 17 11 14 13 30 17 14 19 11 16  
10 21.

Он отличается всего на 1 (!) мутацию от верхнего базового гаплотипа езидов выше и на 2 мутации от нижнего гаплотипа. Иначе говоря, современные гаплотипы езидов мало от-

личаются от гаплотипа общего предка езидов и ассирийцев.

Суммируя, мы наблюдаем, что езиды наиболее сближаются с ассирийцами по трем гаплогруппам — R1b, J2a и Т.



**Рис. 162.** Фрагмент дерева гаплотипов на рис. 153, представляющий ветвь езидов (Yz) гаплогруппы Т и ассирийцев (Sy) той же гаплогруппы

## 64. ЭВЕНКИ (УСТАР. ТУНГУСЫ)

Эвенки до 1931 г. назывались тунгусами. По результатам Всероссийской переписи населения, количество эвенков в Российской Федерации (2010 г.) составляет около 38 тыс. человек, из них по разным данным между 47 и 56 % проживают в Якутии. Остальные живут в Иркутской, Амурской и Сахалинской областях, Красноярском, Забайкальском и Хабаровском краях и в намного меньших количествах в других местах. Часть из них подразделяют на забайкальских и амурских эвенков.

Состав эвенков по гаплогруппам по нескольким выборкам приведен в табл. 70.

Данные в табл. 70 значительно различаются по выборкам, что может отражать или малую статистику, или разнородность выборок по разным

группам эвенков. В любом случае, во всех выборках преобладает гаплогруппа C2a-M48:

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > M48,

которой, для сравнения, у якутов было около 3 %. На втором месте находится гаплогруппа N1a, которой у якутов примерно 90 %. Все остальные гаплогруппы у эвенков являются минорными по численности. Как видим, эвенки и якуты показывают противоположный состав основных гаплогрупп.

По данным Д. Адамова (2009), преобладающий базовый гаплотип западных эвенков гаплогруппы C был следующий (в формате 10-маркерных гаплотипов):

13 24 16 9 12 13 X 13 11 29.

Западных эвенков гаплогруппы N1a2b-P43:

13 23 14 10 12 13 X 13 14 29,

и гаплогруппы N1a1-M46:

13 23 14 11 11 13 X 14 14 30,

14 23 14 11 11 13 X 14 16 32.

Последний можно сравнить с базовым гаплотипом якутов той же гаплогруппы:

14 23 14 11 11 13 10 14 16 32.

Мы видим, что это один и тот же гаплотип. Таким образом, эвенки приобрели гаплогруппу N1a1-M46, которая у них не особенно выражена по сравнению с гаплогруппой C2a-M48 из того же источника, что и якуты, или непосредственно у якутов.

**Таблица 70.** Состав гаплогрупп эвенков по разным выборкам

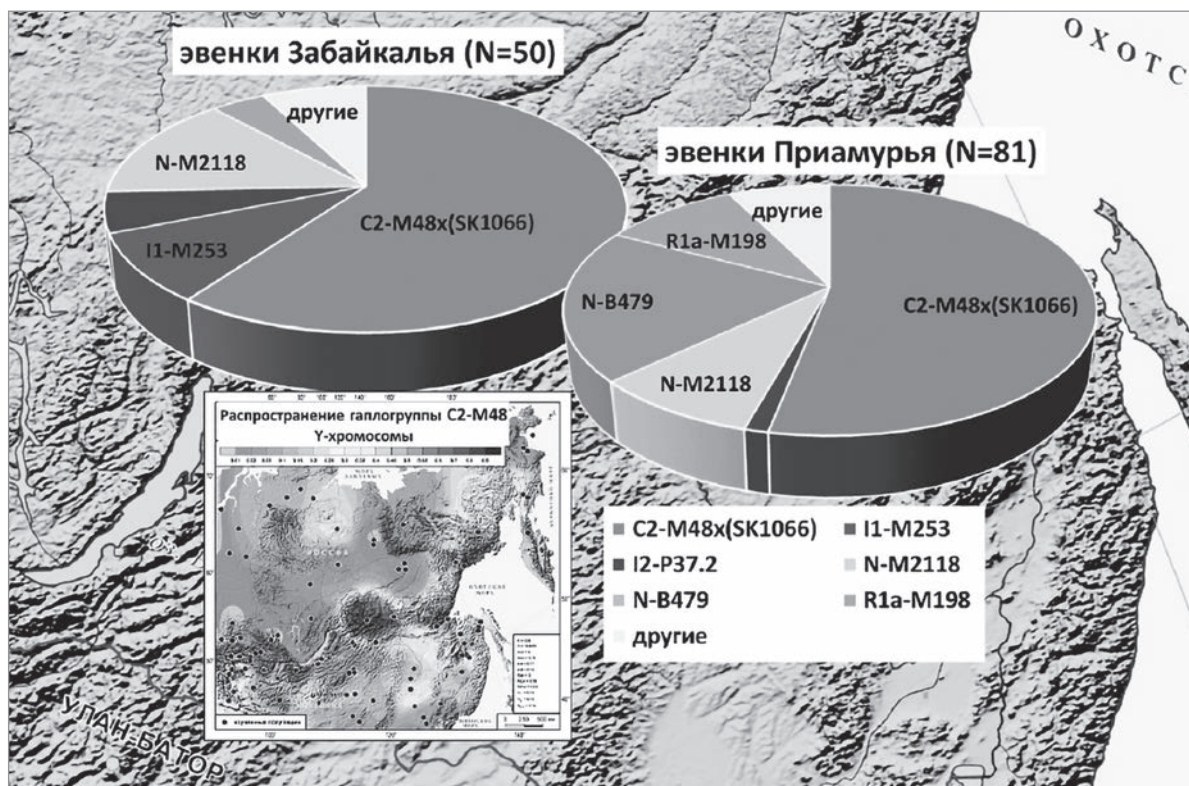
Гаплогруппа	96 чел.*, %	50 чел.** , %	Забайкальские, 50 чел.***, %	Амурские, 81 чел.***, %	Эвенки в целом 49 чел.****, %
			<b>Данные оценочные</b>		
C2-M217-M48	68	40	70	60	70
N1a	20,1	34	15	33	н/п
N1a1-M46	17	16	15	33	28
N1a2b-P43	3,1	18	н/п	н/п	22
I1-M253	5,2	2	10	н/п	
Q	4,2	0	н/п	н/п	
R1a	1,3	14	5	10	
R1b	0	6	н/п	н/п	
I2-P37.2	н/п	н/п	4	2	

\* Karafet, T. (2002).

\*\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. № 1. P. 139. Те же данные приведены в ранней статье Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // *Доклады Академии наук*. 2006. Т. 411. № 2. С. 273–277.

\*\*\* Агджоян А. Т. и др. Мозаика генофонда эвенков: забайкальский и амурский сегменты // *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 2019. № 3. С. 67–76.

\*\*\*\* Pakendorf (2006, 2007), цит. по: Д. Адамов «Об основных гаплогруппах Y-хромосомы тунгусо-маньчжурских народов // *Russ.J. Genet. Geneal.* 2009. № 1. P. 40–51.



**Рис. 163.** Состав гаплогрупп в двух популяциях эвенков (см. табл. 70). Из статьи Агджоян А. Т. и др. Мозаика генофонда эвенков: забайкальский и амурский сегменты // Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология. 2019. №3. С. 67–76. Субклады N-M2118 и N-B479 — нижестоящие от субклада N1a1-M46. См. цветную вклейку.

## 65. ТУРКМЕНЫ

Согласно результатам переписи населения, число туркмен в Российской Федерации составляет около 37 тыс. человек. Из них максимальное число, примерно 41 %, проживают в Ставропольском крае, остальные рассеяны по стране. В Москве живут примерно 8 % от общего числа туркмен в Российской Федерации.

В табл. 71 показан состав туркмен по гаплогруппам по результатам нескольких выборок.

Мы видим, что состав гаплогрупп туркмен варьируется в очень широких пределах, особенно для гаплогруппы Q — от 73 % у туркмен Каракалпакстана (Узбекистан) до 2 % у туркмен на севере Ирака и в Ставрополье. Помимо то-

го, этой гаплогруппы 34 % в Бактрии (в данном случае в Афганистане), 43 % у туркмен Ирана. По-видимому, гаплогруппа Q преобладает (или полностью наблюдается) в одном туркменском племени, которое входит в разной степени в состав туркмен в разных регионах.

Наиболее полные данные по гаплогруппам туркмен имеются по Северному Ираку, и соответствующее дерево гаплотипов представлено на рис. 166.

В литературе есть еще выборки по туркменам, результаты которых показаны, например, на рис. 164 и 165. Однако на рис. 164 приведены комбинированные показатели по гаплогруппам Q + R1b, J1 + J2, G + I, которые особого смысла не имеют.



**Таблица 71.** Состав гаплогрупп туркмен по разным выборкам и территориям

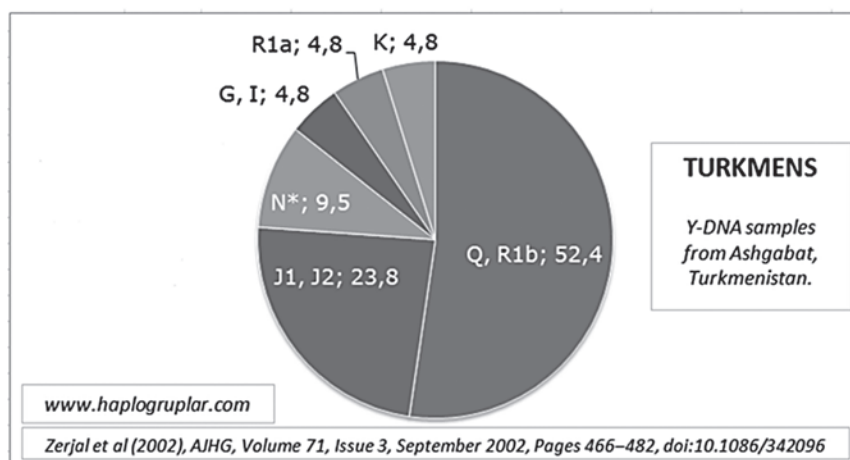
Гаплогруппа	Сев. Ирак, 102 чел.*, %	Бактрия, 50 чел.** , %	Ашхабад***, %	Каракалпакстан, 83 чел.****, %
J2	20	8,1		
J2a	19			
J2b	1			
E1b	19	5,4		
J1	13	9,5		
R1a	12	18	4,8	4
G2a	10			4
R1b	8			5
N		6,8	9,5	
T	6			
L	5			
I2a	4			
Q	2	34		73
I1	1			
H	1			7

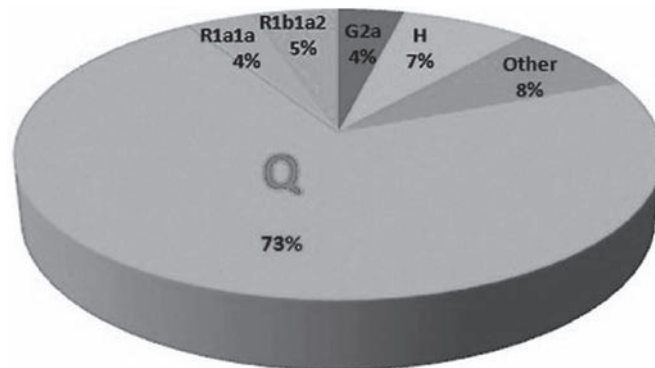
\* Dogan S. et al. A glimpse at the intricate mosaic of ethnicities from Mesopotamia: Paternal lineages of the Northern Iraqi Arabs, Kurds, Syrians, Turkmens and Yazidis // PLOS ONE. 2017.

\*\* Клёсов А. А., Саидов Х. Евреи и пуштуны Афганистана. М.: Концептуал, 2015.

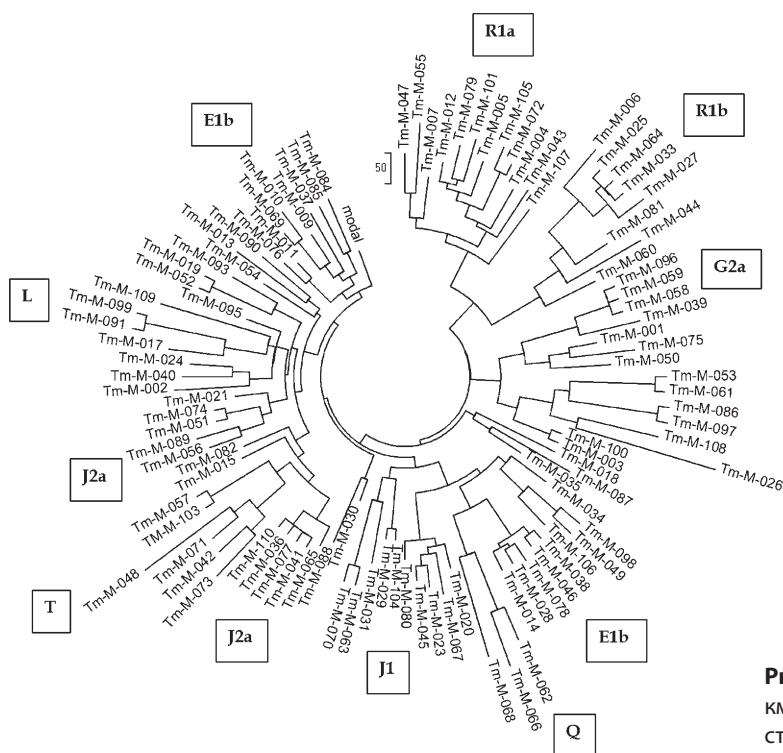
\*\*\* Размер выборки неизвестен.

\*\*\*\* Скаляхо Р. А. и др. Генофонд туркмен Каракалпакстана в контексте популяций Центральной Азии (полиморфизм Y-хромосомы) // Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология. 2016. №3. С. 86–96.

**Рис. 164.** Состав гаплогрупп в выборке туркмен Ашхабада. Ссылка дана в поле рисунка



**Рис. 165.** Состав гаплогрупп в выборке туркмен Каракалпакстана (Узбекистан). Ссылка дана в подписи к табл. 71. См. цветную вклейку.



**Рис. 166.** Дерево из 102 гаплотипов туркмен в 17-маркерном формате по данным статьи Dogan S. et al. (2017). Указаны гаплогруппы отдельных ветвей

### Гаплогруппа J2a

Эта гаплогруппа у туркмен Ирака преобладает, хотя ее доля практически равна доле гаплогруппы E1b. Но и та и другая разбросаны по дереву гаплотипов, что показывает ее или чрезвычайную древность, или вхождение в состав туркмен ряда носителей гаплогруппы J2a из разных источников. Кажущийся общий предок этой гаплогруппы

среди туркмен жил  $7500 \pm 950$  лет назад, и его кажущийся же гаплотип был:

12 23 14 10 13 16 11 13 11 30 16 15 21 12 15 9 22.

Похожие на него встречаются у многих народностей Кавказа, Ближнего Востока, Русской равнины, и он отражает, видимо, смесь субкладов J2a-L26 и J2a-M67. Поэтому гаплотипы туркмен этой гаплогруппы и разбросаны по дереву.

### Гаплогруппа E1b

Гаплотипы этой гаплогруппы тоже находятся в разных участках дерева. Одна ветвь из 9 гаплотипов в правой нижней части дерева на рис. 166 имеет базовый гаплотип:

13 24 13 10 16 17 12 13 11 31 16 14 19 11 15 10 22,

с датировкой общего предка  $6020 \pm 970$  лет назад. Характерно, что почти такой же базовый гаплотип есть у ветви этнических русских и у ветви армян с датировками соответственно  $6200 \pm 900$  и  $5200 \pm 570$  лет назад, и они описаны в соответствующих разделах выше в этой книге. Как рассказывалось ранее, этим предкам и их потомству удалось избежать истребления носителей гаплогруппы E1b в Европе в III тыс. до н. э., и часть потомков в итоге прибыла на Русскую равнину, на Кавказ, на Ближний Восток и, как теперь выясняется, в Среднюю Азию. Расчеты, приведенные выше в данной книге, показывают, что их общий предок жил примерно 7575 лет назад, в древней Европе, еще до гибели ее коренного населения.

Остальные гаплотипы группы E1b разбросаны по дереву гаплотипов, и их кажущийся общий предок жил  $9590 \pm 1400$  лет назад и имел кажущийся же базовый гаплотип:

13 24 14 10 16 18 12 13 11 31 17 14 20 12 15 10 22.

Это опять показывает, что за пределами Европы, в которой выжили в основном только носители субклада E1b-V13, которые прошли «бутылочное горлышко» выживания  $3450 \pm 350$  лет назад, после «гибели старой Европы» остались носители древних ветвей гаплогруппы E1b. Среди них — предки современных туркмен.

### Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа тоже рассеяна по дереву гаплотипов, две трети гаплотипов в нижней части дерева, остальные — по нескольким ветвям в левой части дерева. Но при любых комбинациях ветвей условная датировка общего предка приходится на древние времена, например,  $6600 \pm 940$  лет назад или  $7000 \pm 1100$  лет назад. Это не согласуется с датировками общих предков евреев гаплогруппы J1 примерно 4 тыс. лет назад, но напоминает датировку общих предков части арабов той же гаплогруппы около 8 тыс. лет назад.

### Гаплогруппа R1a

Гаплотипы этой гаплогруппы образуют относительно компактную ветвь в правой верхней части дерева, в которой большинство гаплотипов относятся к одной относительно симметричной ветви. Датировка всех гаплотипов группы R1a у туркмен северного Ирака показывает время жизни общего предка  $4487 \pm 712$  лет назад (без округления) с базовым гаплотипом:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 16 14 20 12 16 11 23.

Это — типичный предковый гаплотип южно-арийской ветви R1a-Z93 и нижестоящих субкладов, которые обычно встречаются у кавказских народов и народов Средней Азии. Он, правда, почти неотличим от балто-карпатской ветви субклада R1a-Z280, но такой вариант у туркмен маловероятен.

### Гаплогруппа G2a

Эта гаплогруппа представлена на дереве несколькими неоднородными ветвями, так что их анализ не является конструктивным при всего 10 гаплотипах. Половина их представлена парой и тройкой идентичных гаплотипов:

13 21 15 10 14 15 11 12 11 30 16 16 24 11 16 11 21,  
14 23 14 10 14 15 11 12 11 30 17 15 21 12 15 10 22.

Между ними — 13 мутаций, что эквивалентно  $13/0,0365 = 356 \rightarrow 560$  условным поколениям, или примерно 14 тыс. лет. Тогда их общий предок жил на половине этой временной дистанции, то есть примерно 7 тыс. лет назад.

Это не очень отличается от условного общего предка всех гаплотипов G2a на дереве, который жил  $6400 \pm 1000$  лет назад и имел условный же базовый гаплотип:

14 22 15 10 14 15 11 12 11 29 16 16 22 11 16 10 21.

### Гаплогруппа R1b

Этой гаплогруппе принадлежит относительно компактная ветвь в верхней правой стороне дерева с базовым гаплотипом:

12 24 14 11 11 14 12 14 13 31 17 15 19 13 16 12 23,

и датировкой общего предка  $3550 \pm 690$  лет назад. По всем признакам это гаплотипы субклада R1a-Z2103 и нижестоящих субкладов, потомки выходцев из ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад). Об этом говорят и первый маркер DYS393 = 12, и большинство остальных маркеров. Для сравнения, в независимой выборке из 204 гаплотипов в 111-маркерном формате предковый гаплотип этого субклада следующий, с датировкой общего предка  $4583 \pm 462$  года назад (без округления):

**12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10**  
 11 11 25 **15 19** 29 15 15 16 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 26 26 19  
 12 11 13 12 10 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 11 11,

в котором соответствующие маркеры 17-маркерного гаплотипа выделены. Мы видим, что из них не совпадают всего 2 маркера. Удивительно, на каких больших территориях и разнообразных народностях проявилось наследство насельников ямной культуры и их прямых потомков.

### Гаплогруппа Т

Эти гаплотипы образуют относительно компактную ветвь, состоящую из двух-трех подветвей на левой стороне дерева гаплотипов. Базовый гаплотип всей ветви:

13 23 14 10 15 17 11 13 13 31 16 14 19 11 16 9 21,  
 с общим предком  $5840 \pm 1100$  лет назад. Данная датировка довольно типична для народностей Ближнего Востока, Передней и Средней Азии.

### Гаплогруппа L

Пять гаплотипов этой гаплогруппы разбросаны на дереве по двум различным ветвям плюс одиночный гаплотип, и их анализ большого смысла не имеет.

### Гаплогруппа I2a

Эта гаплогруппа представлена на дереве всего 4 гаплотипами, из которых два одинаковы:

13 22 14 10 11 12 12 14 12 29 15 15 19 12 15  
 11 20,

и еще 2 гаплотипа имеют вид:

13 23 15 11 14 15 12 13 11 30 17 15 20 11 15  
 10 23,

13 24 15 10 12 12 12 13 11 28 16 14 21 12 14 10 21.

Видно, что эти гаплотипы очень удалены друг от друга и никак не могут соответствовать гаплотипам южнославянской ветви I2a-Y3120:

**13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11**  
 11 25 **15 20** 32 12 14 15 15 — 10 **10** 21 21 **15** 12  
 18 18 34 35 11 **10** — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
 22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
 12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
 11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
 14 11 16 23 11 **23** 18 10 15 19 9 12 11,

общий предок которой жил  $2200 \pm 230$  лет назад. Действительно, условный общий предок туркменских I2a жил  $8300 \pm 1800$  лет назад. Эта датировка согласуется с древними носителями I2a, которые жили в Европе во времена мезолита. Попали они на Ближний Восток из древней Европы или наоборот, пока неизвестно.

Гаплогруппы Q, I1 и H у туркмен Северного Ирака являются единичными и здесь рассматриваться не будут.

## 66–67. РУТУЛЬЦЫ, АГУЛЫ

Рутульцы и агулы — народности Дагестана. По результатам Всероссийской переписи населения, численность рутульцев на территории РФ составила чуть больше 35 тыс. человек, из них 79 % проживают на территории Дагестана. Агулов — чуть больше 34 тыс. человек, из них 82 % проживают в Дагестане, еще 5 % — в Ставропольском крае.

Данных по гаплотипам-гаплогруппам рутульцев и агулов обнаружить не удалось. В базе данных Дагестана из 137 человек рутульцев и агулов не оказалось (<https://www.familytreedna.com/public/dagestan?iframe=yresults>).

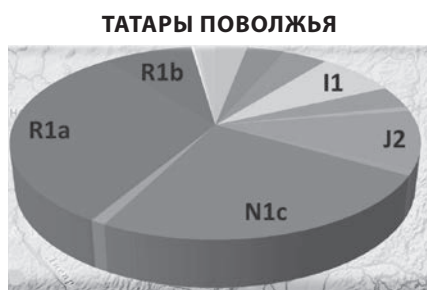
## 68. КРЯШЕНЫ

Кряшены были упомянуты в разделе «Татары» в этой книге. Это группа волжских и уральских православных татар численностью около 35 тыс. человек, по данным Всероссийской переписи населения, из которых 86 % проживают в Татарстане. Собственно, их название происходит от

«крещеные (татары)», считаются субэтнической группой татар.

Состав гаплогрупп кряшен изучен довольно поверхностно даже в пределах одной выборки в 310 человек, в которой были смешаны казанские татары, мишари и кряшены, и все это было названо «поволжскими татарами» (Балановская Е. В. и др. Татары Евразии: своеобразие генофондов крымских, поволжских и сибирских татар // Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология. 2016. №3. С. 75–85). Сколько в выборке было кряшенов — в статье не указывалось. Понятно, что ценность полученных данных в таком варианте не слишком велика, поскольку подвижки в составе гаплогрупп в таком комбинированном варианте могут быть практически любыми.

С учетом критических замечаний в подписи к рис. 167, а также из текста цитируемой статьи можно заключить, что гаплогруппы R1a и N1 у поволжских татар составляют примерно по 25 %, гаплогруппы C, O и Q — примерно по 1–2 %, сумма гаплогрупп E1b, G2a, I2a и O2 — 23 %, ни одна из них на диаграмму не нанесена. Гаплогруппы J2 и R1b составляют по 8–10 %, I1 — 6–7 %. Но эти показатели к кряшенам имеют мало отношения, просто так работают популяционные генетики.



**Рис. 167.** Диаграмма состава гаплогрупп среди поволжских татар, в состав которых включали казанских татар, мишарей и кряшенов, сколько именно — в статье не указано (Балановская Е. В. и др. Татары Евразии: своеобразие генофондов крымских, поволжских и сибирских татар // Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология. 2016. №3. С. 75–85). N1c — название субклада устаревшее, с 2017 г. в номенклатуре используется N1a, более того, в статье на самом деле измеряли содержание субклада N1-LLY22g, которое было отменено в ноябре 2014 г. как непригодное для исследований и сейчас представляет субклад N1. Поэтому на диаграмме должно быть N1, а не N1c, даже с учетом архаичности последнего

## 69. ЛИТОВЦЫ

Литовцев на территории Российской Федерации проживает несколько больше 31 тыс. человек, из них треть живут в Калининградской области. Состав литовцев по гаплотипам по двум источникам приведен в табл. 72. По основной гаплогруппе в Литве, N1a1, данные согласуются, как и то, что вторая по численности гаплогруппа в Литве — это R1a. Но с самой R1a данные по двум источникам заметно расходятся. Возможно, причина в том, что данные в «Литовском проекте» FTDNA организованы самым неудачным образом — туда включены данные по людям, которые к литовцам, судя по их странам и фамилиям, никакого отношения не имеют. И таких — как минимум половина списка. Там же множество евреев, судя по их именам-фамилиям, а также самим гаплотипам, причем не только из Литвы, но и с Украины, из Белоруссии, Латвии, Польши и других стран, там же англичане, ирландцы, шотландцы, немцы, испанцы, украинцы, белорусы, поляки, и кого там только нет еще.

При этом не надо думать, что это все литовцы, это не так. Обычно администраторами подобных проектов выступают популяционные генетики, и они «накручивают» численность своих проектов за счет совершенно случайных лиц. Это не всегда так, но с «Литовским проектом» это доведено до абсурда. В целом, это нередкое явление у популяционных генетиков, например, автор этой книги фигурирует в «Индийском проекте» со своим гаплотипом и гаплогруппой и с адресом предка «Курск, Россия», как недавно обнаружил. Поэтому «Литовский проект» для целей этой книги пришлось значительно редактировать, удаляя людей не литовской национальности, как и евреев, поскольку евреям в этой книге посвящен отдельный раздел. В итоге в копии «Литовского проекта» осталось 122 литовца. Возможно, на сайте Eupedia такого редактирования не было проведено, поэтому число носителей гаплогруппы R1a оказалось завышенным, среди них, например, много евреев с их специфическими гаплотипами, плюс специфические имена-фамилии, да еще с нередким указанием, что они евреи.



**Таблица 72.** Состав гаплогрупп у литовцев по данным Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), «Литовского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/LithuanianDNA?iframe=yresults>), статьи Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139, и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Размер выборки в Eupedia — по данным самого сайта

Гаплогруппа	Eupedia (250–500 чел.), %	FTDNA (122 чел.), %	Статья Tambets et al., 164 чел., %	Число снийов в списке YFull
N1a1	42	43	44	34
L1025	н/п	н/п	н/п	34
R1a	38	28	34	15
Z280	н/п	н/п	н/п	12
M458	н/п	н/п	н/п	2
Z284	н/п	н/п	н/п	1
I1	6	4,1	11,6*	3
I2a	6	4,1		2
I2b	1	н/п	н/п	0
R1b	5	5,7	4,9	13
Z2103	н/п	н/п	н/п	3
P312	н/п	н/п	н/п	4
U106	н/п	н/п	н/п	6
E1b	1	8,2	1,2	17
V13	н/п	н/п	н/п	0
Прочие***	н/п	н/п	н/п	17
Q	0,5	0	0,6	0
T	0,5	0		2
J2a	0	57	1,8**	13
J1	0	0		4
G	0	0	н/п	9
G1-M342	н/п	н/п	н/п	1
G2-P287	н/п	н/п	н/п	5
G2a-P15	н/п	н/п	н/п	2

\* Суммарно гаплогруппы I1 и I2.

\*\* Суммарно гаплогруппы J1 и J2.

\*\*\* Субклады PF1962, M123, M84, M132, V22.

Результаты во всех трех колонках достаточно близкие, за исключением выброса доли гаплогруппы E1b и J2a по данным FTDNA.

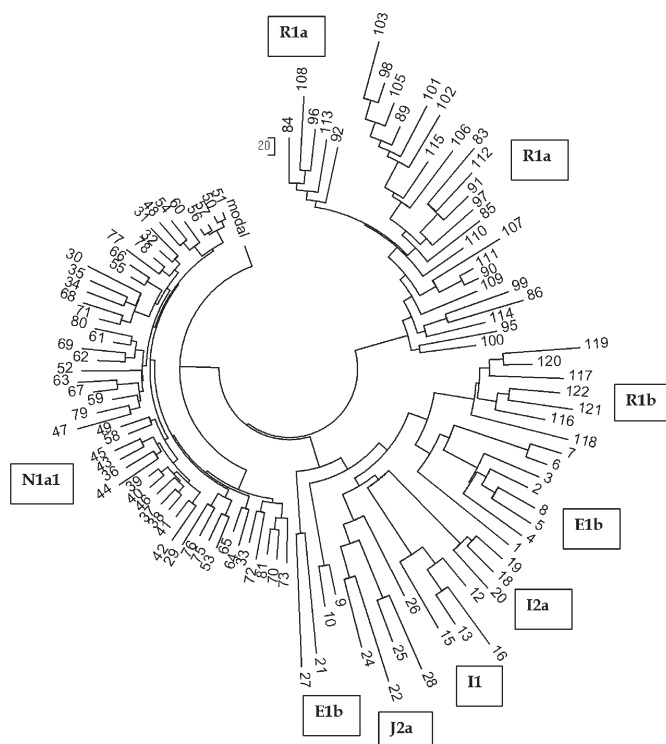
На рис. 168 приведено дерево гаплотипов литовцев по данным «Литовского проекта» FTDNA. Ветви дерева вполне четкие и позволяют провести их ДНК-генеалогический анализ.

### Гаплогруппа N1a1

Все 52 гаплотипа левой стороны дерева сходятся к базовому гаплотипу:

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 — 11 11 18 20 13 15  
16 19 36 36 14 10,

с общим предком, который жил  $2330 \pm 260$  лет назад. Этот гаплотип только на 1 мутацию, а точнее на 0,79 мутации, отличается на первых 37 маркерах от предкового гаплотипа субклада N1a1-L1025, общий предок серии гаплотипов которого жил  $2760 \pm 300$  лет назад, то есть тогда же, в пределах погрешностей расчета.



**Рис. 168.** Дерево из 111 гаплотипов литовцев в 37-маркерном формате по данным «Литовского проекта» FTDNA. Указаны гаплогруппы отдельных ветвей. Гаплогруппа N1a1 занимает всю левую сторону дерева

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 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 36 36 14 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12  
21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 — 39 15 8 15 12 23 27 19 13 14 11 12 13  
9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15 21 12  
22 13 13 14 26 12 22 18 11 13 16 8 12 11.

Сам снип L1025 образовался 18 снип-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад, то есть тогда же, когда жил общий предок литовских гаплотипов гаплогруппы N1a1 ( $2330 \pm 260$  лет назад). Эти датировки согласуются с концепцией миграции носителей гаплогруппы N1a1 с Урала, откуда они вышли примерно 3,5 тыс. лет назад и дошли по Русской равнине до Южной Балтики в конце прошлой эры. Тогда же и датируется общий предок гаплогруппы N1a1 современных литовцев, который, скорее всего, имел снип L1025.

То, что основным субкладом-снипом литовских носителей гаплогруппы N1a1 является L1025, показывают и данные списка YFull (табл. 72). Все 34 представителя Литвы в списке имеют снип L1025. Это же относится и к Латвии,

где все 10 представителей в списке YFull имеют тот же снип, и к Эстонии, где из 21 представителя в списке двадцать имеют тот же снип.

### Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа представлена на дереве гаплотипов литовцев двумя подветвями, большей с базовым гаплотипом:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 15 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 39 13 11,

носитель которого жил  $4700 \pm 500$  лет назад, и малой с базовым гаплотипом:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 31 14 15 15 15 — 11 12 19 23 16 15  
18 18 34 38 13 11,

с датировкой общего предка  $3660 \pm 610$  лет назад. Первый представляет суперпозицию базовых балто-карпатского и восточнокарпатского гаплотипов, рассмотренных выше в разделе «Русские», второй — набор неоднородных гаплотипов. Между ними 12 мутаций, что эквивалентно  $12/0,09 = 133 \rightarrow 158$  условным поколениям, или 3950 годам, и их общий предок гаплогруппы R1a

жил  $(3950 + 4700 + 3660)/2 = 6150$  лет назад. Это возможно, поскольку носители гаплогруппы R1a жили на Балтике в древнейшие времена — в археологической культуре ямочно-гребенчатой керамики (6,2 тыс. — 4 тыс. лет назад), и в еще более древние времена (находки ископаемой гаплогруппы R1a в Карелии с датировками 7 тыс. — 7,5 тыс. лет назад). Но скорее всего, это следствие недостаточности больших выборок в данном случае.

Как мы видим, носители гаплогруппы R1a в Прибалтике на тысячелетия древнее носителей гаплогруппы N1a1.

Список YFull показывает максимальное количество сний Z280-Z92, 7 из 15 литовцев, далее идут снии M458 (CTS11962 и L1029), Z280-CTS1211 и Z280-CTS3402, по 2 сния в каждой группе, и по 1 снису Z284 (скандинавский субклад) и Z280-Y2902 (восточнокарпатская ветвь). Это — обычные снии Русской равнины, за исключением единичного Z284.

### Гаплогруппа I1

На дереве гаплотипов литовцев данной выборки имеются лишь 4 гаплотипа этой гаплогруппы. Поскольку выборка крайне мала, она дает условный гаплотип:

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 — 10 11 19 21 14 14  
16 20 35 37 12 10,

с датировкой общего предка  $3490 \pm 640$  лет назад. Это — укороченный гаплотип общего предка для гаплогруппы I1, определенный для 968 гаплотипов в 111-маркерном формате:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11,

с датировкой общего предка  $3725 \pm 370$  лет назад. На первых 37 маркерах базовый гаплотип литовцев совпал полностью с этим «референсным» предковым гаплотипом.

Это означает, что носители гаплогруппы I1 у литовцев имеют европейское происхождение и прибыли на Балтику после выхода из «бутылочного горлышка» выживания после почти полного

уничтожения их предков в ходе «гибели старой Европы» в III тыс. до н. э., о чем говорилось выше в этой книге. Это — не этнообразующий субклад, поэтому он остался минорным у литовцев в численном отношении.

То, что у литовцев наблюдается мало гаплогруппы I1, показывают также данные списка YFull, в котором есть всего 3 представителя Литвы с этой гаплогруппой.

### Гаплогруппа I2a

В Восточной Европе это обычно южнославянский или дунайский субклад I2a-Y3120, с датировкой общего предка в конце прошлой эры, как правило, 2,3 тыс. лет назад. В случае литовцев в данной выборке проверить это трудно, потому что у них в одной малой ветви есть только 3 гаплотипа, и еще один, западноевропейского субклада I2a-M223, сидит на дереве отдельно. Вести расчет по 3 гаплотипам обычно не имеет смысла, но поскольку общий предок ветвей Y3120 жил относительно недавно, эти гаплотипы обычно имеют мало мутаций. Действительно, три упомянутых гаплотипа (под номерами 18, 19 и 20 на дереве) показывают датировку общего предка  $1380 \pm 400$  лет назад (всего 14 мутаций на  $37 \times 3 = 111$  маркеров) и сходятся к базовому гаплотипу:

13 24 16 11 14 15 11 13 12 13 11 32 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10.

Этот базовый гаплотип литовцев почти идентичен «референсному» предковому гаплотипу южнославянской ветви на первых 37 маркерах, отклоняясь всего на 2 мутации (выделены):

13 24 16 11 14 15 11 13 **13** 13 11 **31** — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

Этот 111-маркерный предковый гаплотип субклада Y3120 приведен в книге (Клёсов А. А. Происхождение славян. СПб.: Питер, 2019), его носитель жил  $2200 \pm 230$  лет назад.

В списке YFull есть всего 2 представителя Литвы с гаплогруппой I2a, в обоих случаях это южнославянский субклад Y3120 с нижестоящи-

ми снипами Y18331 и Y4460. Показательно, что еще две страны юго-восточной Балтики (Латвия и Эстония) показали в списке YFull только снипы Y4460 (в Латвии 2 образца, в Эстонии один).

### Гаплогруппа R1b

Семь гаплотипов этой гаплогруппы образуют компактную ветвь на дереве гаплотипов литовцев, и общий предок ветви сходится к базовому гаплотипу в 67-маркерном формате:

13 24 14 10 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11 11  
25 15 19 29 15 15 16 17 10 11 19 23 16 15 18 17  
37 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.

Этот гаплотип почти в точности соответствует предковому гаплотипу субклада R1b-P312 на Русской равнине. В принципе, он может соответствовать и предковому европейскому гаплотипу R1b-U106:

13 23 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 17 17  
37 38 12 12 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 11 23 23  
16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 13 12,

потому что у литовцев четвертый маркер содержит аллели 10 и 11 и у них может быть суперпозиция обоих субкладов. Как мы видим, они почти одинаковы, оба образовались примерно 4,8 тыс. лет назад. В общем, это на данном этапе исследования не так принципиально, у литовцев, скорее всего, имеются оба субклада. Этот вывод подтвердился данными списка YFull, согласно которому у литовцев в списке имеются 6 образцов субклада U106 и 4 образца — P312. Помимо того, в списке имеются еще 3 представителя литовцев с субкладом ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) Z2103.

### Гаплогруппа E1b

Гаплотипы этой гаплогруппы у литовцев образуют компактную ветвь на дереве с базовым гаплотипом:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 **30 16 9 9 11 11**  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 **16 12 17 20**  
31 34 11 10,

который лишь тремя мутациями (выделены) отличается от «референсного» предкового гаплотипа субклада E1b-V13 с датировкой общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад. Условный общий предок

8 литовских гаплотипов жил  $4780 \pm 660$  лет назад, что показывает примесь других гаплотипов той же гаплогруппы, но другого субклада. Внимательное рассмотрение ситуации показало, что отдельно отстоящая пара гаплотипов (под номерами 6 и 7) принадлежит евреям, у которых несколько отличающаяся картина маркеров, и датировка условного общего предка сразу опускается до  $4000 \pm 620$  лет назад, согласуясь с датировкой общего предка субклада E1b-V13 в пределах погрешности расчетов. Шесть гаплотипов — это совсем мало для приемлемой статистики.

Вывод — гаплотипы субклада E1b-V13 представляют минорную по численности группу среди литовцев. Это подтверждают и данные из списка YFull, в котором из 17 представителей литовцев нет ни одного носителя V13. Наиболее представлен в этом списке субклад M84, к которому относится 8 человек из 17, далее идет снип M123 (4 представителя), M132 и V22 (по 2 представителя) и PF1962 (1 человек). Это показывает, что носители гаплогруппы E1b прибывали на территорию современный Литвы из различных родов.

\* \* \*

Гаплотипов групп Q, T, J2a, G среди литовцев совсем мало, и они здесь анализироваться не будут. Если мы обратим внимание на снипы по списку YFull, то там отсутствуют представители литовцев гаплогруппы Q, есть 2 представителя с гаплогруппой T, 4 представителя с гаплогруппой J1, по всем признакам прямые потомки евреев, и все четверо относятся к линии J1-P58. Строго говоря, это необязательно евреи, но в Прибалтике — евреи с хорошей вероятностью, их снипы сидят в окружении снипов с Украины, из Польши, Молдавии. Помимо этого, среди литовцев в списке YFull есть 13 представителей с гаплогруппой J2, также нехарактерной для Прибалтики, и 9 представителей гаплогруппы G, среди которых 1 носитель субклада G1, 5 — субклада G2 и 2 — нижестоящей ветви G2a.

## 70. ХАНТЫ

По данным Всероссийской переписи, число хантов в РФ составляет около 31 тыс. человек, из которых 95 % проживают в Тюменской области,

а именно 62 % в Ханты-Мансийском автономном округе, и 31 % в Ямало-Ненецком автономном округе.

Состав хантов по гаплогруппам по нескольким выборкам приведен в табл. 73.

**Таблица 73.** Состав гаплогрупп у хантов по нескольким выборкам. Устаревшая номенклатура приведена к современной

Гаплогруппа	Доля в %		
	112 чел.*	86 чел.**	47 чел.***
N-M231	64	80	76
N1a1-M46	7	49	38
N1b-L732	57	31****	н/п
N1a2b-P43	н/п	н/п	38
Q1b-L56	21	0	0
R1a	14	5,8	4,3
R1b	0,9	10,5	19,1
C2-M217	0	2,3	0
G-M201	0	1,2	0

\* Харьков В. Н. Структура и филогеография генетического коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы: дисс. докт. биол. наук: 03.02.07. Томск, 2012. 440 с.

\*\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\*\* Karafet у др. (2002).

\*\*\*\* N-M231 за вычетом N1a1.

Данные по отдельным гаплогруппам в табл. 73 значительно различаются, но одно ясно — преобладающей гаплогруппой у хантов во всех трех выборках является гаплогруппа N. Это, как мы видели выше, типично для сибирских народов. Заметим, что у хантов (в первой выборке) был определен не обычный для северных народов субклад N1a2b-P43, а совсем другая линия (сний выделен):

N-M231 > N1-Z4762 > N1b-F2905 > Z4784 > N1b1a-Y6374 > N1b1a2-L727 > N1b1a2a-L732.

В базе данных «Уральцы (финно-угры-самоеды)» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>) есть 4 гаплотипа хантов, обозначенных как относящиеся к гаплогруппам N, Q (2 человека) и R1b, причем 2 гаплотипа представлены в коротком, 12-маркерном формате. При такой статистике их осмысленный анализ

вряд ли будет конструктивным, тем более что их типирование на снпы является всего лишь поверхностным.

## 71. КИТАЙЦЫ

Согласно Всероссийской переписи населения, китайцев, которые являются гражданами России, было около 29 тыс. человек. В самом Китае официально насчитывают 56 этнических групп, из них основной группой являются ханьцы, которые насчитывают 92 % всего китайского населения.

В сети есть «Китайский проект» FTDNA, в который, как часто наблюдается в подобных проектах, записывают кого угодно. Возможно, в зависимости от численности Проекта, растет финансирование Проекта, другое объяснение подобрать трудно, зачем в «Китайском проекте» есть множество японцев, вьетнамцев, русских, армян, азербайджанцев, корейцев, турок, поляков, арабов из Саудовской Аравии и так далее. Поэтому для целей настоящей работы копия Проекта была отредактирована, и из 258 человек в нем осталось 139. Это, конечно, смешно для Китая, но результаты по гаплогруппам (табл. 74) вполне характерны.

**Таблица 74.** Состав гаплогрупп китайской выборки по данным «Китайского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/China?iframe=yresults>)

Гаплогруппа	Доля в % 139 чел.	Гаплогруппа	Доля в % 139 чел.
O-M175	87	C2a-M93	0,7
O1a-M119	9	C2b-L1373	5,1
O1b-M268	11	N-M231	2,9
O1b2a-F1942	2	N1a1-M46	0,7
O2a-M324	63	N1a2-L666	1,5
C-M130	6,5	N1b-L732	0,7
C1b-F1370	0,7	D1a-CTS11577	2,2

Данных относительно мало, но они показательны — почти 90 % от выборки приходится на гаплогруппу O, в которой максимально присутствует субклад O2a. Численность носителей гаплогруппы N в Китае даже при малой относительной численности составляет примерно 20 миллионов мужчин, что превышает по численности количество носителей гаплогруппы N во всем мире (включая 10 миллионов в России и около 2 миллионов в Финляндии).



Дерево гаплотипов китайцев по результатам приведенной здесь выборки показано на рис. 169. Поскольку половина всей выборки представлена гаплотипами в 12-маркерном формате, дерево показано тоже в этом формате, иначе более протяженных гаплотипов становится совсем мало.

Большинство ветвей гаплогруппы О на дереве гаплотипов сложные и неоднородные, и расчет их сопряжен с дальнейшим разделением подветвей. Это сейчас необязательно, и мы ограничимся всего одним примером. Двойная ветвь в верхней части дерева из 12 гаплотипов имеет базовый гаплотип:

12 24 15 10 14 18 11 11 12 12 14 28,

и датировку общего предка  $11\,400 \pm 1700$  лет назад. Такие древние ветви для Китая не исключение. Похоже, что для древних китайцев жизнь

была отнюдь не катастрофичной, раз сохранились столь древние ветви, которых в Европе практически нет.

Привлекает внимание плоская ветвь в левой части дерева. В 12-маркерном формате она состоит из 26 идентичных друг другу гаплотипов, поэтому можно сказать только то, что их общий предок жил всего несколько веков назад. В 37-маркерном формате предковый гаплотип этой ветви был следующий:

12 25 16 11 12 12 11 12 12 12 13 28 17 9 9 11 11  
24 14 19 32 12 15 15 15 11 12 19 23 14 15 17 18 32  
35 11 10,

с датировкой общего предка  $480 \pm 90$  лет назад. Остается теряться в догадках, как так получилось, что пятая часть всей китайской выборки имеет столь недавнего общего предка.



**Рис. 169.** Дерево из 139 гаплотипов китайцев в 12-маркерном формате по данным «Китайского проекта» FTDNA. Почти все гаплотипы относятся к гаплогруппе О, кроме нескольких малых ветвей в нижней части дерева

Остальные гаплогруппы в данной китайской выборке расходятся на субклады из единичных гаплотипов, и их анализ не представляет интереса.

## 72. БОЛГАРЫ

По данным Всероссийской переписи, в РФ проживают 24 тыс. болгар. Их состав по гаплогруппам приведен в табл. 75.

Как видно, данные по обеим выборкам в табл. 75 довольно хорошо согласуются. Численно преобладающими гаплогруппами у болгар являются E1b и I2a, первая в Европе характерна для Балкан, как и вторая, которая преимущественно относится к южным или дунайским славянам.

Дерево гаплотипов болгар в 12-маркерном формате показано на рис. 170. Разумеется, мы видим те же гаплогруппы, что и в таблице, только в другом «измерении». «Невысокие» ветви озна-

чают «молодые», как половина ветви гаплогруппы R1a, так и несколько малых ветвей гаплогруппы E1b. Ниже мы проведем расчеты датировок общих предков некоторых гаплогрупп.

### Гаплогруппа E1b

У болгар наблюдается довольно редкий случай, когда ведущей гаплогруппой (по численности) является E1b. Дерево гаплотипов показывает, что это в основном гаплотипы нескольких относительно недавних ветвей. Базовые гаплотипы двух подветвей (сверху вниз на дереве по часовой стрелке) в 37-маркерном формате следующие:

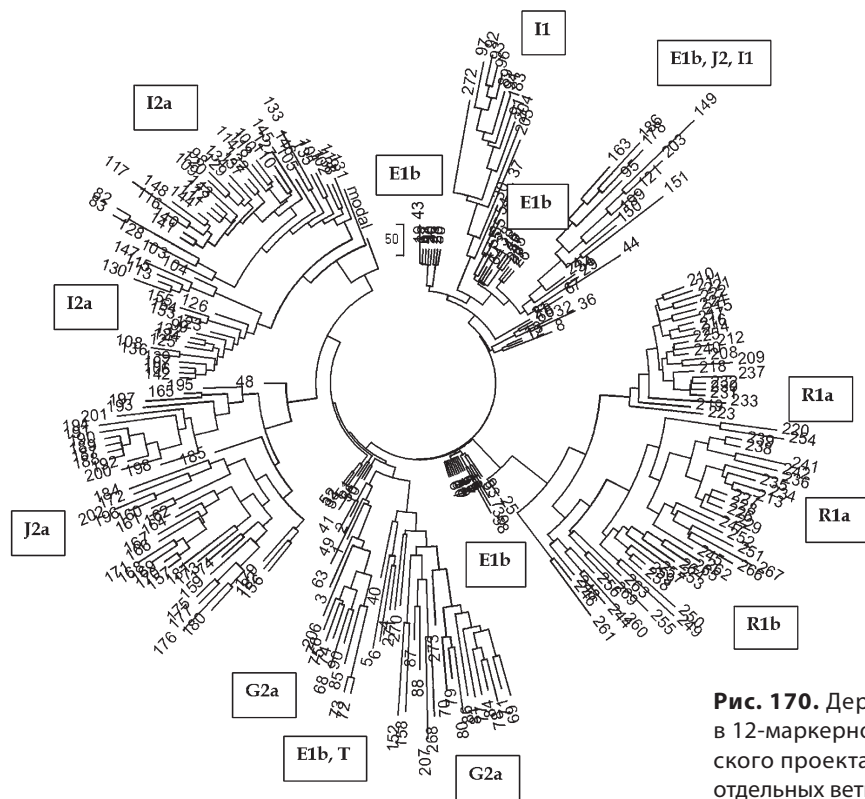
13 24 13 10 16 18 11 12 13 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 16 17 9 11 19 21 16 12 18 20  
30 34 11 10,

с датировкой общего предка  $2215 \pm 430$  лет назад (без округления),

13 24 13 10 16 18 11 12 11 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 19  
32 34 11 10,

**Таблица 75.** Состав гаплогрупп болгар по данным «Болгарского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/bulgariandna?iframe=yresults>), сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Показана доля гаплогрупп в процентах. Размер выборки на сайте Eupedia — по данным самого сайта. Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа	FTDNA 273 чел., %	Eupedia более 1000 чел., %	Число сни- пов в списке YFull	Гаплогруппа	FTDNA 273 чел., %	Eupedia более 1000 чел., %	Число сни- пов в списке YFull
E1b	24	23,5	19	R1b	9	11	21
V13	22		13	Z2103	5		11
M123	2		3	P312	1		2
I2	21	22	14	U106	0,7		3
I2a	20	20	13	Прочие	2		5
Y3120	18		12	G	6,9	5	6
M223	1	2	1	G1	0,4		1
L38	0,4		0	G2	0		1
I2a2 (I2c)	1		1	G2a	6,5		4
J2	16	11	13	I1	3,3	4	5
J2a	9		8	J1	2	3	2
J2b	7		5	T1	1,5	1,5	0
R1a	13	17	11	H1	0,7		0
Z280	6		6	L1b-M317	0,4		0
M458	6		3	N-M231	0,4	0,5	1 (P43)
Z93	1		2	Q	н/п	0,5	0



**Рис. 170.** Дерево из 273 гаплотипов болгар в 12-маркерном формате по данным «Болгарского проекта» FTDNA. Указаны гаплогруппы отдельных ветвей

с датировкой общего предка  $2413 \pm 376$  лет назад (без округления). Расчет только по 12-маркерным гаплотипам показал  $2102 \pm 495$  лет назад (без округления), то есть ту же самую величину в пределах погрешности расчетов,

13 24 13 10 16 18 11 12 12 14 11 30,

с датировкой общего предка  $3680 \pm 880$  лет назад (без округления),

13 24 13 10 15 18 11 12 12 13 11 30,

с датировкой общего предка  $2430 \pm 850$  лет назад (без округления), и плоскую ветвь из 9 идентичных гаплотипов:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30.

Все эти гаплотипы относятся к субкладу E1b-V13, «референсный» гаплотип которого в 67-маркерном формате, который не раз обсуждался выше, следующий:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11,

с датировкой общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад.

Гаплотипы субклада M123, который образовался 129 снип-мутаций, или примерно 19 тыс. лет, назад, разбросаны по всему дереву гаплотипов.

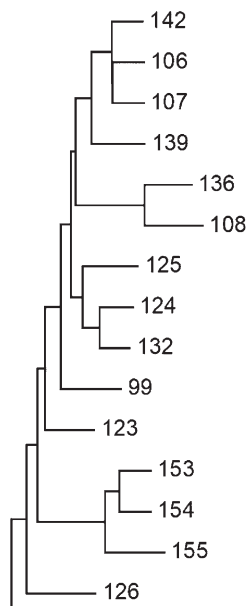
### Гаплогруппа I2

На дереве гаплотипов на рис. 170 находятся 58 гаплотипов этой гаплогруппы, из которых наибольшее число — 51 — относится к южнославянскому субкладу Y3120. Это — 18 % от всех гаплотипов из данной выборки болгар. Почти все они расположены в левой верхней части дерева, в которой внимание привлекает довольно симметричная ветвь.

Эти 15 гаплотипов сходятся к базовому гаплотипу:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 12 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10,

с общим предком  $2725 \pm 410$  лет назад. Этот базовый гаплотип всего на 1 мутацию на первых 37 маркерах отличается от «референсного» предкового гаплотипа субклада Y2120 (Клёсов А. А. Происхождение славян. СПб.: Питер, 2019):



**Рис. 171.** Фрагмент ветви болгар гаплогруппы I2a из 15 гаплотипов, относящихся к южнославянскому субкладу Y3120

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
 11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
 18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
 22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
 12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
 11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
 14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11,

общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад, то есть в пределах погрешности расчетов с датировкой болгарского общего предка.

Обрабатывать все 51 гаплотип в 12-маркерном формате или 27 гаплотипов в 37-маркерном формате при сложном виде всей ветви в левой верхней части дерева большого смысла не имеет, ветвь слишком неоднородная. Но попытаемся и посмотрим, насколько базовый гаплотип отклонится от «референсного» и насколько отклонится датировка условного общего предка. Для 12-маркерных гаплотипов базовый гаплотип следующий:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31.

Он в точности равен на первых 12 маркерах «референсному» гаплотипу выше. Но датировка условного общего предка,  $3380 \pm 450$  лет назад, намного древнее, чем  $2200 \pm 230$  лет назад для «референсного» гаплотипа. Это, скорее всего, следствие неоднородности ветви. Такая же кар-

тина наблюдается для 27 гаплотипов в 37-маркерном формате, для которых базовый гаплотип следующий:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
 11 25 15 20 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
 18 18 33 34 11 10.

Здесь отклонения от «референсного» гаплотипа наблюдаются всего в 3 маркерах (выделены), и то в каждом различаются на дробные доли маркера. Условный, или кажущийся, общий предок жил  $3740 \pm 430$  лет назад. Эти несовпадения определенно объясняются неоднородностью большой ветви. Там явно есть примеси других субкладов.

### Гаплогруппа J2

Гаплотипы гаплогруппы J2 у болгар разбросаны по разным ветвям дерева гаплотипов на рис. 170, хотя гаплотипы J2a в значительной степени отделены от J2b. Отнюдь не помогает то, что в большинстве случаев гаплотипы определены в примитивном 12-маркерном формате. В «первом приближении» гаплотипы J2a сходятся к условному общему предку с датировкой  $7170 \pm 980$  лет назад и базовым гаплотипом:

12 23 14 10 13 16 11 15 12 13 11 30,

и гаплотипы J2b — к условному общему предку с датировкой  $6465 \pm 970$  лет назад и базовым гаплотипом:

12 24 15 10 14 18 11 15 12 12 11 28.

Это, скорее всего, потомки пришлых средиземноморских племен разного происхождения.

### Гаплогруппа R1a

В составе этой гаплогруппы наблюдается почти поровну субкладов Z280 и M458, но они имеют почти одинаковую датировку общего предка, как и 3 гаплотипа еще одного субклада, Z93 (4,8 тыс. — 5 тыс. лет назад). Если все гаплотипы без их разделения обработать вместе, несмотря на неоднородные ветви, то датировка общего предка оказывается  $3910 \pm 560$  лет назад, что намного позже датировки образования соответствующих 3 снийпов. Похоже, что до Болгарии и в целом до Балкан носители гаплогруппы R1a добрались намного позже, чем были на Русской равнине. Базовый гаплотип болгарских гаплотипов гаплогруппы R1a следующий:

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

Последующее рассмотрение показало, что из 36 болгарских гаплотипов группы R1a десять являются гаплотипами евреев с характерной «подписью» 12–12–15–15 в маркерах DYS646, вместо обычной 12–15–15–15, 12–15–15–16 и подобных. При исключении гаплотипов евреев базовый гаплотип стал:

13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 30,

с датировкой общего предка  $3700 \pm 590$  лет назад, то есть почти той же самой. Это неудивительно, поскольку евреев в выборке оказалось только 10 человек из 36.

### Гаплогруппа R1b

Эта часть дерева гаплотипов является сложной, поскольку состоит из гаплотипов нескольких субкладов (табл. 75), причем эти ветви в 12-маркерном формате перекрываются. Если обработать все 26 гаплотипов гаплогруппы R1b без разделения на ветви, то они сводятся к следующему «фантомному» базовому гаплотипу:

13 24 14 11 11 13 12 12 12 13 13 29,

с фантомной же датировкой общего предка  $5510 \pm 790$  лет назад. Двенадцать гаплотипов из них начинаются с маркера 12, что является признаком (не абсолютным, но значительно вероятным) субклада Z2103 и нижестоящих снийпов. Соответствующий базовый их гаплотип:

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

показывает датировку общего предка  $4970 \pm 920$  лет назад. Это соответствует первым 12 маркерам «референсного» предкового гаплотипа Z2103:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10  
11 11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19  
12 11 13 12 10 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 11 11,

который обсуждался выше в данной книге, с датировкой общего предка  $4583 \pm 462$  года назад (без округления), что совпадает с болгарским базовым гаплотипом в пределах расчетной погрешности. Это — потомки гаплотипов ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад).

### Гаплогруппа G2a

На дереве болгарских гаплотипов (рис. 170) есть две отдельные ветви гаплогруппы G2a (в нижней части дерева). Если рассмотреть их в направлении часовой стрелки, то первая ветвь имеет базовый гаплотип:

14 22 15 10 13 15 11 12 11 12 11 29,

с общим предком  $5800 \pm 1100$  лет назад, вторая ветвь имеет базовый гаплотип:

14 22 15 11 14 14 11 12 13 14 11 32,

с общим предком  $7600 \pm 1400$  лет назад.

Между этими базовыми гаплотипами имеются 8 мутаций, что очень много для 12-маркерных гаплотипов. Это эквивалентно  $8/0,02 = 400 \rightarrow 590$  условным поколениям, или 14 750 годам, между обоими гаплотипами, и их общий предок жил  $(14\,750 + 5800 + 7600)/2 = 14\,000$  лет назад. Ранее нами было показано, что эта датировка относится к предкам носителей гаплогруппы G2a, которые жили в Передней Азии, видимо, в Афганистане (Клёсов А. А., Саидов Х. С. Евреи и пуштуны Афганистана. М.: Концептуал, 2015), откуда их древние потомки мигрировали в Европу. Как мы видим, современные потомки этих древних ветвей живут в Болгарии.

### Гаплогруппа I1

К этой гаплогруппе относится довольно симметричная ветвь в верхней правой части дерева гаплотипов на рис. 170. Ее базовый гаплотип:

13 23 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28,

с общим предком  $3360 \pm 810$  лет назад. Базовый гаплотип отличается всего на 1 мутацию (отмечена) на первых 12 маркерах с «референсным» предковым гаплотипом гаплогруппы I1:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11,

предок которого жил  $3618 \pm 363$  или  $3686 \pm 369$  лет назад (без округления), как рассчитано по 111- и 67-маркерным гаплотипам соответственно.

Таким образом, болгары в данной выборке имеют типичные гаплотипы гаплогруппы I1, производные от единственного европейского общего



предка, потомки которого прошли «бутылочное горлышко» выживания, о чем рассказывалось выше в данной книге.

### Гаплогруппа J1

Это — минорная по численности гаплогруппа среди болгар, ее несколько гаплотипов разбросаны по дереву гаплотипов на рис. 170, что показывает их разное происхождение, с «фантомным» общим предком  $7685 \pm 1600$  лет назад. Вычислять его базовый гаплотип не имеет особого смысла.

Остальные гаплогруппы — T1, H1, L1b, N и Q — представлены у болгар в данной выборке единичными гаплотипами, и их количественная обработка неконструктивна. Можно только отметить, что, к сожалению, гаплотипы болгар представлены в их базе данных («Болгарский проект» FTDNA) в значительной степени «бедными» 12-маркерными гаплотипами, что не дает больших возможностей в их анализе.

## 73. КУРДЫ

Согласно Всероссийской переписи населения, в РФ проживают несколько более 23 тыс. курдов, из них примерно 70 % живут в пяти регионах — Краснодарском и Ставропольском краях, Адыгее, Саратовской и Орловской областях.

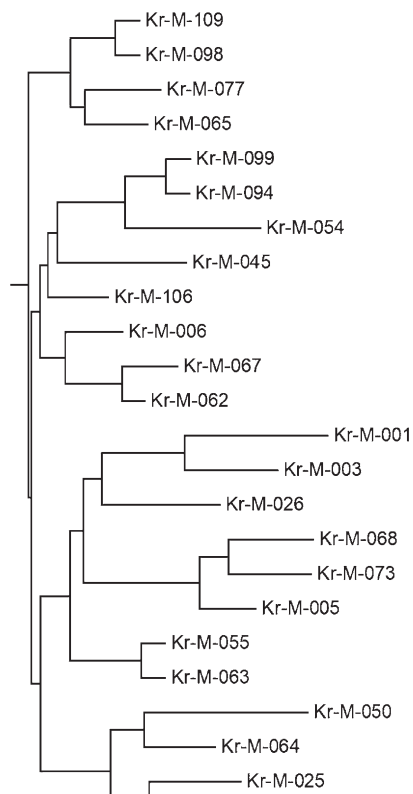
«Исторической родиной» курдов считается Курдистан, который состоит из Северного Курдистана (восточная Турция), Восточного Курдистана (западный Иран), Южного Курдистана (северный Ирак) и Западного Курдистана (северная Сирия). Откуда именно прибыли курды, ставшие затем российскими гражданами, сказать сейчас невозможно, поскольку сведения об их гаплогруппах, субкладах и гаплотипах отсутствуют или во всяком случае неизвестны автору данной книги. Поэтому рассмотрим имеющиеся в наличии результаты тестирований по зарубежным курдам. Эти данные приведены в табл. 76.

**Таблица 76.** Состав гаплогрупп курдов северного Ирака (Южного Курдистана) по данным статьи\* Dogan S. et al. A glimpse at the intricate mosaic of ethnicities from Mesopotamia: Paternal lineages of the Northern Iraqi Arabs, Kurds, Syriacs, Turkmens and Yazidis // PLOS ONE. 2017, Иордании по данным статьи\*\* Flores C. et al. Isolates in a corridor of migrations: a high-resolution analysis of Y-chromosome variation in Jordan // J. Human Genetics. 2005. №50. P. 435–441 и сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)); размер выборки в последнем случае — по данным сайта, и явно преувеличен, исследований такого масштаба по курдам не было

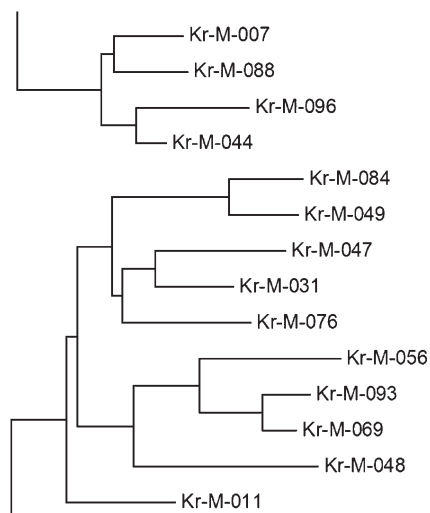
Гаплогруппа	Северный Ирак*, 104 чел., %	Иордания**, 251 чел., %	Сайт Eupedia, 500–1000 чел., %
J2a	26	19,9	23,5
E1b	17	8	12,5
E1b1a-V38	3	н/п	н/п
E1b1b-M215***	14	н/п	н/п
J1	17	11,2	12
R1a	17	12,4	10,5
G2a	8	2	5
L	5	3	2
R1b	4	11	11
Q	4	н/п	0,1
I-M170	н/п	12,7	6
I2a	4	н/п	н/п
T	1	н/п	5,5
H	1	2,4	н/п
N	н/п	н/п	0
C-M130	н/п	0,8	н/п

\*\*\* M215 — слишком поверхностный субклад, наш анализ показывает, что это скорее субклад E1b-V13 (см. выше в разделе «Езиды»).





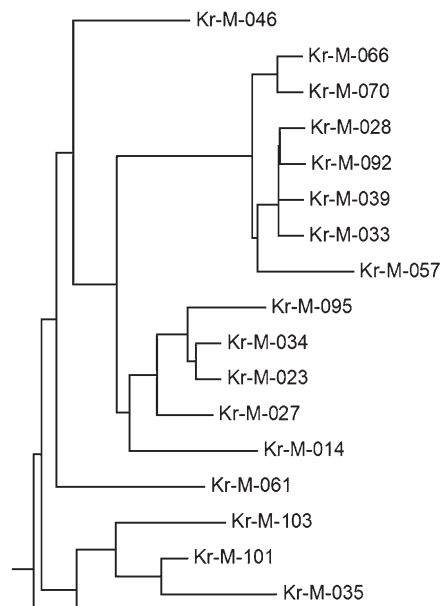
**Рис. 173.** Фрагмент дерева 17-маркерных гаплотипов на рис. 172, содержащий 23 гаплотипа гаплогруппы J2a



**Рис. 174.** Фрагмент дерева 17-маркерных гаплотипов на рис. 172, содержащий 14 гаплотипов гаплогруппы E1b

### Гаплогруппа J1

Ветвь этой гаплогруппы состоит из нескольких подветвей (рис. 175). Верхняя, самая «молодая», как можно заключить по ее виду, имеет датировку общего предка центральной группы гаплотипов  $470 \pm 240$  лет назад, и при добавлении боковых гаплотипов под номерами 46 и 57 кажущийся общий предок сдвигается к  $1750 \pm 440$  лет назад.



**Рис. 175.** Фрагмент дерева 17-маркерных гаплотипов на рис. 172, содержащий 17 гаплотипов гаплогруппы J1

При этом базовые гаплотипы остаются почти неизменными:

12 25 13 10 11 19 12 12 11 29 18 14 20 10 15 10  
21 и  
12 25 13 10 12 19 12 12 11 29 18 14 20 10 15  
10 21

соответственно. Разумеется, они не соответствуют «модальному гаплотипу коэнов», который обсуждался выше, по нескольким маркерам. В 17-маркерном формате «модальный гаплотип коэнов» выглядит следующим образом (отличающиеся маркеры отмечены):

12 **23** 14 10 **13** **16** 12 **13** 11 30 **17** 14 **21** 10 15  
10 X.

Нижние подветви в составе 9 гаплотипов имеют базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 18 12 13 11 30 18 14 21 11 15  
10 21,

с датировкой общего предка  $4870 \pm 830$  лет назад.

## Гаплогруппа R1a

Ветвь этой гаплогруппы на дереве гаплотипов (рис. 172, верхняя правая часть дерева) состоит из двух подветвей. Верхняя, по виду более недавняя, имеет базовый гаплотип:

13 25 15 11 11 14 10 13 11 30 16 14 20 12 16 11 23,

с датировкой общего предка  $2420 \pm 490$  лет назад. Это по виду гаплотип субклада Z93 и/или его нижестоящих снипов, но относительно недавний, середины I тыс. до н. э. Нижняя, более древняя ветвь, имеет базовый гаплотип:

13 24 16 10 11 14 10 13 11 30 16 14 20 12 15 11 23,

с датировкой общего предка  $5800 \pm 1000$  лет назад. Между ними 4 мутации, что разводит эти базовые гаплотипы на  $4/0,0365 = 110 \rightarrow 125$  условных поколений, то есть на 3125 лет, и их общий предок жил  $(3125 + 2420 + 5800)/2 = 5700$  лет назад. Иначе говоря, это и есть общий предок обоих базовых гаплотипов курдов гаплогруппы R1a. В пределах погрешности, это субклад R1a-Z93 или его вышестоящий субклад R1a-Z645 (образовался примерно 5,9 тыс. лет назад).

## Гаплогруппа R1b

В обсуждаемой выборке есть всего 4 гаплотипа этой гаплогруппы, но они все сидят компактно в одной ветви (на правой половине дерева на рис. 172), так что их можно обработать, хотя и при столь малой статистике. Их базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 13 13 28 17 15 19 12 16 12 24,

довольно близок на соответствующих маркерах к «референсному» предковому гаплотипу субклада ямной культуры, R1b-Z2103:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12 10 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 11 11,

носитель которого жил  $4583 \pm 462$  года назад (без округления), как было описано выше, в соответствующих разделах этой книги. Общий предок курдов гаплогруппы R1b жил  $5490 \pm 1200$  лет

назад, тоже во времена ямной культуры или ей предшествующей. К курдам этот гаплотип и соответствующий субклад попал в те далекие времена, когда носители R1b-Z2103 и нижестоящих субкладов продвинулись через Кавказ на Ближний Восток, что заняло, конечно, века.

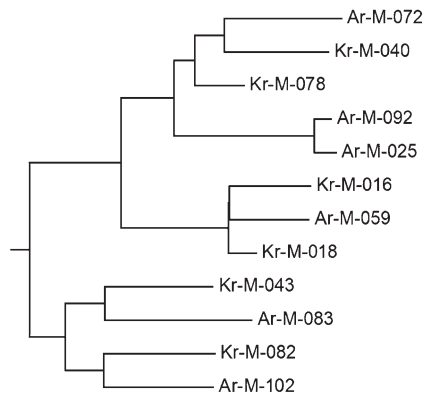
\*\*\*

Остальные гаплогруппы курдов — G2a, L, Q и другие (см. табл. 76) находятся в анализируемой выборке в единичных количествах, и их анализ в такой ситуации нецелесообразен. Ясно, что это у курдов не «коренные» гаплогруппы, а «примесные».

## Генеалогическая общность курдов и арабов

Поскольку в нашем распоряжении есть серии гаплотипов курдов и арабов северного Ирака (ссылка на статью дана выше, в табл. 76), по сто с лишним гаплотипов в серии, то можно проверить, насколько они пересекаются (накладываются) при построении комбинированного дерева гаплотипов (рис. 176).

Примером такого пересечения является фрагмент дерева с гаплотипами гаплогруппы L и R1b (рис. 176). В верхней подветви сидят 2 из 5 гаплотипов курдов и 3 из 4 гаплотипов арабов. Они практически не разделяются. Более ярким примером является следующая (ниже) подветвь, в которой находятся все 4 гаплотипа курдов и все 3 гаплотипа арабов, которые чередуются друг с другом.



**Рис. 176.** Фрагмент дерева 17-маркерных гаплотипов, содержащий гаплотипы групп L (верхние 5 гаплотипов) и R1b (нижние 7 гаплотипов)

Их базовый гаплотип, курдов и арабов, в данной выборке:

12 24 14 11 11 14 12 13 13 28 17 15 19 12 16  
12 24,

совместно равен такому же только у курдов, близок в предковому гаплотипу субклада R1b-Z2103, и их общий предок жил  $5860 \pm 1000$  лет назад, то есть во времена ямной культуры или ей предшествующих. Таким образом, происхождение гаплогруппы R1b у курдов и арабов северного Ирака одно и то же.

Это же относится к сводной ветви гаплогруппы R1a у курдов и арабов (рис. 177). В ней все 17 гаплотипов курдов и 13 гаплотипов арабов.

В итоге, почти все гаплотипы курдов и арабов на дереве гаплотипов чередуются и относятся к одним и тем же ветвям, то есть имеют практически одно и то же происхождение. Исключение представляют некоторые ветви гаплогруппы J1, которые различаются у курдов и арабов (рис. 178), и то это у курдов относится к молодым ветвям, которые уже исторически отделились от арабских.

## 74. ЭВЕНЫ

По данным Всероссийской переписи населения, количество эвенов составляет несколько больше 22 тыс. человек. Из них 68 % живут в Якутии, 12 % — в Магаданской области, 8,5 % — в Камчатском крае, что суммарно составляет уже около 90 %. Эвены считаются родственным народом эвенкам, что мы сейчас и проверим. Немногие данные по гаплогруппам эвенов приведены в табл. 77.

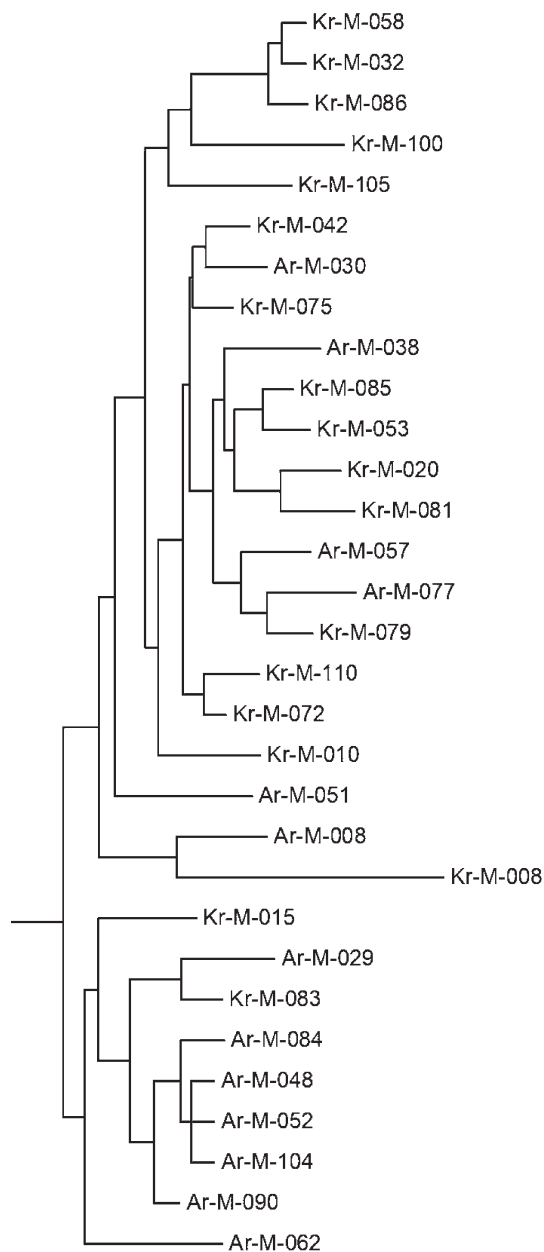
В таблице ниже наблюдается некоторое различие в субкладах, которое легко примирить, если эти субклады развернуть, как, например:

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > C2a1-F3447 > C2a1a-F1699 > C2a1a2-M48,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > B479,

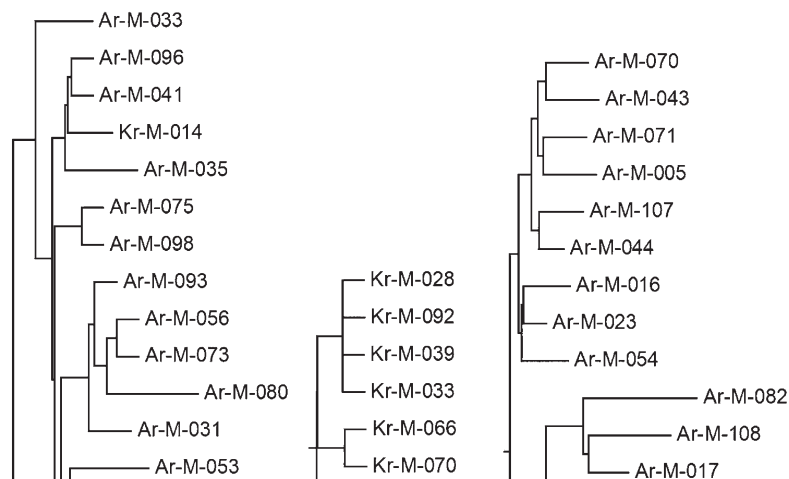
N-M231 > Z4762 > L729 > N1a2-L666 > N1a2b-P43.

Субклад N-B479, которого у эвенов в целом показано 7 %, на самом деле был найден только у охотских эвенов (рис. 179), которые в целом были похожи по гаплогруппам на камчатских эвенов, как описано в статье, цитируемой в подписи к рисунку.



**Рис. 177.** Фрагмент дерева 17-маркерных гаплотипов, показывающий сводную ветвь гаплогруппы R1a арабов (Ar) и курдов (Kr). Гаплотип курдов под номером 008 относится к гаплогруппе Q и ошибочно попал на показанную ветвь





**Рис. 178.** Фрагменты дерева 17-маркерных гаплотипов, содержащие гаплотипы группы J1 у арабов (слева и справа) и курдов (середина)

**Таблица 77.** Состав гаплогрупп эвенов по данным статьи Tambets et al. (2018)\* и статьи Агджоян и др. (2019)\*\*

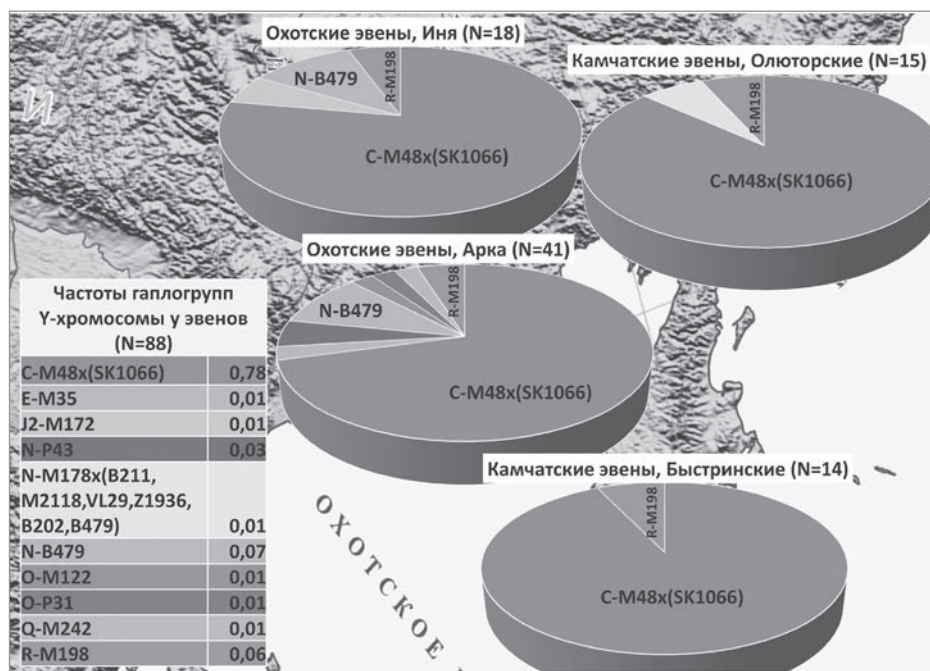
Гаплогруппа	Эвены, 31 чел.*, %	Эвены, 88 чел.**,%
C2-M217	74	н/п
C2a1a2-M48	н/п	78
N-M231	13	11
N1a1-M46	13	1
N-P43	н/п	3
N-B479	н/п	7
R1a	6,5	6
O	н/п	2
Q	3,2	1
I-M170	3,2	н/п
E1b-M35	н/п	1
J2-M172	н/п	1

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Агджоян А. Т. и др. Генетический портрет охотских и камчатских эвенов // *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 2019. №2. С. 116–125.

Сопоставление состава эвенов и эвенков по гаплогруппам действительно показало, что они весьма сходны. Основная по численности гаплогруппа у обоих народов — C2-M48, которая у обоих народов составляет от двух третей до трех четвертей. У эвенков несколько больше гаплогруппы N, в основном за счет субклада N1a1-M46 (до трети у эвенков, но 11–13 % у эвенов). Хотя у эвенов обнаружен субклад N-B479

(до 10 % у охотских эвенов), которого не найдено у эвенков, но он встречается у китайцев, чукчей, бурятов, турок. Остальные гаплогруппы — минорные по численности, встречаются у эвенов и эвенков на уровне единиц процентов, и статистика не позволяет проводить детальные сравнения, но детальные для минорных гаплогрупп не являются по-настоящему информативными.



**Рис. 179.** Диаграмма состава гаплогрупп среди охотских и камчатских эвенов (Агджоян А. Т. и др. Генетический портрет охотских и камчатских эвенов // Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология. 2019. №2. С. 116–125)

## 75. ФИННЫ

По данным Всероссийской переписи населения, на территории РФ проживают немногим более 20 тыс. финнов, из них 42 % живут в Карелии, 21 % — в Ленинградской области, 13 % — в Санкт-Петербурге, 2 % — в Москве, это уже составляет 78 % финнов в России.

Надо отметить, что финны — одни из наиболее активно в мире интересующихся тестами на Y-хромосомную ДНК. Проект «Финляндия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>) насчитывает более 17 тыс. человек, из них свои гаплогруппы, субклады и/или гаплотипы определили более 6,5 тыс. человек. Правда, список этого проекта включает много гаплотипов шведов, русских, англичан, ирландцев, испанцев и представителей других народов, а также множество гаплотипов с пометкой «происхождение неизвестно». После удаления гаплотипов, не принадлежащих финнам, в списке осталось 4054 человека, гаплогруппы и гаплотипы которых рассматривались для целей настоящего исследования.

В табл. 78 приведен состав финнов по гаплогруппам по трем большим выборкам — по данным сайта Eupedia, которые сообщили, что их выборка составила не менее 1 тыс. человек, Проекта «Финляндия» FTDNA с выборкой более 5 тыс. человек и статьи Tambets et al. (2018) с выборкой 536 человек, а также данных списка YFull.

Как мы видим, две выборки — Финского проекта FTDNA и Eupedia — довольно хорошо согласуются друг с другом, как и с выборкой из статьи Tambets et al. (2018). Список YFull добавляет еще одно «измерение» в статистику состава гаплогрупп у финнов — две доминирующие по численности гаплогруппы у них — это N1a и I1, в сумме составляющие около 90 %. Еще две гаплогруппы — R1a и R1b — имеются у финнов на уровне 3–5 %, остальные — на уровне долей процента. Такой состав гаплогрупп имеется у относительно изолированных популяций — изолированные необязательно культурно, но генеалогически. Ясно, что формирование финнов происходило в основном на базе гаплогруппы N1a, причем, как мы покажем ниже, относительно недавно.

**Таблица 78.** Состав гаплогрупп финнов по данным трех выборок: проекта «Финляндия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>), сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и статьи Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139, а также данных списка YFull

Гаплогруппа	FTDNA 4054 чел., %	Eupedia, 1000 чел., %	Статья Tambets и др., 536 чел., %	Число финнов в списке YFull
N1a	64	61,5	58,8	626
N1a1-M46	37	н/п	58,2	0 (выше VL29)
Z1936	20	н/п	н/п	478
VL29	4	н/п	н/п	102
L1025	1	н/п	н/п	25
L550	1	н/п	н/п	19
N1a2b-P43	1	н/п	н/п	2
I1	24	28	28,9*	152
R1a	5,2	5	7,1	74
Z280	2	н/п	н/п	30
Z284	1,5	н/п	н/п	22
M458-L1029	1	н/п	н/п	17
M458-L260	0,5	н/п	н/п	3
L664	0,2	н/п	н/п	2
R1b	4,5	3,5	3,7	75
U106	2,4	н/п	н/п	43
P312	1,9	н/п	н/п	29
Z2103	0,2	н/п	н/п	2
V1636	0	н/п	н/п	1
E1b	0,4	0,5	0,4	6
I2a-L460	0,5	0	н/п	13
M223	0,38	н/п	н/п	10
Y3120	0,10	н/п	н/п	3
I2a2 (I2c)-L596	0,02	н/п	н/п	0
I2b	0	0,5	н/п	0
G2a	0,2	0	0	4
J1	0,1	0	0	6
J2a	0,1	0	0	1
J2b	0,02	н/п	0	0
T1a-M70	0,1	0	н/п	0
Q	0,1	0	н/п	0
A1a	0,1	н/п	н/п	3

\* Сумма гаплогрупп I1 и I2.

### Гаплогруппа N1a

Из 4054 представителей в Финском проекте FTDNA 2603 относятся к гаплогруппе N1a. Это и дает 64 % гаплогруппы N1a в табл. 78. Список начинается с субклада N1a1-M46 и его нижестоящих ветвей. Таких в списке 1488 гаплотипов

(включая относительно короткие форматы, как 12- и 25-маркерные), что сводится к 1285 гаплотипам в 37-маркерном формате. Дерево первых 756 гаплотипов (выделенных в Проекте в отдельную группу N-M231, но при проверке они все

оказались относящимися к N1a1-M46) показано на рис. 180.

К субкладу N1a1-M46 (= M178) ведет следующая цепочка снийпов:

N-M231 > N1-Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46.

На дереве видны несколько основных ветвей, но, как мы неоднократно показывали в этой книге, определение общего предка всего дерева в таком случае не приводит к принципиальным искажениям датировки общего предка, обычно происходит его небольшое «удревнение». Но в этом случае датировка общего предка и так относительно недавняя,  $2516 \pm 253$  года назад (без округления), середина I тыс. до н. э. При учете разных ветвей ожидается датировка конца I тыс. до н. э. В целом картина для финнов та же, какая обсуждалась ранее для миграций носителей гаплогруппы N1a по Русской равнине. После выхода их по западным склонам Уральских гор примерно 3,5 тыс. лет назад носители гаплогруппы N1a разделились на несколько миграционных направлений. Одни остались жить в Поволжье, и это были самые древние поселения, с датировками 3,5 тыс. — 3 тыс. лет назад. Другие направились на южную и юго-восточную Балтику и прибыли туда во второй половине I тыс. до н. э., возможно, ближе к концу прошлой эры. Это были предки будущих литовцев и латышей гаплогруппы N1a1 и части (или полностью) эстонцев той же гаплогруппы. Наиболее северные ветви прибыли на территорию будущей Финляндии в начале — первой половине I тыс. н. э. и на территорию будущей Архангельской области, к Северной Двине и к Белому морю.

Датировка общего предка 1285 гаплотипов субклада N1a1-M46 (и нижестоящих ветвей) из Финского проекта,  $2516 \pm 253$  года назад, этому не противоречит. Эта датировка — не время прибытия на территорию будущей Финляндии, а датировка общего предка большого набора гаплотипов современных финнов, относящаяся к миграциям по регионам между Уральскими горами и современной Финляндией. Базовый гаплотип этих 1285 гаплотипов следующий:

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 10 10 11  
12 25 14 19 30 13 13 14 14 11 11 18 19 14 15 18  
19 36 36 12 10.

Этот базовый гаплотип очень близок к базовому гаплотипу одной ветви русских (между ними всего 2 мутации на 37 маркерах, отмечены):

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 10 10 11  
12 25 14 19 30 13 13 14 14 11 11 18 **20** 14 15 18  
**18** 36 36 12 10,

вторая ветвь у русских вместо характерной «финской» четверки 13 13 14 14 имеет 14 14 15 15, более характерной для русских, и общий предок обеих ветвей русских жил  $2700 \pm 330$  лет назад, то есть в пределах погрешности расчетов с тем, что и у финнов.

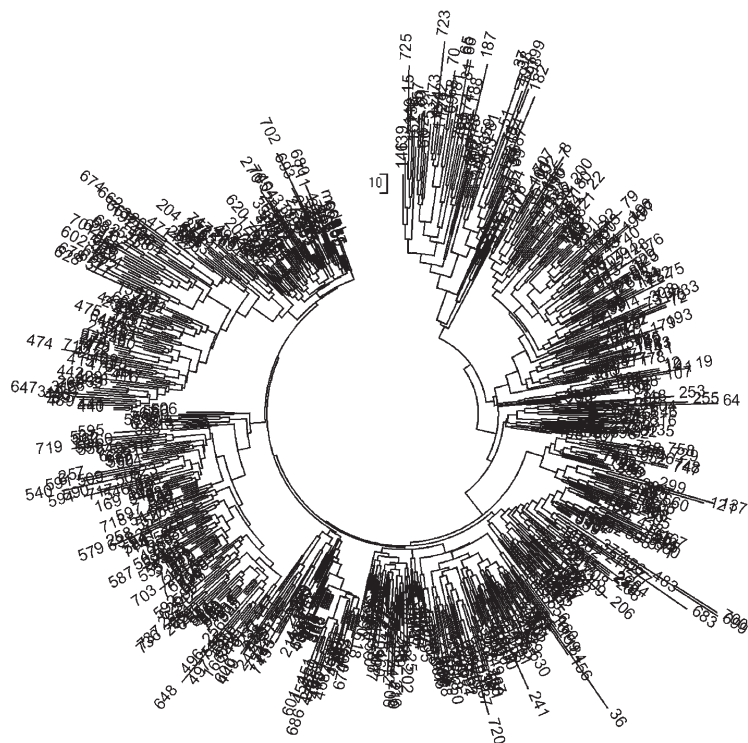
Сам сний N1a1-M46 образовался 99 сний-мутаций, или примерно 14,3 тыс. лет, назад, видимо, в Алтайском регионе. Таким образом, финские гаплотипы или прошли жесткое «бутылочное горлышко» выживания, или эти гаплотип и датировка относятся к относительно недавнему субкладу, характерному для финнов.

Следующая серия в финской базе данных — из 192 гаплотипов, обозначенных в Проекте в основном как L1026 > CTS10760 > VL29, — на самом деле включает гаплотипы со сниями из следующей цепочки:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > CTS9976 > L1022 > Y5004 > Y5005 > Y5003 > Y6599 > Y15159, и соответствующие нижестоящие разветвления снийпов по этой цепочке. Последний сний в этой цепочке образовался 15 сний-мутаций, или примерно 2160 лет, назад. Это уже более чем на 1 тыс. лет позже выхода носителей гаплогруппы N1a1 на Русскую равнину. Из этих 192 гаплотипов 188 были в 37-маркерном формате. Интересно, что датировка общего предка этой серии гаплотипов оказалась практически той же самой, что предыдущих двух серий, из 756 и 560 гаплотипов, а именно  $2301 \pm 238$  лет назад с базовым гаплотипом:

14 **23** 14 11 11 13 11 12 10 **13** 14 29 17 10 10 11  
12 25 14 19 **29** **14** **14** **15** **15** 11 11 18 **20** 14 15 **16**  
**19** **35** **35** 14 10,

хотя сам базовый гаплотип отличается от предыдущего на 11 мутаций, то есть на  $11/0,09 = 122 \rightarrow 143$  условных поколения, то есть примерно на 3575 лет, и их общий предок жил  $(3575 + 2301 + 2291)/2 = 4100$  лет назад. Это еще



**Рис. 180.** Дерево из 756 гаплотипов гаплогруппы N1a1 финнов в 37-маркерном формате по данным Проекта «Финляндия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>)

времена жизни носителей гаплогруппы N1a1 на Урале. Иначе говоря, носители субкладов N1a1 и L1026 и их нижестоящих сний прошли «бутылочное горлышко» выживания по пути от Урала до территории нынешней Финляндии в конце прошлой эры и прибыли на свое будущее место жительства уже после того, в начале–середине I тыс. н. э.

Следующая серия в финской базе данных — из 793 гаплотипов, обозначенных в Проекте в основном как L1026 > Z1936, на самом деле включает гаплотипы со сниями из следующей цепочки:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 > Z1927 > Z1933 > VL62 > Z1941 > Z1940 > Z4770 > Z5038 > Z4786,

и соответствующие нижестоящие разветвления сний по этой цепочке. Последний сноп в этой цепочке образовался 9 сноп-мутаций, или примерно 1,3 тыс. лет, назад. Из 793 гаплотипов 789 были в 37-маркерном формате, и все они сходятся к базовому гаплотипу:

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 10 10 11  
12 25 14 19 30 13 13 14 14 11 11 18 19 14 15 18  
19 36 36 12 10,

с датировкой общего предка  $1607 \pm 163$  года назад (без округления). Сам сноп Z1936 образовался 30 сноп-мутаций назад, или примерно 4,3 тыс. лет назад, еще на Урале.

Мы видим, что второй по численности (после N1a1-M46) субклад у финнов, Z1936 с нисходящими сниями, имеет относительно недавнего общего предка, который датируется серединой I тыс. н. э. Причем, как мы видим, это не датировка образования Z1936, а датировка времени жизни общего предка самой большой группы финнов.

Следующая серия в финской базе данных — из 42 гаплотипов, обозначенных в Проекте в основном как L550, на самом деле включает гаплотипы со сниями из следующей цепочки:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550, с нижестоящими сниями и их разветвлениями. Сам L550 образовался 20 сний, или примерно 2,9 тыс. лет, назад, то есть в начале I тыс. до н. э.



Все 42 гаплотипа в 67-маркерном формате сводятся к базовому гаплотипу:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 9 9 11 12  
25 14 19 28 14 14 15 15 11 11 18 20 14 15 17 19  
37 37 14 10 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14  
10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11 11 12 11,

с датировкой общего предка  $2239 \pm 249$  лет назад (без округления), то есть в конце прошлой эры, как и финские субклады N1a1-M46 и VL29 (см. выше).

Еще одной значимой группой гаплотипов в Финском проекте FTDNA являются гаплотипы субклада L550 > L1025, которых в списке насчитывается 40, из которых 38 были в 37-маркерном формате. Это сноп, к которому ведет соответствующая цепочка:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025, после чего последний сноп расходится на большое количество ветвей. Все 38 гаплотипов сходится к базовому гаплотипу:

14 23 14 11 11 13 11 12 **9** 14 14 30 17 9 9 11 12  
25 14 19 28 14 14 15 15 11 11 18 20 14 15 **16** 19  
37 37 14 10,

с датировкой общего предка  $1796 \pm 216$  лет назад (без округления), то есть в первой половине I тыс. н. э., как и финский субклад Z1936 ( $1607 \pm 163$  года назад, см. выше). Как мы видим, базовый гаплотип L1025 почти идентичен таковому для «родительского» субклада L550, отличаясь всего на 2 мутации (выделены выше).

Наконец, остановимся на отдельной небольшой группе гаплотипов, которая обозначена в Финском проекте как относящаяся к субкладу L735. На самом деле это известный субклад N1a2b-P43 и нижестоящие сныпы. Сам сноп P43 образовался 54 сноп-мутации, то есть примерно 7,8 тыс. лет, назад, и характерен для народов Сибири и севера Русской равнины, встречается у татар, башкир и других народов, как описано выше в настоящей книге.

N-M231 > N1-L735 > N1a-F1206 > L729 > N1a2-L666 > N1a2b-P43 > Y3195 > Y3185 > VL97 > FGC38830 > Y30121.

Таких гаплотипов в Финском проекте всего 45, что составляет менее 2 % от финских гаплотипов группы N1a в выборке, и в 37-маркерном формате их число уменьшается до 32. Дерево

этих гаплотипов приведено на рис. 181. Мы видим, что исходно древний субклад при переходе на территорию будущей Финляндии разошелся на серию ветвей, практически изолированных друг от друга. Это — признак того, что носители разных ветвей мигрировали независимо друг от друга и по пути претерпевали «бутылочные горлышки» выживания. Действительно, общий предок каждой ветви жил относительно недавно. Например, левая ветвь из 10 гаплотипов имеет общего предка в начале нашей эры,  $1946 \pm 311$  лет назад (без округления), и базовый гаплотип его был:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 13 14 29 17 10 10 11  
12 25 14 19 29 14 14 15 15 11 11 18 20 14 15 16  
19 35 36 14 10.

Другая ветвь близкого размера, из 9 гаплотипов (правая нижняя часть дерева), имеет общего предка  $1880 \pm 290$  лет назад (67-маркерные гаплотипы) и  $1740 \pm 300$  лет назад (37-маркерные гаплотипы), что согласуется в пределах погрешности расчетов. Базовый гаплотип ветви следующий:

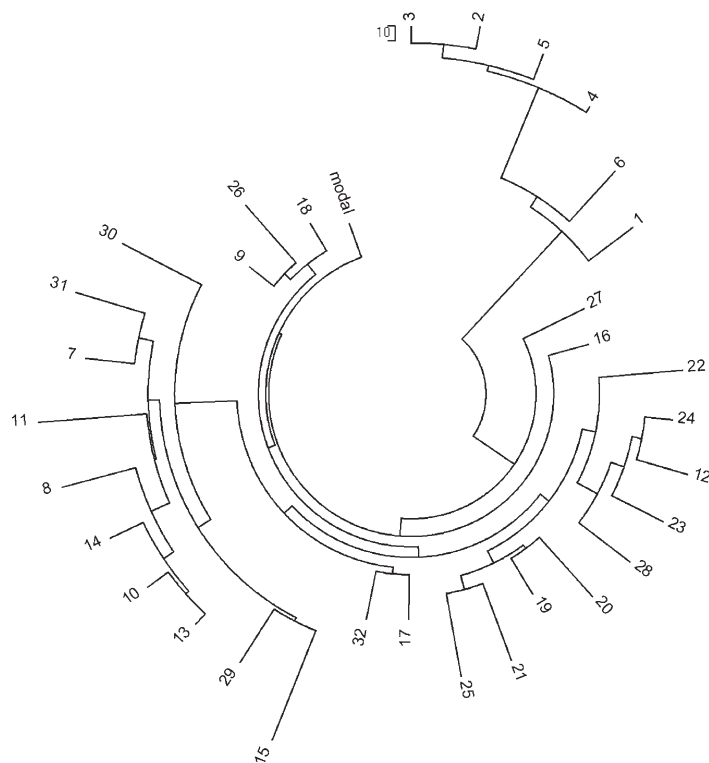
14 24 14 11 11 13 11 12 11 14 14 30 17 10 10 11  
12 25 14 19 31 13 13 14 14 11 11 18 19 14 15 18  
19 37 37 12 10 11 8 15 17 8 9 10 8 11 10 12 21  
22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 15 12 11 10 11 11  
12 11.

Приведем характеристики еще одной малой ветви из четырех гаплотипов в верхней части дерева. Ее общий предок жил всего  $210 \pm 110$  лет назад, но базовый гаплотип отличается на многие тысячелетия от таковых для других финских ветвей. В данном случае это группа родственников с одним субкладом, L665, который образовался 20 сноп-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад, и относится к следующей цепочке сныпов:

N-M231 > N1-L735 > N1a-F1206 > L729 > N1a2-L666 > N1a2b-P43 > Y3195 > Y3185 > VL97 > FGC38830 > Z35051 > L665.

Ясно, что носители этого субклада, нижестоящего от N1a2b-P43, давно отделились от других мигрантов. Базовый гаплотип этой малой ветви:

12 23 13 10 12 12 11 12 10 13 12 31 16 9 9 11  
13 29 14 18 27 13 14 16 17 11 11 18 19 15 15 17  
17 36 39 12 10 11 8 15 16 8 11 10 8 10 11 12 20  
23 13 10 12 12 17 7 13 21 20 14 12 11 10 11 11  
12 11.



**Рис. 181.** Дерево из 32 гаплотипов субклада N1a2b-P43 финнов в 37-маркерном формате по данным Проекта «Финляндия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>)

Он отличается от 67-маркерного гаплотипа субклада N1a1-L550 на 45 мутаций (!), что эквивалентно  $45/0,12 = 375 \rightarrow 554$  условным поколениям, или примерно 13 850 годам. Таким образом, общий предок субклада P43>L665 и L550 жил  $(13\,850 + 2239 + 210)/2 = 8150$  лет назад, что находится в пределах погрешности расчетов близко к датировке снипа P43, равной  $7800 \pm 1100$  лет назад. Поразительно, что носители этого снипа пронесли его из Сибири и относительно недавно прибыли на территорию современной Финляндии.

### Гаплогруппа I1

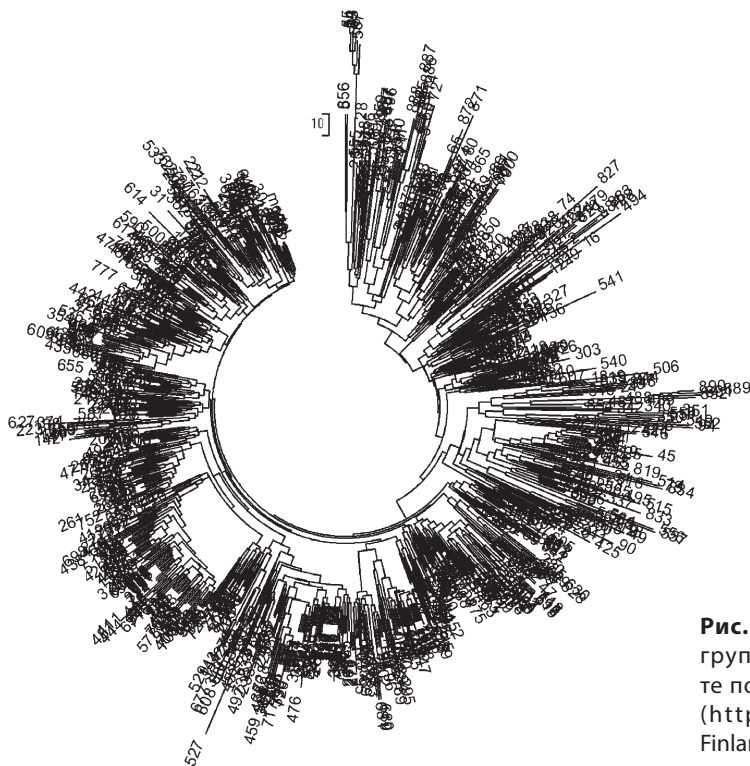
Ранее мы показали, что по всей Европе общий предок гаплогруппы I1 жил  $3618 \pm 363$  года или  $3686 \pm 369$  лет назад (без округления), как рассчитано по 111- и 67-маркерным гаплотипам соответственно, и базовый гаплотип имеет вид (найдено с использованием 968 европейских гаплотипов в 111-маркерном формате):

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

У финнов в Проекте FTDNA имеется 987 гаплотипов, из них 892 гаплотипа в 37-маркерном формате, общий предок которых жил всего  $2600 \pm 260$  лет назад, то есть примерно в середине I тыс. до н. э. Соответствующий базовый гаплотип финнов отличается на 6 мутаций от показанного выше на первых 37 маркерах, что при детальном рассмотрении и усреднения всех шести отличающихся маркеров приводит к различию обоих базовых гаплотипов (на 37 маркеров) на 5,3 мутации. Это эквивалентно  $5,3/0,09 = 59 \rightarrow 63$  условным поколениям, или 1575 годам разницы между обоими базовыми гаплотипами, общеевропейским и финским. Их общий предок жил  $(1575 + 3618 + 2600)/2 = 3900 \pm 500$  лет назад, то есть в пределах погрешности в то же время, что и общий предок европейских гаплотипов гаплогруппы I1.

Дерево всех 892 гаплотипов гаплогруппы I1 показано на рис. 182. Как уже определено выше, общий предок дерева жил  $2600 \pm 260$  лет назад.



**Рис. 182.** Дерево из 892 гаплотипов гаплогруппы I1 финнов в 37-маркерном формате по данным Проекта «Финляндия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>)

Дерево довольно симметричное, хотя в нем имеются некоторые относительно недавние ветви. Например, слева внизу (на 8 часов) имеется ветвь субклада Z134 и его нисходящих снийпов, таких как Y20304, PF1123, BY195137, CTS1321, Y47503, BY3476.

Сам сноп Z134 заканчивает следующую цепочку снийпов:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z2336 > Z2337 > S6346 > L22 > Y3549 > CTS6868 > Z74 > CTS2208 > CTS7676 > L287 > L258 > CTS2242 > Z133 > Z134.

Он образовался 10 сноп-мутаций, или примерно 1440 лет, назад.

Вся эта картина с датировками и базовыми гаплотипами объясняется довольно просто и наглядно. Как изложено выше в данной книге, гаплогруппа I1 является одной из древнейших в Европе и обнаружена в ископаемых костных остатках, в первую очередь в Испании и Франции, с археологическими датировками примерно 7 тыс. лет назад. В середине III тыс. до н. э., примерно 4,5 тыс. лет назад, носители I1 были

почти полностью уничтожены в ходе заселения континентальной Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b. Выжившие носители I1 прошли «бутылочное горлышко» выживания и пошли в численный рост через 1 тыс. лет, в середине II тыс. до н. э. Где это произошло, пока неизвестно, но судя по тому, что наибольшее количество их сейчас в Швеции, выжившие носители I1 могли найти убежище в Скандинавии, за Балтийским морем. Понадобилось еще 1 тыс. лет, чтобы потомки выживших I1 добрались до территории нынешней Финляндии, и общий предок современных финнов гаплогруппы I1 датируется примерно 2,6 тыс. лет назад, в середине I тыс. до н. э. Эта датировка, разумеется, необязательно относится к территории современной Финляндии, она относится к времени жизни общего предка, который мог жить между территориями современных Швеции и Финляндии. Будущие финны гаплогрупп I1 и N1a, по-видимому, прибыли на свою будущую территорию в первой половине I тыс. н. э., как показано выше в этой главе.

## Гаплогруппа R1a

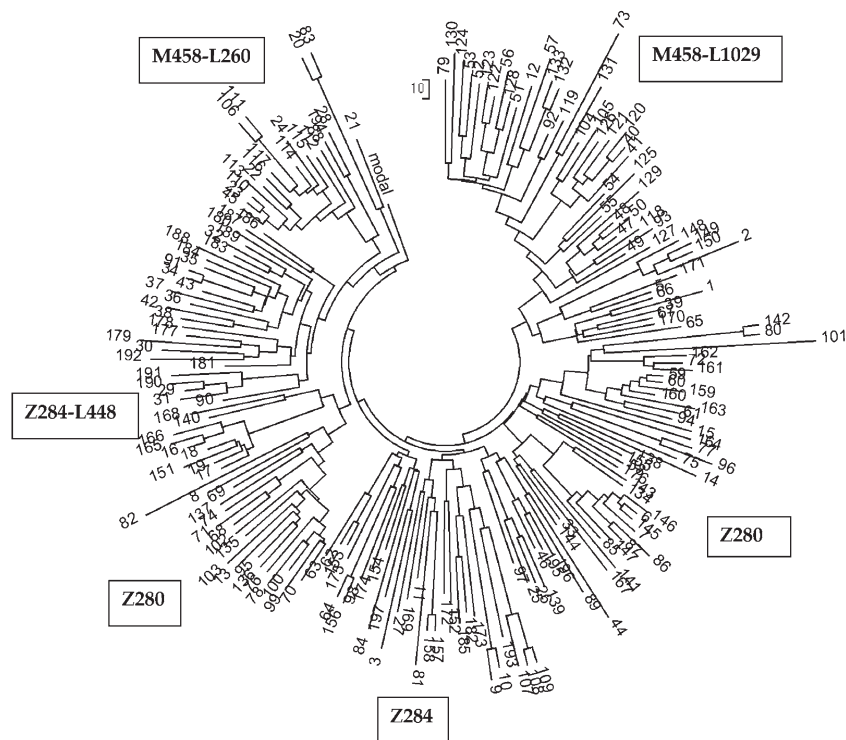
Эта гаплогруппа является у финнов по численности минорной, на уровне 5 % от всех гаплогрупп. По составу субкладов гаплогруппа R1a у финнов необычна и отражает географическое положение страны. Около половины состава гаплогруппы R1a приходится на субклад Z280, который распространен в России, отчасти в Германии и Польше. Треть приходится на субклад Z284, который часто встречается в Скандинавии, особенно в Швеции. На Русской равнине его практически нет. Остальные 27 %, то есть между четвертью и третью, приходятся на субклад M458, причем на обе его основные части — западнославянскую (L260) и центральноевропейскую (L1029). Эти соотношения приведены в табл. 78.

Дерево гаплотипов гаплогруппы R1a в Финляндии по результатам выборки из 4054 человек, 196 из которых (в 37-маркерном формате) относились к гаплогруппе R1a, приведено на рис. 183.

У половины гаплотипов в списке Финского проекта отнесение к субкладам отсутствует. Поэтому отнесение производилось на основании ветвей дерева гаплотипов. Результаты приведены на рис. 183. Самая большая по численности

группа финнов гаплогруппы R1a входит в субклад Z280 (табл. 78), в котором больше всех финнов относится к балто-карпатскому субкладу Z280-CTS3402, это — половина от всех носителей субклада Z280. На втором месте стоит субклад Z280-CTS1211, в нем — треть всех носителей субклада Z280. На третьем месте — североазиатский субклад Z280-Z92, в нем — пятая часть всех Z280.

Следующими после Z280 идут равные по численности субклады R1a-Z284 и R1a-M458, в каждом примерно по четверти носителей гаплогруппы R1a в Финляндии. Первый, Z284, резко отличает финнов от остальных жителей Восточной Европы, у которых этого субклада практически нет. Финны определенно получили его от шведов, но на Русскую равнину этот субклад не прошел. Просто потому, что на Русской равнине шведы или финны с этим субкладом не жили, если Z284 там и есть, то ниже «шума» в терминах статистики. Субклад R1a-M458 — это центральноевропейская и южнославянская ветви (L1029 и L260 соответственно), которые распространены в Польше, Белоруссии и в некоторой степени в России. Последний, субклад R1a-L664,



**Рис. 183.** Дерево из 197 гаплотипов гаплогруппы R1a финнов в 37-маркерном формате по данным Проекта «Финляндия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>). Показаны основные субклады гаплогруппы

характерен для северо-запада Европы, в Восточной Европе его нет, и среди финнов его количество очень мало, на уровне 2 % от мужского населения.

Если попытаться определить датировку общего предка всех финских R1a, то есть всего дерева на рис. 183, то заранее можно ожидать, что она будет около или менее 5 тыс. — 4,5 тыс. лет назад. Дело в том, что все основные субклады на дереве — Z280, M458, Z284 — образовались соответственно 34, 35 и 31 снип-мутацию, или 4,9 тыс., 5 тыс. и 4,5 тыс. лет, назад. Действительно, общий предок всего дерева жил  $4430 \pm 450$  лет назад. Но если мы обратимся к некоторым ветвям дерева, представляющим интерес в связи с историей финнов, то получим следующее.

Левая ветвь на дереве гаплотипов, относящаяся к субкладу R1a-Z284-L448, имеет базовый гаплотип:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 15 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 15 15 16 11 12 19 21 16 16 17  
18 34 38 12 11,

с датировкой общего предка  $2280 \pm 280$  лет назад, конца прошлой эры. Сам снип L448 образовался 22 снип-мутации, или примерно 3,2 тыс. лет, назад.

Вторая ветвь субклада Z284, в нижней части дерева на рис. 183, на вид значительно древнее, и действительно, ее общий предок жил  $4400 \pm 500$  лет назад. Это практически совпадает с датировкой образования самого снипа Z284, 31 снип-мутация, или примерно 4,5 тыс. лет, назад. Это, конечно, не время прибытия носителей этого снипа на территорию современной Финляндии, а время образования самого снипа, возможно, на территории современной Швеции.

Справа сверху — ветвь субклада R1a-M458-L1029, «референсный» 111-маркерный базовый гаплотип которого описан выше в этой книге, выглядит как:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 9 11  
11 23 14 20 32 12 13 15 15 16 — 11 11 19 23  
17 16 18 19 34 37 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 — 33 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 12 23 14 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Он на первых 37 маркерах отличается всего на 1 мутацию (отмечено) от 37-маркерного гаплотипа финнов субклада L1029:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 9 11  
11 23 14 20 32 12 13 14 15 15 16 — 11 11 19 23  
17 16 18 19 34 37 14 11,

общий предок которого датируется  $2150 \pm 260$  лет назад, что в пределах погрешности совпадает с датировкой общего предка «референсного» гаплотипа выше ( $2300 \pm 240$  лет назад).

Слева сверху — ветвь западнославянского субклада R1a-M458-L260, «референсный» 111-маркерный базовый гаплотип которого описан выше в этой книге, выглядит как:

13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 15 16 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 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 — 31 15 9 15 11 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 12 23 14 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Он на первых 37 маркерах отличается на 3 мутации (отмечены) от 37-маркерного гаплотипа финнов субклада L260:

13 25 15 10 10 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 15 16 16 — 11 11 19 23 15 16  
17 19 35 39 13 11,

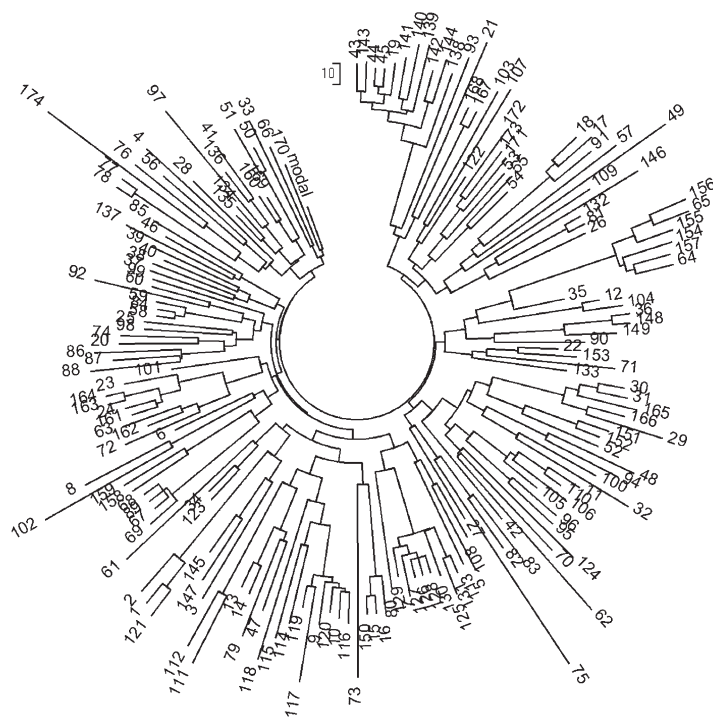
общий предок которого датируется  $2130 \pm 340$  лет назад, что практически в точности совпадает с датировкой общего предка финского субклада L1029 ( $2150 \pm 260$  лет назад) и с датировкой «референсного» гаплотипа субклада L260 ( $2400 \pm 300$  лет назад). Все это — конец прошлой эры.

## Гаплогруппа R1b

В списке финских носителей Проекта FTDNA имеются 182 гаплотипа, и после удаления 12-маркерных гаплотипов там осталось 174 гаплотипа в 37-маркерном формате. Соответствующее дерево гаплотипов показано на рис. 184.

Это дерево имеет определенные особенности, которые заключаются в том, что почти все гаплотипы там (95 %) относятся к двум родственным субкладам, U106 и P312, гаплотипы которых очень близки друг к другу. Поэтому на дереве они почти не разделяются, дерево довольно симметричное (ветви образуются за счет нижестоящих субкладов, которые тоже на дереве пересекаются). «Референсные» базовые гаплотипы субкладов U106 и P312 выглядят следующим образом, с выделенными мутационными различиями между ними:





**Рис. 184.** Дерево из 174 гаплотипов гаплогруппы R1b финнов в 37-маркерном формате по данным Проекта «Финляндия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>)

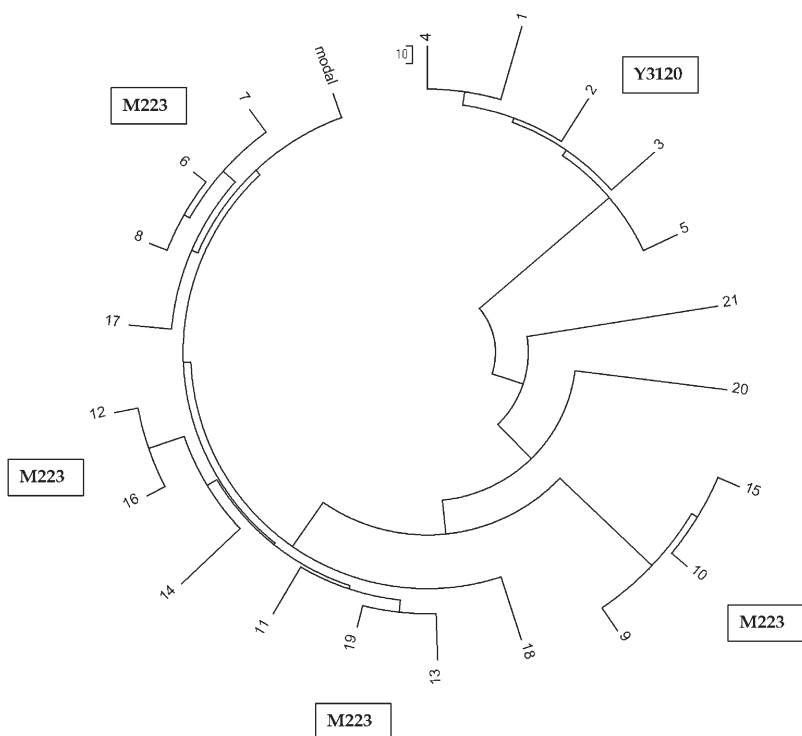
13 23 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 17 9 10 11  
 11 25 15 19 29 15 15 17 17 – 11 11 19 23 16 15  
 17 17 37 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 11  
 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11  
 13 12 – 35 15 9 16 12 26 26 19 12 11 13 12 10 9  
 12 12 10 11 11 30 12 13 24 13 10 10 21 15 19 13  
 24 17 12 15 24 12 23 18 10 14 17 9 12 11 (U106),  
 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 15 15  
 18 17 36 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10  
 11 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13  
 11 11 12 12 (P312).

Общий предок современных «референсных» гаплотипов субклада U106 жил  $4175 \pm 430$  лет назад, субклада P312 –  $4350 \pm 700$  лет назад, их общий предок –  $4850 \pm 700$  лет назад (Klyosov A. A. DNA Genealogy. USA: Scientific Research Publishing, 2018). Если мы сравним эти сведения с таковыми для финских носителей гаплогруппы R1b, то найдем, что общий предок всего дерева на рис. 184 жил  $3860 \pm 400$  лет назад. Это заметно меньше, чем ожидалось для совокупности R1b-U106 и R1b-P312, но надо учесть, что до территории Финляндии носителям R1b надо было еще добираться.

Как мы видим из табл. 78, основное количество финнов гаплогруппы R1b относится к субкладу U106. Это логично, потому что это субклад северной Европы и прибыл в Финляндию, видимо, в основном через Швецию. В России субклада U106 практически нет, как и субклада P312, которого в Финляндии около половины от всей гаплогруппы R1b. Характерно, что в Финляндии почти нет субклада R1b-Z2103, который занимает почти всю гаплогруппу R1b в России. Это все показывает, что потока Y-хромосом с их гаплогруппами из России в Финляндию почти не было. Это было скорее из Швеции, Германии, Польши.

### Гаплогруппа I2a

Среди носителей гаплогруппы I2a в Финляндии, как и ожидалось, большинство относится к западноевропейскому субкладу I2a-M223 (см. табл. 78). Остальные, кроме двух неидентифицированных, представляют южнославянскую группу I2a-Y3120. Дерево гаплотипов приведено на рис. 185.



**Рис. 185.** Дерево из 21 гаплотипа гаплогруппы I2a финнов в 67-маркерном формате по данным Проекта «Финляндия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>)

Базовый гаплотип южнославянской ветви (в верхней правой части дерева) следующий:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10  
11 11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15  
12 18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11  
9 12 22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13  
11 11 12 9.

Он в точности равен «референсному» предковому гаплотипу субклада Y3120 на первых 67 маркерах:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

Датировка «референсного» южнославянского гаплотипа составляет  $2100 \pm 230$  лет назад, базового финского гаплотипа —  $1770 \pm 330$  лет назад, то есть они согласуются в пределах погрешности расчетов.

Базовый гаплотип набора недавних подветвей западноевропейского субклада M223 следующий:

14 23 15 10 15 15 11 13 11 14 12 31 — 15 8 10  
11 11 25 14 20 27 11 13 14 15 11 — 9 19 21 14  
14 17 19 35 39 12 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 10  
9 9 21 22 15 11 12 12 14 9 13 27 20 11 13 12 12  
11 12 12 11,

с датировкой общего предка  $3630 \pm 440$  лет назад. Это относительно недавний общий предок, поскольку в Западной Европе датировка общего предка субклада M223 составляет 4,5 тыс. — 4,9 тыс. лет назад по разным выборкам. Видимо, носители этого субклада добирались до территории нынешней Финляндии значительно дольше, чем носители восточноевропейского южнославянского субклада.

Несмотря на то что оба субклада нисходят от одного снипа I2a-L460, они очень значительно удалены друг от друга. Их базовые гаплотипы, приведенные выше, отстоят друг от друга на 65 снип-мутаций на 67 маркерах, что эквивалентно  $65/0,12 = 542 \rightarrow 986$  условным поколениям, или 24 650 годам, и их общий предок жил примерно  $(24\,650 + 1770 + 3630)/2 = 15\,000$  лет назад. Действительно, снип M223 образовался 114 снип-мутаций назад, то есть примерно 16,4 тыс. лет

назад, и мы видим, что в пределах обычной погрешности расчетов эти датировки согласуются.

### **Гаплогруппы E1b, I2a2 (I2c), I2b, G2a, J1, J2a, J2b, T1a, Q и A1a среди финнов**

Перечисленные гаплогруппы занимают только доли процента в современной Финляндии, являются явно «визитерами», и заниматься их анализом вряд ли целесообразно. Ограничимся только несколькими наблюдениями.

В серии из 15 гаплотипов гаплогруппы E1b больше половины относятся к субкладу E1b-V13, наиболее типичному европейскому субкладу. Он — один из древнейших в Европе, но почти все носители этого субклада погибли в IV тыс. до н. э. в ходе заселения Европы эрбинами, немногие оставшиеся прошли «бутылочное горлышко» выживания, и в итоге общий предок современных носителей субклада V13 в Европе датируется  $3450 \pm 350$  лет назад. Гаплотипы финских носителей субклада V13 очень похожи на «референсный» базовый гаплотип европейских V13, приведенных выше в этой книге, хотя более точные расчеты провести затруднительно из-за малого количества финских V13.

В отношении представителей гаплогруппы G2a — в Финском проекте их всего несколько, причем из разношерстного набора субкладов разного происхождения. Это явно «визитеры».

Остальные гаплогруппы представлены в Проекте в единичных количествах, включая гаплогруппу A1a-M31. Как и когда они попали в Финляндию — по гаплогруппе сказать не представляется возможным.

## **76. ЛАТЫШИ**

По данным Всероссийской переписи населения, в России проживают около 19 тыс. латышей. Состав латышей по гаплогруппам показан в табл. 79. Надо сказать, что «Латвийский проект» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Latvia?iframe=yresults>) организован совсем плохо, в нем преобладают не латышские гаплотипы, а гаплотипы порой из удаленных стран, для многих гаплотипов не указана страна происхождения, поэтому их пришлось снять. Были сняты также гаплотипы евреев, которых в «Латвийском проекте» множество, сняты потому, что

евреям в данной книге посвящена отдельная глава, и происхождение евреев в целом не совпадает с происхождением латышей. После приведения данных Проекта в соответствие с латышами, в нем осталось всего 46 наименований. Разумеется, подобная статистика совершенно неадекватна для данной задачи, но тем не менее данные включены в табл. 79. В списке YFull латышей не обнаружено.

Разумеется, при такой малой статистике в «Латвийском проекте» неизбежны разночтения с другими выборками, тем более что по данным Eupedia они базируют свои данные на суммарной выборке в 250–500 человек. По-видимому, Eupedia в значительной степени основывалась на статье Tambets et al., показатели этих двух колонок довольно близки. Наконец, относительно высокие показатели у латышей по гаплогруппам J2, E1b, T, R2 с большой вероятностью приходятся на евреев.

Дерево из 36 гаплотипов латышей в 37-маркерном формате, и это все, что можно было извлечь из «Латвийского проекта» FTDNA, приведено на рис. 186.

В любом случае, можно заключить, что основные по численности гаплогруппы у латышей — это N1a1, R1a и R1b. Первые две гаплогруппы по относительной численности такие же, как у литовцев, но относительное содержание третьей гаплогруппы, R1b, у литовцев в два раза меньше. Мы уже показывали выше в данной книге, что носители гаплогруппы N1a1 прибыли на территорию будущих Литвы и Латвии в середине — конце I тыс. до н. э., причем язык у тех и других сейчас не финно-угорский, а индоевропейский. Это означает, что в ходе миграционного перехода от Уральских гор до Балтики, что заняло примерно тысячу лет (между 3,5 тыс. и 2,5 тыс. лет назад), у будущих балтов произошла замена финно-угорского, а точнее уральского языка на язык гаплогруппы R1a, индоевропейский. Действительно, в составе латышей и литовцев примерно поровну носителей гаплогрупп N1a1 и R1a. Это явно не следствие относительно недавних событий, как, например, жизнь в составе Российской империи и далее Советского Союза, а результат древних исторических контактов и совместной деятельности с будущими славянами, носителями гаплогруппы R1a.

**Таблица 79.** Состав гаплогрупп латышей по данным четырех выборок, сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), «Латвийского Проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Latvia?iframe=yresults>), статьи\* и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>)

Гаплогруппа	Eupedia, 250–500 чел., %	Проект FTDNA, 46 чел., %	Статья Tambets et al.*, 199 чел., %	Число снийпов в спи- ске YFull, чел.
N1a	38	39	42	10
L1025	н/п	н/п	н/п	10
R1a	40	21	39	12
Z280	н/п	н/п	н/п	10
F1345-CTS6**	н/п	н/п	н/п	2
R1b	12	13	9,5	4
P312	н/п	н/п	н/п	4
U106	н/п	н/п	н/п	0
Z2103	н/п	н/п	н/п	0
I1	6	0	7	1
I2a	1	4	н/п	2
Y3120	н/п	н/п	н/п	2
I2b	1	0	н/п	0
J2	0,5	11	0	2
E1b	0,5	6	1	3
V13	н/п	н/п	н/п	0
Другие***	н/п	н/п	н/п	3
Q	0,5	0	1	0
T	0,5	2	н/п	0
G	0	2	0,5	2
J1	0	0	0	0
R2	н/п	2	1	1

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Типичная линия прямых потомков евреев гаплогруппы R1a.

\*\*\* Снийпы M78, M34, M84.

Почти все латышские гаплотипы гаплогруппы N1a1 из Проекта относятся к субкладу L1025, например (конкретные снийпы у носителей гаплогруппы выделены):

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > **L1025** > Y5580 > BY158 > **L591** (2 человека),

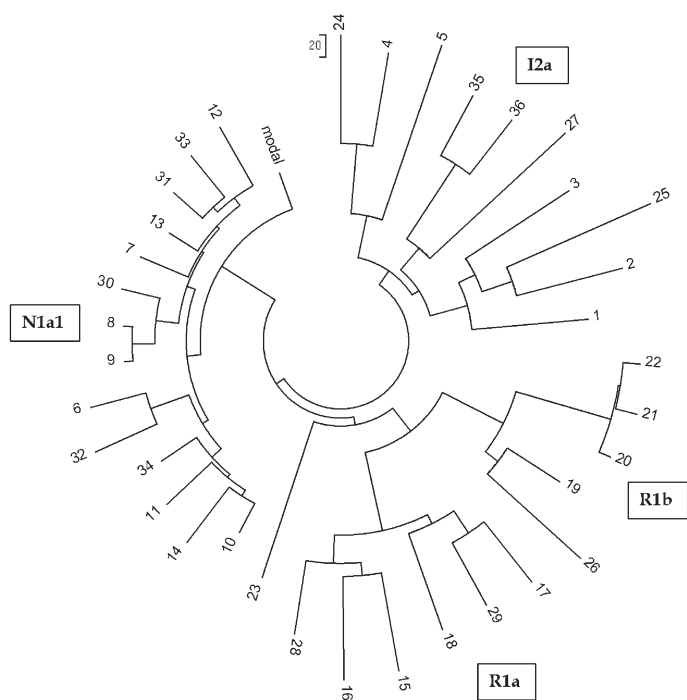
N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > Z16981 > CTS8173 > **A11470**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 >

Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > Z16981 > Z16980 (= CTS8173).

Снийп L1025 образовался 18 снийпов, или 2,6 тыс. лет, назад, уже в ходе миграции носителей гаплогруппы N1a1 от Урала по Русской равнине. Его носители прошли по средней полосе будущей России, и он выражен, например, в Польше.

Гаплогруппа R1a у латышей в основном такая же, как у современных русских, белорусов, украинцев, поляков. Это, например, субклады Z280 > CTS3402 (балто-карпатская ветвь), Z280 > CTS1211 (карпатская ветвь), M458 (обще-европейская ветвь).



**Рис. 186.** Дерево из 36 гаплотипов латышей в 37-маркерном формате по данным «Латвийского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Latvia?iframe=yresults>). Всю левую сторону дерева занимают гаплотипы группы N1a1. Показаны еще некоторые гаплогруппы

В списке YFull среди латышских носителей гаплогруппы R1a имеются две характерные линии, присущие евреям, а именно R1a-F`1345-CTS6. Скандинавского субклада R1a-Z284 не найдено, как и западнославянских и центрально-европейских субкладов гаплогруппы R1a-M458. У латышей в списке YFull имеются только типичные сніпы Русской равнины — Z280-Z92, Z280-CTS1211, Z280-CTS3402.

Относительно гаплогруппы R1b следует отметить, что у латышей в выборке отсутствует субклад ямной культуры Z2103, типичный для русских. Вместо этого у них встречаются сніпы западноевропейского субклада R312, например R312 > S461 > L21. Это же подтверждается списком YFull, в котором приведен только субклад R1b-R312 (4 образца), при отсутствии субкладов U106 и Z2103.

Из «случайных» гаплогрупп у латышей замечена гаплогруппа R2, которая часто встречается у евреев-ашкенази (см., например, рис. 74). Для полноты картины приведем цепочку сніпов, найденную у латыша:

R2-M479 > R2a-M124 (= L381) > Y3399 > Y3370 > FGC13203 > FGC13188 > F1092 >

F2731 > F1758 > FGC13184 > BY14642 (= FGC13211) > **FGC13235**.

Обращает внимание, что в списке YFull в перечне латышских представителей отсутствует субклад E1b-V13, широко распространенный в Восточной и Западной Европе. Его нет также у литовцев и эстонцев, так что это довольно общая закономерность у прибалтов.

Относительно гаплогруппы I2a, ее у латышей мало, и в списке YFull имеются всего 2 образца, но оба южнославянские по происхождению, причем сніпа I2a-Y3120-Y4460. Такие же сніпы найдены у литовцев и эстонцев.

## 77. ЭСТОНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в России проживают около 18 тыс. эстонцев. Состав эстонцев по гаплогруппам показан в табл. 80. «Эстонский проект» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Estonia?iframe=yresults>) после удаления гаплотипов не эстонцев содержал 71 гаплотип, из которых 37-маркерных было всего 63 гаплотипа.



**Таблица 80.** Состав гаплогрупп эстонцев по данным трех выборок, сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), «Эстонского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Estonia?iframe=yresults>) и статьи\*

Гаплогруппа	Eupedia, 250–500 чел., %	Проект FTDNA, 71 чел., %	Статья Tambets и др.*, 327 чел.	Число снийов в списке YFull
N1a	34	49	32	21
R1a	32	27	35	15
R1b	8	11	7,3	5
U106	н/п	н/п	н/п	5
Z2103	н/п	н/п	н/п	0
I1	15	9	18	4
I2a	3	3	н/п	1
Y3120-Y4460	н/п	н/п	н/п	1
I2b	0,5	0	н/п	0
J2	1	0	1,8	0
E1b	2,5	0	3,4	0
Q	0,5	0	0,6	0
T	3,5	0	н/п	0
G	0	1	1,2	1
J1	0	0	н/п	1**

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Относится к типичной линии евреев J1, проходит через сний P58.

Даже при столь малой статистике в «Эстонском проекте» наблюдается неплохая корреляция между всеми четырьмя выборками в табл. 80, включая выборку списка YFull.

Как видно, у балтов гаплогруппы N1a1, R1a, R1b и I1 — основные по численности, хотя их относительные доли могут меняться у эстонцев (лингвистически это не балты), латышей и литовцев. В этом отношении картина другая, нежели у русских, у которых на первом месте с большим отрывом наблюдается гаплогруппа R1a, а гаплогруппы I1 и R1b являются минорными по численности.

Дерево гаплотипов эстонцев по выборке «Эстонского проекта» приведено на рис. 187.

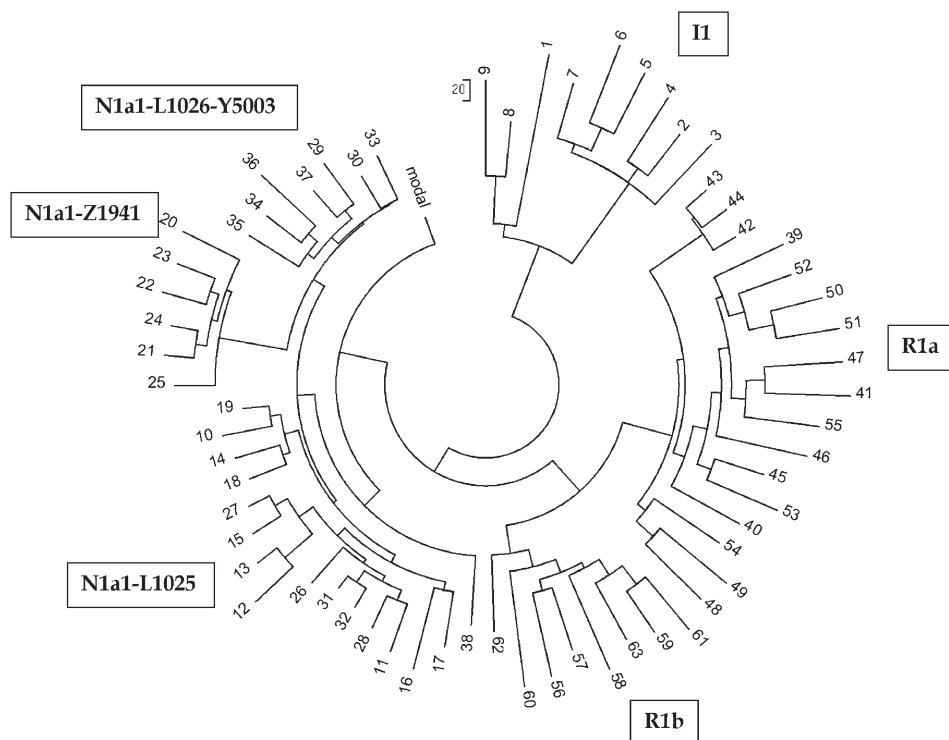
### Гаплогруппа N1a1

Эта гаплогруппа у эстонцев самая представительная по данным «Эстонского проекта» FTDNA, но сближается по численности с гаплогруппой R1a по данным сайта Eupedia. На дереве гаплотипов (рис. 187) она занимает всю левую часть дерева. В целом, состав этой гаплогруппы характерен для

балтских народов (литовцев и латышей), хотя в языковом отношении эстонцы от них принципиально отличаются тем, что язык балтов индоевропейский, эстонцев — финно-угорский. С другой стороны, эстонцы по составу гаплогрупп принципиально отличаются от финнов, хотя входят в ту же языковую группу. Это фактически означает, что язык у эстонцев остался уральским, как и у финнов (хотя язык во многом у них отличается), а происхождение — в значительной степени общее с балтами. Другими словами, маршрут миграции с Урала у будущих эстонцев, хотя и проходил в значительном контакте с носителями гаплогруппы R1a, как и у будущих литовцев и латышей, но в языковом отношении сохранил уральскую лексику и общую структуру.

Если не принимать во внимание подветви левой стороны дерева гаплотипов на рис. 187 и провести расчеты времени жизни общего предка «поперек ветвей», то получим базовый гаплотип для всех эстонских гаплотипов гаплогруппы N1a1:

14 23 15 11 11 13 11 12 10 13 14 30 — 17 9 9 11  
12 25 14 19 29 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15  
17 19 36 36 13 10,



**Рис. 187.** Дерево из 63 гаплотипов эстонцев в 37-маркерном формате по данным «Эстонского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Estonia?iframe=yresults>). Всю левую сторону дерева занимают гаплотипы группы N1a1. Показаны еще некоторые гаплогруппы

с датировкой общего предка  $3400 \pm 400$  лет назад. Это — время выхода носителей гаплогруппы N1a1 с Уральских гор на Русскую равнину, типичная датировка для носителей гаплогруппы N1a1 по всей Европе. Сама гаплогруппа N1a1 образовалась намного раньше, около 15 тыс. лет назад, как не раз упоминалось выше в этой книге (102 снип-мутации, или примерно 14,7 тыс. лет, назад). Времена прибытия их на территорию современной Эстонии, конечно, значительно более поздние. У литовцев и латышей это середина — конец I тыс. до н. э., у финнов — начало — середина I тыс. н. э. У эстонцев, судя по датировкам ветвей их носителей гаплогруппы N1a1, это, как у финнов, начало нашей эры или несколько позже, как показано ниже на нескольких примерах.

На дереве гаплотипов можно выделить три основные ветви определенных субкладов гаплогруппы N1a1 — слева сверху субклад L1026 с нижестоящими снипами (в особенности Y5003); слева субклад Z1941 с нижестоящими снипами

и слева внизу субклад L1025 с нижестоящими снипами:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > CTS9976 > L1022 > Y5004 > Y5005 > **Y5003** > Y6599 > **Y15159** (Y5003),

N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925 > Z1926 > Z1927 > Z1933 > **VL62** > Z4747 > **Z1941** > Y21575 > Y31893 (Z1941),

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > **L1025** > Y5580 > BY158 > **L591** (L1025).

Первая подветвь (Y5003) имеет базовый гаплотип:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 13 14 29 17 10 10 11  
12 25 14 19 29 14 14 15 15 11 11 18 20 14 15 16  
19 34 35 13 10,

с датировкой общего предка  $2000 \pm 360$  лет назад.

Вторая подветвь (Z1941) имеет базовый гаплотип:

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 10 10  
11 12 25 14 19 31 13 13 14 14 — 11 11 18 20 14  
15 18 19 37 37 12 10 — 11 8 15 17 8 9 10 8 11 10  
12 21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 15 12 11 10  
11 11 12 11,

с датировкой общего предка  $1350 \pm 260$  лет назад.

Третья подветвь (L1025) 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 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 36 36 14 10, — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12

который в точности совпадает на первых 37 маркерах с предковым гаплотипом «референсного» субклада L1025, приведенного выше в этой книге:

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 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 36 36 14 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12  
21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 — 39 15 8 15 12 23 27 19 13 14 11 12 13  
9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15 21 12  
22 13 13 14 26 12 22 18 11 13 16 8 12 11,

общий предок которого жил  $2760 \pm 300$  лет назад. Это практически совпадает с датировкой общего предка эстонцев субклада L1025, равной  $2680 \pm 360$  лет назад в пределах погрешности расчетов. Это практически совпадает с датировкой образования снипа L1025 — 18 снип-мутаций, или примерно  $2600 \pm 400$  лет, назад.

Мы видим, что три основные ветви эстонских гаплотипов гаплогруппы N1a1 имеют общих предков между серединой I тыс. до н. э. и серединой I тыс. н. э. Последний снип (L1025) не является исключительно эстонским, он выражен больше у поляков, так что датировка его общего предка не относится именно к эстонцам. Из этих данных можно заключить, что на территорию будущей Эстонии носители гаплогруппы N1a1 прибыли в конце прошлой эры — первой половины новой эры, как и будущие финны.

В списке YFull приведены конечные снипы 21 эстонского представителя, все они относятся к субкладу N1a1.

## Гаплогруппа R1a

Содержание гаплогруппы R1a у эстонцев близко к таковому гаплогруппы N1a1, как это наблюдает-

ся также у литовцев и латышей. Это показывает, что ДНК-генеалогическая история близка у всех трех народов юго-восточной Балтики. Это же относится и к составу гаплогруппы R1a по субкладам. Как мы сейчас покажем, основными ветвями гаплогруппы R1a у эстонцев являются северо-евразийская Z92, карпатская CTS1211 и балто-карпатская CTS3402, а, например, на скандинавский субклад Z284 приходится всего 1 гаплотип из 17 в выборке. Напомним, что скандинавский субклад весьма выражен у финнов, но структура гаплогруппы R1a у финнов и эстонцев весьма различная.

На дереве гаплотипов (рис. 187) гаплогруппа R1a занимает нижнюю правую часть дерева. В ней отдельно находятся 3 гаплотипа (под номерами 42–44) балто-карпатского субклада CTS3402, а именно его нисходящего снипа Y93710:

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > **CTS3402** > Y33 > YP968 > YP969 > YP6010 > **Y93710**,

с датировкой общего предка этой малой ветви  $640 \pm 220$  лет назад. Остальные гаплотипы ветви R1a представляют набор субкладов Z92, CTS1211, CTS3402, например, с цепочками снипов:

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > **Z92** > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > YP5570 > YP682 > A8998 > **BY29708**,

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > **Z92** > Z685 > YP270 > YP351 > Y9081 > YP350 > Y24032 > **Y67289** (= Y79085),

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > YP1034 > **YP4258**,

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > **CTS3402** > Y33 > **YP6009**,

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > **CTS3402** > YP237 > FGC13681 > YP582 > **YP578**.

Поскольку эти три основных субклада гаплогруппы R1a (Z92, CTS1211 и CTS3402) образовались более 4 тыс. лет назад (29, 35 и 31 снип-мутация, или 4,2 тыс., 5 тыс. и 4,5 тыс. лет, назад соответственно), то можно было ожидать, что расчет времени жизни общего предка эстонских носителей гаплогруппы R1a придется на времена тоже более 4 тыс. лет назад. Так и получилось, его датировка оказалась  $4517 \pm 560$  лет назад (без округления). Это — типичные времена для общих предков центральных и северных ветвей носите-

лей гаплогруппы R1a, и типичны для этнических русских.

Такая же картина следует из списка YFull, в котором есть 15 представителей эстонцев. Из них 10 относятся к субкладу Z280 (4 — к Z92, 3 — к CTS3402, 2 — к Z280 без глубоких снийов, 1 — к CTS1211), 2 — к «скандинавскому» субкладу Z284, 2 — к субкладу M458, и 1 — типичный субклад евреев Z93-F1345-CTS6.

### Гаплогруппа R1b

Эта гаплогруппа у эстонцев в выборке присутствует в виде довольно четко выраженной ветви с базовым гаплотипом:

13 23 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 **30** 15 15 17 17 — 11 11 19 23 16 15  
17 17 **36 39** 12 12,

и датировкой общего предка  $3870 \pm 560$  лет назад (без округления). Этот гаплотип отличается всего на 3 мутации от первых 37 маркеров предкового «референсного» гаплотипа субклада R1b-U106, характерного для севера Европы.

13 23 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  
17 17 37 38 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 11  
23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11  
13 12 — 35 15 9 16 12 26 26 19 12 11 13 12 10 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 (U106).

Этот субклад был выражен и у латышей (см. предыдущую главу). Более того, датировка «референсного» U106 в Европе составляет  $4175 \pm 430$  лет назад, то есть в пределах погрешности расчетов с датировкой эстонского базового гаплотипа.

Примеры снийов эстонцев в данной ветви следующие:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > P310 > L151 > **U106** > S263 > S264 > **Y29891** (= Y29890),

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > P310 > L151 > **U106** > Z19 > FGC79182 > FGC79182a > Y31457 > **BY13822**.

Это подтверждают данные списка YFull, в котором гаплогруппа R1b эстонцев представлена только 5 снийами U106.

Еще характерная особенность эстонских гаплотипов группы R1b, которая объединяет их

с латышскими гаплотипами — у них в выборке отсутствует субклад ямной культуры Z2103, типичный для русских. Иначе говоря, у прибалтов в основном (по выборкам) отсутствует автохтонный на Русской равнине R1b-Z2103, и те гаплотипы, что мы видим в выборках, — прибыли из Западной Европы. Это же отсутствие снийа Z2103 у эстонцев подтверждает список YFull.

### Гаплогруппа I1

Все 6 гаплотипов из «Эстонского проекта» FTDNA, показанные на рис. 187, образуют одну ветвь с базовым гаплотипом:

13 22 14 10 **14** 14 11 14 11 12 11 28 — 15 8 9 8  
11 23 16 20 **29** 12 14 15 16 — 10 10 19 21 14 14  
16 20 35 37 12 10,

который всего на 2 мутации (отмечены) отличается от предкового «референсного» гаплотипа общеевропейской гаплогруппы I1:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11,

и имеет датировку общего предка  $2844 \pm 480$  лет назад (без округления). Это практически равно датировке общего предка финских I1 ( $2600 \pm 260$  лет назад) в пределах погрешности расчетов, но на тысячелетие позднее, чем датировка общеевропейского общего предка этой гаплогруппы ( $3618 \pm 363$  года назад, как рассчитано по 111-маркерным гаплотипам). Это всё согласуется с общей картиной истории носителей I1 в Европе, которые были почти все уничтожены в середине III тыс. до н. э. в ходе расселения эрбинов по Европе. Прошло тысячелетие прохождения «бутылочного горлышка» выживания, и еще тысячелетие для того, чтобы потомки выживших носителей гаплогруппы I1 добрались до территорий современных Эстонии и Финляндии.

В списке YFull имеются 4 представителя эстонцев с гаплогруппой I1.

\* \* \*

Остальные гаплогруппы в Эстонии (I2, J2, E1b, Q, N, G2a), из которых в «Эстонском проекте» присутствуют только I2a и G2a, в единичных количествах, слишком немногочисленны, и их анализ нецелесообразен до того, как их количество в базах данных заметно вырастет.

## 78. ЧУКЧИ

Согласно Всероссийской переписи населения, количество чукчей в России составляет около 16 тыс. человек, из них 80 % проживают в Чукотском автономном округе, 9 % — в Камчатском крае, и 4 % — в Якутии. В сумме это уже составляет 93 % всех чукчей в России.

Данных по составу гаплогрупп у чукчей очень мало. Единственная подборка данных, которую удалось найти, хотя короткая и с устаревшей номенклатурой, — это данные статьи 2002 г., приведенные в сноске к табл. 81.

**Таблица 81.** Состав гаплогрупп чукчей по данным статьи\*\*

Гаплогруппа*	Статья** 24 чел., %
N1a1-M46	58
P-M45	21
Q1b-M3	12,5
R1a-M17	4,2
C2a-M48	4,2

\* Индексы гаплогрупп исправлены в соответствии с современной номенклатурой.

\*\* Lell J. et al. *The dual origin and Siberian affinities of Native American Y chromosomes* // *Am. J. Human Genetics*. 2002. V. 70. №1. P. 192–206.

Надо сказать, что пересказ этих данных, приведенный в статье в англоязычной Википедии ([https://en.wikipedia.org/wiki/Y-DNA\\_haplogroups\\_in\\_populations\\_of\\_Central\\_and\\_North\\_Asia](https://en.wikipedia.org/wiki/Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_Central_and_North_Asia)), является почти полностью искаженным. Так, вместо доли гаплогруппы R1a в исходной статье 4,2 % в Википедии дается 15,7 %, вместо доли гаплогруппы P-M45 в исходной статье 21 % в Википедии приведена гаплогруппа Q и так далее.

По некоторым отрывочным данным, на которые нет первичной ссылки, основной субклад

гаплогруппы N1a1 у чукчей B202, к которому ведет следующая цепочка снийпов:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > Y16323 > **B202**.

## 79. ВЬЕТНАМЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в России проживают около 14 тыс. вьетнамцев, из них 29 % — в Москве и Московской области, 10 % — в Башкортостане, 8 % — в Тульской области, это суммарно составляет 47 % от всех. Это уже показывает, что вьетнамцы в значительной степени рассеяны по территории Российской Федерации.

Данных по составу гаплогрупп вьетнамцев в доступных базах данных очень мало. В Проекте «Юго-Восточная Азия» FTDNA есть всего 5 гаплотипов, из них 2 вьетнамца, оба гаплогруппы O (как и большинство участников Проекта, 37 человек из 55, то есть 67 %: <https://www.familytreedna.com/public/SE%20ASIA?iframe=yresults>).

В проекте «Амеразия» (<https://www.familytreedna.com/public/Americans?iframe=yresults>) есть всего 5 вьетнамцев, все 5 гаплогруппы O.

Таблица 82 ясно показывает, что доминирующая гаплогруппа среди вьетнамцев — гаплогруппа O. Она расходится по разным субкладам, но для целей настоящего анализа этого достаточно, поскольку среди русских гаплогруппы O практически нет. Сравнивая с русскими и жителями Русской равнины в целом, посмотрим на гаплогруппу N, представленную в одной из выборок двумя субкладами — M128 и M1811:

N-M231 > Z4762 > L729 > F1360 > N1a2-L666 > F1101 > F1154 > Y23741 > **N1a2a-M128**,

N-M231 > Z4762 > F2905 > CTS12473 > M1928 > Y125475 > CTS4714 > F2407 > M1877 > F1486 > M1788 > M1812 > M1823 > **N1b2a-M1811**.

На всем протяжении этих цепочек снийпов в списке YFull они «привязаны» к китайцам просто потому, что представителей Вьетнама в списке нет. Причина проста — эти списки составляются на основе результатов добровольного (коммерческого) ДНК-тестирования, в которых вьетнамцы, в отличие от китайцев, практически не участвуют.



**Таблица 82.** Состав гаплогрупп вьетнамцев по данным пяти статей

Гаплогруппа*	Статья* 10 чел., %	Статья** 76 чел., %	Статья*** 24 чел., %	Статья**** 70 чел., %	Статья***** 46 чел., %
O	90	83	79	79	87
C2-M217	10	12	8	4	2,2
Q	н/п	0	0	7	4,3
R1a	н/п	1,3	0	1,4	0
D1a-M15	н/п	0	4	2,9	0
N-M231	н/п	2,6	8	2,9	4,4
N-M128	н/п	н/п	н/п	н/п	2,2
N-M1811	н/п	н/п	н/п	н/п	2,2
K	н/п	1,3	н/п	н/п	н/п
J-M304	н/п	н/п	н/п	1,4	н/п
J2-M172	н/п	н/п	н/п	1,4	н/п
F	н/п	н/п	н/п	н/п	2,2

\* Kayser M. et al. *Melanesian and Asian origins of Polynesians: mtDNA and Y Chromosome gradients across the Pacific* // *Molecular Biology and Evolution*. 2006. V. 23. №11. P. 2234–2244.

\*\* Jun-dong H. et al. *Patrilineal perspective on the Austronesian diffusion in mainland Southeast Asia* // *PLoS One*. 2012. V. 7. №5; выборка из Ханоя.

\*\*\* Trejaut J. et al. *Taiwan Y-chromosomal DNA variation and its relationship with Island Southeast Asia* // *BMC Genetics*. 2014. 15:77; выборка из Ханоя.

\*\*\*\* Karafet T. et al. *Major East–West division underlies Y chromosome stratification across Indonesia* // *Molecular Biology and Evolution*. 2010. V. 27. №8. P. 1833–1844; выборка из Южного Вьетнама.

\*\*\*\*\* Poznik D. et al. *Punctuated bursts in human male demography inferred from 1,244 worldwide Y-chromosome sequences* // *Nature Genetics*. 2016. V. 48. №6. P. 593–599; выборка из Хошимина.

В отношении гаплогруппы С у вьетнамцев, все выборки относят ее к субкладу C2-M217 и в некоторых случаях далее к нижестоящему субкладу F845:

C-M130 > C2-M217 > F1067 > F2613 > **F845**.

Последний субклад образовался 74 снип-мутации, или около 11 тыс. лет, назад, поэтому ясно, что вьетнамские снипы гаплогруппы С (как и других гаплогрупп) типировали очень поверхностно.

## 80. ГАГАУЗЫ

Гагаузы — тюркский народ христианского вероисповедания. Численность гагаузов в Российской Федерации, по данным Всероссийской переписи населения, составляет около 14 тыс. человек. Из них 19 % проживают в Москве и Московской области, 18 % — в Тюменской области, 11 % — в Ханты-Мансийском автономном округе, 6 % — в Ямало-Ненецком автономном округе. В сумме это составляет 54 % от гагаузов в России, из че-

го следует, что какого-либо территориального «ядра» проживания гагаузов в России нет, половина их рассеяна по регионам РФ. Основная территория компактного проживания гагаузов находится за пределами Российской Федерации, а именно в Бессарабии — на юге Молдавии и юго-западе Украины, в северо-восточной Болгарии и юго-восточной Румынии.

В доступных базах данных информации по гаплогруппам-субкладам-гаплотипам гагаузов почти нет. Два гаплотипа гагаузов есть в «Болгарском проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/bulgariandna?iframe=yresults>), один имеет гаплогруппу R1b (судя по строению гаплотипа, типичный западноевропейский субклад, видимо, R1b-P312), и еще один — гаплогруппы I2a-Y3120, южнославянская ветвь. Соответствующая цепочка снипов имеет вид:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > S17250 > PH908 > FT14506 > Y179535 > **Y52621**.

Последний снип образовался 10 снип-мутаций, или примерно 1550 лет, назад. Один из предшествующих снипов РН908 найден у немца из земли Баден-Вюртемберг и у русского из Пензы, последний снип (выделен) встречается также в Сербии и в Боснии-Герцеговине.

Основная информация по гаплогруппам гагаузов приведена в статье, опубликованной еще в 2009 г. (ссылка дается в табл. 83).

**Таблица 83.** Состав гаплогрупп гагаузов по данным статьи Varzari A. et al. Searching for the origin of Gagauzes: inferences from Y-chromosome analysis // Amer. J. Human Biology. 2009. V. 21. 3. P. 326–336\* и статьи Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277\*\*. Обозначение «н/п» — данные не приведены

Гаплогруппа*	Статья*, 89 чел., %	Статья**, 80 чел., %
I2	23,6	33,8***
I2a-P37	20,2	н/п
I2b-M102	3,4	н/п
R1a-M17	19,1	6,3
G-M201	13,5	0
E1b	13,4	22,5
M78	11,2	н/п
M123	2,2	н/п
R1b-M269	12,4	18,8
J2-M172	5,6	н/п
J2-M172	3,4	н/п
J2a2-M67	1,1	н/п
J2b-M12	1,1	н/п
I1-M253	4,5	н/п
T-M70	3,4	н/п
N1a1	2,2	0
J-M304	1,1	6,3
J1-M267	1,1	н/п

\*\*\* Видимо, сумма гаплогрупп I2 и I1.

Видно, что данные из двух статей кардинально противоречат друг другу. Поскольку данные из статьи эстонского коллектива Tambets et al. (2018) часто противоречат другим независимым данным, как показано на многих примерах в настоящей книге, и более половины чисел в таблице выше у эстонского коллектива не определены, используется архаичная классификация гаплогрупп, то их данные в данном случае не представ-

ляют большой ценности и будут использоваться (если будут) как вторичные, вспомогательные, и то с осторожностью.

Несмотря на то что гагаузы говорят на тюркском языке, две основные по численности гаплогруппы у них имеют такое же происхождение, как и у славян. В гаплогруппе I2a-P37 в Восточной Европе, как правило, преобладает южнославянский субклад Y3120, как показано выше на единичном примере гагауза из болгарской базы данных. В цитируемой статье А. Варзари просто проведено поверхностное типирование. Это же относится к гаплогруппе R1a-M17 (этот снип образовался 101 снип-мутацию, или примерно 14,5 тыс. лет, назад). Понятно, что при такой поверхностной датировке он не разделяет основные ветви славян — Z280 и M458, которые образовались около 5 тыс. лет назад, и не разделяет их с субкладом Z93, которого у славян практически нет.

Даже при такой минимальной ДНК-генеалогии гагаузов ясно, что они не произошли от турок, во всяком случае в заметных количествах. У турок ДНК-генеалогия принципиально отличается — там на первом месте со значительным отрывом находится гаплогруппа J2 (см. табл. 57), которая у гагаузов по численности минорная. Напротив, у гагаузов выражена гаплогруппа R1a, доля которой у турок в два раза меньше. Если еще выяснится, что у гагаузов в основном (или только) субклады R1a-Z280 и R1a-M458, это еще больше отдалит их от турок, у которых R1a почти исключительно субклада R1a-Z93. Пока таких сведений нет.

Но вклад турок у гагаузов может быть, на это указывает довольно высокое значение доли гаплогруппы G2a у гагаузов (13,5 %), практически такое же, как у турок (9–11 %), или даже несколько выше. Впрочем, это может оказаться кавказским влиянием. Это же относится к гаплогруппе E1b, которой у гагаузов в данной выборке 13,4 %, у турок — 8–11 %. Впрочем, это повышенное количество E1b у гагаузов к туркам, видимо, вообще не имеет отношения, так как это типичные балканские и средиземноморские показатели. Например, доля гаплогруппы E1b составляет 11,5 % в Боснии-Герцеговине, 13,5 % — в Италии, 17,5 % среди боснийских сербов, 21 % у греков.

Наконец, у гагаузов доля гаплогруппы I2 стоит на первом месте (см. табл. 83), а у турок ее

почти нет. В целом, гагаузы вряд ли произошли от турок, а тюркский язык мог быть получен от скифов, как это было, например, у карачаево-балкарцев. Вряд ли кто предполагает, что карачаево-балкарцы произошли от турок.

Выборка в цитируемой статье выше складывалась из двух выборок, собранных в двух малых регионах Бессарабии — Конгаз (48 чел.) и Етулия (41 чел.). Понятно, что никто не мог ожидать, что состав гаплогрупп в точности совпадет в этих регионах, так не бывает. Действительно, доля гаплогрупп колебалась в них в одну и другую сторону. По главной (по численности) гаплогруппе I2a колебания не были критическими, от 19 % в Конгазе до 22 % в Етулии. Но по второй (по численности) гаплогруппе R1a колебания были существенными, от 12,5 % в Конгазе до 26,8 % в Етулии. Это и дало 19,1 % гаплогруппы R1a у авторов статьи при усреднении по этим двум регионам. Но это мало на что может влиять, поскольку у турок доля той же гаплогруппы составляет от 7 до 12 %. Если доля этой гаплогруппы в Конгазе приближалась к таковой у турок, то в Етулии, напротив, резко удалась от турок. То же и по гаплогруппе G2a — в Конгазе ее нашли на уровне 10,4 % (примерно как и у турок), в Етулии — 17,1 % (намного выше, чем у турок). Колебания в долях других гаплогрупп по двум указанным регионам не являются особенно информативными и сделанных выводов не меняют.

## 81. ШОРЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, число шорцев в РФ составляет около 13 тыс. человек. Из них максимальное количество, 83 %, проживают в Кемеровской области, 9 % — в Хакасии, 2 % — в Красноярском крае, и 1 % — в Алтайском крае, в сумме это составляет 95 % от всех шорцев в Российской Федерации.

Как у хакасов (см. соответствующую главу), для шорцев характерна родовая структура, где род (сеок) ведется по мужской линии и члены сеока осознают, что их род происходит от одного общего предка. Такая же структура присуща многим другим южносибирским народам, в том числе телеутам, алтайцам, упомянутым здесь хакасам, шорцам. В идеальном случае каждый сеок должен иметь одну определенную гаплогруппу, но в реальности это не совсем так, хотя обычно

одна гаплогруппа-субклад доминирует. Это было рассмотрено выше на примере хакасов, и в данной главе рассмотрено для нескольких сеоков шорцев.

В табл. 84 приведен состав гаплогрупп у шорцев на примере комбинированных данных для 12 сеоков (ссылка дана в табл. 84), и далее мы рассмотрим, насколько некоторые сеоки однородны (или нет) по гаплогруппам, по данным той же статьи. Надо заметить, что авторы некорректно используют термин «генофонд», в том числе в названии статьи, и «gene pool» (то есть «совокупность генов») в списке ключевых слов к статье, поскольку никакие гены они в статье не рассматривают. Авторы сами подчеркивают, что рассматривают маркеры Y-хромосомы, что к генам и «совокупности генов» никак не применимо. Здесь можно напомнить определение генофонда, сформулированное еще в 1928 г. А. С. Серебровским: *«Совокупность всех генов данного вида... я назвал генофондом»*. Нет в гаплогруппах, субкладах и гаплотипах, как и в маркерах Y-хромосомы генов, никакой это не генофонд. К сожалению, популяционных генетиков постоянно подводит неряшливость в терминах и страсть к «звучным» названиям.

Данные в статье значительно «прыгают», но мы видим, что у шорцев с большим отрывом наблюдается гаплогруппа R1a, причем ее субклад R1a-Z93. Фактически, это скифская гаплогруппа, прибывшая в Южную Сибирь из серии археологических культур — синташтинской, андроновской, карасукской, тагарской, таштыкской, пазырыкской, сформировавших культуры скифского круга. Эта гаплогруппа входит в состав ряда сеоков — карга, челей, шор-кызай, тарткын, кара-шор, таеш, чедибер, сары-шор. Но она в ряде случаев неоднородна, например, в сеоке карга гаплогруппа R1a-Z93 соседствует с гаплогруппой R1b-M73, в сеоке челей найдены в значительных количествах гаплогруппы R1a-Z93 и N1a2b-P43, и также гаплогруппа R1b-M73.

В сеоке челей найден численно преобладающий сний Y43019 (Харьков В. Н. и др. Генофонд хакасов и шорцев по маркерам Y-хромосомы: общие компоненты и генетическая структура родов // Генетика. Т. 56. №7. С. 826–833), который замыкает следующую цепочку сний:

R1a-Z93 > FGC82884 > Y39884 > **Y43019** (= Y41571).

**Таблица 84.** Состав гаплогрупп шорцев по данным статьи\* Харькова В. Н. и др. Анализ генофонда и родоплеменной структуры шорцев по маркерам Y-хромосомы // Медицинская генетика. 2016. Т. 15. №5. С. 48–51, статьи\*\* Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277 и статьи\*\*\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. Р. 139. Устаревшая номенклатура статей приведена к современной

Гаплогруппа*	Статья*, 108 чел., %	Статья**, 51 чел., %	Статья***, 74 чел., %
R1a-Z93	71	59	45
N1a	23	16	34
N1a1	12	2	19
N1a2b-P43	11	н/п	15
R1b-M73	3,7	20	15
Q1b1a3-L330	1,9	2	1,4
C	н/п	2	1,4
E1b	н/п	н/п	1,4

Этот снип образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад. Но эта же линия заметна или даже численно преобладает у хакасских сеоков таяс и халар (Изушерского рода), таяш (Мрасско-Изушерского рода), сор (Карачерского рода), что мы описываем в отдельной главе этой книги.

Преобладание гаплогруппы R1a роднит шорцев с алтайцами (табл. 63), у которых гаплогруппа R1a тоже занимает первое место по численности у ряда народностей (таких, как алтайцы и алтай-кижи). Правда, у шорцев доля гаплогруппы N1a намного выше, чем у большинства алтайцев, кроме челкан, у которых доля гаплогруппы N1a превышает таковую для гаплогруппы R1a (табл. 63).

Можно также отметить, что у хакасов, которых часто связывают с шорцами, картина в определенной степени противоположная — преобладание доли гаплогруппы N1a (в особенности N1a-P43, от 30 до 80 %) по сравнению с R1a (от 30 до 40 %). Так что прямых параллелей у шорцев нет ни с алтайцами, ни с хакасами, если рассматривать весь набор основных гаплогрупп, хотя основные рода — те же, просто их совокупность несколько различается у шорцев, хакасов, алтайцев. Похоже, что в Южной Сибири произошла суперпозиция миграций гаплогрупп N1a, которые там обитали с 15 тыс. лет назад, и гаплогруппы R1a-Z93, которая прибыла примерно 3,5 тыс. лет назад, после ухода с Южного Урала на Восток, и у разных племен степень этой суперпозиции была

различной — от численного преобладания носителей N1a до преобладания носителей R1a-Z93.

В статье (Харьков В.Н., 2020) отмечено, что в сеоках кый и кобий все обследованные мужчины имели нижестоящий вариант гаплогруппы N1a1, который авторы обозначили как N1a1a2-B499, но в наиболее употребительных современных классификациях такого снипа нет, как нет и субклада N1a1a2. Заметим, что у хакасов та же картина наблюдается в сеоках хый и хобый, и обратим внимание на почти полное совпадение названий этих сеоков у хакасов и шорцев.

Доля гаплогруппы R1b у шорцев, хакасов и алтайцев находится примерно на одинаковом уровне — 3,7, 5,7 и 2,9 %, хотя точных чисел здесь не получить, они колеблются между этнографическими группами.

Гаплогруппа N1a1 (за исключением субкладов начиная от L708 и ниже) входит в заметной степени в сеок кобий, в котором, впрочем, есть и гаплогруппа Q1b1a3. А в сеоке чедибер соседствуют гаплогруппы R1a-Z93 и N1a1. В целом, как указывалось выше, разделение народности по сеокам не всегда соответствует разделению по гаплогруппам, хотя основной принцип сеока — патрилинейное родство с происхождением от одного общего предка.

## 82. ЦАХУРЫ

Цахуры — кавказский народ, проживающий на северо-западе Азербайджана и юго-западе Дагестана. По результатам Всероссийской переписи

си населения, количество цахуров в Российской Федерации насчитывает около 13 тыс. человек, из них в Дагестане проживают 77 %, в Ставропольском крае — 3 %, в Ростовской области — 2,5 % от их общего количества в РФ. Это составляет 82,5 % от числа цахуров, остальные расселены по всей территории России, вплоть до Ямало-Ненецкого автономного округа.

Данных по ДНК-тестированию цахуров очень мало. Например, в «Дагестанском проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/dagestan?iframe=yresults>) из 134 гаплотипов всего два относятся к представителям цахуров, один — гаплогруппы J2-M172, другой — L-PF5533. Оба снипа исключительно поверхностные, во втором случае цепочка снипов состоит всего из двух звеньев:

L-M20 > L2-PF5533 (= L595).

### 83. МАНСИ (УСТАР. ВОГУЛЫ)

По результатам Всероссийской переписи населения, количество манси в Российской Федерации насчитывает чуть более 12 тыс. человек, из них в Тюменской области проживают 95 % от всех, а в Ханты-Мансийском и Ямало-Ненецком автономных округах — соответственно 94 % и 1,5 % от количества манси в Тюменской области.

Данных по гаплогруппам манси очень мало, обычно они идут под названием «ханты и манси», но состав гаплогрупп хантов дан выше в соответствующей главе. В Проекте FTDNA «Финно-угры» (<https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>) среди нескольких сотен гаплотипов есть только один, относящийся к манси, с соответствующей цепочкой снипов:

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569 > YP575 > YP5570 > **YP682**.

Это — довольно распространенный снип гаплогруппы R1a на Русской равнине, он образовался 13 снип-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет, назад, уже в нашей эре. Согласно списку YFull, такие встречаются, в частности, в Калужской области, в Краснодарском крае, в Башкортостане, в Новосибирской области, и это только те носители снипа, которые сделали тест на «глубокие» снипы, более чем на 10 уровней вглубь.

В целом же носителей такого снипа на Русской равнине, особенно ближе к северу, должны быть десятки и сотни тысяч человек. Ясно, что это не специфический мансийский снип.

В сети есть список основных гаплогрупп «хантов и манси» (<https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%9C%D0%B0%D0%BD%D1%81%D0%B8>), со ссылкой на диссертационный материал (В. Н. Харьков, Автореферат докторской диссертации «Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы». Томск, 2012), но при рассмотрении оказалось, что это ханты, а не манси. Несколько гаплогрупп манси приведены в табл. 85.

**Таблица 85.** Состав гаплогрупп манси по данным статьи Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139. Устаревшая номенклатура статьи приведена к современной

Гаплогруппа*	Статья (см. выше), 25 чел., %
N1a	76
N1(xN1a1)	60
N1a1	16
R1a	8
I-M170	8
R1b	4
J	4

Как видим, состав гаплогрупп манси типичен для северных народов Российской Федерации — у них преобладает гаплогруппа N1 по сравнению с N1a1, типичной для средней полосы и иногда относительно минорной для северных народов, но какой именно субклад группы N1 у манси доминирует — N1a или N1b — пока остается непонятным. У хантов выражен N1b-L732 (см. табл. 73), у других северных народов — N1a-P43. Более того, состав гаплогруппы N1 у хантов и манси заметно различен (Tambets et al., 2018) — у хантов преобладают N1a1 (49 % от всех гаплогрупп) и N1(xN1a1, 31 %, видимо, N1b-L732), в сумме давая 80 % гаплогруппы N от всех гаплогрупп, а у манси преобладает N1(xN1a1) = 60 %, по сравнению с N1a1 = 16 %. Так что обычный оборот «ханты и манси» не означает одинаковую ДНК-генеалогическую историю обоих народов.



В списке YFull приведены снипы из ханты-мансийского региона (КНМ в номенклатуре YFull), но при этом неясно, к какой народности они относятся. Приведем несколько примеров.

В разделе гаплогруппы N1a есть три примера:

N-M231 > N1-Z4762 > L729 > L666 > N1a2b-P43 > VL67 > VL64 > **Z35097**,

N-M231 > N1-Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > L1034 > **Y28538** > **L1032**.

Эти три примера «ханты-мансийских» снипов довольно типичны для северных народов — одна линия проходит через снип N1a2b-P43, другая — через N1a1-M46.

В разделе гаплогруппы Q есть всего один представитель ханты-мансийского региона (снип выделен):

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 (= M346) > M53 > M54 > Q1b1a3-L330 > YP1102 > Y11236 > BZ99 > YP1692 > **YP1691**

Всего один представитель есть и в разделе гаплогруппы R1a:

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > FGC13681 > YP953 (= FGC21242) > YP951 > **YP4659**.

Наконец, в разделе гаплогруппы O есть три представителя ханты-мансийского региона:

O-M175 > O1-F265 > O1b-P31/M268 > K18 > Y9032 > PK4 > M95 > M1310 > M1348 > M1283 > Y9322 > Y9325 > Y9033 > **YP3930**,

O-M175 > O1-F265 > O1a-M119 > Y14027 > Z23193 > M307 > F446 > Z23448 > F140 > CTS3269 > K611 > F78 > F81 > CTS2458 > F533 > K612 > F492 > F619 > Y31266 > Y31261 > **Y96987**,

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > O2a2-P201 > M188 > CTS445 > CTS201 > M159 > Z35182 > **MF2541**.

Мы видим, что они расходятся на две совершенно отстоящие друг от друга линии, O1 и O2, и линия O1 с самого начала тоже расходится на чрезвычайно удаленные друг от друга линии, O1a и O1b. Это означает, что все три линии гаплогруппы O в ханты-мансийском регионе практически не связаны друг с другом и прибыли в тот регион с разной историей. Надо сказать, что все три конечных снипа находятся в группе китайских снипов. Видимо, все они имеют древнее китайское происхождение.

## 84. НАНАЙЦЫ

Число нанайцев по результатам Всероссийской переписи населения составляет 12 тыс. человек. Из них в Хабаровском крае проживают 92 % от всех нанайцев, еще 3 % — в Приморском крае, и 1 % — в Сахалинской области. Нанайцы официально считаются коренным народом Приамурья и Дальнего Востока.

В статье Ю. В. Богунова и др. («Генофонд коренных народов Дальнего Востока: генетическая реконструкция происхождения нанайских народов (бельды и самар)» // *Генетика*. Т. 54. №13. С. 99–102), определяли гаплогруппы этих двух кланов нанайцев. Опять приходится отметить, что неряшливость популяционных генетиков в отношении терминов ведет к путанице — гаплогруппы Y-хромосомы это не «генофонд», генов в Y-хромосоме очень мало, и к гаплогруппам они отношения не имеют. Но везде, где в соавторах появляется Е. Балановская, кстати, не генетик по образованию, там везде рядом с описанием гаплогрупп появляется звучное (но неверное в таком контексте) «генофонд». Выше мы об этом писали подробнее.

Состав гаплогрупп у нанайцев приведен в табл. 86.

**Таблица 86.** Состав гаплогрупп двух кланов нанайцев — бельды и самар — по данным статьи Богунова и др. (ссылка дана в тексте). Устаревшая номенклатура статьи приведена к современной

Гаплогруппа*	Бельды, 70 чел., %	Самар, 38 чел., %
N1a1	39	84
N1a1-B479	C36	84
C2	37	н/п
O	22	н/п
O1	12	н/п
O1b + C2b1a + J2a1a	н/п	16

Цепочка снипов, ведущая к B479, следующая:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > **B479**.

Мы видим, что у нанайцев не найдено «северных субкладов» гаплогруппы N1a из линий N1a2b или N1b, видимо, их миграции прошли мимо предков нанайцев. Действительно, субклад N1a1 образовался 102 снип-мутации, или

примерно 14,7 тыс. лет, назад, субклады N1a-P43 и N1b-L732 — 55 и 88 снип-мутаций, или примерно 8 тыс. и 12,7 тыс. лет, назад соответственно. Похоже, что передвижения предков нанайцев и ряда сибирских народов не пересекались.

## 85–86. АНДИЙЦЫ, АХВАХЦЫ

Андийцы и ахвахцы относятся к группе андийских народов, представляющих субэтнос аварцев. По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 12 тыс. андийцев и около 8 тыс. ахвахцев, из них в Дагестане живут соответственно 97 % и 80 %. Сведений по их гаплогруппам в базах данных найти не удалось, в «Дагестанском проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/dagestan?iframe=yresults>) их представители не числятся. Но состав гаплогрупп андийцев в небольшой выборке в 49 человек опубликован в материалах диссертации Юнусбаева Б. Б. (Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y-хромосомы и A1U-инсерций: дисс. канд. биол. наук: 03.00.15. Уфа, 2006. 107 с.) и представлен в табл. 87.

**Таблица 87.** Состав гаплогрупп андийцев по данным диссертации Б. Б. Юнусбаева (ссылка в тексте)

Гаплогруппа	49 чел., %
J1	37
I1	26
J2	18
G2a	6
R1b	6
E1b	2
R1a	2

## 87–90. ЦЕЗЫ (ДИДОЙЦЫ), БЕЖТИНЦЫ, ГИНУХЦЫ, ГУНЗИБЦЫ

Перечисленные четыре народности относят к цезской группе народов, и они включены в состав аварцев в виде соответствующих субэтносов. Все они практически полностью проживают в границах Дагестана, то есть входят в состав Российской Федерации. Их численность, по данным Всероссийской переписи населения, составляет соот-

ветственно около 12 тыс. человек, около 6 тыс., 443 и 918 человек.

Состав их гаплогрупп изучали в статье Е. О. Глазуновой и др. «Генофонд коренных народов Дагестана цезской группы по маркерам Y-хромосомы» // Мед. генетика. 2016. Т. 15. №4, и полученные данные приведены в табл. 88.

**Таблица 88.** Состав гаплогрупп цезской группы народов по данным статьи Глазуновой и др. (ссылка дана в тексте). Ссылка на электронный источник — <https://www.medgen-journal.ru/jour/article/view/113/101>

Гаплогруппа*	Цезы, 128 чел., %	Бежтинцы, 87 чел., %	Гинухцы, 32 чел., %	Гунзибцы, 49 чел., %
J1-Z1842	99	98	56	100
J2-M172	1	1	0	0
G2a-U8/L30	0	0	44	0
R1b-Z2103	0	1	0	0

Как видим, все четыре дагестанских народа имеют исключительно или преимущественно гаплогруппу J1 (за исключением гинухцев, у которых почти половина мужского населения имеет гаплогруппу G2a).

Остановимся на некоторых снипах. Снип J1-Z1842 завершает цепочку снипов:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842.

На самом деле он значительно недотипирован в цитируемой статье, то есть определен весьма поверхностно. Снип Z1842 образовался 59 снип-мутаций, или примерно 8,5 тыс. лет, назад. Но даже при этом он несет важную информацию о том, что он не имеет отношения к евреям, хотя многими гаплогруппа J1 воспринимается как «еврейская». На самом деле кавказские снипы гаплогруппы J1 в своей цепочке обычно доходят до снипа Z2217 и затем уходят в сторону по линии, не проходящей через снип P58, типичный для евреев гаплогруппы J1. Снип P58 для евреев не является необходимым, но у многих встречается. Более того, снип P58 в гаплогруппе J1 отнюдь не означает, что его носитель является евреем, но, когда его в цепочке нет, это определенно не еврей.

Снип G2a-U8 (= L30) завершает следующую цепочку:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > **L30**.

Он тоже значительно недотипирован и образовался 118 снип-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад. Разумеется, он ничего не дает для истории этого рода на Кавказе, поскольку образовался задолго до завершения ледникового периода в Европе, находясь все еще в Передней Азии.

Снип J2-M172 исключительно поверхностный и кроме того, что это гаплогруппа J2, не дает ничего.

Снип R1b-Z2103 — выходец из ямной археологической культуры, откуда прибыл на Кавказ более 4 тыс. лет назад. Но поскольку он найден только у бежтинцев и в количестве всего 1 %, подробно обсуждать его не имеет смысла. Мы это делали в предыдущих главах этой книги.

## 91. АБХАЗЫ

Согласно данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают несколько более 11 тыс. абхазов. Из них в Москве и Московской области живут 38 %, в Краснодарском крае — 19 %, в Ростовской области — 8 %. В сумме это уже две трети абхазов в Российской Федерации.

Данных по гаплогруппам и гаплотипам абхазов в базах данных мало. В «Грузинском проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Georgia?iframe=yresults>) среди многих сотен гаплотипов есть только 1 абхаз, с гаплогруппой G-M201, самой поверхностной. В «Абхазском проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/AbkhazianDNAProject?iframe=yresults>) есть всего 34 гаплотипа, но большинство принадлежат абазинам, черкесам, шапсугам, кабардинцам. После удаления всех представителей, которые не назвали себя абхазами, в списке осталось всего 7 гаплотипов: 3 — G2 (без субкладов), 3 — J2 (2 типированы поверхностно, только на J2-M172 и 1 со снипом Z35834), и 1 — J1 (без субклада, не считая самого поверхностного J1-M267).

Снип абхаза Z35834 является замыкающим в следующей цепочке снипов:

J2 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Y12603 > Y12379 > Y12378 > Y27964 > Y26651 > **Y26654 (= Z35834)**.

Это тот же снип, что выявлен и описан ранее у карачаевцев и балкарцев в соответствующей главе данной книги.

В списке YFull в категории гаплогруппы G есть всего 1 абхаз, к конечному снипу которого (выделен) ведет следующая цепочка снипов:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a1-Z6552 > Y34352 > Z6553 > Z6744 > Z6653 > Z6702 > Y36036 > **Y36603**.

Недостаток информации по гаплогруппам и гаплотипам абхазов отчасти компенсируется данными статьи О. Балановского и др. (ссылка в подписи к табл. 89), в которой изучали 52 образца ДНК абхазов.

**Таблица 89.** Состав абхазов по гаплогруппам по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и статьи\*. Обозначение «н/п» — данные не представлены

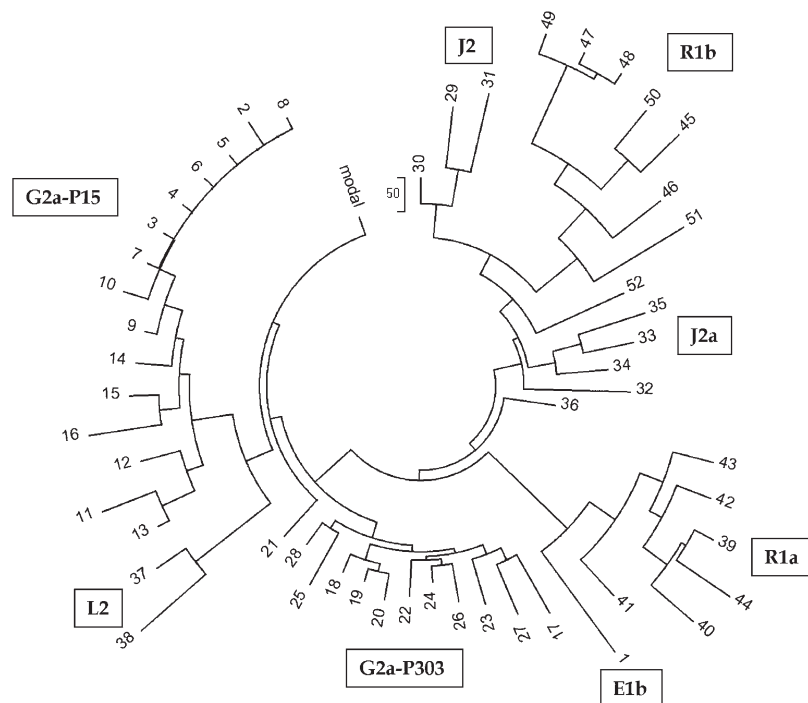
Гаплогруппа	По данным Eupedia в %, 100–250 чел.	По данным статьи*, 52 чел., в %
G2a	47,5	52
P303	н/п	23
J2	26,5	15
R1a	10	12
M458	н/п	0
L	5	4
R1b	3,5	13
M269	н/п	13
I	3	0
J1	2,5	0
E1b	0,5	2
Q	0,5	0
T	0,5	2
N	0	0

\* *Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920.*

\*\* *Гаплогруппа L1b-M317.*

По гаплотипам, приведенным в качестве приложения в статье (Balanovsky et al., 2011), было построено дерево, представленное на рис. 188.

Как видно, дерево показывает ветви гаплогрупп, которые в ряде случаев могут указать на датировку общих предков ветви. Обращает на себя внимание плоская, совсем недавняя подветвь в верхней левой части дерева, где на 9 гаплотипов,



**Рис. 188.** Дерево из 52 гаплогрупп в 17-маркерном формате абхазов. Гаплогруппы взяты из статьи Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920. Показаны ветви гаплогрупп

то есть на 153 аллели, приходится всего 3 мутации. Это дает датировку общего предка подветви гаплогруппы G2a-P15 всего  $230 \pm 135$  лет назад, предковый гаплотип следующий:

15 22 15 10 15 16 12 12 10 29 16 16 21 11 15 10 22.

Поскольку из 9 гаплогрупп шесть идентичны друг другу, то датировку легко проверить, используя логарифмический метод —  $[\ln(9/6)]/0,0365 = 11$  условных поколений до общего предка, или  $11 \times 25 = 275 \pm 115$  лет, назад. Этим мы подтвердили, что датировки двумя разными методами согласуются в пределах погрешности расчетов, значит, у этой подветви действительно был один общий предок, его гаплогруппа показана выше.

Примыкающая к ней, визуально более древняя подветвь, имеет базовый гаплотип, в котором выделены 3 мутации от предыдущего базового гаплогруппа:

14 22 15 10 15 16 12 12 10 29 17 16 21 11 15 10 21, и датировка общего предка, действительно, намного более древняя,  $3855 \pm 815$  лет назад (без округления). Следовательно, их общий предок отстоял по времени от предыдущего на величину  $3/0,0365 = 82 \rightarrow 90$  условных поколений, или 2250 лет, и их общий предок жил ( $2250 + 3855 +$

$+ 230)/2 = 3170 \pm 300$  лет назад. Это и был общий предок более древней подветви, в пределах погрешности расчетов.

Наконец, говоря о гаплогруппе G2a, перейдем к ветви субклада P303, в нижней части дерева на рис. 188. Ее базовый гаплотип:

14 23 15 10 13 14 11 12 11 29 17 16 20 12 17 10 21,

с датировкой общего предка  $2670 \pm 490$  лет назад, на 11 мутаций отличается от базового гаплогруппа предыдущей ветви, что разводит их на тысячелетия. Точнее, на  $11/0,0365 = 301 \rightarrow 438$  условных поколений, или примерно 10 950 лет. Их общий предок жил  $(10\,950 + 2670 + 3855)/2 = 8700$  лет назад, еще в мезолитической Европе. Сам снип G2a-P303 образовался 89 снип-мутаций, или примерно 12,8 тыс. лет, назад.

Ветвь гаплогруппы R1a (на дереве справа внизу) имеет базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 15 14 20 13 15 11 23,

с датировкой  $2800 \pm 660$  лет назад. Это — типичный гаплотип субклада R1a-Z93, и датировка соответствует скифским временам, что характерно для многих кавказских линий гаплогруппы R1a.

В списке YFull есть всего 1 представитель абхазов, к конечному снипу которого ведет следующая цепочка:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > **Y874**.

Такой же конечный снип (Y874) найден в Индии (провинция Андхра-Прадеш) и Шри-Ланке, он образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3750 лет, назад. Этот же снип найден во многих регионах — у таджиков, марийцев, чехов, в Карачаево-Черкесии. Поскольку маловероятно, чтобы индийцы принесли этот снип в столь разные регионы, скорее, это снип принесли в Индию древние арии, и его носители расходились в Европе и Азии по разным регионам.

Остальные ветви на рис. 188 или слишком неоднородны, или малы и здесь анализироваться не будут.

## 92. АССИРИЙЦЫ

Согласно данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают несколько более 11 тыс. ассирийцев. Из них в Краснодарском крае живут 28 % от их общего числа, в Москве — 20 %, в Ростовской области — 15 %. В сумме это почти две трети ассирийцев в Российской Федерации.

В сети есть «Проект ассирийского наследия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/AssyrianHeritageDNAProject?iframe=yresults>), который довольно противоречиво организован. В нем есть 94 гаплотипа представителей восьми стран — Турции, Ирака, Ирана, Ливана, Объединенных Арабских Эмиратов, России, Сирии и Азербайджана, и в этом отношении Проект подобен многим другим, в которые включают всех желающих, подрывая тем самым суть Проектов. Например, мой гаплотип с моим именем-фамилией и городом Курск как местом происхождения моих предков включен, к моему удивлению, в «Индийский проект». Но в Ассирийском проекте указано, что для включения в него участники должны указать администраторам, в каком из основных регионов исторической Ассирии жили их предки — Урмия в Иране или горный регион Хаккари в Турции, который простирается на северо-восток Турции, северо-восток Сирии и север Ирака.

Поэтому мы для целей этой книги обрабатывали все данные по Ассирийскому проекту, не исключая никого, и сопоставили полученные данные с «академической» выборкой из статьи, указанной в табл. 90.

**Таблица 90.** Состав гаплогрупп ассирийцев по данным статьи Dogan S. et al. A glimpse at the intricate mosaic of ethnicities from Mesopotamia: Paternal lineages of the Northern Iraqi Arabs, Kurds, Syriacs, Turkmens and Yazidis // PLOS ONE. 2017 и «Проекта ассирийского наследия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/AssyrianHeritageDNAProject?iframe=yresults>)

Гаплогруппа	Сев. Ирак 86 чел., %	FTDNA 86 чел., %
R1b	30	27
J2	24	11
J2a	23	9
J2b	1	0
T	17	15
J1	12	20
R1a	10	5
I1	2	0
E1b	2	4
L	1	6
G	н/п	8
G1		3
G2		2
G2a		3
H	н/п	1
Q	н/п	1
R2a	н/п	2

Хотя данные табл. 90 для ассирийцев из Северного Ирака и ассирийцев из Проекта FTDNA во многом различаются в деталях, но в целом они сходны — на первом месте по численности там и там стоит гаплогруппа R1b, и после этого в первой тройке по численности в обеих выборках находятся гаплогруппы J2, J1 и T. Остальные гаплотипы представлены единичными случаями, и вряд ли они представляют «коренных» ассирийцев. Как показано ниже в этой главе, древние носители гаплогруппы R1b прибыли к древним ассирийцам из ямной культуры на Русской равнине (археологическая датировка ямной культуры 5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), остальные три гаплогруппы — типичные для Ближнего Востока.



В отношении выборок — обе включали людей, которые назвали себя ассирийцами, то есть по самоидентификации, но если материалы статьи (образцы Y-хромосомы) собирались авторами в ассирийских деревнях в Северном Ираке, то данные проекта FTDNA отбирались по значительно более слабым критериям. Это не означает, что данные проекта FTDNA недостоверны, но это обстоятельство следует принимать во внимание.

На рис. 189 приведено дерево гаплотипов выборки ассирийцев по данным Ассирийского проекта FTDNA.

Для сравнения, на рис. 190 приведено дерево из 86 гаплотипов ассирийцев в 17-маркерном формате по данным цитируемой выше статьи.

### Гаплогруппа R1b

Обе выборки, результаты которых приведены в табл. 90, показывают численное преимущество гаплогруппы R1b у ассирийцев, что необычно для Ближнего Востока. На дереве гаплотипов на рис. 189 (Проект FTDNA) ветвь гаплогруппы R1b (справа внизу) состоит из двух подветвей, в одной (верхняя) все гаплотипы начинаются с маркера DYS393 = 12, что является характер-

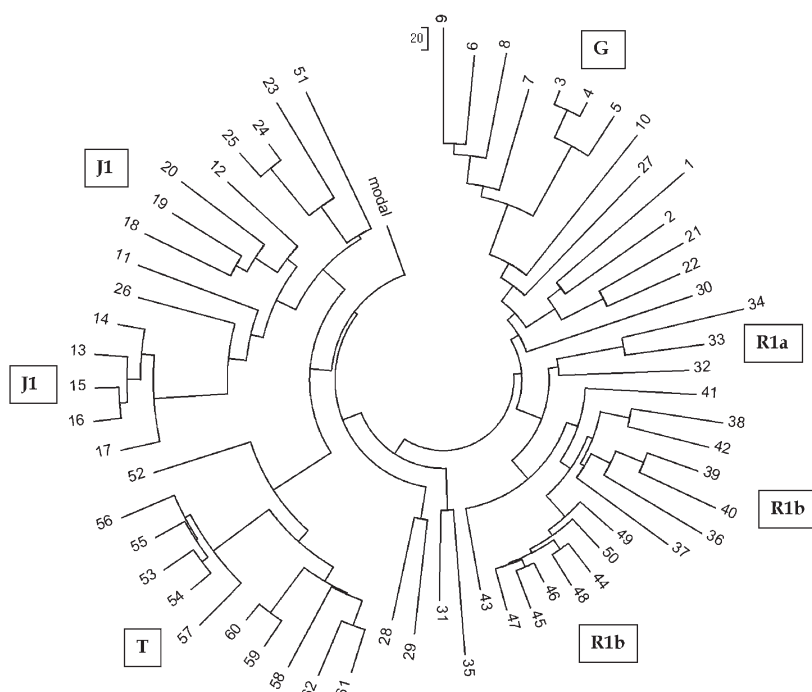
ным признаком для субклада ямной археологической культуры R1b-Z2103 и нижестоящих сніпов. Базовый гаплотип этой верхней подветви следующий:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 12 13 28 16 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 17 11 11 19 23 16 15 16  
17 35 38 12 12,

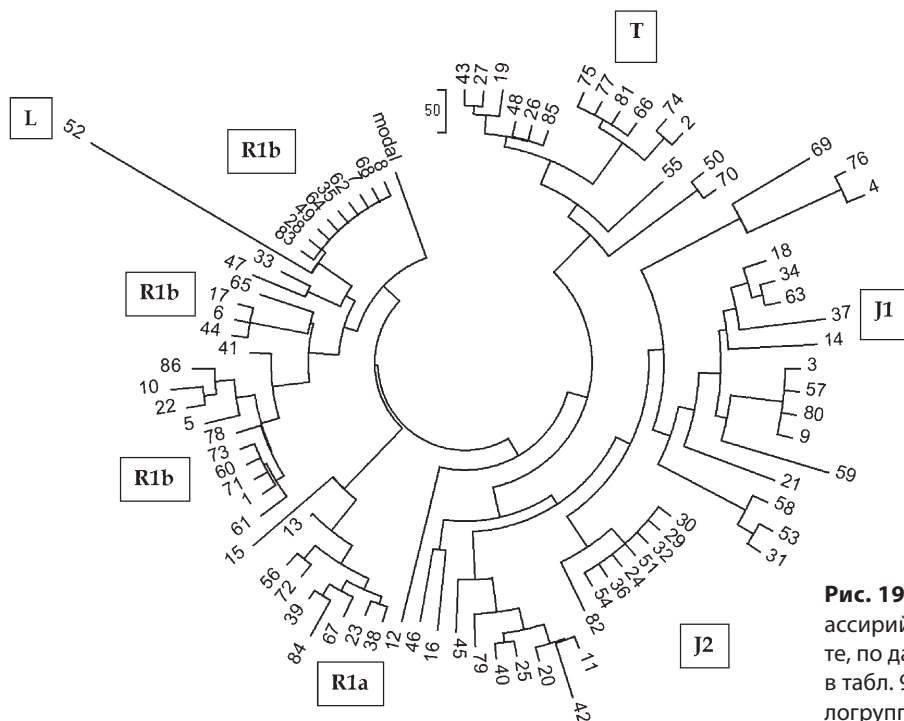
с общим предком  $5600 \pm 780$  лет назад. Он весьма близок по первым 37 маркерам к 111-маркерному «референсному» предковому гаплотипу, полученному в независимой выборке из 204 гаплотипов, с общим предком  $4583 \pm 462$  года назад (без округления). Это — времена ямной культуры, в пределах погрешности расчетов. Пять отклонений от ассирийского базового гаплотипа выделены:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 **13** 13 29 — **17** 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
10 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 11 11.

Эти 5 отклонений эквивалентны разнице в  $5/0,09 = 56 \rightarrow 60$  условных поколений, что эквивалентно 1,5 тыс. лет расстояния между их предковыми гаплотипами. Это помещает их общего



**Рис. 189.** Дерево из 62 гаплотипов ассирийцев в 37-маркерном формате, по данным Ассирийского проекта. Показаны некоторые гаплогруппы



**Рис. 190.** Дерево из 86 гаплотипов ассирийцев в 17-маркерном формате, по данным статьи, цитированной в табл. 90. Показаны некоторые гаплогруппы

предка на  $(1500 + 5600 + 4583)/2 = 5800 \pm 700$  лет назад, что в пределах погрешности согласуется с археологической датировкой ямной культуры. Собственно, и датировка общего предка ассирийской серии гаплотипов согласуется в пределах погрешности с датировкой «референсного» общего предка в пределах погрешности.

Вторая (нижняя) подветвь имеет базовый гаплотип:

13 24 14 10 11 14 12 12 12 14 13 30 16 9 90 11  
11 25 15 19 29 15 15 17 18 11 12 19 23 16 15 18  
17 35 36 12 12,

с относительно недавней датировкой общего предка  $1175 \pm 250$  лет назад (без округления). Это определенно не гаплотип ямной культуры, а относительно недавний, похожий на первые 37 маркеров базового европейского гаплотипа субклада R1b-P312:

13 24 14 10 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 17 10 11 19 23 16 15 18  
17 37 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,

который образовался около 4,8 тыс. лет назад, но до Ассирии его носителям еще надо было

дойти. Например, общий предок современных украинцев субклада P312 жил  $4300 \pm 630$  лет назад, русских —  $3460 \pm 500$  лет назад, литовцев —  $3520 \pm 490$  лет назад.

Если мы обратимся к выборке ассирийцев из Северного Ирака, мы увидим там три подветви гаплогруппы R1b, слева на рис. 190. Все они, за исключением единственного гаплотипа из 26, имеют первый маркер DYS393 = 12, характерный для выходцев из ямной культуры. Нижняя подветвь относительно недавняя с общим предком  $1230 \pm 320$  лет назад и базовым гаплотипом:

12 23 14 11 11 15 13 13 13 29 17 15 19 12 15  
12 24.

Верхняя подветвь образована серией идентичных гаплотипов:

12 24 14 10 11 13 12 13 14 28 17 15 19 12 15  
12 23,

общий предок которых жил всего несколько веков назад. Эта оценка основана на том, что в 17-маркерных гаплотипах мутации проходят в среднем раз в  $1/0,0365 = 27 \rightarrow 28$  условных поколений, или примерно раз в 700 лет, но в серии из 9 гаплотипов — примерно раз в столетие, с соответствующей погрешно-

стью. Поскольку между этими двумя базовыми гаплотипами подветвей есть 8 мутаций, что эквивалентно расстоянию между их предками, равному  $8/0,0365 = 219 \rightarrow 285$  условным поколениям, или примерно 7125 годам, то их общий предок жил примерно 4,2 тыс. лет назад. Это — времена, последующие за ямной культурой и переходом потомков через Кавказ на Ближний Восток. На самом деле эта датировка удревется с учетом средней подветви с датировкой общего предка примерно  $3100 \pm 700$  лет назад, но это только примерно, так как подветвь весьма неоднородная и в нее входит гаплотип с первым маркером  $DYS393 = 13$ . Возможно, он примесный от европейских субкладов, возможно, просто мутированный в этом маркере, но поскольку в цитированной статье типирование на сніпы/субклады не проводилось, решить эту дилемму непросто, да и незачем для целей настоящего исследования.

## Гаплогруппы J1 и J2

Сведения по этим двум гаплогруппам противоположны по выборкам по Северному Ираку и Проекту FTDNA. По первой выборке носителей гаплогруппы J2 вдвое больше, чем J1, по второй выборке — наоборот.

Судя по дереву гаплотипов ассирийцев из Проекта FTDNA, ветвь J1 является в значительной степени неоднородной и состоит из древней верхней подветви и относительно недавней нижней подветви. Верхняя подветвь имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 19 11 15 11 13 11 30 18 8 9 11 11  
26 14 20 26 13 15 16 17 11 10 20 22 15 14 18 18  
34 36 12 10

и датировку общего предка  $6215 \pm 973$  года назад (без округления). Нижняя подветвь имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 20 11 13 11 14 11 31 19 8 9 11 11  
27 14 21 28 15 15 16 16 10 10 20 22 15 13 18 18  
33 36 14 11,

с датировкой общего предка  $940 \pm 280$  лет назад. Между этими гаплотипами имеется 18 мутаций, что разводит их общих предков на  $18/0,09 = 200 \rightarrow 263$  условных поколения, или примерно 6575 лет. Их общий предок жил  $(6575 + 6215 + 940)/2 = 6900$  лет назад. Это довольно обычная датировка общих предков ближ-

невосточных носителей гаплогруппы J1, не считая евреев.

В Проекте приведен только один сніп из древней, верхней подветви, CTS11741 (гаплотип под номером 18). Соответствующая цепочка сніпов, которая ведет к нему, следующая:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > **Z2317 (= CTS11741)**.

Мы видим, что эта цепочка проходит через сніп P58, который образовался 79 сніп-мутаций, или примерно 11,4 тыс. лет назад, и последующая серия сніпов вплоть до CTS11741 образовалась между 8,4 тыс. и 4750 лет назад (от 58 до 33 сніп-мутаций). Типичные сніпы евреев гаплогруппы J1 образовались значительно позже, так что будущие ассирийцы разошлись с будущими евреями намного раньше.

В Проекте приведен также сніп гаплотипа из нижней подветви, это CTS1460 (гаплотип под номером 16), его цепочка сніпов следующая:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > **CTS1460**.

Этот сніп довольно обычен на Русской равнине и на Кавказе и встречается, например, у русских, украинцев, башкир, армян.

Ветвь гаплотипов гаплогруппы J1 современных ассирийцев в Северном Ираке (рис. 190) тоже состоит из двух подветвей, одна из которых представляет серию идентичных друг другу гаплотипов:

12 23 14 10 12 18 12 12 11 28 19 14 22 11 15  
10 22,

другая (верхняя) имеет базовый гаплотип:

12 23 14 10 12 18 11 12 11 29 18 14 20 11 15  
10 20,

с датировкой общего предка  $3824 \pm 869$  лет назад (без округления). Между ними — 7 мутаций, что разводит их общих предков на  $7/0,0365 = 192 \rightarrow 241$  условное поколение, или на 6025 лет, и общий предок этих двух гаплотипов жил  $(6025 + 3824)/2 = 4900$  лет назад. Все четыре базовых гаплотипа ассирийцев группы J1, рассмотренных в этом разделе, не относятся к «гаплотипу Авраама», описанному выше в этой книге, потому что «медленный» маркер  $DYS388$ , равный 16 в «гаплотипе Авраама», у ассирийцев равен 15, 18 или 20 в разных подветвях. Субклады/сніпы в цитируемой статье для гаплотипов ассирийцев

Северного Ирака не представлены, поэтому приходится ограничиться только гаплотипами.

Относительно гаплогруппы J2 можно отметить, что в Проекте FTDNA ее гаплотипы разбросаны по всему дереву, что отражает древность гаплогруппы у ассирийцев с отсутствием какой-либо выраженной ветви в выборке. В выборке ассирийцев Северного Ирака (рис. 190) ветвь гаплогруппы J2 является сложной, неоднородной, хотя и относительно многочисленной. Там можно отметить три подветви — одна малая в верхней части ветви, далее серия идентичных гаплотипов, что показывает их недавнее происхождение, и неоднородная подветвь в нижней части ветви. Приведем только гаплотип средней ветви:

12 22 14 10 13 16 12 13 11 29 15 15 21 11 16 9 21.

Поскольку в ней семь идентичных гаплотипов, ее общий предок жил всего несколько веков назад.

### Гаплогруппа Т

Этой гаплогруппе принадлежит левая нижняя ветвь на рис. 189 с базовым гаплотипом:

13 23 14 10 14 17 11 12 11 13 13 30 17 9 9 11 13 25 14 19 35 11 13 15 16 10 10 23 24 15 14 15 17 36 38 11 9,

и датировкой общего предка  $4520 \pm 590$  лет назад. Один из этих гаплотипов (под номером 60) в Проекте имеет снип Y7794, к которому ведет следующая цепочка снипов:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4990 > CTS6507 > **Y7794**.

Как описано выше, такой же снип был найден у армян, турок и евреев, что не должно удивлять, поскольку этот снип образовался 25 снип-мутаций, или примерно 3,6 тыс. лет, назад и вполне мог попасть к (будущим) евреям от армян, турок или ассирийцев. Гаплогруппа Т — типичная ближневосточная гаплогруппа.

На дереве ассирийцев Северного Ирака (рис. 190) ветвь гаплогруппы Т образует довольно сложную, неоднородную ветвь в верхней правой части дерева. Общий предок ветви жил  $2470 \pm 430$  лет назад, базовый гаплотип:

13 23 14 10 14 16 11 14 13 30 17 14 19 11 15 9 21.

Этот гаплотип отличается от 37-маркерного гаплотипа гаплогруппы Т только в двух маркерах из 16. Но датировка ассирийцев этой гаплогруппы в выборке из Северного Ирака намного более недавняя ( $2470 \pm 430$  против  $4520 \pm 590$  лет назад). Причины такой разницы неизвестны, это или разные территории, или разные выборки.

### Гаплогруппа R1a

Это — минорная по численности гаплогруппа у ассирийцев, 5 % или 10 % от всех по разным выборкам. В Проекте FTDNA есть всего три 37-маркерных гаплотипа этой гаплогруппы. Два из них типированы совершенно поверхностно, на уровне самой гаплогруппы R1a (гаплотипы под номерами 32 и 33 на рис. 189), и один гаплотип — субклада R1a-Z93-Z94-Y40 (гаплотип 34). Понятно, что осмысленный анализ здесь практически бесполезен, хотя можно предположить, что все три гаплотипа относятся к субкладу R1a-Z93, типичному для Ближнего Востока.

Относительно ассирийских гаплотипов Северного Ирака гаплотипы группы R1a находятся в ветви в левой нижней части дерева на рис. 190. Ветвь неоднородная, состоит из ряда малых подветвей, ее суммарный базовый гаплотип:

13 25 16 10 11 13 11 13 12 29 15 14 19 12 16 11 23,

с датировкой общего предка  $1360 \pm 375$  лет назад. Понятно, что эта недавняя ветвь гаплогруппы R1a у ассирийцев не является арийской, поскольку арии прошли по Ближнему Востоку (в частности, приняв участие в создании Митаннийского царства около 4 тыс. лет назад). Это определенно «примесная» ветвь у современных ассирийцев.

### Гаплогруппа G (G1 и G2a)

В выборке ассирийцев по Северному Ираку носители этой гаплогруппы не упомянуты, в выборке FTDNA их семь человек, гаплотипы которых образовали отдельную ветвь в верхней правой части дерева на рис. 189. Ветвь неоднородная, состоит из двух подветвей, верхняя относится к субкладу G2a, нижняя, из трех гаплотипов — к субкладу G1. Так, гаплотип под номером 7 в верхней подветви замыкает следующую цепочку снипов:

G-M201 > G2-P287 > **G2a-P15** > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > **M406**.

Гаплотип под номером 8 из той же подветви имеет, согласно данным Проекта, снип Р15, что есть субклад G2a.

Гаплотип под номером 5 в другой, малой ветви, замыкает следующую цепочку:

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124 > GG313 > GG167 > **GG162 (= GG184)**.

Все три определенных в Проекте снипа поверхностные, образовались соответственно 145 (G2a), 104 (M406) и 64 (GG162) снип-мутации, или 21 тыс., 15 тыс. и 9,2 тыс. лет, назад. Понятно, что с такими древними датировками провести историческое описание ветви трудно, да и выявлять базовый гаплотип и датировку ветви довольно бесполезно.

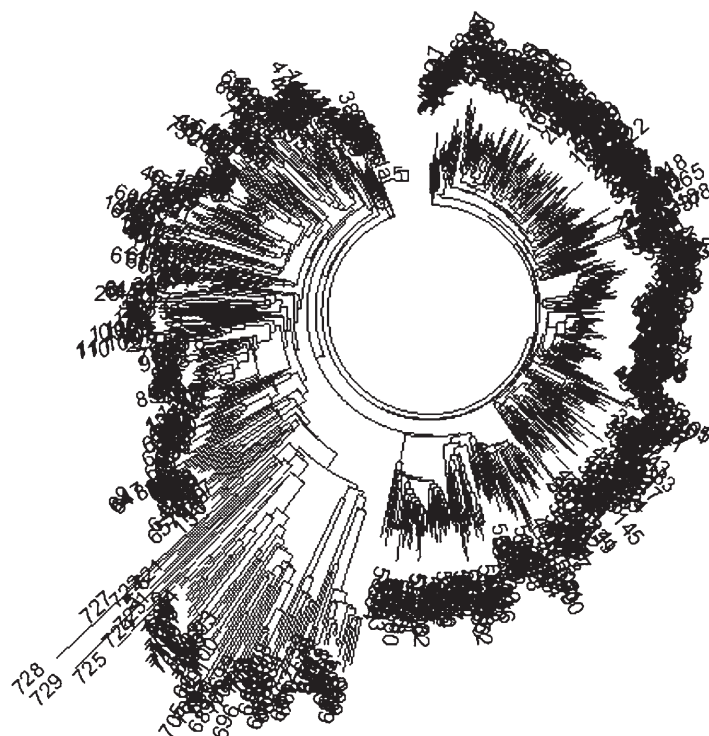
### Гаплогруппы I1, E1b, L, H, Q, R2a

Гаплотипы этих гаплогрупп находятся в выборках в единичных количествах или вообще отсутствуют, поэтому они рассматриваться не будут. Это явно «примесные» гаплогруппы у ассирийцев.

## 93. АРАБЫ

Согласно данным Всероссийской переписи населения, в РФ постоянно проживают примерно 9,6 тыс. арабов, которые не образуют мест компактного проживания.

На рис. 191 приведено дерево в 111-маркерном формате из 739 гаплотипов евреев и арабов. На дереве — три основные ветви. Самая древняя ветвь, из 74 гаплотипов, то есть 10 %, на дереве внизу слева. Это — почти исключительно арабы. Датировка ветви описана в книге «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (М.: Концептуал, 2018. С. 208–209) и составляет  $8469 \pm 858$  при расчете по 111-маркерным гаплотипам,  $8114 \pm 830$  лет при расчете по 67-маркерным гаплотипам,  $8274 \pm 854$  года при расчете по 37-маркерным гаплотипам (все три величины различаются всего на 4 %) и  $9818 \pm 1105$  лет при расчете по 111-маркерным гаплотипам, но квадратичным методом. В целом —  $8800 \pm 700$  лет назад, все датировки практически одинаковы в пределах погрешности расчетов, и некоторые вариации датировок объясняются несимметричностью ветви. Датировки здесь не округлены, и, строго говоря, представление данных в таком (неокругленном) виде математически некорректно, здесь это представлено сугубо для иллюстрации. Некорректно — потому, что при погрешности в сотни лет давать датировки с точностью до одного года просто бессмысленно. Ниже сделано предположение, откуда эта древняя ветвь могла появиться.



**Рис. 191.** Дерево из 739 гаплотипов гаплогруппы J1-M267 в 111-маркерном формате. Гаплотипы приведены в Проекте FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/J-M267/default.aspx?section=yresults>). Дерево состоит из трех основных ветвей, насчитывающих 74 гаплотипа (слева внизу, в основном арабы), 417 гаплотипов (в правой части дерева, в основном арабы) и 248 гаплотипов (в левой части дерева, евреи и арабы)



Ветвь из 417 гаплотипов справа — почти исключительно арабские гаплотипы, датировки общего предка —  $2479 \pm 250$ ,  $2509 \pm 254$ ,  $2480 \pm 252$  и  $2555 \pm 262$  года назад (по 111-, 67-, 37- и 25-маркерным гаплотипам). Квадратичный метод расчета по всем 111 маркерам дал  $2381 \pm 199$  лет назад, опять в пределах погрешности расчетов. В целом датировка общего предка этой арабской ветви равна  $2400 \pm 400$  лет назад.

Цель таких детальных расчетов в том, чтобы показать, что расчеты *воспроизводятся* по гаплотипам разного формата и по способам расчетов. Но еще и в том, чтобы сделать важные по значимости выводы и предположения об арабских ДНК-линиях и об их возможной истории.

Наконец, общий предок левой ветви из 248 гаплотипов, состоящей из гаплотипов арабов и евреев, все гаплотипы которых содержат особую 6-маркерную «подпись Авраама», которая в работах еврейских популяционных генетиков уже давно была названа «модальным гаплотипом коэнов» (в предковом виде 12 23 14 10 16 11), датируется примерно 4 тыс. лет назад, точнее  $4000 \pm 300$  лет назад. Датировки тоже согласуются по разным методам расчетов, и они все приведены в той же книге-учебнике «Практическая ДНК-генеалогия для всех», наряду с описанием особенностей гаплотипов левой ветви.

## Арабский мир

Обычно под арабским миром понимают совокупность 23 стран Ближнего Востока и Северной Африки (темным тоном на карте ниже), главным языком которых является арабский. В их число входят Мавритания и Западная Сахара, соседствующие с Алжиром и Марокко и, строго говоря, не находящиеся в Северной Африке, но гаплотипов по ним в базах данных найти не удалось, поэтому вопрос снялся сам собой. Да и население их составляет всего 0,07 % (Западная Сахара) и 0,9 % (Мавритания) от совокупного населения арабских стран. Еще одна арабская страна из упомянутых 23, которая расположена не на Ближнем Востоке и не в Северной Африке — это Джибути, страна в Восточной Африке, в районе Африканского рога. На нее падает 0,2 % от населения арабских стран, и тоже гаплотипов найти не удалось. Наконец, арабская страна Союз Коморских островов, она же Коморские острова, или Комо-

ры, с ее 0,2 % населения арабских стран, тоже находится в Восточной Африке, а именно в Индийском океане, между Мадагаскаром и Мозамбиком (точка в нижнем правом сегменте на карте, рис. 192). В базах данных гаплотипов оттуда нет, но их изучали в научных работах и опубликовали. Об этом мы еще поговорим ниже.

## Число гаплотипов арабов в открытых базах данных

То, что население страны составляет менее 1 % от населения арабских стран, вовсе не означает, что ее жители не тестируют свои ДНК и не направляют свои гаплотипы-субклады-гаплогруппы в базы данных (все свои гаплотипы в базы данных направляют исключительно сами тестируемые, никто другой не имеет юридического права это делать, то есть публиковать столь личную чужую информацию). Например, Кувейт с его 0,7 % населения от всех арабских стран, занимает второе место по количеству гаплотипов в базе данных Ближнего Востока (в целом 1892 гаплотипа, из них 327 кувейтских, 17 % от всех).

Первое место занимает Саудовская Аравия с ее 707 гаплотипами (37 % от всех, при количестве населения 8 % от всех). Второе место, как уже приводилось, Кувейт с его 327 гаплотипами, 17 % от всех. Третье место — Объединенные Арабские Эмираты с их 185 гаплотипами (10 % от всех, при количестве населения 15 % от всех), четвертое место — Египет с его 104 гаплотипами (6 % от всех, при количестве населения 23 % от всех). Ясно, что не все арабы интересуются своими ДНК пропорционально населению, здесь играют роль другие факторы. Основных фактора два — достигнутое материальное благосостояние и культура населения, в которой немалую роль играет интерес к своим предкам и происхождению.

Во всех 19 арабских странах, для которых в базе данных есть гаплотипы, их распределение по гаплогруппам примерно одинаковое в том отношении, что во всех доля гаплогруппы J (в субкладах J1 и J2, с преобладанием J1) составляет около или больше 50 %, гаплогруппы E — от 10 до 30 %, а остальные, относительно минорные по численности гаплогруппы, распределяются случайным образом, всего понемногу (табл. 93).



**Рис. 192.** Страны арабского мира. См. цветную вклейку.

**Таблица 91.** Представительство арабских стран в базе данных Ближнего Востока (<https://www.familytreedna.com/public/Middle-East?iframe=yresults>). Показано число от наиболее высокого численного представительства до низкого

Страна	Гаплотипы в базе данных	Страна	Гаплотипы в базе данных
Саудовская Аравия	707	Судан	33
Кувейт	327	Сирия	30
ОАЭ	185	Оман	28
Египет	104	Марокко	21
Йемен	92	Ливия	20
Катар	79	Ливан	19
Ирак	69	Алжир	14
Палестина	58	Тунис	8
Бахрейн	52	Сомали	3
Иордания	43		

**Таблица 92.** Состав арабских стран по гаплогруппам

Гаплогруппа	Состав по гаплогруппам, 1892 чел., %
J	52
J1	43
J2	9
E	15
R1a	12
T	8
G	4
L	3
R1b	3
A	0,8–1,0
B	0,8–1,0
R2	0,8–1,0
C, D, F, H, I1, I2, N, O, Q	0,5 и менее

**Таблица 93.** Состав нескольких арабских стран по гаплогруппам. Данные взяты из Проекта FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Middle-East?iframe=yresults>)

Гаплогруппа	Число гаплотипов в базе данных			
	Саудовская Аравия, 707 гаплотипов	Кувейт, 327 гаплотипов	ОАЭ, 185 гаплотипов	Египет, 104 гаплотипа
J1	352	110	59	52
E	92	57	13	5
T	61	35	16	6
R1a	55	25	44	1
J2	51	36	14	5
G	26	14	5	4
B	19	5	3	1
R1b	19	9	7	3
L	6	13	16	0
A	5	3	0	3
C	5	5	0	0
Q	3	2	1	0
R2	3	0	4	0
D	1	0	0	0
H	1	2	1	0
I	1	0	1	4
O	1	2	0	0

Для последующего анализа материала были выбраны только 67-маркерные гаплотипы, так что число гаплотипов сократилось с 1892 (среди которых были также 12-, 25- и 37-маркерные гаплотипы) до 1660 гаплотипов. Они создали основу для построения 67-маркерных деревьев гаплотипов, которые строились по гаплогруппам и по странам — в тех случаях, когда статистика это позволяла. Сначала рассмотрим наиболее представленные гаплогруппы и далее перейдем к минорным по численности гаплогруппам, если это представит некоторый интерес, как будет пояснено.

### Гаплогруппы J1 и J2

В гаплогруппу J2 входят гаплотипы практически всех арабских стран, хотя, как отмечалось выше, обычно в меньших количествах, чем гаплотипов группы J1, и довольно непропорционально. Так, основная доля J2 приходится на арабские страны Ближнего Востока. Из 124 гаплотипов этой группы в выборке треть (41 гаплотип) приходится на Саудовскую Аравию, четверть — на Кувейт (32 гаплотипа), 8 % на Катар (10 гаплотипов), по 6 % — на ОАЭ, Бахрейн и Ирак (по 7 гаплотипов), в остальных странах Ближнего Востока — только

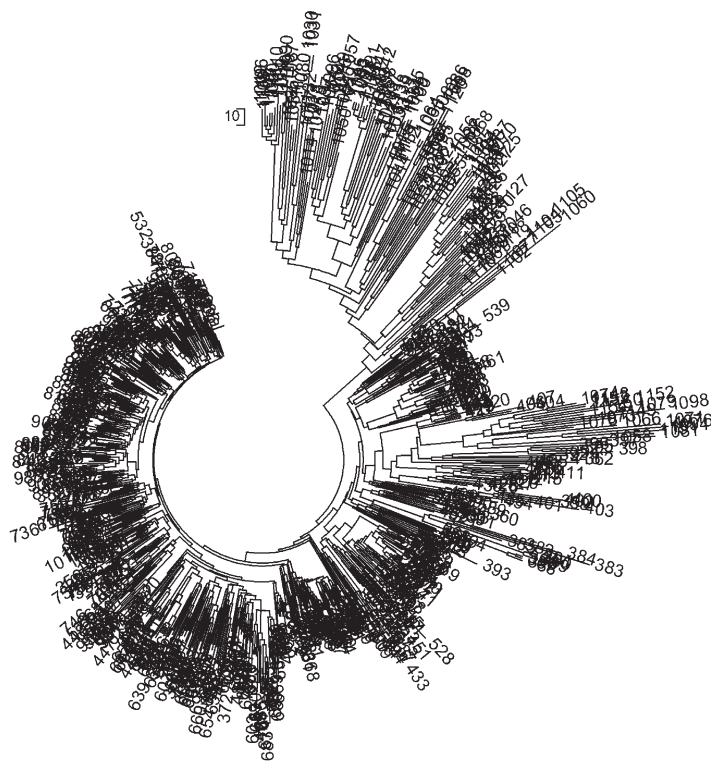
единичные гаплотипы из выборки. В африканских странах группа J2 практически не представлена — в Египте только 1 гаплотип из выборки, в Алжире, Тунисе, Марокко, Сомали и Судане их вообще нет.

Дерево гаплогрупп J1 и J2 (суммарно) приведено ниже.

Подпись к рис. 193 показывает, что на долю J1 в этой выборке гаплотипов арабских стран приходится 82 %, на долю J2 — остальные 18 %. Даже на глаз видно, что ветви гаплогруппы J2 более древние (ветвь более высокая), чем гаплогруппы J1, не считая одной ветви J1, самой древней (узкая ветвь на 4 часа, с гаплотипами под номерами 383 и 384). Посмотрим на датировки повнимательнее.

Итак, начнем с гаплогруппы J2, там ситуация проще. Все 124 гаплотипа первой ветви, в верхней правой части, в которую входят гаплотипы группы J2a, содержат суммарно 3879 мутаций от базового (предкового) гаплотипа всей ветви:

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 30 — 16 9 9 11  
11 25 15 20 30 12 14 15 16 — 10 10 19 22 15 14  
17 17 35 37 12 9 — 11 7 15 15 8 11 10 8 10 9 12  
17 18 14 10 12 12 15 8 12 23 21 13 12 11 13 11  
12 12 11.



**Рис. 193.** Дерево из 805 гаплотипов арабских стран в 67-маркерном формате, в верхней части и справа — гаплотипы группы J2 (142 гаплотипа), остальные — в виде более плотного, компактного и потому более темного образования, группы J1 (663 гаплотипа). Верхняя правая ветвь (124 гаплотипа) — группы J2a, выделяющаяся ветвь справа (18 гаплотипов, на 3 часа) — субклада J2b. Ветвь «модального гаплотипа кознов» (см. описание в тексте) из 107 гаплотипов находится справа внизу (на 4 часа), между гаплотипами под номерами 403 и 433, за вычетом вклинившейся ветви J1-Z2217 из 10 гаплотипов, также описанной в тексте

Это дает возраст ветви, то есть датировку общего предка всей этой большой ветви, которая рассчитывается так:  $3879/124/0,12 = 261 \rightarrow 338$  условных поколений (по 25 лет каждое), то есть  $8450 \pm 850$  лет назад. Здесь 0,12 — величина константы скорости мутаций для 67-маркерных гаплотипов, стрелка — поправка на возвратные мутации, которая рассчитывается по определенным формулам, приведенным в учебнике «Практическая ДНК-генеалогия» (М.: Концептуал, 2018), и комментируется выше в этой книге. Этот расчет приведен здесь для иллюстрации, поскольку значительно проще считать по калькулятору Килина — Клёсова, который автоматически вводит все поправки и константы скоростей мутаций, и весь расчет занимает секунду времени. Калькулятор дает датировку жизни общего предка  $8456 \pm 856$  лет (без округления), что то же самое, что при счете вручную.

Ветвь на дереве гаплотипов справа (из 18 гаплотипов) — группы J2b, ее датировка  $6600 \pm 730$  лет назад. Опять, никакого сосредоточения J2b в какой-либо стране нет, они разбросаны в Катаре, ОАЭ, Кувейте, Ираке, Йемене примерно поровну.

Возникает естественный вопрос: почему гаплогруппы J1 и J2, образовавшиеся 219 и 201 снип-мутацию назад соответственно, как определено коллективом YFull (это примерно 32 тыс. и 29 тыс. лет назад), показывают общих предков серий гаплотипов в обоих случаях намного более недавних? В случае J2, как мы видим, примерно 7 тыс. — 8 тыс. лет назад. В случае J1 основное количество гаплотипов наших современников происходят от общих предков еще позже, примерно 4 тыс. лет назад (см. ниже). Почему более древние общие предки пропали с ДНК-арены (если не считать ископаемых гаплотипов J2a в Турции с археологической датировкой 8215–8415 лет назад, что фактически совпадает с ДНК-датировкой  $8450 \pm 850$ , см. выше), остается загадкой. Или это результат естественного процесса отмирания древних ДНК-линий, или правы те, кто доказывает, что 6 тыс. — 8 тыс. лет назад в Месопотамии (возможно, и шире) имел место катаклизм, получивший название «всемирного потопа», который прекратил существование большинства ДНК-линий. Конечно, «всемирным» он мог быть в глазах немногих выживших, да и от-

куда им было знать про «всемирный», при тех средствах наблюдений и оценок, но со счетов последнюю гипотезу просто так сбрасывать нельзя.

Перейдем к гаплогруппе J1, там интересная история.

Для начала и для сравнения с распределением гаплогруппы J2 в странах арабского мира (см. выше) дадим сводку по гаплотипам группы J1. В выборке из 562 гаплотипов группы J1 из всех 19 арабских стран (у остальных гаплотипов страна не указана) не представлены только Сомали и Тунис. Основная доля J1, как и J2, приходится на арабские страны Ближнего Востока. Примерно половина гаплотипов J1 (284 гаплотипа) в выборке приходится на Саудовскую Аравию, 18 % — на Кувейт (102 гаплотипа), 8 % — на ОАЭ, 5 % — на Йемен, 4 % — на Катар, по 2 % — на Иорданию, Оман и Бахрейн, 1–2 % — на Ирак, Сирию и Палестину, в остальных странах Ближнего Востока и Африки (Алжир, Египет, Ливия, Ливан, Марокко, Судан) — только единичные гаплотипы из выборки.

Но по какой-то причине общий предок подавляющего большинства современных носителей гаплотипов группы J1 намного более недавний, чем гаплогруппы J2. Там, напомним, общий предок современных носителей гаплогруппы J2a жил  $8450 \pm 850$  лет назад, гаплогруппы J2b —  $6600 \pm 730$  лет назад. Если же перейдем к гаплогруппе J1 и рассмотрим все 663 гаплотипа, то в них содержится 11 099 мутаций от базового гаплотипа:

12 23 14 11 13 18 11 17 11 13 11 30 — 18 8 9 11  
11 26 14 20 25 12 14 16 17 — 10 10 22 22 14 14  
18 18 32 35 11 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12  
21 22 18 10 12 12 15 8 12 25 21 14 12 11 13 12  
12 12 11,

что дает  $11\,099/663/0,12 = 140 \rightarrow 159$  условных поколений (по 25 лет каждое), то есть  $3975 \pm 400$  лет назад. Калькулятор Килина — Клёсова дает  $3983 \pm 400$  лет назад (без округления), что практически то же самое.

Если мы сравним базовые (предковые) 67-маркерные гаплотипы гаплогрупп J1 и J2a, то между ними оказывается 49 мутаций, что очень много для гаплотипов такой протяженности, а именно 0,73 мутации в среднем на маркер, что разводит современные линии J1 и J2 на 16 тыс. лет. Это дает время жизни общего предка двух

гаплогрупп, равное примерно  $(16\,000 + 3983 + 8456)/2 = 14\,000$  лет. Это намного меньше, чем время образования гаплогруппы J, равное 286 снип-мутаций, или примерно 41 тыс. лет, назад (определено по снипам коллективом YFull), и мы уже знаем, почему меньше — две последние датировки (времена жизни общих предков современных носителей гаплогрупп J1 и J2) сильно занижены по сравнению с временем их реального образования, как обсуждалось выше. Если мы подставим для них датировки, определенные по снипам, то получим  $(14\,000 + 32\,000 + 29\,000)/2 = 37\,500 \pm 4000$  лет, что уже в пределах погрешности расчетов совпадает с независимо определенным временем образования гаплогруппы J ( $41\,000 \pm 4000$  лет).

Вопрос, почему общий предок носителей гаплогруппы J1 в арабских странах (а именно в этих странах имеется наибольшее количество этой гаплогруппы) жил столь недавно (по историческим меркам), всего 4 тыс. лет назад, является интригующим. Интригу добавляет и то, что тогда же жил общий предок евреев и арабов, которого Библия и Тора именуют Авраамом, Коран — Ибрахимом. Этот общий предок евреев и арабов гаплогруппы J1 жил те самые 4 тыс. лет назад, что показано надежно (см. Клёсов А. А. Практическая ДНК-генеалогия. М.: Концептуал, 2018. С. 269–270). Получается, что подавляющее большинство арабских линий гаплогруппы J1 пошло только со времени жизни библейского Авраама.

Это на первый взгляд представляется совершенно невероятным, но это разумно, если с пониманием отнестись к библейской истории, а именно к истории про происхождение арабов. Если изложенная выше библейская история основана на реальных событиях и гаплогруппой Авраама была J1, то можно ожидать, что арабские линии гаплогруппы J1 и должны исходить от общего предка арабов, который жил примерно 4 тыс. лет назад. Мы это и наблюдаем. Понятно, что арабскими ДНК-линиями гаплогруппа J1 не ограничивается, но в данном исследовании мы изучаем гаплотипы именно арабов. Если наша гипотеза верна, то все или подавляющее большинство гаплотипов J1 в данной арабской выборке должны иметь близкие друг другу субклады, то есть набор снипов, датировка которых должна быть близкой 4 тыс. лет назад или несколько ранее. Тогда



какой-то из снийпов данного узкого круга должен быть характерен для библейского Авраама и его сына Исаи́ла. Проверим это.

### Детали о снихпах гаплогруппы J1 арабского и еврейского мира

Так и оказалось. Почти все гаплотипы группы J1 из выборки арабского мира, для которых субклад (снийп) определяли, оказались в узкой, ограниченной серии снийпов, которую можно в сокращенном виде представить как J1-M267 > Z2215 > Z2217 > P58 > Z2317 > Z2313 > Z1884 (= L858), последний снийп образовался 28 снийп-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад (в среднем 4032 года назад, по расчетам группы YFull, используя статистику по снийпам, но такая точность, понятно, избыточна). Далее идет гроздь параллельных и параллельно-последовательных снийпов, которые все образовались между 4,4 тыс. и 3,5 тыс. лет назад, но расчеты проведены с большой погрешностью, как показано ниже.

Напоминаем, что цепочка снийпов выше действительно дана в крайне сокращенном виде, там на самом деле между снийпом P58 и Z2317 имеется еще ряд звеньев, и от каждого звена-снийпа в цепочке расходятся десятки снийпов, образуя свои цепочки. Но не у арабов. Поразительно то, что среди сотен гаплотипов гаплогруппы J1 арабского мира их нет. Собственно, потому они и не приведены в цепочке выше. Единственное исключение — в выборке есть 10 гаплотипов со снийпом Z2217, родительским по отношению к P58, с датировкой 115 снийп-мутаций, или примерно 16,6 тыс. лет, назад (образование снийпа P58 датируется 79 снийп-мутаций, или примерно 11,4 тыс. лет, назад), но это все далекие «доавраамовы» времена. Из них 3 гаплотипа занесены в выборку условно, поскольку они из Турции, Афганистана и Италии, но они группируются в одну ветвь с гаплотипами из Саудовской Аравии, Катара и Объединенных Арабских Эмиратов, и общий предок их всех жил  $6400 \pm 800$  лет назад. Поскольку этих гаплотипов мало, всего 10 из 663, то их снятие почти не влияет на датировку времени жизни общего предка оставшихся 653 гаплотипов, оно остается около 4 тыс. лет назад.

Приведем датировки образования снийпов в указанной цепочке, которая ведет ко всему

массиву гаплотипов группы J1 арабского мира. Это позволит лучше представить динамику образования снийпов в гаплогруппе J1, которые ведут из древнейших времен к «Аврааму», далее к «Исмаилу» и далее к подавляющему большинству арабских гаплотипов в выборке из 653 гаплотипов. Итак, снийп J1-M267 образовался (по данным расчетов коллектива YFull по снийпам) примерно 32 тыс. лет назад. Последующие за ним Z2215 и Z2217 образовались один за другим, примерно 18,1 тыс. и 16,6 тыс. лет назад соответственно (число снийп-мутаций до них от настоящего времени в среднем равно 126 и 115, по выборке из 100 носителей этих снийпов, потому и в среднем). Здесь надо опять пояснить, что число мутаций измеряется во фрагменте Y-хромосомы определенного и «калиброванного» размера, а именно 8,5 миллионов нуклеотидов, и пересчитывается в число лет, поскольку 1 мутация в среднем происходит в таком фрагменте раз в 144 года. Поэтому 126 мутаций накапливаются в таком фрагменте через 18,1 тыс. лет. Так же рассчитываются и все остальные приведенные здесь датировки по снийпам; это здесь поясняется, чтобы у читателя было представление, что датировки не взяты «с потолка», за ними — экспериментальные данные.

Снийп P58 образовался 11,4 тыс. лет назад (с тех пор в данном фрагменте Y-хромосомы накопились 79 снийпов). Серия снийпов между P58 и Z2317 образовались между 8400 и 4750 лет назад (от 58 до 33 снийпов), Z2313 и Z1884 — сразу же за Z2317 (30 и 28 снийпов «назад» соответственно), что дает для них 4,3 тыс. и 4 тыс. лет назад.

Это означает, что мы вышли на снийп «Авраама-Исмаила», то есть, если отвлечься от Библии, на снийп общего предка гаплогруппы J1 у арабов. Как гаплотипы, так и снийпы дают одну и ту же датировку — примерно 4 тыс. лет назад. Во-первых, вся разница — в пределах погрешности расчетов, а во-вторых, о таких «различиях» еще несколько лет назад можно было только мечтать. Здесь — два принципиально разных метода расчетов, и практическое совпадение результатов говорит о том, что оба метода в значительной степени отлажены, хотя погрешности пока не позволяют говорить о точном совпадении. Хотя точных совпадений в статистических расчетах и не бывает.

От снипа L1884 у арабов расходятся три линии — L829, Y2919 и Z640 (он же Z644), от Y2919 расходятся еще три линии — Y6094 > ZS1711, Y3441 и Y6096. Если снип J1-Z1884 (28 снип-мутаций, или 4 тыс. лет, назад) — это действительно снип библейского общего предка арабов, тогда все расходящиеся от него линии — это линии потомков «Исмаила», если для наглядности придерживаться библейских имен. Но эти имена не играют никакой роли в нашем рассмотрении, имена в ДНК не записаны. Посмотрим, когда образовались эти шесть снипов. Но тут возникает проблема — большинство их пока изучали всего у нескольких людей (для сравнения — датировку снипа Z1884 рассчитывали, усредняя данные для 100 носителей данного снипа). Например, число нижестоящих снипов от L829 (то есть до нашего времени) проверили только у четырех его носителей, получилось 29, 36, 33 и 35 снипов, что дало в среднем 33 снип-мутации, или примерно 4750 лет, до времени образования снипа L829. Но такого быть не может, поскольку его родительский снип L1884 образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет назад, и четыре измерения дистанции до снипа L829 явно дали завышенные датировки.

Другой пример — снип Y2919, тоже нисходящий от снипа L1884 (у последнего, родительского, в среднем 28 мутаций), но у Y2919 число снипов до настоящего времени варьируется от 25 до 55, это дает время его образования от 3,6 тыс. до 8 тыс. лет назад. Последняя датировка вообще несуразная и не согласуется ни с одним из рассматриваемых снипов. Но в среднем время его образования — 35 снип-мутаций, или примерно 5 тыс. лет, назад. Третий снип, дочерний от L1884 (28 снипов), показывает от 25 до 37 снипов в своей истории, что соответствует от 3,7 тыс. до 5,3 тыс. лет до его образования. Видно, что порядок времен разумный, но отчасти превышает «возраст родителя» из-за статистического разброса.

От снипа Y2919 (в среднем 35 снип-мутаций, или примерно 5 тыс. лет, со времени его образования), дочернего от L1884 (в среднем 28 снипов) отходят еще три линии — Y6094 (от 28 до 51 снипа), Y3441 (24 до 35 снипов) и Y6096 (от 30 до 50 снипов). Наконец, от Y6094 отходит нижестоящий снип ZS1711, который тоже опреде-

лили всего у четырех человек, что дало 27, 37, 19 и 29 снипов до настоящего времени, в среднем 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет. В целом ясно, что статистический разброс не позволяет проводить сколько-нибудь приемлемую датировку по снипам, но картина качественно (или полуколичественно) достаточно ясна.

Но это в немалой степени отвечает на вопрос, который постоянно обсуждается в литературе, главным образом сетевой, и муллируется дилетантами, а также популяристом О. Балановским: что более правильно — рассчитывать по гаплотипам или по снипам? О. Балановский, например, считает, что по снипам точнее (правда, никаких данных не приводит, что для него характерно). Но сама постановка вопроса, как мы видим, достаточно бессмысленна — снип-мутации дают время от образования «целевого» снипа, а мутации в гаплотипах — от времени жизни общего предка этих гаплотипов. Это, как правило, совершенно разные понятия. Далее, снипов может быть два-три, а гаплотипов в серии — десятки и сотни. Что «правильнее»? У снипов в таком случае статистика совершенно бедная, у гаплотипов может быть намного лучше. Поэтому нужно рассматривать и гаплотипы, и снипы и проводить конкретный анализ в конкретной ситуации.

Возвращаемся к нашему конкретному случаю. В итоге можно назвать конечный снип «Авраама-Исмаила» — это центральный, родительский снип J1-Z1884, он же J1-L858, который образовался примерно 4 тыс. лет назад. Характерно, что в выборку попал гаплотип еврея с Украины, который имеет тот же снип Z1884/L858. Этот же снип имеет также араб из Саудовской Аравии. Это — важный факт, который показывает, что этот снип действительно объединяет потомков «Авраама» среди арабов и евреев.

Последующие семь снипов, приведенные выше, образовались у потомков «Исмаила», поэтому они образуют последовательно-параллельные цепочки снипов, которые продолжаются, напрямую и разветвляясь, до настоящего времени. У евреев таких снипов, потомков «Исмаила», уже быть не должно, во всяком случае массово. Их и в самом деле нет. Рассмотрение базы данных гаплогруппы J1 с ее 4,3 тыс. гаплотипами показало, что снипы, начиная от L829, Y2919 и Z640 и более недавние, у евреев практически отсутствуют, хотя

единичные экземпляры попадают у современных жителей Италии, Турции, Азербайджана, Нидерландов и других стран. Это — линии «*князей, потомков Измаила*», согласно Библии, и наблюдаются в основном у арабов и их потомков в Европе, например, как результат мусульманских нашествий в I тыс. н. э. и в другие времена.

### «Модальный гаплотип коэнов» у арабов

Слова этого заголовка звучат забавно, потому что коэны в еврейской культуре — это потомки библейского Аарона, брата Моисея, которые формируют сословие высших священнослужителей. В древности коэны были жрецами в походном храме евреев, а затем в Иерусалимском храме. С утратой Храма, разрушенного в 70 г. н. э., священнические функции коэнов сократились, но статус коэнов передается по отцовской линии, то есть по линии Y-хромосомы.

В конце 1990-х гг. группа еврейских популяционных генетиков выступила в академической печати с сообщением об обнаружении ими «модального гаплотипа коэнов», по сути характерной «подписи» в Y-хромосоме коэнов, которая является комбинацией чисел (аллелей) у маркеров DYS 393, 390, 19, 391, 388, 392, а сама комбинация чисел соответственно такова: 12 23 14 10 16 11. Авторы сообщили, что по этой подписи можно идентифицировать коэнов.

Правда, в своей безграничной мудрости авторы не подумали, судя по их сообщению и аргументам, что если Авраам является общим предком евреев и арабов, то у многих арабов в гаплотипах тоже должна быть такая же «подпись», и если так, то идентификация коэнов по этой «подписи» становится лишней смыслом. Но скорее всего, дело не в банальной ошибке авторов-евреев, а в том, что арабы для них вроде как не существуют. Точнее, их вообще не стоит принимать во внимание. Однако в книге А. А. Клёсова «Кому мешает ДНК-генеалогия?» (М.: Книжный мир, 2016. С. 324–326) мы показали, что эту «подпись» действительно имеют как евреи, так и арабы гаплогруппы J1, и общий предок тех и других был один и жил он примерно 4 тыс. лет назад.

Посмотрим внимательнее на гаплотипы арабского мира, имеющие эту «подпись». Действительно, их оказалось много, а именно

73 гаплотипа среди 663 гаплотипов гаплогруппы J1 в арабской выборке, что составляет 11 % от всех арабов данной гаплогруппы в выборке. Эти 73 гаплотипа входят в отдельную ветвь из 107 гаплотипов на дереве 67-маркерных гаплотипов, представленном выше (см. подпись к рис. 193). Все 107 гаплотипов имеют 1747 мутаций от базового (предкового) 67-маркерного гаплотипа (маркеры «гаплотипа коэнов» выделены):

**12 23 14 10 13 18 11 16 11 13 11 30** — 18 8 9 11  
11 25 14 20 25 12 14 16 17 — 11 10 22 22 15 14  
18 18 32 36 12 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12  
21 22 18 10 12 12 16 8 12 25 21 14 12 11 14 12  
12 12 11,

что дает для датировки общего предка арабов с «гаплотипом коэнов» (этот термин по отношению к арабам имеет иронический подтекст)  $1747/107/0,12 = 136 \rightarrow 151$  условное поколение, или  $3775 \pm 400$  лет назад. Калькулятор Килина – Клёсова дает  $3783 \pm 398$  лет назад (без округления), что практически одно и то же. Следует отметить, что мы приводим в каждом подобном случае конкретные расчеты, чтобы показать, откуда эти датировки вытекают, для полной «прозрачности» данных. Для того же и дается проверка расчетов по калькулятору.

Здесь примечательно и важно то, что предковый гаплотип гаплогруппы J1 у арабов полностью совпадает с гаплотипом общего предка арабов и евреев этой гаплогруппы, который дан в 111-маркерном формате в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» (с. 325), с датировкой общего предка примерно 4 тыс. лет назад (между 3670 и 4144 годами назад для гаплотипов семи разных форматов, от 17-маркерных до 111-маркерных):

**12 23 14 10 13 18 11 16 11 13 11 30** — 18 8 9 11  
11 25 14 20 25 12 14 16 17 — 11 10 22 22 15 14  
18 18 32 36 12 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12  
21 22 18 10 12 12 16 8 12 25 21 14 12 11 14 12 12  
12 11 — 34 15 8 15 12 25 27 20 13 12 12 11 12 9  
11 11 10 11 11 29 11 13 22 15 11 10 20 15 20 10  
23 15 11 15 24 12 21 18 9 15 17 9 11 11.

Это показывает правильное отнесение ветви на дереве гаплотипов выше, а также правильность расчетов и правильность концепции. Как следует из изложенного здесь материала, существование общего предка арабов и евреев гаплогруппы J1 подтверждено как анализом гаплотипов, так и анали-

зом снипов с идентификацией его конкретного снипа и конкретного протяженного гаплотипа. Этот гаплотип, конечно, не «гаплотип коэнов», а скорее «гаплотип Авраама» (или «гаплотип Ибрахима»), если придерживаться наименований в Библии, Торе и Коране. Потомки этого общего предка сейчас живут по всему арабскому миру, с численным преобладанием в Саудовской Аравии, Кувейте, ОАЭ, Катаре, Бахрейне, Йемене, Палестине, Иордании, но встречаются также в Италии, Франции, Турции, Эритрее, Иране, на Украине.

Надо заметить, что Библия, конечно, не является научным источником, но некоторые ее положения, как ясно из данного изложения, подтверждаются научными данными. Иначе говоря, Библия не является пустым вымыслом, как объявляют некоторые (как правило, ангажированные) глашатаи, выдавая себя за ученых, а включает определенные древние события, которые имели место в действительности.

## Гаплогруппа Е

В отличие от гаплогруппы J2, которая практически не представлена в арабских странах Африки, как описано выше, гаплогруппа Е представлена практически во всех странах арабского мира, включая африканские. Приведем свою же цитату (см. выше): «В африканских странах группа J2 практически не представлена — в Египте только один гаплотип из выборки, в Алжире, Тунисе, Марокко, Сомали и Судане их вообще нет». По распространению гаплогруппы Е (в выборке из 293 гаплотипов) Египет находится на третьем месте с его 25 гаплотипами (9 % от выборки), там же представлены Марокко (с 11 гаплотипами), Судан (с 10 гаплотипами), Алжир, Тунис, Сомали, Ливия. Много носителей гаплогруппы Е есть и на Ближнем Востоке, и в странах Персидского залива — в Саудовской Аравии в той же выборке есть 92 гаплотипа (треть от всей выборки), в Кувейте 59 гаплотипов (20 % от выборки), далее Йемен — 20 гаплотипов (7 % от выборки), ОАЭ — 13 гаплотипов, Палестина — 12 гаплотипов, Ирак — 10 гаплотипов, Бахрейн — 8 гаплотипов, Иордания — 7 гаплотипов, Катар — 6 гаплотипов, и список замыкают Ливан, Оман и Сирия с их тремя, двумя и двумя гаплотипами. Для объективного сравнения надо, конечно, учитывать численность населения в этих странах

и активность населения в тестировании на гаплотипы-гаплогруппы, что в свою очередь существенно зависит от экономического уровня населения в этих странах.

Последующий анализ мы также проводили с 67-маркерными гаплотипами, которых в выборке по данной гаплогруппе было 224. Дерево гаплотипов приведено на рис. 194.

Здесь показаны пять основных субкладов гаплогруппы Е в арабском мире, на ветви которых расходится дерево. Все они древние, и все расходятся от исходного субклада Е-М96 (образовался  $65\,000 \pm 3000$  лет назад по данным группы YFull). Надо напомнить, что все неафриканские ДНК-линии наших современников на планете сходятся к общему предку (гаплогруппы ВТ), который жил  $64\,000 \pm 6000$  лет назад, то есть гаплогруппа Е — одна из древнейших, что неудивительно, принимая во внимание динамику образования первых неафриканских (по нынешнему месту жительства) гаплогрупп: ВТ > СТ > DE > Е.

Показанные на дереве выше основные ветви произошли от исходного субклада Е-М96 следующим образом:

Е-М96 > P147 > P177 > V38 > **М2**,

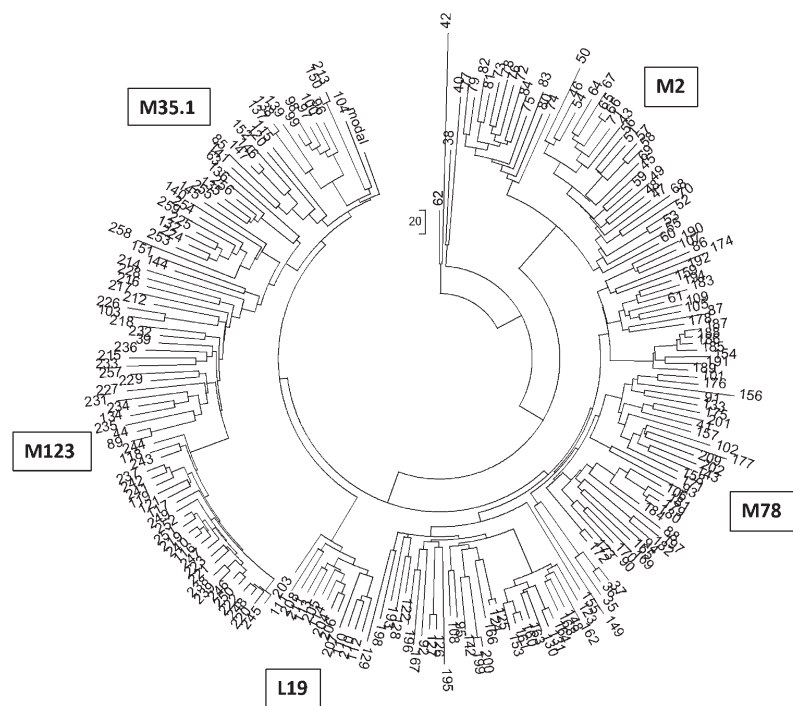
Е-М96 > P147 > P177 > M215 > **М35** > L539 > **М78**,

Е-М96 > P147 > P177 > M215 > **М35** > Z827 > **L19**,

Е-М96 > P147 > P177 > M215 > **М35** > Z830 > PF1962 > **М123**.

Мы видим, что субклад Е-М35 играет в ДНК-генеалогии арабского мира узловую роль, от него расходятся основные арабские ветви, и его носители, с нижестоящими ветвями-субкладами, насчитывают не менее 80 % арабского мира. Исключение — субклад М2, который проходит в своем завершающем пути параллельно субкладу М35. Эти ветви все очень древние — субклад М2 образовался 40 тыс. лет назад, М35 — 34,8 тыс. лет назад, М78 — 19,8 тыс. лет назад, М123 — 18,9 тыс. лет назад. Понятно, что с тех пор в соответствующих Y-хромосомах потомков образовались гроздь снип-мутаций, в среднем 1 мутация на поколение во всей Y-хромосоме, или 1 мутация в 144 года, если за основу брать «референсный» фрагмент Y-хромосомы размером в 8,5 миллиона нуклеотидов, по которому обычно ведутся расчеты по снип-мутациям.





**Рис. 194.** Дерево из 224 гаплотипов арабов гаплогруппы Е в 67-маркерном формате. Показаны ветви принципиальных субкладов гаплогруппы, которые наблюдаются в арабских странах

Например, у современного носителя гаплогруппы Е из Бахрейна, который относится к ветви М123 (его гаплотип — в левой части дерева, на 3 часа), определили снип S9747, который образовался 5,6 тыс. лет назад. К нему от М123 ведет длинная цепочка промежуточных снипов:

М123 > М34 > М84 > Y5441 > Y5427 > PF6751 > PF6748 > Y6720 > S9747.

И так — по каждому гаплотипу на приведенном дереве гаплотипов. Поэтому показанные индексы на дереве характеризуют как бы полки, и под каждым есть индексы батальона, роты, взвода, отделения, и только потом — сам индивидуальный гаплотип. Причем все эти подразделения основательно потрепаны в ходе их выживания и имеют сильно различающуюся численность, некоторые (скорее, многие) вообще исчезли, поэтому размер ветвей на дереве очень различается, как различается и структура каждой ветви, ветви неоднородны, гетерогенны, как состав и численность воинских подразделений после крупного сражения. А здесь «сражения» шли почти непрерывно на протяжении тысячелетий и десятков тысяч лет. Поэтому когда в ДНК-генеалогии расчетным путем определяют, когда жил общий предок любого подразделения, то эта неоднородность

выживших ветвей, конечно, влияет на расчеты, отсюда и их значительные погрешности. Но мало кто из специалистов в ДНК-генеалогии ставит задачей точные расчеты, особенно в отношении древнейших ветвей, там важны концептуальные выводы, которых так часто не хватает в исторических науках или они там серьезно искажены.

### Когда жил общий предок гаплогруппы Е в арабском мире

Если ставить задачей определение возраста, когда жил общий предок гаплогруппы Е арабского мира, то здесь необходимо принять во внимание несколько важных факторов. Первое — то, что этот общий предок жил десятки тысяч лет назад, поскольку гаплогруппа Е образовалась более 60 тыс. лет назад. Но мы не можем сказать, что общий предок современных арабов — а именно их гаплотипы и снипы мы рассматриваем — не жил позже и имел субклад, например, Е-Р177, который образовался около 50 тыс. лет назад. А более древние общие предки гаплогруппы Е, возможно, относятся к неким бедуинам, которые в данную выборку не вошли по причине того, что не сдавали свои ДНК на анализ. Более того, прямые



потомки самых древних общих предков могли вымереть многие тысячелетия или даже десятки тысяч лет назад, и их потомки тоже не попали в данную выборку, а попали потомки более недавних субкладов, что, в общем, мы и видим на дереве гаплотипов выше. Поэтому при расчетах надо всегда понимать, **что** мы, собственно, рассчитываем и какие выводы собираемся из этих расчетов делать.

Первая же попытка рассчитать возраст общего предка всего дерева из 224 гаплотипов в 67-маркерном формате наткнулась на проблему, известную в ДНК-генеалогии, — эти гаплотипы имеют слишком много мутаций. Когда мутаций относительно мало, например, когда общий предок жил до 4 тыс. — 5 тыс. лет назад, тогда введение поправки на возвратные мутации не представляет сложности и расчеты достаточно надежны. Когда мы определяли возраст общего предка гаплогруппы J1 в странах арабского мира и имели выборку из 663 гаплотипов в 67-маркерном формате, то наблюдали в них суммарно 11 099 мутаций (от базового гаплотипа), то есть  $11\,099/663/67 = 0,25$  мутации в среднем на маркер. Это — вполне приемлемое количество мутаций для корректных расчетов, и дало время жизни общего предка примерно 4 тыс. лет назад. Когда мы определяли возраст общего предка для арабских носителей «гаплотипа коэнов» группы J1 и имели выборку из 107 гаплотипов, то наблюдали в них суммарно 1747 мутаций, то есть  $1747/107/67 = 0,24$  мутации в среднем на маркер. Даже без перевода в абсолютное количество лет ясно, что общий предок гаплогруппы J1 и «гаплотипа коэнов» в арабском мире жили в одно и то же время, и это основывалось на вполне приемлемом количестве мутаций на маркер. Когда мы занялись расчетами общего предка носителей J2a в арабском мире, у нас было 124 гаплотипа, и в них — 3879 мутаций, то есть число мутаций на маркер было уже 0,47. Это угрожающе близко к «красной черте», когда гаплотипы уже мутациями «захлебываются», возвратные мутации начинают бегать туда-сюда, накладываясь друг на друга по нескольку раз, и мы их не учитываем в полной мере. Датировка времени жизни общего предка оказывается заниженной.

«Красная черта», судя по опыту расчетов, начинается при числе мутаций в среднем 0,50—

0,55 мутаций на маркер. Тогда надо переходить от линейных способов расчета на квадратичные или на более «медленные» маркеры, для чего была разработана панель из 22 маркеров с самыми низкими константами скоростей мутаций. В таком случае число мутаций резко снижается, как мутаций «прямых», так и «обратных», и датировки возвращаются туда, где они более корректны. Например, для 107 гаплотипов «арабских коэнов» датировка по 67-маркерным гаплотипам составила, как указывалось выше,  $3783 \pm 398$  лет назад (без округления), квадратичный расчет по тем же 67-маркерным гаплотипам дал  $3818 \pm 451$  год назад, и квадратичный метод по 22-маркерным гаплотипам дал  $4008 \pm 1017$  лет назад. Как видно, все три метода расчетов дали согласующиеся результаты. Это и есть основной критерий того, что до «красной черты» еще далеко.

Так вот, все 224 гаплотипа гаплогруппы E арабского дерева гаплотипов имеют 8733 мутации от базового гаплотипа:

13 23 14 10 16 17 11 12 12 13 11 30 — 16 9 9 11  
11 25 14 20 31 14 15 16 17 — 10 11 19 22 16 13  
17 19 33 36 12 10 — 10 8 15 15 8 11 10 8 11 10  
12/0 21 23 18 11 12 12 16 7 12 24 19 13 13 12  
14 10 11 11 11,

что дает в среднем  $8733/224/67 = 0,58$  мутации на маркер, и считать датировку линейным методом по 67-маркерным гаплотипам некорректно, то есть нельзя. Расчеты квадратичным методом по всем 67-маркерным гаплотипам дали  $20\,000 \pm 2700$  лет до общего предка, линейным методом по «медленным» 22-маркерным гаплотипам дали  $24\,000 \pm 2500$  лет, квадратичным методом по 22-маркерным гаплотипам —  $34\,000 \pm 6900$  лет до общего предка. Такой разброс обусловлен несимметричностью дерева гаплотипов по указанным выше причинам, но суть ясна — общий предок современных арабов гаплогруппы E жил в интервале примерно 20 тыс. — 40 тыс. лет назад, на что, собственно, и указывают датировки ветвей-субкладов, определенные по снипам, от 18,9 тыс. лет назад (субклад M123) до 40 тыс. лет назад (субклад M2), как сообщалось выше. Если кому-то такая погрешность покажется слишком большой, то его можно спросить, а какая бы погрешность его устроила и, собственно, какой вопрос задавался и для чего ему нужна там высокая точность? Что она изменит? Может, он и время

«большого взрыва» при образовании Вселенной хочет узнать с точностью  $\pm 50$  лет?

Еще пример расчетов по арабским гаплотипам гаплогруппы E. Как показано на дереве гаплотипов, приведенном выше (рис. 194), в верхней правой части дерева имеется ветвь субклада E-M2, который образовался 40 тыс. лет назад и который находится в конце древней цепочки снипов, идущих напрямую от исходной гаплогруппы E. В этом субкладе M2 находится 39 гаплотипов из выборки в 224 гаплотипа, то есть 17 % от всех. Примечательно, что в этом субкладе все аллели (то есть числа при маркере) маркера DYS425 имеют величину, отличную от нуля и равную 12. Дело в том, что этот маркер — один из самых медленных в отношении мутаций, он мутирует раз в 24 тыс. поколений в каждой ДНК-линии, то есть раз в 600 тыс. лет. Иначе говоря, в ветви из 41 гаплотипа 1 мутация в этом маркере проскочит в среднем раз в 15 тыс. лет. Она, как будет пояснено ниже, так и не проскочила в этой ветви M2, и потому все аллели DYS425 имеют там величину 12. Все другие маркеры ветви содержат 1006 мутаций от базового (предкового) гаплотипа:

14 21 15 10 16 18 11 12 12 13 11 30 — 16 8 10  
11 11 26 14 21 29 13 16 16 17 — 10 11 19 20 15  
13 16 19 33 35 11 11 — 10 8 16 16 8 10 10 8 10  
10 12 20 22 18 11 12 13 15 7 12 26 22 14 12 12  
13 9 11 11 12.

Таким образом, в этой ветви число мутаций составляет  $1006/39/67 = 0,38$  мутации на гаплотип, что еще довольно далеко от «красной линии». Расчет дает  $1006/39/0,12 = 215 \rightarrow 265$  условных поколений, или  $6625 \pm 700$  лет, до общего предка современных носителей субклада E-M2 в арабском мире. Калькулятор Килина – Клёсова дает  $6636 \pm 696$  лет, что практически то же самое. Квадратичный метод по 67-маркерным гаплотипам дает  $7400 \pm 750$  лет, квадратичный метод по «медленным» 22-маркерным гаплотипам дает  $6300 \pm 1500$  лет до общего предка, и линейный метод по тем же 22-маркерным гаплотипам дает  $8300 \pm 1300$  лет до общего предка. Все эти датировки находятся в пределах погрешности расчетов, так что, действительно, до «красной черты» с этим субкладом M2 мы не дошли.

Аллель DYS425 равна 12 еще для четырех самых архаичных гаплотипов в выборке (под номерами 38, 40, 42 и 62, из ОАЭ и Саудовской

Аравии, происхождение гаплотипа 42 неизвестно), у всего остального 181 гаплотипа из выборки DYD425 равна 0. Это — субклад DYS35.1 и нижестоящие субклады (M78, L19, M123), как пояснено выше. Выше M35 находится ближайший субклад M215 (образовался 42,3 тыс. лет назад), но у 2 гаплотипов в выборке (оба из Саудовской Аравии) маркер M425 = 12. Таким образом, метка E-M35.1 с DYS425 = 0 начинается у M35.1 со времени его образования и проходит по его генеалогии все последующие 34,8 тыс. лет. Весь 181 гаплотип с этой меткой имеет общего предка, жившего примерно 14 тыс. — 19 тыс. лет назад (рассчитано по квадратичному методу по 67-маркерным и квадратичному и линейному методу по 22-маркерным гаплотипам).

Вывод — практически все гаплотипы гаплогруппы E арабского мира происходят от общего предка, который жил примерно 65 тыс. лет назад, и около 50 тыс. лет назад линии расходятся на два потока, в одном (проходящем через E-M2) маркер DYS425 = 12, и в другом, проходящем через E-M35.1, маркер DYS425 = 0. Этот последний поток проходит через снипы L19, M35.1 и M123 и разветвляется на множество менее многочисленных снипов, разошедшихся по всем странам арабского мира. Тесты на субклады и гаплотипы Y-хромосомы легко выявляют, к какой ДНК-линии принадлежит любой мужчина.

### Гаплогруппа R1a

На первый взгляд количество носителей гаплогруппы R1a в арабских странах неожиданно большое, 12 % от выборки из 1892 гаплотипов. Понятно, когда на первых местах находятся типичные ближневосточные группы — J1, J2, E, но здесь гаплогруппа пришлая, и, получается, она настолько значительно закрепилась у арабов. Более того, число носителей R1a в арабских странах превышает таковое для J2 (9 % от всех) и приближается к числу «исконных» носителей гаплогруппы E (15 %). Но мы уже знаем историю гаплогруппы R1a на Ближнем Востоке и знаем, что примерно 4 тыс. лет назад туда пришли южные арии с Русской равнины, имевшие в подавляющем количестве (или полностью) гаплогруппу R1a-Z93, и они оставили след в истории под именем митаннийских ариев, или ариев царства Митанни (дати-

руется историками XVII–XIII вв. до н. э., то есть примерно 3,7 тыс. — 3,3 тыс. лет назад).

Историки относят ближневосточных ариев только к «династии», или «правлящей прослойке» Митанни, которая правила местными хурритами и семитами, и выводят эту династию из Северо-Западного Ирана, основываясь на том, что этот регион древнегреческие историки и географы называли Матианой или Матиеной. Но здесь, на наш взгляд, имеет место пример «ложных друзей переводчика», когда на слабой этимологии основываются серьезные выводы. На самом деле таким вариантом никак не объяснить два факта — что «правлящая прослойка» оставила третью по численности популяцию потомков в арабском мире и что гаплотипы носителей гаплогруппы R1a среди арабов близки к гаплотипам современных этнических русских гаплогруппы R1a и помещают их (арабов и русских) общих предков примерно на 5 тыс. лет назад, с вхождением гаплогруппы R1a в арабскую среду общими предками у арабов примерно 4,3 тыс. лет назад. Об этом подробнее изложено ниже, с приведением гаплотипов. Иначе говоря, просто «правлящей прослойкой» здесь не обойтись, и в любом случае тогда эта «прослойка» прибыла в виде потомков ариев с Русской равнины и необычайно эффективно размножилась. Есть и еще одно объяснение, совместимое с первым, — что значительную роль в увеличении численности носителей гаплогруппы R1a среди арабов сыграли древние хетты, которые жили в те времена в Малой Азии по соседству с Сирией, и что хетты имели преимущественно гаплогруппу R1a. То, что хетты по свидетельствам лингвистов говорили на индоевропейских языках, как и митаннийские арии, только усиливает эту гипотезу.

Гаплогруппа R1a в выборке из 1892 человек представлена в большинстве стран арабского мира, кроме Иордании, Судана, Марокко и Ливии. Первые места по представительству гаплогруппы R1a занимают, как и с рядом других гаплогрупп, Саудовская Аравия, ОАЭ и Кувейт. 57 человек, то есть 3 %, в арабской базе данных имеют запись «происхождение неизвестно». Это, возможно, по причине, что арабы еще недавно скрывали свою гаплогруппу R1a как нечто непонятное и, возможно, дискредитирующее в мусульманском мире. Правда, когда выясни-

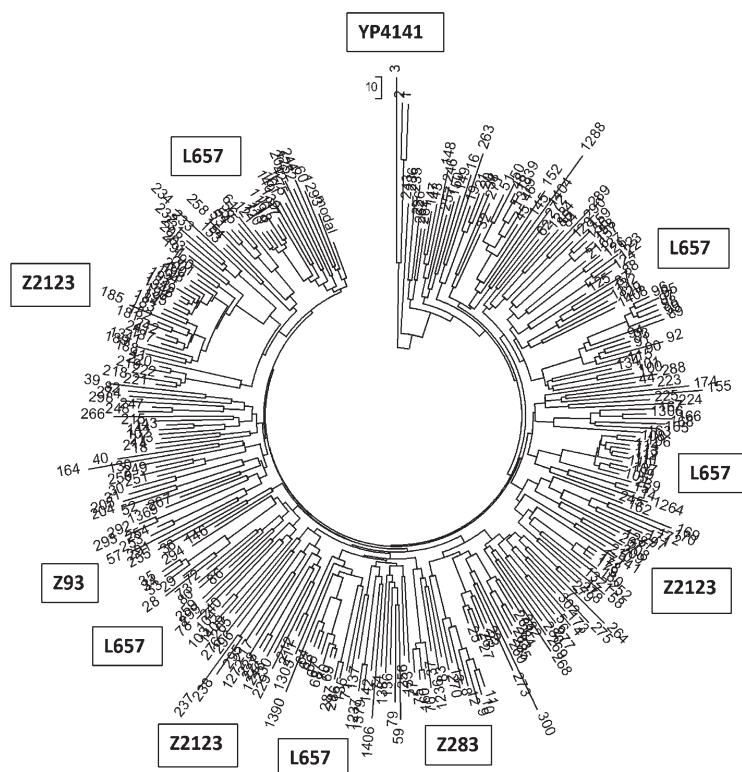
лось, что многие члены влиятельных арабских кланов (включая клан Курейш, из которого, согласно Корану, вышел пророк Мухаммад) имеют гаплогруппу R1a, ситуация стала меняться в лучшую сторону по отношению к этой гаплогруппе.

Среди остальных арабских стран Катар, Йемен, Бахрейн, Оман и Ирак имеют в базе данных от 4 до 14 человек с гаплогруппой R1a, у остальных стран — Египет, Ливан, Сирия, Палестина, Алжир, Тунис — представлены только единичные гаплотипы. Повторим, однако, что для объективного сравнения надо учитывать численность населения в этих странах и активность населения в тестировании на гаплотипы-гаплогруппы, что в свою очередь существенно зависит от экономического уровня в этих странах.

Последующий анализ мы также проводили с 67-маркерными гаплотипами, которых в выборке по данной гаплогруппе было 195 из 1660, или опять 12 %. К ним было добавлено еще 120 (других) гаплотипов арабских стран из базы данных IRAKAZ, и дерево гаплотипов приведено ниже.

На дереве гаплотипов на рис. 195 показаны ветви принципиальных субкладов гаплогруппы R1a в арабском мире. Мы видим, что одни и те же субклады относятся к разным ветвям. Это имеет большой и важный смысл и означает, что либо предки этих ветвей (относящиеся к одному и тому же субкладу) появлялись в арабском мире независимо друг от друга, и ветви тоже развивались независимо, либо общий предок всего субклада жил в арабском мире давно, и его потомки разошлись по ветвям, утратившим генетическую связь друг с другом (например, при вымирании древних носителей данных субкладов).

Например, обращает на себя внимание относительно недавняя ветвь на 10 часов субклада Z2123. Это ветвь двойная, в одной подветви 24 гаплотипа, в соседней с ней — 4 гаплотипа, обе расходятся от одного общего предка. Общий предок первой ветви жил  $1035 \pm 140$  лет назад, то есть в конце I тыс. н. э., в составе ветви гаплотипы из Кувейта, Саудовской Аравии, Катара, Бахрейна, ОАЭ, второй ветви —  $1600 \pm 330$  лет назад, в середине I тыс. н. э., в составе ветви гаплотипы из Саудовской Аравии и Йемена. Ветви далеко отстоят друг от друга, между их предковыми гаплотипами 24 мутации, что разводит эти ветви на



**Рис. 195.** Дерево из 315 гаплотипов арабов гаплогруппы R1a в 67-маркерном формате. Показаны ветви принципиальных субкладов гаплогруппы, которые наблюдаются в арабских странах. Одинаковые индексы означают, что серии гаплотипов этих субкладов разделяются на отдельные ветви, каждая со своим общим предком

$24/0,12 = 200 \rightarrow 243$  условных поколения, то есть на 6075 лет, и общий предок обеих ветвей жил  $(6075 + 1035 + 1600)/2 = 4355 \pm 500$  лет назад. Это совпадает в пределах погрешности с датировкой субклада Z2123, равной  $4100 \pm 400$  лет назад (<https://www.yfull.com/tree/R1a/>). Получается, что субклад R1a-Z2123, который образовался примерно 4,1 тыс. лет назад на Русской равнине (он найден в срубной археологической культуре в Самарской области с датировкой  $3740 \pm 125$  лет назад и в синташтинской культуре на Южном Урале с датировкой  $4030 \pm 115$  лет назад), прибыл в арабский мир уже в I тыс. н. э. Это, конечно, одно из объяснений, другой вариант — что его носители прибыли на Ближний Восток из Индии. Эта дилемма пока не разрешена. Дерево гаплотипов выше показывает, что носители субкладов Z2123, а также L657, которых множество в современной Индии, образуют в арабских странах серию ветвей, не связанных напрямую друг с другом. Это может указывать на прибытие носителей этих гаплотипов из Индии разными группами и даже отдельными людьми, носителями этих гаплотипов.

В самом верш дерева есть узкая ветвь из трех гаплотипов, под номерами 1, 2 и 3. Это — реликтовый субклад R1a-Y4141, который образовался  $18\,200 \pm 2000$  лет назад (<https://www.yfull.com/tree/R1a/>) и встречается в основном на Британских островах, в Германии, Турции и в арабских странах, но редко, поскольку из более 6 тыс. гаплотипов в базе данных IRAKAZ они представлены только в 33 случаях (0,5 %), из них три — в арабских странах (два в Катаре и один в Йемене). Пока неясно, это арабы принесли их в Европу или, наоборот, это в Европе древние ближневосточные гаплотипы.

Есть в арабском мире и ветвь сипа R1a-Z283, это довольно древний субклад, образовался примерно 5 тыс. лет назад, представляет одну из старых арийских ветвей, предшествующих двум основным арийским субкладам — Z280 и Z93, которые образовались немедленно вслед за Z283. В арабских странах они встречаются в Сирии, Ливане, ОАЭ, Кувейте и Саудовской Аравии. Они могли попасть в арабские страны вместе с хеттами и/или митаннийскими ариями с Русской равнины.



### Сопоставление предковых гаплотипов гаплогруппы R1a у арабов и этнических русских

Гаплогруппа R1a у арабов имеет важное историческое значение. Дело в том, что арии, которые отправились на юг с Русской равнины, пройдя Месопотамию, достигли Аравийского полуострова и оставили там гаплогруппу R1a. Таким образом, гаплотипы R1a у арабов определяют границы ареала походов древних ариев. Времена этих походов в Сирию, Аравию и вообще на Ближний Восток — примерно 4 тыс. лет назад. Гаплотипы — типичные арийские, с Русской равнины, те же, что у индийских и иранских потомков ариев, как было показано в наших статьях и книгах. Действительно, давайте сравним предковые гаплотипы с Русской равнины (4,9 тыс. лет назад) и гаплотипы арабского мира, гаплогруппы R1a в обоих случаях. Ниже — базовый (предковый) гаплотип этнических русских гаплогруппы R1a-Z280 (книга «Кому мешает ДНК-генеалогия», М.: Книжный мир, 2016. С. 335):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10  
11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16  
16 18 19 35 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11  
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11  
13 11 11 12 13.

А это — базовый гаплотип 312 гаплотипов на дереве выше. Там приведены 315 гаплотипов, но три из них очень древние, реликтовые (под номерами 1–3), они выбиваются из всего дерева и при расчетах были сняты.

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10  
11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16  
16 18 19 35 **39 13** 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11  
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11  
13 11 11 12 13.

Мы видим, что предковые гаплотипы современных русских и арабов почти идентичные, между ними всего 2 мутации (выделены). Это дает  $2/0,12 = 17$  условных поколений между ними, или 425 лет. Здесь даже поправку на возвратные мутации не нужно вводить, разницы почти нет. Все 312 гаплотипов имеют 5643 мутации, что дает  $5643/312/0,12 = 151 \rightarrow 174$  условных поколения, или  $4350 \pm 450$  лет, до общего предка арабских гаплотипов R1a. У этнических русских — примерно 4,9 тыс. лет. Их общий предок жил при-

мерно 5 тыс. лет назад, что и является временем образования субкладов R1a-Z280 (у этнических русских) и R1a-Z93 (у арабов). Вот это и является наиболее сильным подтверждением, что арабы и русские гаплогруппы R1a имеют одного общего предка, и это был носитель субклада Z283 > Z282 (они образовались 5 тыс. лет назад, тогда же, когда и субклады Z280 и Z93). Вот и разгадка происхождения арабов гаплогруппы R1a — мы выяснили, откуда и когда их предки двинулись на Ближний Восток. Это были арии Русской равнины.

В книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» были сопоставлены 111-маркерные гаплотипы арабов и этнических русских, между ними оказалось всего 7 мутаций, и общий предок тех и других жил примерно 4925 лет назад, что практически совпадает с расчетами и выводами выше.

Напрашивается аналогия с высшими кастами в Индии, где гаплогруппа R1a достигает 72 %. Похоже, что история с прибытием ариев, которые, по сути, вошли в высшую касту Индии, была и на Аравийском полуострове, только она пока не так известна, как история с индийскими и иранскими ариями. Аналогия действительно близкая, так как арии оставили свой след в таких знаменитых арабских кланах, как клан Курейш, из которого вышел пророк Магомет (он же Мухаммад), основатель ислама, и его клан упоминается в Коране.

### Гаплогруппа R1b

Гаплогруппа R1b в арабских странах представлена намного меньше, чем гаплогруппа R1a, всего 49 гаплотипов из выборки в 1892 гаплотипа, или 2,6 %, по сравнению с 12 % для гаплогруппы R1a. Из них 19 гаплотипов приходится на Саудовскую Аравию, 9 — гаплотипов на Кувейт, 7 — на ОАЭ, 3 — на Египет, и это уже почти 80 % от всех гаплотипов гаплогруппы R1b в выборке. Остальные гаплотипы рассеяны по восьми арабским странам.

Последующий анализ мы также проводили с 67-маркерными гаплотипами, которых в выборке по данной гаплогруппе было 35 из 1660, или примерно 2 %. Дерево гаплотипов приведено ниже (рис. 196).

На дереве гаплотипов показаны ветви двух принципиальных субкладов гаплогруппы, которые наблюдаются в арабских странах — V88

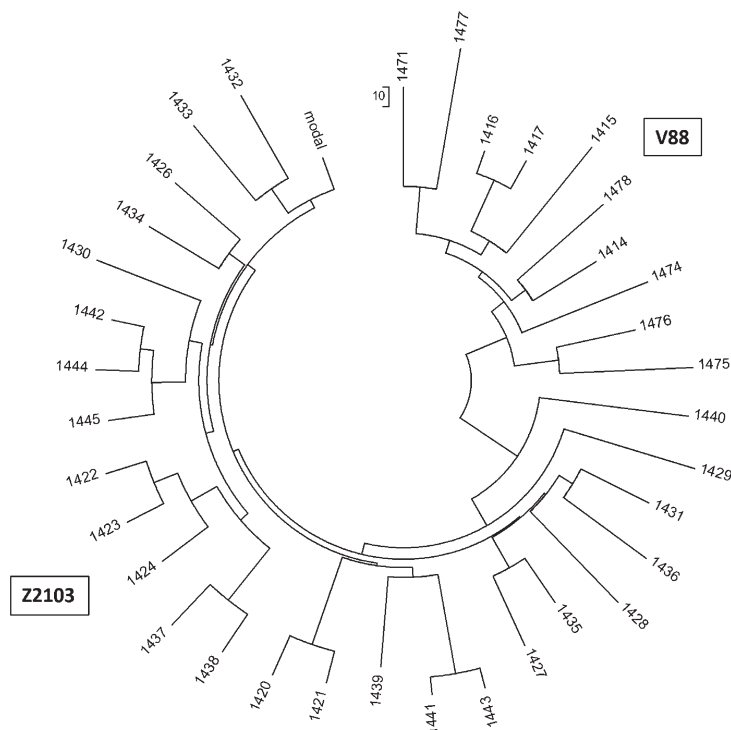


(10 гаплотипов) и Z2103 (25 гаплотипов), с их нисходящими ветвями/снипами. Эти две основные ветви гаплогруппы R1b в арабском мире являются характерными и напрямую связаны с древней историей. Субклад V88 — один из древнейших субкладов R1b и неоднократно был найден в древних захоронениях в Испании и на Украине с археологическими датировками более 8 тыс. лет назад. Сам субклад V88 образовался примерно 17,1 тыс. лет назад (вычислено по снипам группой YFull). Этот же субклад является основным среди сотен тысяч, если не миллионов жителей Камеруна и Чада. ДНК-генеалогические расчеты показывают, что носители R1b-V88 прибыли в Центральную Африку не менее 4 тыс. лет назад. Общий предок 10 гаплотипов субклада V88, приведенных на дереве выше, жил  $5000 \pm 600$  лет назад. В выборке из 35 гаплотипов найдены нижестоящие снипы V69 и V1589, образование первого датируется 5 тыс. лет назад, второго — данных нет.

Не менее интересной является и история субклада R1b-Z2103 и его нижестоящего L584 (образовались соответственно 6,1 тыс. и 5,7 тыс.

лет назад), их ветвь из 25 гаплотипов на дереве выше имеет общего предка  $4600 \pm 500$  лет назад. Эти субклады были найдены в ямной культуре на территории Русской равнины (Самарская область и Калмыкия), датировка ямной культуры, принятая археологами, — 5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад. Эти же субклады в обилии найдены на Кавказе, в Месопотамии и, как видим, наблюдаются среди арабов на Ближнем Востоке и в регионе Персидского залива и в Саудовской Аравии. Таким образом, это потомки насельников ямной культуры. Именно оттуда на юг был направлен в древности поток мигрантов носителей гаплогруппы R1b с Русской равнины. Так называемая «курганная теория» М. Гимбутас, выдвинутая более 50 лет назад, допустила по меньшей мере две принципиальные ошибки — что потомки ямной культуры передвинулись на запад, в Европу, ворвавшись туда конными ордами, и что они принесли с собой индоевропейские языки. Неверно ни первое, ни второе.

Представляется важным, что полученная датировка для субклада R1b-Z2103 (и его нижестоящих снипов), полученная всего по 25 арабским



**Рис. 196.** Дерево из 35 гаплотипов арабов гаплогруппы R1b в 67-маркерном формате. Показаны ветви двух принципиальных субкладов гаплогруппы, которые наблюдаются в арабских странах — V88 (10 гаплотипов) и Z2103 (25 гаплотипов), с их нисходящими ветвями/снипами

гаплотипам ( $4600 \pm 520$  лет назад), воспроизводится по 204 гаплотипам, которые в базе данных FTDNA идут как «базальные субклады» (<https://www.familytreedna.com/public/R1bBasalSubclades?iframe=yresults>). При внимательном рассмотрении оказалось, что эти субклады отражают в основном Россию, кавказские регионы и Ближний Восток, а европейские Z2103 в подавляющем большинстве представляют гаплотипы людей с типичными именами евреев. Иначе говоря, субклад Z2103 был принесен в Европу уже в относительно поздние времена и никакого «вторжения ямников» в Европу не было.

Сравним базовые (предковые) гаплотипы субклада R1b-Z2103 для серии из 25 арабских гаплотипов:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10  
11 11 25 15 19 29 15 15 16 18 — 11 11 19 23 15  
16 18 17 36 38 — 12 12 11 9 15 16 8 10 10 8 10  
11 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11  
13 11 11 12 12,

и серии из 204 в основном восточных гаплотипов, которых почти нет в Европе:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10  
11 11 25 15 19 29 15 15 16 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.

Между ними разница всего в 4 маркерах из 67, что на самом деле составляет всего 2,2 мутации по их усредненным величинам. Это означает, что «базальные субклады» действительно являются R1b-Z2103, и предки почти всех современных носителей субклада Z2103 происходят с Русской равнины, Кавказа и Ближнего Востока. Это еще раз подтверждает вывод, важный для понимания истории древнего мира, — не передвигались тысячелетия назад насельники ямной культуры на запад, они продвигались в южном направлении. Разумеется, они не были «индоевропейцами», как предполагала (точнее, постулировала) М. Гимбутас, и в Европу индоевропейский язык не приносили. Это — окончательный коллапс «курганной теории», хотя она давно рассматривалась скептически многими историками, в особенности в России.

Судя по полученным датировкам, потомки ямной культуры прибыли на Ближний Восток еще

тогда, когда арабов не было, там были, видимо, древние бедуины, и когда образовались арабские племена, гаплогруппа R1a-Z2103 вошла в их состав. Арии прибыли несколько позже, и у нас нет сведений, пересекались ли они с эрбинами (носителями гаплогруппы R1b) в те времена.

Как мы видим, в арабском мире носителей R1b относительно мало, но их много среди современных ассирийцев, как показано в предыдущей главе. Впрочем, ассирийцы — не часть арабского мира.

Подводя итог настоящего раздела, приведем последовательность снийпов, ведущих к субкладам V88 и Z2103 и их нижестоящим снипам, найденным у арабов:

R1b-M343 > L278 > L754 > **V88** > Y7777 > Y8451 > Y8447 > Y7771 > Y21722 > V69,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > **Z2103** > L584,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > **Z2103** > Y4364 > BY13762.

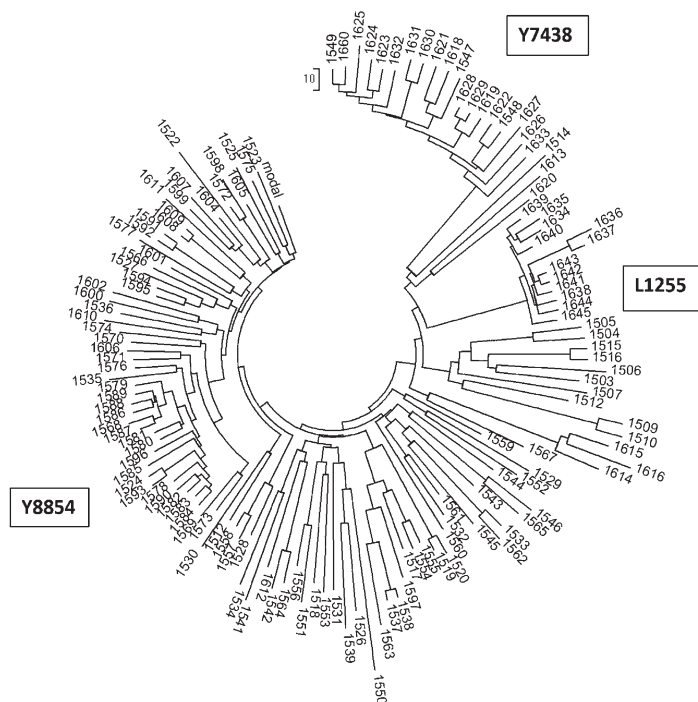
В последней строке последний снийп, BY13762, образовался примерно 4,3 тыс. лет назад, видимо, уже на Ближнем Востоке.

## Гаплогруппа Т

Гаплогруппа Т в арабских странах представлена относительно хорошо, 159 гаплотипов из выборки в 1892 гаплотипа, или 8,4 %. Из них больше трети, а именно 61 гаплотип приходится на Саудовскую Аравию, 37 гаплотипов — на Кувейт, 16 — на ОАЭ, по 6 гаплотипов — на Египет, Ирак и Йемен, по 5 гаплотипов — на Катар и Бахрейн, и это уже почти 90 % от всех гаплотипов гаплогруппы Т в выборке. Остальные гаплотипы тройками рассеяны по трем регионам (Алжир, Иордания, Судан) или по одному-двум гаплотипам еще по пяти арабским странам.

Последующий анализ мы также проводили с 67-маркерными гаплотипами, которых в выборке по данной гаплогруппе было 138 из 1660, или 8,3 %. Дерево гаплотипов приведено ниже (рис. 197).

В целом все дерево данной выборки гаплогруппы Т происходит от весьма древнего общего предка. Сама гаплогруппа Т образовалась  $42\,600 \pm 3000$  лет назад по расчетам по снипам (<https://www.yfull.com/tree/T/>), но общие предки



**Рис. 197** . Дерево из 138 гаплотипов арабов гаплогруппы Т в 67-маркерном формате. Показаны ветви трех самых недавних субкладов гаплогруппы в арабских странах — Y7438 (19 гаплотипов), Y8694 > Y65 > L1254 (12 гаплотипов) и Y8854 (21 гаплотип), общие предки которых жили примерно 1050, 400 и 1200 лет назад (погрешности показаны в тексте)

современных носителей гаплогрупп жили обычно намного позже, что в общем понятно — многие древние ДНК-линии обрывались, терминировались, проходили «бутылочные горлышки» популяций. Так, 138 гаплотипов дерева гаплогруппы Т содержат суммарно 3656 мутаций от базового гаплотипа, что дает  $6900 \pm 700$  лет до общего предка. Но дерево, как видно, неоднородное, к тому же среднее число мутаций на маркер равно 0,40 — хотя и довольно далеко от «красной черты» (см. выше), поэтому датировка общего предка может быть несколько занижена. Действительно, квадратичный метод расчета по всем 67 маркерам дает  $7900 \pm 1100$  лет до общего предка, хотя и технически в пределах погрешности датировка такая же, как и в линейном методе ( $6900 \pm 700$  лет), но поправка, видимо, уже начала действовать. По сути рассматриваемого вопроса это, конечно, не имеет значения, так как нам не точная дата нужна, а «концептуальная».

История расселения гаплогруппы Т науке пока неизвестна, хотя самые древние ископаемые ДНК гаплогруппы Т найдены в Иордании (1 гаплотип), на Балканах (в Болгарии, 2 гаплотипа) и в Германии (2 гаплотипа) с археологическими датировками  $8590 \pm 50$  (Иордания),  $7600 \pm 200$

(оба в Болгарии) и  $7200 \pm 300$  и  $7150 \pm 70$  (оба в Германии) лет назад. У двух из них были определены субклады (оба в Болгарии), L162 и L208, они возникли 16,1 тыс. и 12,6 тыс. лет назад, и их положение в иерархии субкладов гаплогруппы Т следующее:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > **L162 > L208**.

Как видно, это действительно верхние субклады в цепочке снийов гаплогруппы Т. Естественно, с тех времен цепочка значительно удлинилась, и ниже будет показано положение ряда субкладов этой гаплогруппы в современных арабских странах.

Примечательно то, что датировка общих предков современных гаплотипов гаплогруппы Т в арабских странах ( $7900 \pm 1100$  лет назад) в целом согласуется с датировками древнейших ископаемых гаплотипов этой гаплогруппы (7150–8690 лет назад). Это может быть случайным совпадением, но если нет — то потомки более древних носителей гаплогруппы Т к тому времени или вымерли, или пока не найдены.

На дереве гаплотипов выше выделяются три самые молодые ветви — снийов Y7438, Y8694 > Y65 > L1254 и Y8854, с расчетными датировками  $1047 \pm 151$ ,  $423 \pm 96$  и  $1189 \pm 163$  года назад

соответственно. Здесь умышленно даны не округленные датировки, а напрямую полученные на калькуляторе Килина – Клёсова. Естественно, более (математически) корректными будут датировки  $1050 \pm 150$ ,  $400 \pm 100$  и  $1200 \pm 200$  лет назад. Времена образования приведенных сніпов —  $1150 \pm 350$ ,  $700 \pm 400$  и  $1200 \pm 400$  лет назад соответственно. Первая ветвь — почти исключительно Саудовская Аравия (с 3 гаплотипами из Кувейта), вторая — исключительно Кувейт, третья — смешанная, из Кувейта и ОАЭ (по 7 гаплотипов), Бахрейна (6 гаплотипов), Катара (1 гаплотип). Это, очевидно, исключительно арабские ветви, потому их потомки практически не встречаются, во всяком случае в заметных количествах, за пределами арабского Ближнего Востока.

Если мы хотим проследить, по какой цепочке сніпов возникали эти молодые ветви (субклады, сніпы), то ниже — эти сведения, относящиеся к перечисленным трем цепочкам. Первая ветвь (почти исключительно из Саудовской Аравии, см. выше) справа вверху на дереве гаплотипов, узловой сніп выделен жирным шрифтом. Он образовался примерно 1150 лет назад, и последующие сніпы образовались в диапазоне 1 тыс. — 500 лет назад.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > **L131** > Y6033 > FGC23008 > Y7381 > **Y7438**

Y7393 > Y7468 > Y7430 > Y7389

**Y7438** > Y11077 > Y21040

**Y7438** > Y30413

**Y7438** > Y11077 > FGC29142

**Y7438** > Y7393 > Y7468 > Y9326.

Вторая ветвь (ниже по часовой стрелке на дереве гаплотипов, исключительно из Кувейта) заканчивается 3 сніпами, которые все образовались примерно 700 лет назад, а предшествующий им L1255 образовался 10,5 тыс. лет назад. Промежуточных сніпов пока обнаружить не удалось.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > Y11151 > Y8614 > L1255 > **Y8694** > **Y65** > **L1254**.

Третья ветвь (слева внизу на дереве гаплотипов) — узловой сніп Y8854 (выделен жирным шрифтом) образовался примерно 1,2 тыс. лет назад, и нисходящие сніпы все образовались 950 лет назад. Как мы видим, это та же ДНК-линия, которую нашли в ископаемых ДНК на Балканах с археологической датировкой  $7600 \pm 200$  лет назад (см. выше), и сейчас эта линия продолжается в основном в Кувейте и ОАЭ:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > **L162** > **L208 (ископаемые гаплотипы на Балканах)** > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > Z710 > Y4983 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4990 > CTS6507 > Y4963 > CTS9882 > Y4981 > Y5676 > Y5674 > Y5686 > Y5685 > **Y8854** > (> 384314) > Y8853 > Y8425 > Y8849 > Y34542 > Y34309.

Нижестоящие от Y8854 сніпы датируются (до Y8849) примерно 950 лет назад, и два последних — 550 лет назад.

Эти примеры показывают, что в арабских странах Саудовской Аравии и Персидского залива есть свои уникальные сніпы, и это объясняется тем, что они образовались относительно недавно и именно в этих регионах. Это также показывает, что эти страны активно обменивались своими Y-хромосомами, и потому арабский мир Ближнего Востока — это довольно компактное, плотное образование. Существующие границы — только политические, а народы по большому счету те же.

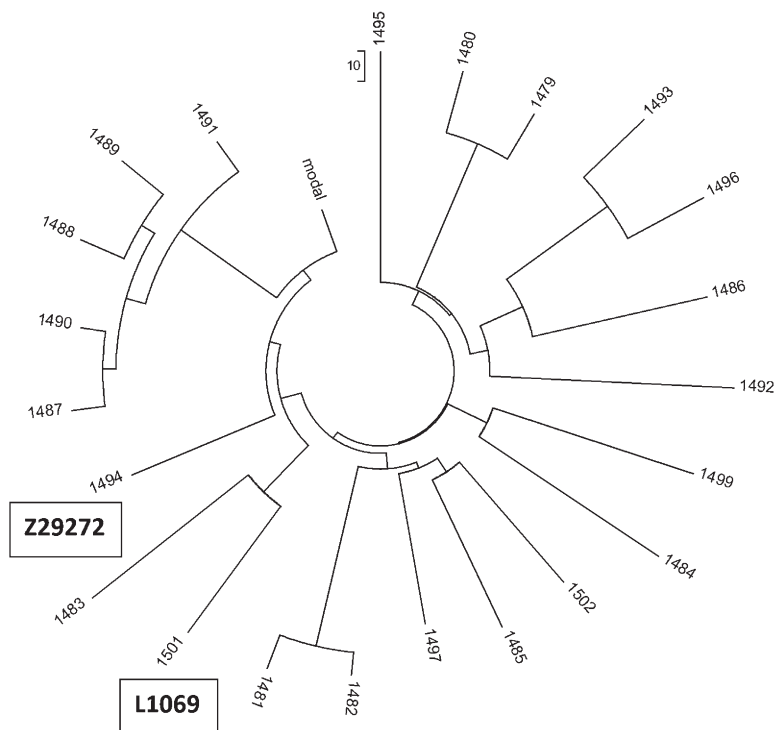
## Гаплогруппа R2

Гаплогруппы R2 в арабских странах немного, в выборке из 1892 гаплотипов их 28, то есть 1,5 %. Из них 10 гаплотипов в Кувейте, 6 — в Саудовской Аравии, и 5 — в ОАЭ, что в сумме составляет три четверти от выборки. Остальные гаплотипы представлены в единичных количествах (в выборке) в Ираке, Омане, Катаре, Йемене.

Последующий анализ мы также проводили с 67-маркерными гаплотипами, которых в выборке по данной гаплогруппе было 22 из 1660, или 1,3 %. Дерево гаплотипов приведено ниже (рис. 198).

В целом все дерево данной выборки гаплогруппы R2 происходит от весьма древнего общего предка. Сама гаплогруппа R2 образовалась  $28\,200 \pm 3300$  лет назад по расчетам по сніпам (<https://www.yfull.com/tree/R2/>), но, как мы обсуждали ранее, общие предки современных носителей гаплогрупп жили обычно намного позже. Так, 22 гаплотипа дерева гаплогруппы R2 содержат суммарно 484 мутации от базового гаплотипа:

14 23 14 10 13 18 12 12 11 13 10 29 — 17 9 9 11  
11 26 15 19 33 12 14 15 15 — 10 11 20 21 15 15  
17 18 33 35 — 12 11 11 8 15 17 8 10 10 8 11 10  
12 21 22 14 10 12 12 15 8 12 25 21 12 12 11 14  
11 12 13 12,



**Рис. 198.** Дерево из 22 гаплотипов арабов гаплогруппы R2 в 67-маркерном формате. Только два из них были типированы на субклады, гаплотипы под номером 1501 (Кувейт, R2-L1069, образовался примерно 9,1 тыс. лет назад) и 1494 (ОАЭ, R2-Z29272, образовался примерно 7 тыс. лет назад). Ясно, что эти субклады недотипированы, они определенно относятся к нижестоящим субкладам

что дает согласно линейному методу расчетов  $5500 \pm 600$  лет до общего предка, но, поскольку дерево неоднородное, датировка несколько занижена, и квадратичный метод расчета по всем 67 маркерам дает датировку  $7100 \pm 1000$  лет, которая технически в пределах погрешности такая же, как и дает линейный метод. Как мы уже рассматривали выше, по сути рассматриваемого вопроса эта разница не имеет значения, так как нам не точная дата нужна, а «концептуальная». Для сравнения, малая плоская (значит, недавнего происхождения) ветвь из 5 гаплотипов на дереве слева образовалась всего  $640 \pm 180$  лет назад, но, к сожалению, снипы для них или не определены, или имеют «домашние» индексы, которых нет в классификациях.

Ископаемые древние носители гаплогруппы R2 пока не обнаружены, история расселения гаплогруппы R2 науке пока не известна, но принимается, что они пришли на Ближний Восток из Индостана. В Проекте R2 (<https://www.familytreedna.com/public/R2/default.aspx?section=yresults>) из 196 гаплотипов 53 происходят из Индии и Пакистана, в то время как все арабские страны суммарно представлены 36 гаплотипами (из них 10 из Саудовской Аравии, 6 из

Кувейта, по 5 из Катара и ОАЭ, остальные единичные рассыпаны по другим арабским странам).

Для 2 гаплотипов, снипы которых определены и идентифицируемы, соответствующие цепочки вышестоящих снипов следующие:

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > Y3270 > Y12100 > Y8763 > **L1069**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > Y3270 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > Y1378 > Y1377 > **Z29272**.

Как видно, эти две цепочки снипов разошлись от Y8763, датировка которого 10,6 тыс. лет назад. Разошлись они или в Индостане, и далее принесены на Ближний Восток, или снип Y8763 более 10 тыс. лет назад уже был на Ближнем Востоке — это науке пока не известно. Но известно то, что хотя снипу L1069 уже 9,1 тыс. лет, его носители в арабских странах, в основном в Кувейте и Бахрейне, имеют совсем недавние нисходящие снипы (см. рис. 199), которые образовались примерно 275 лет назад. Как ни удивительно, но промежуточные по времени образования снипы пока не обнаружены. Возможно, их потомки ушли в какие-то малодоступные регионы, где пока не проходили тестов на ДНК.





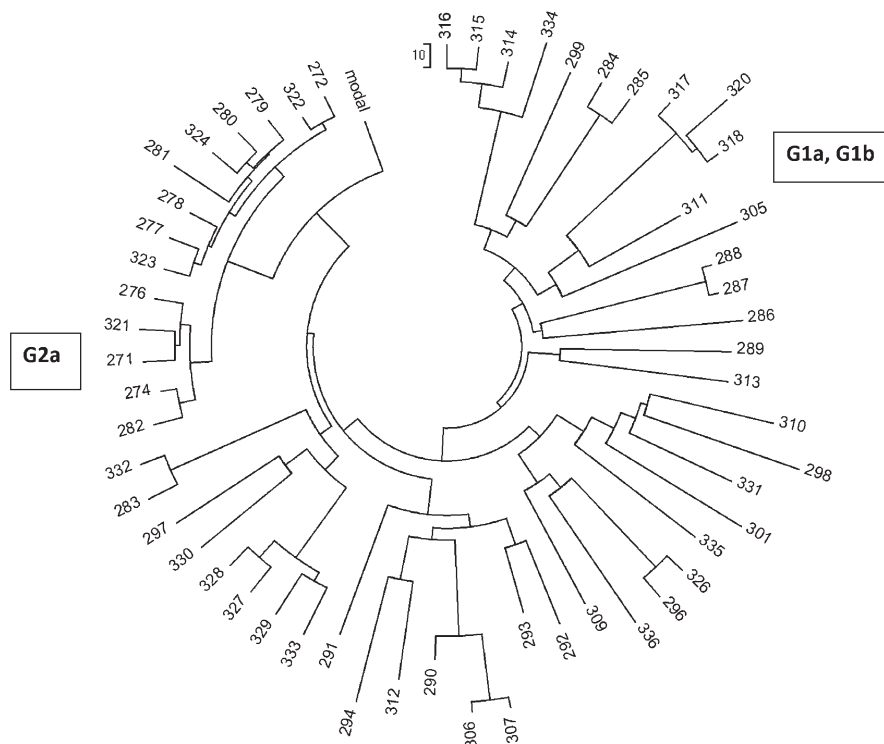
**Рис. 199.** Иерархия снипов гаплогруппы R2 (фрагмент), производных от снипа L1069, для ряда представителей из Кувейта и Бахрейна. Мы видим, что это в основном совсем недавние нисходящие снипы, которые образовались примерно 275 лет назад

## Гаплогруппа G

Гаплогруппы G в арабских странах относительно мало, в выборке из 1892 гаплотипов их 70, то есть 3,7 %. Из них 26 гаплотипов в Саудовской Аравии, 14 гаплотипов в Кувейте, 5 — в ОАЭ, 4 — в Египте, по 3 гаплотипа в Бахрейне, Ираке и Ливане, что в сумме уже составляет более 80 % от выборки. Остальные гаплотипы представлены в единичных количествах (в выборке) в Бахрейне, Иордании, Ливии, Марокко, Катаре, Палестине, Сирии и Йемене.

Последующий анализ мы также проводили с 67-маркерными гаплотипами, которых в выборке по данной гаплогруппе было 56 из 1660, или 3,4 %. Дерево гаплотипов приведено ниже.

Мы видим, что фактически никакой концентрации основных субкладов гаплогруппы G ни в одной из арабских стран нет. Это, видимо, объясняется глубокой древностью этих субкладов, и с тех пор они разошлись по всему арабскому миру (и не только по арабскому миру, как показано далее). Сама гаплогруппа G-M201 образовалась 48,5 тыс. лет назад, G1-M342 и G2-P287 — 26,3 тыс. лет назад, G1a-CTS11562 — 19,1 тыс. лет назад, G2a-P15 — 20,9 тыс. лет назад (<https://www.yfull.com/tree/G/>). Обычно, чем древнее гаплогруппа, тем больше она расходится по планете, и чем субклад более «молодой», тем более он специфичен к определенным регионам, хотя есть немало исключений. Интересно изучать именно такие исключения, за ними кроются интригующие исторические события.



**Рис. 200.** Дерево из 56 гаплотипов арабов гаплогруппы G в 67-маркерном формате. В арабских странах представлены три ветви гаплогруппы — G1a, G1b и G2a. Примеры G1a — гаплотипы 284, 285, 287, 289, 314, 315, 334 (Саудовская Аравия, Кувейт и Сирия). Примеры G1b — гаплотипы 313, 316, 318, 320 (три из Кувейта и один из Катара). Примеры G2a — 277, 290, 297, 306, 309, 312, 322, 324, 329, 336 (Саудовская Аравия, Кувейт и ОАЭ, Марокко)

Приведем пример древней гаплогруппы-субклада под индексом G2a-P303. Она образовалась около 15 тыс. лет назад в регионе исторической Бактрии, то есть на сопредельных территориях современного Афганистана, Таджикистана и Узбекистана, и обоснования этого даны в книге «Евреи и пуштуны Афганистана» (Клёсов А. А., Саидов Х. С., М.: Концептуал, 2015). Действительно, субклад G2a-P303 широко представлен среди потомков на указанной территории, ветвь этого субклада является самой раскидистой, значит, самой древней на той территории, с общим предком гаплотипов G2a-P303, жившим  $14\,400 \pm 3200$  лет назад. Это в пределах погрешности совпадает с датировкой этого субклада по снипам ( $14\,700 \pm 1300$  лет назад). Такой же субклад представлен на Кавказе, в частности, в Грузии и Осетии, и среди ископаемых ДНК в Анатолии, опять же с субкладом P303, с ар-

хеологической датировкой  $8315 \pm 100$  лет назад. На Балканах (в Болгарии) с датировкой  $7600 \pm 200$  лет назад, в Трипольской культуре на Украине ( $5800 \pm 200$  лет назад) и в ряде мест в Европе (в Венгрии, например, с датировкой  $5780 \pm 150$  лет назад). Ясно, что это последствия древних миграций носителей гаплогруппы G2a, и в частности, снипа P303, но по гаплогруппам и субкладам направления миграций не определить. Это помогают сделать гаплотипы.

Перейдем к ним в качестве примера, для гаплотипов того же субклада P303. Соответствующая цепочка снипов до и после него имеет вид:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > **P303** > **L140** > PF3345 > FGC12126 > Y36006 > **Z16713**.

Жирным шрифтом здесь отмечены снипы, которые найдены у представителей упоминавшейся выше выборки из арабского мира, таких

в выборке 7 человек. Ясно, что первые два снипа просто недотипированы, они образовались соответственно 14,7 тыс. и 11,8 тыс. лет назад, последний — 1 тыс. лет назад (гаплотип 277, из Саудовской Аравии). Но поскольку общий снип у них всех один — это G2a-P303, то сравнение их 67-маркерных гаплотипов даст базовый гаплотип, то есть гаплотип их общего предка, со снипом где-то между последним и P303. Базовый гаплотип всех семерых оказался такой:

14 22 15 10 14 15 11 12 11 12 11 29 16 9 9 11  
11 23 15 21 30 12 13 13 14 11 11 19 20 16 13 18  
17 35 38 11 10 11 8 15 16 8 11 10 8 11 10 14 21  
22 14 10 12 12 14 8 12 21 21 17 13 11 13 10 11  
11 12,

и общий предок их жил  $5400 \pm 700$  лет назад.

Базовый (предковый) гаплотип ветви G2a-P303 в Бактрии (в 17-маркерном формате) имеет вид (из книги *Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016. С. 129*), ему —  $14\,400 \pm 3200$  лет:

14 22 15 10 13 15 11 12 11 29 17 16 21 10 15  
10 21.

Эти маркеры соответствуют следующим в 67-маркерном «арабском» гаплотипе, приведенном выше:

**14 22 15 10 13 15 11 12 11 29 17 16 21 11 15  
10 21,**

(последнего маркера, DYS635 = 21, нет в 67-маркерном формате). Мы видим, что эти предковые гаплотипы весьма похожи, хотя их разделяют многие тысячелетия, и предковый гаплотип из Бактрии намного более древний. Таким образом, можно полагать, что снип P303 был принесен из Бактрии на Ближний Восток. Параллельным путем (или напрямую с Ближнего Востока, см. ниже) снип P303 был принесен в Грузию, где 32 гаплотипа в выборке имели всего 44 мутации (в 12-маркерном формате, в котором было большинство грузинских гаплотипов) от базового гаплотипа, что дает  $44/32/0,02 = 69 \rightarrow 74$  условных поколения, то есть  $1850 \pm 330$  лет до общего предка. Это — начало нашей эры. 67-маркерный базовый гаплотип группы G2a-P303 в Грузии имел вид:

14 22 15 10 **13 14** 11 12 11 12 11 29 **17 9 9 11 11**  
**23 16 20 30 13 13 14 14 10 11 20 20 15 13 18 18**  
**35 38 11 10 12 8 15 16 8 11 10 8 11 11 14 21 23**  
**15 10 12 12 15 8 14 21 24 17 13 11 13 10 11 11 12.**

Он на 19 мутаций отличается от базового арабского гаплотипа, что разносит их на  $19/0,12 = 158 \rightarrow 187$  условных поколений, или на 4675 лет, и их общий предок жил примерно  $(4675 + 1850 + 5400)/2 = 6000$  лет назад. Эта датировка в пределах погрешности совпадает с датировкой ближневосточного (арабского) базового гаплотипа группы G2a-P303.

Интересно, что в Осетии линия G2a-P303 продолжается до снипов P303 > L140 > PF3345 (см. выше «арабскую цепочку» снипов) и затем, во времена примерно 10,9 тыс. лет назад (датировка снипа PF3345), уходит в сторону:

PF3345 > U1 > L13 > Z2022 > Z6759 > Z6764 > Z29424 > L1263,

образование последнего датируется примерно 3,1 тыс. лет назад. Но большинство гаплотипов в Осетии имеют общего предка, который жил всего 600–700 лет назад, легенды связывает его с именем Ос-Багатара, который жил на рубеже XIII–XIV вв. Таким образом, хотя арабские гаплотипы группы G2a довольно похожи на гаплотипы этой группы на Кавказе, они вряд ли прибыли на Кавказ с Ближнего Востока. Кавказские гаплотипы гаплогруппы G имеют в основном два источника — Бактрия и Европа, куда носители гаплогруппы G прибыли более 7 тыс. лет назад, видимо, из Бактрии, и ушли в Малую Азию и на Кавказ примерно 4,5 тыс. лет назад, как следствие крушения «старой Европы» в ходе расселения там эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, в основном культуры колоколовидных кубков, ККК (4,8 тыс. — 3,8 тыс. лет назад — ККК, 4,8 тыс. — 3 тыс. лет назад — расселение эрбинов по Европе). Таково современное состояние ДНК-генеалогии в этом отношении.

Выше была приведена иерархическая цепочка снипов, проходящих через G2a-P303, охватывающая временной период от 48,5 тыс. до 1 тыс. лет назад. Эти снипы были определены у 7 человек из 56 в выборке 67-маркерных гаплотипов, все их гаплотипы входят в состав обширной ветви, занимающей левую часть на дереве гаплотипов (см. выше), и общий предок этих 7 человек жил  $5400 \pm 700$  лет назад. Ясно, что он был носителем — помимо снипов почти всей цепочки — относительно недавнего снипа, например, Y36006, который образовался примерно  $8200 \pm 1400$  лет

назад, но большего современная наука пока сказать не может.

У субклада G2a, помимо этой цепочки, в арабском мире есть еще две:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > L1259 > L30 > CTS574 > M406 > PF3293 > PF3316 > Z6348 > **Y32612** > **Y32613**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > L1259 > L30 > CTS574 > M406 > FGC5089 > FGC5081 > **Z17887**.

У каждой из них в выборке в арабских странах из 1660 гаплотипов, из которых к гаплогруппе G относятся 56 гаплотипов, имеются всего единичные представители (2 и 1 соответственно), их снипы отмечены выше жирным шрифтом. Проводить расчеты по трем гаплотипам, тем более разнесенным по двум удаленным друг от друга ветвям, большого смысла не имеет; по снипам видно, что их общий предок имел снип M406 и жил около 15 тыс. лет назад.

Помимо цепочки G2, арабские гаплотипы гаплогруппы G расходятся еще на несколько ветвей, две из которых относятся к субкладу G1 и занимают верхнюю правую часть на дереве гаплотипов. Цепочки их снипов выглядят следующим образом:

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > BY1124 > Z3353 > L1324 > **Y14914** > **PH4611**,

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > BY1124 > **GG313**,

G-M201 > G1-M342 > G1b-L830 > **Z30744**.

Как и сообщалось выше, жирным шрифтом здесь отмечены снипы, найденные у представителей упоминавшейся выборки из арабского мира, таких в выборке 11 человек. У большинства из них снипы недотипированы, они образовались между 26,3 тыс. и 13,5 тыс. лет назад, и предковые снипы у них разные — G1a и G1b, у которых общий предок по определению G1-M342, который образовался примерно 26,3 тыс. лет назад. Поэтому для краткости сообщим, что большинство гаплотипов группы G1a (7 гаплотипов) имеют общего предка, который жил  $6300 \pm 800$  лет назад и, возможно, имел конечный снип Y14914 (образовался  $4900 \pm 800$  лет назад), а гаплотипы группы G1b (4 гаплотипа в выборке) имеют общего предка, который жил  $6100 \pm 900$  лет назад, но приписать ему, даже условно, какой-то снип нельзя, потому что эта цепочка в классификации изучена

плохо, и там имеется пробел между снипами, образовавшимися 19,1 тыс. и 3,1 тыс. лет назад.

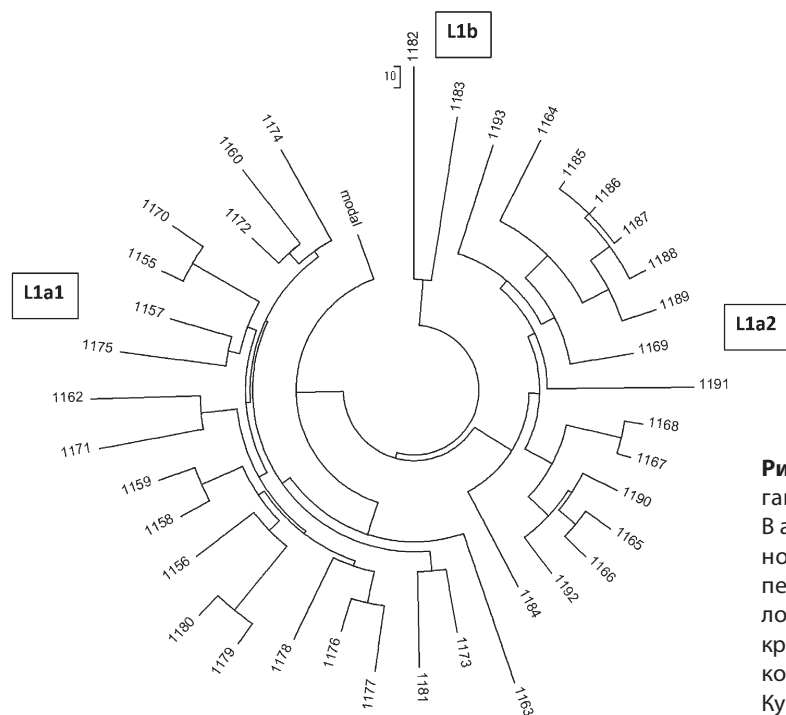
Эти довольно подробные сведения приводятся здесь только потому, чтобы показать, что гаплогруппа G в арабском мире имеет весьма древние корни, она разветвлена даже по верхним субкладам в иерархии, G1 и G2, которые в свою очередь тоже разветвлены. По данным, приведенным в этом разделе, можно заключить, что субклад G2a прибыл на Ближний Восток со стороны территории современного Афганистана, но в отношении субкладов группы G1, и тем более самой гаплогруппы G, наука пока ответов не имеет.

### Гаплогруппа L

Гаплогруппы L в арабских странах тоже мало, в выборке из 1892 гаплотипов их 51, то есть 2,7 %. Из них 16 гаплотипов в ОАЭ, 13 гаплотипов в Кувейте, по 6 гаплотипов в Саудовской Аравии и Катаре (в сумме 80 % от выборки). Остальные гаплотипы рассеяны в единичных количествах (в выборке) в Ираке, Бахрейне, Сирии, Омане, Судане и Йемене.

Последующий анализ мы также проводили с 67-маркерными гаплотипами, которых в выборке по данной гаплогруппе было 38 из 1660, или 2,3 %. Дерево гаплотипов приведено на рис. 201.

Гаплогруппа L возникла (путем соответствующей снип-мутации в Y-хромосоме) примерно 42,6 тыс. лет назад. Эта мутация получила название M20. И дальше во времени, как обычно, носители этой «гаплогруппо-образующей» мутации продолжали «приобретать» новые и новые снип-мутации, в среднем раз в поколение. Многие заканчивали свою жизнь, так и не передав новую мутацию сыновьям, или сыновья не успевали передать ее своим сыновьям, так что сохранившиеся мутации были довольно редкими. В итоге те, кто смог передать, образовали цепочку мутаций, которая продолжается во всех современных носителях гаплогруппы L, то есть снипа M20. Поскольку этих носителей уже многие миллионы, скорость образования снип-мутаций в их ДНК-линиях давно выровнялась, и средняя скорость образования мутаций стала практически постоянной, со своей константой скорости мутации. На этом основании и считаются датировки образования снипов, чем больше людей предоставляют свои данные для этих расчетов, тем датировки точнее.



**Рис. 201.** Дерево из 38 гаплотипов арабов гаплогруппы L в 67-маркерном формате. В арабских странах представлены в основном две ветви гаплогруппы — L1a и L1b, первая расходится на L1a1 (вся левая половина дерева) и L1a2 (правая половина, кроме двух верхних гаплотипов 1182 и 1183, которые относятся к субкладу L1b, оба из Кувейта)

В итоге оказалось, что цепочки снипов гаплогруппы L в арабском мире выстраиваются следующим образом, образуя три принципиальные ДНК-линии, L1a1, L1a2 и L1b, как иллюстрируется на дереве гаплотипов выше.

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > **L1a1-M27** > **L1320** > SK1426 > Z5926 > Z5930 > **Y17158**,

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > **L1a2-M357** (> **Y6280**) > M2398 > Y12415 > Z5920 > Y12419 > Y17950 > Y17962 > Y31220 > **Y32722**,

L-M20 > L1-M22 > **L1b-M317**.

Здесь, как и выше, жирным шрифтом отмечены снипы, которые встречаются в упомянутой выборке арабских гаплотипов. Понятно, что верхние снипы — это недотипированные, они образовались между 17 тыс. и 9 тыс. лет назад, нижние образовались 4,6 тыс. лет назад (Y17158) или даже 300 лет назад (Y32722). Также понятно, что расчетами здесь много не получить, кроме того, что гаплотипы всего дерева дают время жизни общего предка  $7000 \pm 700$  лет назад. Но если провести расчет по отдельным ветвям, то общий предок современных гаплотипов группы L1a1 из выборки жил  $3600 \pm 400$  лет назад, группы L1a2 —  $4100 \pm 500$  лет назад,

и между их базовыми (предковыми) 67-маркерными гаплотипами имеется 36 мутаций. Это эквивалентно временному расстоянию между ними, равному  $36/0,12 = 300 \rightarrow 407$  условным поколениям (по 25 лет), то есть примерно 10 175 годам, и их общий предок жил  $(10\,175 + 3600 + 4100)/2 = 8900$  лет назад. Добавление ветви L1b еще более удревит общего предка, хотя, конечно, до датировки 23,2 тыс. лет назад (датировка субклада L1 по снипам) мы вряд ли дойдем. Это просто иллюстрация двух положений — первое, что арабские ветви гаплогруппы L весьма древние, и второе — что современные гаплотипы гаплогруппы L в арабских странах определенно проходили «бутылочное горлышко» выживания, и общие предки современных арабов гаплогруппы L датируются относительно недавним временем по сравнению с временами образования гаплогрупп и их древнейших субкладов.

В целом же истоки гаплогруппы L довольно загадочны. Наука не знает, где эта гаплогруппа появилась. По соображениям автора этой книги, есть два основных конкурирующих варианта — в Индостане и на Ближнем Востоке. В настоящее время, судя по распределению современных



носителей гаплогруппы L, это не прояснить. Характерно, что на Кавказе, в частности в Грузии, есть немалое количество носителей гаплогрупп G и L, как и на Ближнем Востоке. Либо они пришли вместе на Кавказ и оттуда на Ближний Восток, либо в обратном направлении. К этому — максимальное количество носителей гаплогруппы L на Кавказе — среди аварцев (9 %), чеченцев и азербайджанцев (по 7 %), абхазов (5 %), ингушей и армян (по 3 %), грузин (1,5 %); недалеко, в Иране — 4 %. В Северной Африке гаплогруппы L практически нет, максимум — в Египте — 1 %.

### Гаплогруппы A, B, C, F, H, I1, I2, N, O, Q в арабском мире

Эти гаплогруппы среди арабов встречаются в количествах, как правило, менее 1 %. Это обычно «визитеры», никак не характеризующие арабский мир. Например, в выборке в 1892 гаплотипа к гаплогруппе A (в вариантах) относится 15 гаплотипов (0,8 % от всех), из них 4 гаплотипа группы A1a-M31 (все из Египта), которая встречается также в Финляндии, Норвегии, Англии, остальные — из «неафриканского кластера» группы A1b1-L419 > M32 > M13 и нижестоящие сніпы, обычно находимые за пределами Африки — в арабских странах, Финляндии, Англии, Норвегии, Франции. В арабском мире они почти равномерно распределены в Саудовской Аравии, Кувейте, Катаре, Йемене, Палестине и других арабских странах. Цепочка субкладов следующая:

**A1b1-L419 > M32 > YP4735 > M13 > Y23655 > Y23862 > Y24401 > Y28045 > SK808.**

Последний субклад образовался совсем недавно — всего 75 лет назад, в Саудовской Аравии.

Гаплогруппы B в той же выборке 29 гаплотипов, из них большинство — 18 гаплотипов — в Саудовской Аравии, на втором месте стоит Кувейт с 5 гаплотипами. Гаплогруппа B — неафриканского происхождения. Она отошла от гаплогруппы BT при образовании соответствующей сніп-мутации M60, и ниже показана цепочка последующих сніпов, наблюдаемых в упомянутой выборке из 1892 гаплотипов. Она расходится на две основные линии — B2a и B2b, которые в свою очередь расходятся на несколько ветвей:

BT-L413 > B-M60 > M8633 > B2-M182 > B2a-M150 > V75 > A9832 > Y24839 > Y22728 > **FGC53352,**

BT-L413 > B-M60 > M8633 > B2-M182 > B2a-M150 > V75 > M1895 > Y10394 > Y30926 > BY17044 > **BY17062,**

BT-L413 > B-M60 > M8633 > B2-M182 > B2a-M150 > V75 > M1895 > Y10394 > Y30926 > **BY16132 > BY16115,**

BT-L413 > B-M60 > M8633 > B2-M182 > B2b-M112 > M192 > **M8498.**

Как обычно, здесь жирным шрифтом показаны сніпы, найденные в странах арабского мира. Они, как правило, конечные в данных цепочках, но их датировки показывают, что они, скорее всего, недотипированы. В показанных четырех цепочках, сверху вниз, датировки конечных сніпов соответственно 2,4 тыс., 3,3 тыс., 7,3 тыс. и 46,2 тыс. лет, но все начинаются с древнейших времен, и искать общих предков по гаплотипам здесь большого смысла не имеет.

Носителей гаплогруппы C в изучаемой выборке насчитывается всего 6 человек — 4 из Саудовской Аравии и по 1 из Кувейта и Ирака. Их цепочки сніпов расходятся по двум линиям — C1 и C2:

C-M130 > C1-F3393 > C1b-F1370 > K281 > K98 > **P92,**

C-M130 > C2-M217 > C2b-L1373 > F3918 > F1756 > **F3830.**

Эти сніпы сильно недотипированы, и P92 образовался 26,4 тыс. лет назад, F3830 — 5,5 тыс. лет назад. Безусловно, эти сніпы пришлые в арабских странах, поскольку за десятки тысяч лет гаплогруппа C разошлась по всей планете. Например, от сніпа C1b-F1370 (образовался 49,2 тыс. лет назад) отошел C1b2a-M38 (образовался 41,9 тыс. лет назад), и сейчас его носители живут на Гавайских островах, на островах Кука, в Новой Зеландии. Соседний со сніпом M38 является C1b2b-M347, который имеют во множестве австралийские аборигены. Субклад C2 в настоящее время имеют многочисленные обитатели Средней Азии и Монголии, а также Индии, Китая, Японии, Кореи, Филиппин, многие американские индейцы, которые получили свой сніп, видимо, из Сибири. А первый в обеих цепочках сніп C-M130 (образовался 65,9 тыс. лет назад) был найден на Русской равнине, в Костенках, с археологической

датировкой 40 тыс. — 42 тыс. лет. Когда и откуда носители гаплогруппы С прибыли на Ближний Восток — науке пока не известно.

Носителей гаплогрупп F и N в выборке из 1892 гаплотипов арабского мира — всего по 1 человеку, это, конечно, нехарактерные для арабов варианты. Гаплогруппы H — 9 человек, из них в 67-маркерном формате — 5 человек с гаплогруппами H1, H2 и H3. Скорее всего, гаплогруппы L, C, H попали в арабские страны из Индостана, в ходе торговых морских переходов между Индией и странами Персидского залива. В принципе, возможен и обратный вариант, но тогда придется объяснять, почему в Индостане носителей этих гаплогрупп огромное количество, а в арабских странах их почти нет.

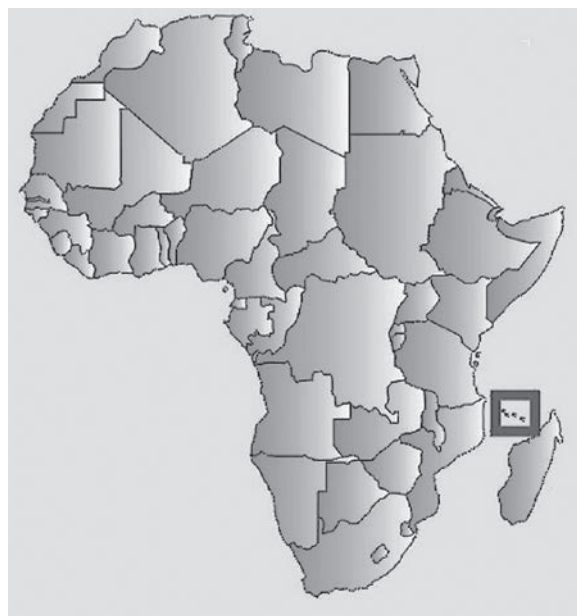
Гаплотипов гаплогрупп I1 и I2 в выборке — всего 3 и 5 соответственно, это или самые поверхностные сипы, как I-M170 или I1-M253, или хорошо известные европейские субклады, как CTS10228.

Наконец, гаплогруппы O и Q в арабских странах, которых в выборке всего 3 и 9 соответственно, являются там «визитерами» из Юго-Восточной Азии, Средней Азии, Сибири. Их, конечно, можно изучать, чтобы понять, откуда и когда они появились на Ближнем Востоке, но при их доле в 0,2 % и 0,5 % оставим это любителям.

### Гаплогруппа R1a на Коморских островах

В доступных базах данных сведений о гаплотипах с Коморских островов нет, но еще в 2011 г. была опубликована статья (Msaidie S. et al. // *Eur. J. Hum. Genet.* 2011. V. 19. P. 89–94) под названием «Генетическое разнообразие Коморских островов свидетельствует о ранних морских плаваниях как главных определяющих биокультурной эволюции человека в западном Индийском океане». В ней рассматривались гаплогруппы и гаплотипы, определенные у 577 жителей Коморских островов, из них 381 мужчина (Y-хромосомы) и 196 женщин (мтДНК). Среди 381 гаплотипа не оказалось ни одного из группы R1b, но были 3 — R1-M173, 3 — R1a\*-SRY10831a, 12 других — R1a, и 9 — R2. Датировки их в работе не изучались, равно как и ДНК-генеалогические показатели. Гаплотипы определялись в 17-маркерном формате, но в самой работе использовались только 8-маркерные,

для построения обычных в популяционной генетике и крайне малоинформативных диаграмм «многопараметрового анализа (MDS) генетических расстояний». С помощью этих диаграмм сравнивали аллели этих 8 маркеров по всем смешанным гаплогруппам для семнадцати стран и регионов мира, откуда получили, что мужское население Коморских островов не близко популяциям Юго-Восточной Азии, но относительно ближе к Турции, Ирану (Северному и Южному) и Объединенным Арабским Эмиратам.



**Рис. 202.** Коморские острова у побережья Африки, выделены квадратиком. См. цветную вклейку.

Сами Коморские острова расположены между Мадагаскаром и восточным побережьем Африки, у входа в Мозамбикский пролив (рис. 202). Как сообщает цитируемая статья, мореходные пути на Коморские острова известны по меньшей мере уже 1,5 тыс. лет, включая торговые пути с территории современного Ирана. Статья приводит к выводу о том, что на Коморских островах — генетическая мозаика, что туда приезжали с трех сторон света — с запада, востока и юга, что основные гаплогруппы там — африканские, 72 % от всех, в основном гаплогруппа E с подгруппами.

Вот, собственно, и все основные выводы. Датировки в цитируемой статье все были из других исторических источников, ни одной ДНК-

генеалогической, хотя такая задача в статье и не ставилась. Статья в целом описательная. Но к статье прилагался список 17-маркерных гаплотипов, которые даже для популяционно-генетических построений не использовались. Они в статье были просто так, про запас. Мы ими здесь и воспользуемся.

То, что на Коморских островах не обнаружено гаплотипов R1b, ни одного из 381, в целом не удивительно. Они могли бы появиться из Ирана, но в Иране этих гаплотипов и сейчас очень мало, а 1,5 тыс. — 1 тыс. лет назад, судя по данным, и вообще не было. Гаплогруппа R1b шла из Центральной Азии (из Южной Сибири), по северной дуге, через современный Северный Казахстан до Русской равнины, прошла через Кавказ до Анатолии, Леванта, возможно, Месопотамии, но в Иране были только «визитеры» с запада, да и то, видимо, только в относительно недавнее время.

Напротив, на Коморских островах есть гаплогруппа R1a, причем гаплотипы заметно отличаются от тех, что на Русской равнине. Они, видимо, характерны для древнего миграционного пути R1a по южной дуге, а именно через Индию, Афганистан, Иран, Анатолию и далее на Балканы, в Европу. Их потомки и могли попасть на Коморские острова.

Посмотрим на гаплотипы. Сразу отметим, что базовый гаплотип гаплогруппы R1a Русской равнины в 17-маркерном формате записывается следующим образом:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 17 — 15 14 20 12 16 11 23.

Число мутаций для 17-маркерных гаплотипов составляет от 0,34 до 0,35 мутации на маркер по разным выборкам, и, соответственно, возраст общего предка Русской равнины варьируется от 4750 лет до 4,9 тыс. лет. Для 12 коморских 17-маркерных гаплотипов базовый гаплотип имеет вид:

13 24 15 11 12 14 10 13 11 18 — 16/17 14 19 12 15 11 23.

Как видно, это совершенно другой базовый гаплотип R1a, чем на Русской равнине. Все 12 гаплотипов имеют 104 мутации, то есть 0,510 мутации на маркер, намного больше, чем для гаплотипов Русской равнины. Это дает  $0,510/0,00215 = 237 \rightarrow 316$  поколений, или  $7900 \pm 1100$  лет, до общего предка.

Семь-восемь мутаций между двумя базовыми гаплотипами R1a — коморским и Рус-

ской равнины — разводят общих предков на 6025–7125 лет и помещают ИХ общего предка на 9,4 тыс. — 10 тыс. лет назад. Можно только предполагать, что это древний общий предок R1a, продвигавшийся по Иранскому нагорью и Малой Азии на Балканы, потомки которого прибыли и на Коморские острова, и на Русскую равнину. Действительно, эта датировка — около 10 тыс. лет назад — типична для археологических стоянок в Малой Азии, причем их датировка падает с востока на запад, с типичными временами 10,2 тыс., 9,8 тыс. и 9 тыс. лет назад (Клёсов, 2010).

Для 3 гаплотипов R1a\*-SRY10831a статистики, конечно, нет, и можно провести всего лишь грубую оценку гаплотипа их ближайшего общего предка и того, когда этот предок жил. Его ориентировочный гаплотип:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 17 — 16 14 20 12 15 11 23

всего лишь на 2 мутации отклоняется от базового гаплотипа Русской равнины, все 3 гаплотипа имеют от него в сумме 15 мутаций, что дает  $15/3/0,0365 = 137 \rightarrow 160$  поколений, то есть  $4000 \pm 1100$  лет назад для жизни общего предка. Две мутации разницы помещают их общего предка примерно на 5175 лет назад, естественно, с большой погрешностью, как минимум  $5175 \pm 1500$  лет назад. Это вполне может быть выходец с Русской равнины, из тех ариев (гаплогруппа R1a), которые добрались до Ирана и до Аравийского полуострова. Судя по имеющимся данным, они были перемешаны с R1a\* и времена их общих предков при миграциях могли совпадать.

Таким образом, даже небольшое количество гаплогруппы R1a на удаленных островах Индийского океана, являющихся частью арабского мира, может дать сведения, пусть предварительные, о древних миграциях носителей гаплогрупп, в данном случае гаплогруппы R1a.

## 94. НАГАЙБАКИ (УСТАР. УФИМСКИЕ НОВОКРЕЩЕНЫ)

Нагайбаки — коренной малочисленный народ Сибири, который относят к татарам и численность которого, по данным Всероссийской переписи населения, составляет немногим более 8 тыс. человек. Из них 95 % проживают в Челябинской об-

ласти, еще 2 % — в Тюменской области, примерно столько же — в Ханты-Мансийском автономном округе, и это уже составляет около 99 % от всех нагайбаков. Данных по их ДНК-тестированию найти не удалось.

## 95. КОРЯКИ

Коряки — коренное население Камчатки, где из 8 тыс. коряков, по данным Всероссийской переписи населения, проживают 83 % их общего числа, еще 11 % — в Магаданской области, остальные несколько процентов расселены по разным регионам Сибири, Урала, Дальнего Востока — Чукотском автономном округе, Хабаровском крае, Приморском крае, Красноярском крае, Якутии, Свердловской области и других регионах. Данных по их ДНК-тестированию найти не удалось.

## 96. ДОЛГАНЫ

По данным Всероссийской переписи населения, число долганов в Российской Федерации составляет около 8 тыс. человек. Из них три четверти проживают в Красноярском крае, из них почти все в Таймырском Долгано-Ненецком районе, еще 24 % — в Якутии. Долганы официально считаются коренным населением Таймыра.

Состав гаплогрупп долганов приведен в табл. 94.

**Таблица 94.** Состав гаплогрупп долганов, по данным статьи Tambets\* et al. (2018)

Гаплогруппа	Статья* 67 чел.%, %
C2-M217	37
N1a	34
N1a1	22
N1a (xN1a1)	12
R1a	16
O	4,5
G	3
R1b	1,5
I-M170	1,5
E1b	1,5

\* Tambets K. et al. *Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations* // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

С эвенками у долганов сходства больше, чем у якутов, но отличия весьма заметные. У эвенков в среднем 60–70 % гаплогруппы C2-M48, у долганов — 37 % гаплогруппы C2-M217. В принципе, это одна и та же линия, так что разница может быть вызвана простым недотипированием субклада M48 у эвенков:

C-M130 > **C2-M217** > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > **M48**.

Однако разница между долей гаплогруппы C2 у долганов и эвенков все равно остается необъясненной. Конечно, можно выдвинуть предположение, что выборки разные (правда, у эвенков пять выборок в табл. 70, а у долганов всего одна), но таким способом разницу, строго говоря, не объяснить.

Доля гаплогруппы N1a у долганов и эвенков сопоставимая, но большего сказать нельзя из-за вариации этой доли у эвенков. Гаплогруппы R1a у долганов определено больше (16 %), чем у эвенков (1 %, 5 %, 10 % и 14 %, табл. 70), но вариации у последних такие, что четкого вывода сделать все равно нельзя. В целом, для данных выборок близкое родство долганов и якутов можно отвести, но долганов и эвенков пока сблизить или развести не удастся. Надо ждать новых, более детальных данных.

## 97. СИБИРСКИЕ ТАТАРЫ

По данным Всероссийской переписи населения, количество людей, записавших себя в сибирские татары, с учетом более десятка их подгрупп (бараба, бухарцы, заболотные татары, калмаки, тарские татары, туралинцы, чаты, эуштинцы и другие), насчитывается около 6,8 тыс. человек. Их еще называют татарами Западной Сибири, поскольку они в основном проживают в областях Кемеровской, Курганской, Новосибирской, Омской, Свердловской, Тюменской, Томской и других.

В работе А. Т. Агджоян и др. «Генофонд сибирских татар: пять субэтносов — пять путей этногенеза» (Молекулярная биология. 2016. Т. 50. №6. С. 978–991) изучали состав гаплогрупп пяти субэтносов сибирских тоболо-иртышских татар — искеро-тобольских, иштякско-токузских, бухарцев, ялуторовских и заболотных татар. Усредненные данные по всем пяти субэтносам приведены в табл. 95, и данные по самим субэтносам — в табл. 96.



**Таблица 95.** Состав гаплогрупп сибирских тоболо-иртышских татар, по данным статьи, ссылка на которую дана в тексте выше (Агджоян и др., 2016)

Гаплогруппа	388 чел., %
N1a	32
N1a2b-P43	21
N1a1-M46	11
R1a	14
Z93*	12
M458	2
Q-M242	11,5
G2a	11,3
P303	9,2
J2-M172	10
J2b-M102	3,4
R1b	4,3
P-297	2,8
M269	1,5
I2a-P37.2	3,1
C2**	2,3
M48**	2
M217**	0,3
E1b	2,2
H1a-M69	1,8
O-M175	1,8
O1b-P31	0,6
O2-M122	0,3
O2a-M134	0,9
J1-M267	1,7
R2a-M124	1,7
I-M170	0,9
L1b-M317	0,9

\* В цитируемой статье здесь стоит R1a-M198 с примечанием «отсутствие мутаций во всех изученных внутренних гаплогруппах». Это неверно, так как следующая за ней «внутренняя гаплогруппа» — это M458, приведенная ниже в таблице. Поэтому наиболее вероятной гаплогруппой здесь является Z93, которой, как известно, у татар много. Но в статье ее не определяли.

\*\* Та же ошибка сделана в цитируемой статье и с гаплогруппой C2. Здесь — бессмыслица, так как содержание гаплогруппы M217 не может быть меньше, чем субклада M48, последний — нижестоящий субклад первого. В статье же указано, что M217 показывает «отсутствие мутаций во всех изученных внутренних гаплогруппах». Возможно, это доля субклада M217 за вычетом доли субклада M18, но в статье это не пояснено. Впрочем, поскольку среди авторов статьи Балановские, то удивляться не приходится. Их статьи отличаются крайней неряшливостью.

Если мы сравним состав гаплогрупп среди «усредненных» сибирских тоболо-иртышских татар и татар к западу от Уральских гор, то картина получится неоднозначная. Хотя и там и там основными по численности гаплогруппами являются N1a и R1a (в сумме составляют 46 % у первых и 41–52 % у вторых — по двум разным выборкам, то есть доли сопоставимы), то у татар Поволжья (будем так упрощенно называть татар Русской равнины) гаплогруппа R1a численно стоит на первом месте, с превышением в полтора раза. У сибирских татар картина обратная, гаплогруппа N1a на первом месте, с превышением более чем в два раза. Более того, у сибирских татар доминирует северный субклад N1a2b-P43, что довольно типично для сибирских народов, а у татар Поволжья доминирует субклад N1a1-M46, как и повсюду на Русской равнине. Аналогично, у сибирских татар почти полностью преобладает субклад R1a-Z93, тоже типичный для Сибири, но для татар Поволжья, хотя Z93 заметно выражен, особенно по сравнению со славянами, в целом в группе R1a не доминирует.

Гаплогруппы Q, тоже типичной для Сибири, довольно много у сибирских татар (11,5 %) по сравнению с татарами Поволжья (2,0–2,8 %), хотя доли гаплогруппы G2a сопоставимы — 11,3 % у сибиряков по сравнению с 3,5–9 % для татар Поволжья.

Остальные гаплогруппы сравнивать большого значения не имеет — их доля либо сопоставима (J2 — 10 % и 16 %, R1b — 6–8 % и 4 %, I2a — 3,1 % и 3,5 %, C — 2,1 % и 2,3 %, E1b — 2,2 % и 3,8 %, O — 2,1 % и 1,8 %), либо их доли малы для разумного сопоставления. В целом, если ориентироваться на основные по численности гаплогруппы и принимать во внимание историческую динамику миграций, то сибирские татары определенно связаны по происхождению с татарами Поволжья.

К сожалению, это не учли авторы цитируемой здесь статьи, к которым относятся популяционные генетики Балановские. Мало того, что они опять называют гаплогруппы и сипы «генофондом», что совершенно неверно (мы это обсуждали выше, а также — подробно — в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» (М.: Книжный мир, 2016)), к генам гаплогруппы и сипы никакого отношения не имеют, а генофонд по определению это «пул генов», но они в статье рассмотрели не гены,



а доли гаплогрупп у татар на западе и востоке, и пришли к выводу, что у них нет «генетического единства». Вот к чему приводит формальное, «прямолинейное» рассмотрение неких чисел, без их исторического анализа и при фактическом отсутствии научной школы у популяристов, возглавляемых Балановскими.

Это же касается «монгольского следа» у сибирских татар. Достаточно было взглянуть на долю гаплогруппы С у сибирских татар, равную 2,3 %, чтобы эту версию исключить. Авторы же цитируемой статьи посвятили страницы этому вопросу и в итоге пришли к тому же выводу.

Детально разбирать все пять субэтносов сибирских тоболо-иртышских татар, перечисленных выше, по 38 гаплогруппам и субкладам, как

проведено в цитируемой статье, чтобы прийти к тому же выводу, который мы сделали выше, большого смысла не имеет. Тем более что по 12 гаплогруппам и субкладам у авторов одни нули, у большинства остальных — единицы процентов, которые авторы дают с точностью до десятых долей процента (что математически бессмысленно для выборок в 70–80 человек; десятые доли процентов имеют смысл только для выборок как минимум в 1 тыс. человек, поскольку для выборок в 70–80 человек погрешность составляет более процента). Например, в табл. 96 многочисленные 1,2 %, 1,3 %, 1,4 %, 1,5 % — это все на самом деле один человек из выборки.

В табл. 96 приведены данные для пяти указанных этносов.

**Таблица 96.** Состав гаплогрупп сибирских тоболо-иртышских татар по их пяти субэтносам, ссылка на статью дана в тексте выше (Агджоян и др., 2016)

Гаплогруппа	Искеро-тобольские, 68 чел., %	Иштыяско-токуз- ские, 69 чел., %	Бухарцы, 79 чел., %	Ялуторовские, 86 чел., %	Заболотные, 86 чел., %
N1a	23,5	14,5	16,5	16,3	89,5
N1a2b-P43	8,8	2,9	8,9	3,5	80,2
N1a1-M46	14,7	11,6	7,6	12,8	9,3
R1a	23,6	15,9	14	17,4	1,2
Z93*	22,2	13	12,7	11,6	1,2
M458	1,5	2,9	1,3	5,8	0
Q-M242	16,7	37,7	0	3,5	0
G2a	3,5	7,3	40,5	4,7	0
P303	1,5	5,8	35,4	3,5	0
J2-M172	1,5	1,4	6,3	13,9	2,3
J2b-M102	0	0	6,3	8,1	2,3
R1b	2,9	2,9	5,1	7	0
P-297	2,9	2,9	1,3	3,5	3,5
M269	0	0	3,8	3,5	0
I2a-P37.2	0	11,6	3,8	0	0
C2**	1,5	2,9	1,3	5,8	0
M48**	1,5	2,9	0	5,8	0
M217**	0	0	1,3	0	0
E1b	0	0	8,9	2,3	0
H1a-M69	8,8	0	0	0	0
O-M175	1,5	2,9	1,3	0	3,5
O1b-P31	0	2,9	0	0	0
O2-M122	1,5	0	0	0	0
O2a-M134	0	0	1,3	0	3,5
J1-M267	1,5	1,4	0	5,8	0
R2a-M124	7,4	0	0	1,2	0
I-M170	2,9	1,5	0	0	0
L1b-M317	2,9	1,4	0	0	0

Несмотря на выбросы некоторых данных, например, гаплогруппы Q у иштыкско-токузских татар (38 %) или гаплогруппы G2a-P303 у татар-бухарцев (35 %), которые определенно имеют свои локальные причины, во всех пяти субэтнотесах татар картина принципиально сходная — наибольшая доля гаплогрупп у всех, и в сумме гаплогрупп N1a и R1a, с их противоположными направлениями миграций. К сожалению, в цитируемой статье не определяли гаплотипы, которые позволили бы определить датировки общих предков гаплотипов Q и G2a-P303, дающие «выбросы». С большой вероятностью это — недавние общие предки, которые не имеют прямого отношения к происхождению сибирских татар.

## 98. ВЕПСЫ

Число вепсов, по данным Всероссийской переписи населения, составляет в РФ около 6 тыс. человек. Из них 58 % проживают в Карелии, еще 23 % — в Ленинградской области, 7 % — в Вологодской области, в сумме это уже составляет 88 % от всех вепсов в РФ. Вепсы официально считаются коренным малочисленным народом Севера, Сибири и Дальнего Востока Российской Федерации.

Состав вепсов по гаплогруппам приведен в табл. 97.

**Таблица 97.** Состав гаплогрупп вепсов, по данным статьи Tambets\* et al. (2018)

Гаплогруппа	Статья* 39 чел. *, %
N1a	56
N1a1	38
N1a (xN1a1)	18
R1a	36
I-M170	5,1
R1b	2,6

\* Tambets K. et al. *Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations* // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

Отсутствие в литературе гаплотипов вепсов не позволяет, к сожалению, выяснить датировки

общих предков современных вепсов гаплогрупп I и R1b и, соответственно, их происхождение у вепсов.

## 99. АФГАНЦЫ (ПУШТУНЫ)

Согласно Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 5350 афганцев, которые в материалах переписи проходят также под названиями пуштунов, хазарейцев и нескольких других. В принципе, пуштуны и хазарейцы — это разные афганские племена, и по материалам Библиотеки Конгресса США, Federal Research Division (2001), в состав племен Афганистана входят пуштуны (42 % от всех) и хазарейцы (9 % от всех) (Клёсов А. А., Саидов Х. С. Евреи и пуштуны Афганистана. М.: Концептуал, 2015. с. 442). Поэтому в настоящей главе мы приведем состав по гаплогруппам как пуштунов, так и хазарейцев.

Для начала, во избежание путаницы, дадим несколько определений. Пуштуны, проживающие в Афганистане, — по определению афганцы, тем более что пуштуны — это крупнейшая этническая группа в стране. Согласно «Энциклопедии Ираника» (<http://www.iranicaonline.org/articles/search/keywords:Afghan>), афганец — это любой житель Афганистана, вне зависимости от его этнической, племенной или религиозной принадлежности. Надо полагать, что это включает пуштунов, проживающих на территории Афганистана. Поэт XVII в. Хушаль-хана Хаттака писал на пуштунском языке в книге «Страсть Афгана» (*«Afghan Poetry of the 17th Century: Selections from the Poems of Khushal Khan Khattak»*: *Арабы знают это, и знают римляне: афганцы — это пуштуны, пуштуны — это афганцы!*). Далее, мы будем использовать историко-географическое понятие «Бактрия», или «историческая Бактрия». Она располагалась на сопредельных территориях Узбекистана, Таджикистана и Афганистана между горной цепью Гиндукуш на юге и Ферганской долиной на севере. Название Бактрия исчезло из исторических хроник с IV в. н. э., но территория исторической Бактрии, естественно, осталась, как остались и прямые потомки древних бактрийцев, в первую очередь современные пуштуны и таджики.

**Таблица 98.** Состав гаплогрупп у пуштунов и хазарейцев, по данным, Клёсов А. А., Саидов Х. С. Евреи и пуштуны Афганистана. М.: Концептуал, 2015. С. 442–444

Гаплогруппа	Пуштуны 153 чел., %	Хазарейцы, 161 чел., %
R1a	54	6,8
G	9,8	4,4
L	9,2	2,5
Q	8,5	5,6
H	7,8	5,6
J2	3,9	17
R2	2,6	0
C	1 и менее	35
R1b	1 и менее	7,5
E	0	6,2
I2	0	3,1
O	1% и менее	2,5
J1, T, D, N	1 и менее	0

Таблица 98 показывает, что состав гаплогрупп у пуштунов и хазарейцев принципиально различный. Если более половины пуштунов имеют гаплогруппу R1a, то у хазарейцев она минорная, и максимальная доля последних имеет гаплогруппу C (35 %). На втором месте у хазарей-

цев — гаплогруппа J2 (17 %), которая относится к минорным по численности у пуштунов (3,9 %). Такой же разнотой наблюдается по всем остальным гаплогруппам.

В цитируемой выше книге был проведен анализ гаплотипов гаплогруппы R1a исторической Бактрии, воспроизведем отсюда наиболее значимые результаты и выводы.

На рис. 203 представлено дерево гаплотипов Бактрии в 39-маркерном формате гаплотипов.

Мы видим, что ветвь справа содержит максимальное количество гаплотипов пуштунов, это субклад R1a-Z2124. В ветви 33 гаплотипа, 24 из которых пуштунские (73 %), 5 туркменских, 3 узбекские и 2 хазарейца. При этом 5 гаплотипов из них (4 пуштунских гаплотипа и 1 туркменский) образуют совсем малую плоскую ветвь (направление на 1 час), в которых всего 2 мутации на 5 гаплотипов по 39 маркеров (то есть суммарно 2 мутации на 195 маркеров), что дает  $2/5/0,07 = 6$  условных поколений, или примерно 150 лет, до общего предка (0,07 — константа скорости мутации для 39-маркерных гаплотипов в числе мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет). Это — совсем недавнее ответвление,



**Рис. 203.** Дерево 108 гаплотипов гаплогруппы R1a Бактрии в 39-маркерном формате. Более молодая ветвь (справа) из 33 гаплотипов — субклад R1a-Z93-Z2124, слева — более старая ветвь субклада R1a-Z93

несколько поколений назад. Остальные 28 гаплотипов (из которых 20 пуштунские, 4 туркменские, 2 узбекские и 2 хазарейцы) имеют 79 мутаций, что дает  $79/28/0,07 = 40 \rightarrow 42$  условных поколения, или  $1050 \pm 160$  лет, до общего предка. Базовый (то есть предковый) гаплотип в 39-маркерном формате такой:

13 24 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 23 14 20 32 11 13 19 23 15 14 11 15 13 11 30  
12 16 24 14 9 24 11.

Это — субклад R1a-Z93-Z2124. Базовый гаплотип малой плоской ветви:

13 24 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 23 14 20 32 11 12 19 23 15 14 11 14 13 11 30  
12 15 23 14 9 23 11

похож на предыдущий гаплотип, но отличается от него на 6 мутаций (отмечены), это родственная ДНК-линия, просто сравнительно недавняя. Расчеты показывают, что эти два базовых гаплотипа расходятся на  $6/0,07 = 86 \rightarrow 95$  условных поколений, то есть примерно на 2375 лет, и общий предок обеих ветвей жил  $(2375 + 1050 + 150)/2 = 1790$  лет назад, то есть в начале нашей эры. Расчеты по 17-маркерным гаплотипам, менее точным, дали датировку для общего предка обеих ветвей примерно 1,7 тыс. лет назад, что то же самое в пределах погрешности расчетов (5 % разницы, что вполне приемлемо для подобных расчетов).

Если из 28 оставшихся гаплотипов ветви снять гаплотипы туркмен, узбеков и хазарейцев и оставить только 20 пуштунских гаплотипов, то базовый гаплотип останется тем же, и на все 20 гаплотипов окажется 57 мутаций. Это дает  $57/20/0,07 = 41 \rightarrow 43$  условных поколения, или  $1075 \pm 180$  лет, до общего предка пуштунов. Это — X в. плюс-минус пара веков. Как видно, это практически совпадает с приведенной выше датировкой, куда входили туркмены, узбеки и хазарейцы (1050 и 1075 лет назад соответственно). Это показывает, что у всей этой группы общий предок гаплогруппы R1a-Z2124 один и тот же.

Намного более древняя ветвь субклада R1a-Z93 имеет возраст  $4800 \pm 760$  лет. В нее входят в основном таджики (которых не было в ветви Z2124), узбеки и пуштуны. Базовый гаплотип ветви в 17-маркерном формате:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 31 — 15 14 20 12 15  
11 23.

Он отличается на 4 мутации от базового гаплотипа субклада Z2124 в Бактрии, что эквивалентно  $4/0,0365 = 110 \rightarrow 125$  условным поколениям, или примерно 3125 годам, между общими предками субкладов Z93 и Z2124. Это помещает их общего предка примерно на  $(3125 + 4800 + 750)/2 = 4300$  лет назад. Это и есть возраст субклада Z93 в пределах погрешности расчетов.

Евреев гаплогруппы R1a-Z2124 в этой общей выборке из 335 гаплотипов не обнаружено. Хотя они имеют тот же самый субклад (Z2124), что и пуштуны, но этот субклад пришел к евреям и пуштунам разными путями. Источник, понятно, один и тот же, поскольку у субклада Z2124 должен быть один предок, но потомки разошлись по разным направлениям. В итоге современные евреи гаплогруппы R1a-Z93-Z2124 находятся в нижестоящих субкладах, начиная с CTS6, как описано в главе «Евреи» выше, с возрастом общего предка  $1300 \pm 200$  лет, в котором афганцев не обнаружено.

По гаплогруппам и (реже) гаплотипам пуштунов было опубликовано несколько статей, но они уже устаревшие (2001–2006 гг.), содержат короткие гаплотипы (7-маркерные, иногда 16-маркерные), как правило, в неудобном формате, и приводимый состав гаплогрупп пуштунов (в относительно небольших выборках) не отличается заметно от того, что приведен в табл. 98. Эти устаревшие данные рассмотрены в статье Ж. Сабитова «Этногенез пуштунов (афганцев) с точки зрения популяционной генетики» (*The Russian J. Genet. Geneal.* 2010. Т. 2. №3. С. 60–63) в виде компиляции и интереса для настоящей главы не представляют.

## 100. ТУРКИ-МЕСХЕТИНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживает примерно 4,8 тыс. турок-месхетинцев, предки которых переехали в Россию из исторической Месхетии на юге Грузии, сейчас эта территория — часть края (мхаре) Самцхе-Джавахети, граничащего с Турцией и Арменией.

Данных по гаплогруппам-гаплотипам турок-месхетинцев очень мало. В «Грузинском проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/georgia/default.aspx?section=yresults>) среди многих сотен гаплотипов имеются гаплотип

месхетинца гаплогруппы J2-M172, гаплотип турка-месхетинца (из Турции) гаплогруппы L-M20 и еще один гаплотип жителя Самцхе-Джавахети гаплогруппы J2-M172. Гаплотип последнего представлен в 12-маркерном формате, но он определенно родственен с гаплотипом месхетинца:

12 23 14 10 12 15 11 15 12 13 11 30,

12 23 14 11 12 15 11 15 12 14 11 32.

Между ними 3 мутации, что эквивалентно  $3/0,02 = 150 \rightarrow 171$  условному поколению, или примерно 4275 годам, и поскольку оба гаплотипа современные, их общий предок жил на половине этой временной дистанции, то есть примерно 2,1 тыс. лет назад, на переходе старой эры в новую.

## 101–102. КАРАТИНЦЫ И БОТЛИХЦЫ

Обе народности родственны друг другу, а также рассмотренным выше андийцам и ахвахам, входят в состав аварцев в виде соответствующих субэтнотипов. Все они практически полностью проживают в границах Дагестана, то есть входят в состав Российской Федерации. Их численность, по данным Всероссийской переписи населения, составляет соответственно около 4,8 тыс. и немногим более 3,5 тыс. человек.

Сведений по их гаплогруппам найти не удалось, в «Дагестанском проекте» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/dagestan?iframe=yresults>) их представители не числятся.

## 103. НИВХИ

По данным Всероссийской переписи населения, число нивхов в РФ составляет около 4650 человек. Нивхи подразделяются на материковых и островных. Первые живут в основном в Хабаровском крае, около устья р. Амур, вторые — в северной части о. Сахалин. По численности обе группы почти одинаковы, на Сахалине проживают 48 % нивхов, в Хабаровском крае — остальные 52 % нивхов Российской Федерации.

Состав сахалинских нивхов по гаплогруппам приведен в табл. 99.

Основная гаплогруппа нивхов, C2-M217, является типичной для многих сибирских народов, ее имеют эвены (74 %), эвенки (40–70 % по раз-

ным выборкам), долганы (37 %), тувинцы (15–17 %), алтайцы (11–22 %), но, например, у якутов и хакасов этой гаплогруппы мало (2–4 %). Есть она у среднеазиатских и монгольских народов, казахов, калмыков, бурят, корейцев.

**Таблица 99.** Состав гаплогрупп у нивхов Сахалинской области, по данным В. Н. Харькова (Автореферат докторской диссертации «Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы», Томск, 2012) и Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. Р. 139. Устаревшая номенклатура гаплогрупп и субкладов заменена на номенклатуру 2020 г. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Данные Харькова (2012 г.), 52 чел., %	Данные Tambets (2018 г.), 10 чел., %
C2-M217	71	40
Q-M242	15,4	10
Q1b1-M19	7,7	н/п
Q(xQ1b-M346)	7,7	н/п
D-M174	5,8	10
O*-M175	3,8	20
O1b-M268	1,9	н/п
N1a1	1,9	0
I-M170	0	10
R1a	0	10

Между двумя выборками в табл. 99 есть безусловный разнобой, но надо учесть, что данные Tambets et al. были получены на выборке всего в 10 человек. Тем не менее то, что доминирующей по численности гаплогруппой у нивхов является C2-M217, в обеих выборках качественно воспроизводится.

## 104. УДИНЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 4,3 тыс. удинов, малого народа Восточного Кавказа. Из них 44 % проживают в Ростовской области, 18 % — в Краснодарском крае, еще 8 % — в Волгоградской области, это уже в сумме составляет более двух третей всех удинов.

Сведений по их гаплогруппам найти не удалось.



## 105. ИНДИЙЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, количество индийцев, проживающих в РФ, составляет чуть больше 4 тыс. человек. Выборки по индийцам всегда неоднородны, потому что почти не учитывается население, проживающее в джунглях, внекастовое население (хотя каст сейчас в Индии формально нет) и потому что тесты на ДНК проходит только та небольшая часть населения, которая может это себе финансово позволить. Поэтому данные «Проекта индийского субконтинента» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/India?iframe=yresults>) смещены в сторону людей с непропорционально большим достатком по сравнению со «средними» индийцами. С другой стороны, именно эти индийцы живут в Российской Федерации, к тому же в очень небольшом количестве. Понятно, что они не проживают компактно в каком-либо отдельном регионе России.

В табл. 100 приведен состав индийцев по гаплогруппам. Поскольку данная глава книги посвящена только индийцам, то данные Проекта были довольно значительно сокращены и оттуда удалены многочисленные гаплотипы из Пакистана, Бангладеш, Непала, Бутана, Шри-Ланки, а также многих европейских и азиатских стран, включая Болгарию, Грецию, Бельгию, Италию, Нидерланды, Германию, Англию, Россию, Турцию, Саудовскую Аравию, Афганистан, Азербайджан и многие другие. В итоге из 641 гаплотипа Проекта остались 344, включая гаплотипы от 12- до 111-маркерных, 183 гаплотипа в 37-маркерном формате или 111 гаплотипов в 67-маркерном формате.

Мы видим, что у индийцев с большим перевесом преобладает гаплогруппа R1a, причем, как показано ниже, почти исключительно субкладов R1a-Z93-Z2123 и R1a-Z93-L657. Это перекрестно согласуется по данным Проекта FTDNA и по числу сніпов из гаплогрупп в списке YFull.

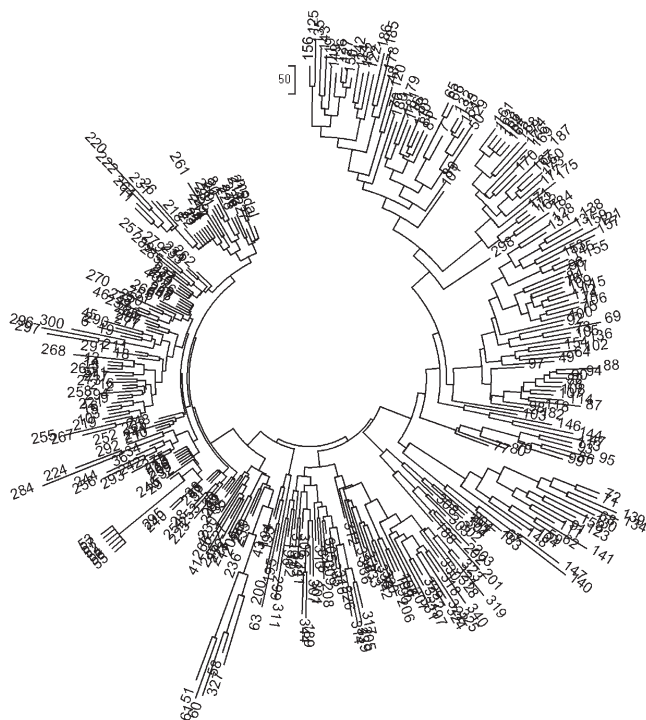
Приведем деревья гаплотипов индийцев в 12-, 37- и 67-маркерных форматах гаплотипов. Сделаем это с образовательной целью — видно, насколько невыразительно и бессистемно дерево в 12-маркерном формате (рис. 204). Дело в том, что 12-маркерные гаплотипы очень чувствительны к мутациям в них, и каждая мутация меняет положение гаплотипа, причем часто меняет значительно. В результате получается «рваное» дерево,

в котором ветви накладываются друг на друга и их трудно анализировать. В этом случае, 12-маркерных гаплотипов, доминирующая по численности ветвь гаплогруппы R1a в целом занимает почти всю левую половину дерева, но часть гаплотипов разбросана по разным частям дерева.

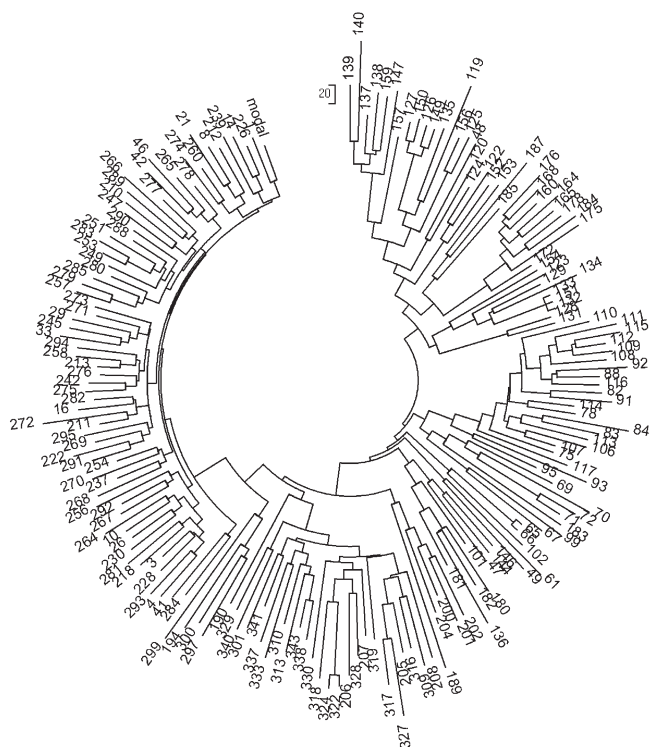
**Таблица 100.** Состав индийцев, по данным «Проекта индийского субконтинента» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/India?iframe=yresults>), и число сніпов из Индии по каждой гаплогруппе, приведенное в списке YFull (<https://www.yfull.com/tree/>)

Гаплогруппа	Проект FTDNA 344 чел., %	Число сніпов в списке YFull
R1a	40	72
R1a-Z93	40	71
H-M82	13	53
R2	13	30
J2	12	41
J2a	н/п	17
J2b	н/п	24
L1-M22	7	30
Q	5	11
C	4	14
C1-F3393	н/п	13
C2-M217	н/п	1
G	1,7	5
R1b	1,5	5
J1	0,9	2
O	0,9	7
F	0,9	1
E	0,3	0
N	0,3	2
T	0,3	1
D	0	5
I1	0	0
I2	0	0

На 67-маркерном дереве ветви сглаживаются за счет лучшей статистики по числу маркеров в ветви. Так, в 12-маркерном формате 136 гаплотипов гаплогруппы R1a включали 1632 маркера, а в 67-маркерном формате 33 гаплотипа включали 2211 маркеров. Это привело к тому, что все 33 гаплотипа группы R1a в последнем случае образовали одну плавную ветвь, которая хотя и состоит из двух плавных же подветвей, но размеры обеих близки друг к другу. Анализ таких ветвей дает более точные и надежные результаты.



**Рис. 204.** Дерево из 344 гаплотипов в 12-маркерном формате выборки из Индии, по данным Индийского проекта FTDNA. Гаплогруппа R1a занимает почти всю левую часть дерева, общим числом 136 гаплотипов из 344 (40 % от всех)



**Рис. 205.** Дерево из 183 гаплотипов в 37-маркерном формате выборки из Индии, по данным Индийского проекта FTDNA. Гаплогруппа R1a занимает почти всю левую часть дерева (между гаплотипами под номерами 226 в верхней части ветви и 41 в нижней части ветви)

## Гаплогруппа R1a

В Индийском проекте есть 33 гаплотипа группы R1a в 67-маркерном формате. Соответствующая ветвь дерева на рис. 206 подразделяется на две слабо выраженные подветви, одна (верхняя часть ветви) с общим предком  $4180 \pm 450$  лет назад, другая —  $3605 \pm 420$  лет назад. Разница в базовых гаплотипах подветвей тоже слабо выражена и сводится к нескольким маркерам, различающимся на дробные (меньше единицы в среднем) величины мутаций. Поскольку число гаплотипов в подветвях мало (18 и 15 соответственно), то эти различия в каждом отдельном случае не могут считаться достоверными, хотя различия подветвей в датировках достоверны, для этого достаточно посмотреть на сами подветви. Первая — более высокая (удаленная от основания), чем вторая, значит, более древняя. Заманчиво было бы доказать, что первая датировка относится к территориям к северу от Индии (Южный Урал, Русская равнина), а вторая соответствует дате прихода ариев в Индию, но пока малая статистика данных не позволяет это сделать.

Если рассматривать обе подветви без их разделения, с общим числом гаплотипов 33, то датировка общего предка ветви составит  $4120 \pm 450$  лет назад, базовый гаплотип следующий:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 31 — 16 9 10  
11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 12 19 23 15  
16 18 19 35 39 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11  
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11  
13 11 11 12 13.

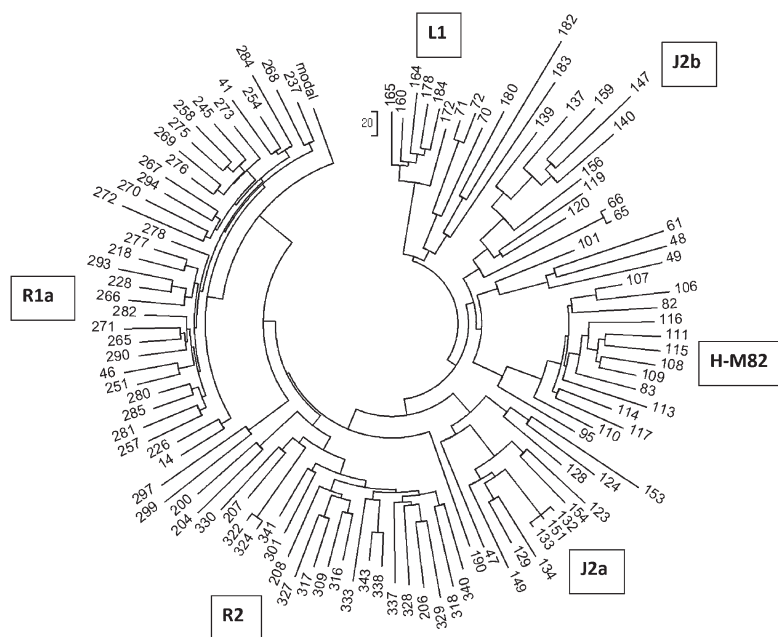
В 111-маркерном формате было 13 гаплотипов, и их базовый гаплотип был следующим:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 31 — 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 12 19 23 15 16  
18 19 35 39 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 13  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Датировка общего предка для 111-маркерных гаплотипов  $3830 \pm 425$  лет назад, что согласуется с датировкой для 67-маркерных гаплотипов ( $4120 \pm 450$  лет назад) в пределах погрешности расчетов.

Сравним его с предковым гаплотипом этнических русских гаплогруппы R1a-Z280, общий предок которых жил, как указывалось в соответствующей главе, примерно 4,9 тыс. лет назад:

13 25 16 **11** 11 14 12 12 10 13 11 **30** — **15** 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 12 19 23 **16** 16  
18 19 35 **38** **14** 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 **12**



**Рис. 206.** Дерево из 110 гаплотипов в 67-маркерном формате выборки из Индии, по данным Индийского проекта FTDNA. Гаплогруппа R1a занимает значительную часть левой части дерева (между гаплотипами под номерами 237 в верхней части ветви и 14 в нижней части ветви), общим числом 33 гаплотипа из 110. Показаны также наиболее многочисленные гаплогруппы в Индии согласно данной выборке

12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 **13** 24 13 9 10 19 15  
**20** 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Между ними — 9 мутаций, что разводит их общих предков (индийского и русского) на  $9/0,198 = 45 \rightarrow 47$  условных поколений, или примерно 1175 лет, и их общий предок жил примерно  $(1175 + 4900 + 3830)/2 = 4950 \pm 500$  лет назад. Это — времена фатьяновской культуры или неких синхронных по времени культур, по всей очевидности на Русской равнине.

В книге «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (Клёсов А. А., М.: Концептуал, 2018. С. 235–236) подобный расчет был проведен для несколько другой выборки индийских 111-маркерных гаплотипов, и общий предок индийских и русских гаплотипов группы R1a жил примерно 5,1 тыс. лет назад, то есть в пределах погрешности расчетов, проведенных выше. Поскольку гаплогруппа R1a-Z645, которая является общим предком русских (R1a-Z645-Z280) и индийских (R1a-Z645-Z93) гаплотипов, по данным YFull, образовалась  $5400 \pm 700$  лет назад, то обе полученные датировки для общего предка русского и индийского гаплотипов группы R1a согласуются с временем образования снипа Z645, как теоретически и должно быть. Как было показано в той же книге, расчеты по 111 или 37-маркерным гаплотипам сути не меняют.

Действительно, предки будущих русских и будущих индийских гаплотипов группы R1a — близкие родственники, в пределах нескольких столетий. Более того, при наличии древней арийской топонимики на Русском севере становится ясным, что арии вовсе не замыкались в южных степях, как полагают некоторые археологи на основе материальных признаков степной и лесостепной полосы юга России и Украины. Ясно, что арии заселяли всю Русскую равнину с юга до севера, имели практически такие же гаплотипы, как и предки современных этнических русских (с общим предком всего за несколько веков до тех времен).

Поэтому, как указывалось выше, совершенно разумно считать носителей гаплогруппы R1a-Z645 ариями, как и их потомков, носителей субкладов Z93-Z94-L657, Z93-Z94-Z2123 и Z283-Z282-Z280. Они все современники друг друга. То, что арии гаплогруппы Z645-Z93 жили в средней полосе будущей России, а именно в фатьянов-

ской культуре, было показано в статье *Saag L. et al. Genetic ancestry changes in Stone to Bronze Age transition in the East European plain // bioRxiv. 2020. July.*

Вернемся к двум подветвям, образовавшимся  $4180 \pm 450$  и  $3605 \pm 420$  лет назад. В Индийском проекте FTDNA приведены несколько снипов гаплотипов этих подветвей. Некоторые из них наблюдаются в обеих подветвях, например L657, так что резкого разделения по снипам в обеих подветвях нет. Возможно, в молодой ветви снипы недотипированы, и там должны быть снипы, нижестоящие по отношению к L657. Посмотрим на эти снипы повнимательнее. Итак, снипы более древней подветви:

R1a-Z645 > **Z93** > **Z94** > Z2124 > Z2125 > **Z2123** > Y934 > Y874 > **Y43743** (2 человека),  
 R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > YP523 > **YP520** (2 человека),  
 R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657**,  
 R1a-Z645 > Z93 > Z94 > **Y40**,  
 R1a-Z645 > Z93 > **YP5585**.

Снип Z645 был найден в синташтинской археологической культуре на Южном Урале, снип Z2123 был найден в срубной археологической культуре в Самарской области, L657 имеется во множестве в странах Ближнего Востока, Y40 — у армян и ассирийцев.

Снипы более недавней подветви (с общим предком  $3605 \pm 420$  лет назад):

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657** > Y9 > Y7 > **Y30**,  
 R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657** > Y9 > Y7 > Y2568 > **Y879** > **Y878**,  
 R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y47 > **Y46**,  
 R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657** > Y4 > Y6 > Y5 > **Y920**.

Мы видим, что типирование в верхней подветви закончилось (в одном случае, гаплотип под номером 284) на снипе L657, в нижней ветви для почти всех гаплотипов с известными снипами типирование прошло глубже чем L657, до снипов, которые образовались соответственно (сверху вниз в списке выше) 28, 24, 26 и 26 снип-мутаций, или примерно 4 тыс., 3,5 тыс., 3,7 тыс. и 3,7 тыс. лет назад. Это соответствует датировке общего предка ветви в пределах погрешности расчетов.

Этот пример показывает, как рассмотрение датировок общих предков ветвей совместно с датировками образования соответствующих сніпов ветвей позволяет увидеть их согласование и понять структуру ветвей на дереве гаплотипов.

Обратим также внимание, что все гаплотипы в ветви R1a индийского дерева гаплотипов относятся к субкладу Z645-Z93 и нижестоящих сніпов, в первую очередь в линиях Z2123 и L657. Эти линии расходятся от общих сніпов Z93-Z94.

Число сніпов в списке YFull в разделе гаплогруппы R1a равно 72 (табл. 100). Все их мы, конечно, рассматривать здесь не будем. Заметим только, что все они, кроме одного, относятся к южноарийской линии Z645 > Z93, еще три проходят через Z93, но минуя Z94, и остальные 68 линий проходят через Z94 и далее расходятся на линии Z2123 и L657, как обсуждалось выше.

Единственный сніп из списка YFull, относящийся к Индии (и такой же найден в Кувейте), завершает следующую цепочку сніпов:

R1a-M420 > YP4141 > YP4132 > **YP6263**.

Это — продолжение архаичной линии сніпа YP4141, который образовался 114 сніп-мутаций, или примерно 16,4 тыс. лет, назад, и с тех пор разошелся, как и его нижестоящие сніпы, по Индостану, Передней Азии и Европе.

Еще 3 сніпа, проходящие через Z93, но минуя Z94, относятся к следующим цепочкам: R1a-Z645 > Z93 > Y34351 > BY199972 > Y34287 > **Y34286** (2 человека), R1a-Z645 > Z93 > **YP5585**.

Цепочки остальных 68 сніпов проходят через Z94, например, как в следующих десяти случаях: R1a-Z645 > Z93 > Z94 > **Y40** > Y37 > **Y61616**, R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y40 > Y37 > **BY170828**, (последний сніп найден также в Саудовской Аравии).

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657** > Y4 > Y6 > Y5 > **Y28659**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657** > Y4 > Y6 > Y5 > **Y907**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657** > Y4 > Y6 > Y5 > M624 > **Y35096**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657** > Y4 > Y6 > Y5 > **Y920** > Y888.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > **L657** > Y4 > Y6 > Y5 > **Y920** > Y906 > **Y34258** (2 человека).

И замыкает этот список из 72 сніпов индийских представителей в выборке сніска YFull следующая цепочка:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > Y15121 > FGC23228 > **Y34161**.

Последний сніп был найден в Индии и Шри-Ланке.

### ***Взаимосвязь между субкладом R1a-L657 в Индии и Ближним Востоком***

Уже достаточно ясно, что арии принесли гаплогруппу R1a, субклад Z2123 из Южного Урала в Индостан. Этот субклад прослеживается по Русской равнине до Южного Урала в серии археологических культур, и он же находится в Индии. Но субклад R1a-L657, которого много в Индии, представляет загадку — каким путем он туда попал? Северный путь в Индостан пока просматривается плохо — не найдено ни одной археологической культуры на Русской равнине до Урала, в которой был бы субклад L657. Небольшие количества его найдены у казахов (клан Бабасан, см. выше раздел «Казахи») и у уйгуров, но возможно, что он туда попал из Индии. С другой стороны, множество L657 есть на Ближнем Востоке — в Саудовской Аравии и в странах Персидского залива, и дилемма — попал он туда из Индии или, наоборот, с Ближнего Востока в Индию, остается нерешенной.

Посмотрим на гаплотипы группы R1a у арабов Ближнего Востока. Базовый (предковый) гаплотип в 111-маркерном формате там имеет вид (Клёсов А. А. Практическая ДНК-генеалогия для всех. М.: Концептуал, 2018. С. 238):

13 25 16 **11** 11 14 12 12 10 13 11 **30** — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 12 19 23 **16** 16  
18 19 **34 38** 13 11 — 11 8 17 17 8 **11** 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 **13** 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 13  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 **13** 24 13 9 10 19 15  
19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Общий предок этого гаплотипа у арабов (или их предков) жил примерно 4050 лет назад (ссылка выше). От индийского базового гаплотипа с датировкой  $3830 \pm 425$  лет назад его отделяет 9 мутаций, что эквивалентно  $9/0,198 = 45 \rightarrow 47$  условным поколениям, или примерно 1175 годам, и их общий предок жил примерно  $(1175 + 4050 + 3830)/2 = 4500$  лет назад. Эта датировка согласуется с временем рас-



хождения носителей субклада R1a-Z93 на восток, в сторону Южного Урала и затем Индии, и на юг, через Кавказ в Месопотамию и на Ближний Восток. Иначе говоря, это не противоречит тому, что субклады R1a-Z93, в том числе нижестоящего субклада L657, оказались в Индии и на Ближнем Востоке, но в каком направлении произошло перемещение этого субклада через Индийский океан — пока остается неизвестным.

Посмотрим на сніпы субкладов Z93 и нижестоящего L657 в Судовской Аравии в списке YFull, их там 34. Соответствующие цепочки следующие:

Z93 > Y34351 > **BY19972**,

Z93 > KMS149 > KMS133 > **BY55950** (2 человека),

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y40 > Y37 > **BY170828**.

Последний сніп (BY170828) найден в Саудовской Аравии и в Индии.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y40 > **YP294** (2 человека) > YP4866 > **BY30693**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > F1417 > **BY32033** > **Y151416** (3 человека).

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > **Z2124** > Z2125 > Z2123 > **YP4926**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > YP413 > **M12280**.

Последний сніп (M12280) найден в Саудовской Аравии и Кувейте.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > **Z2124** > Z2125 > Z2123 > **Y934** > YP523 > YP520 > YP527 > **YP6325** (2 человека).

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > Y874 > **Y19762**.

Последний сніп (Y19762) найден в Саудовской Аравии и в Индии.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > Y7094 > **Y65922**.

Предыдущие 20 представителей Саудовской Аравии не имели сніпа L657. Последующие 14 представителей его имеют.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y4 > Y6 > Y5 > Y920 > **YP5633** > BY113766 > **BY123407** (2 человека).

Выделенный сніп (YP5633) найден в Саудовской Аравии и в Индии.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y4 > Y6 > Y5 > Y920 > Y928 > Y895 > Y2594 > **YP6053**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y4 > Y6 > Y5 > Y920 > Y928 > Y895 > Y2594 > Z29132 > **Y31437**.

Последний сніп (Y31437) найден в Саудовской Аравии и в Индии.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > **Y45385** > **Y51106**.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > **Y2568** (2 человека) > **Y879**.

Оба выделенных сніпа найдены в Саудовской Аравии и в Пакистане.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > **Y30** (2 человека) > Z29113 > **YP6238**.

Выделенный сніп Y30 найден в Саудовской Аравии и в Индии.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > Y30 > Y29 > **YP5544**.

Последний сніп (YP5544) найден в Саудовской Аравии, Катаре и Бахрейне.

Наконец, последний представитель Саудовской Аравии относился к линии сніпов Z645 > Z283 > Z282:

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Y17491 > YP4858 > **FGC64133**.

Либо носитель этой линии сопровождал (в виде потомков) южных ариев на их пути через Кавказ на Ближний Восток, либо этот сніп был занесен в Саудовскую Аравию уже позже. Сам конечный сніп образовался 21 сніп-мутацию, или примерно 3 тыс. лет, назад.

Как видно, и в Саудовской Аравии, и в странах Персидского залива распространены субклады линий R1a-L657 и Z2123. Из списка YFull следует, что из 34 сніпов гаплогруппы R1a представителей Саудовской Аравии 13 сніпов прошли в обход той и другой линии или относились к архаичной линии, 6 прошли через Z2123, 14 прошли через L657, и еще 1 прошел мимо Z93. Здесь можно обсуждать, какие сніпы были принесены на Ближний восток ариями около 4 тыс. лет назад и какие были привезены из Индии в последующее время, а также привезены в Индию с Ближнего Востока в те же времена. Ясно, что сніпы Z2123 и L657 пересекаются и на Ближнем Востоке, и в Индии. Они были образованы соответственно 27 и 30 сніп-мутаций, или  $3900 \pm 400$  и  $4300 \pm 500$  лет, назад и могли быть унесены ариями и на восток, на Южный Урал и далее в Индию и на Ближний Восток. Проблема в том,

что на восточном направлении по ходу миграций снип L657 не обнаружен (кроме нескольких частных современных случаев), а в Индии его много. Все это вместе взятое позволяет предположить, что снип L657 был принесен на Ближний Восток, и только оттуда каботажными морскими перевозками он попал в Индию. Напротив, снип Z2123 мог попасть из Индии на Ближний Восток. Это все пока гипотезы, которые нуждаются в независимом подтверждении или опровержении.

### Гаплогруппа Н-М82

Эта гаплогруппа — вторая по численности в Индии, после R1a, если судить по выборке индийских гаплотипов в Проекте FTDNA. На дереве 67-маркерных гаплотипов (рис. 206) ветвь гаплогруппы Н-М82 находится справа, в компактном виде. Ее базовый гаплотип следующий:

12 22 15 10 15 17 11 12 12 14 11 30 17 9 9 10 12  
23 14 19 31 12 13 14 15 10 11 19 21 16 12 17 18  
34 37 12 9 11 8 16 16 8 10 10 7 11 9 13 21 22 19  
10 12 12 15 8 13 23 20 16 12 11 12 9 12 14 11,

с датировкой общего предка  $5730 \pm 650$  лет назад. От базового гаплотипа цыган гаплогруппы Н-М82 (Украина, Италия, Англия, Болгария, Молдова) с общим предком:

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 18 9 9 10 12  
24 14 19 31 12 12 14 15 11 11 19 21 15 11 18 16  
35 38 12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 20 21 18 10  
12 12 16 8 14 23 20 16 12 11 12 9 12 14 11

он отличается на 18 мутаций, что разводит их общих предков на  $18/0,12 = 150 \rightarrow 176$  условных поколений, то есть на 4,4 тыс. лет, и их общий предок жил  $(4400 + 5730 + 1200)/2 = 5700$  лет назад, что равно датировке общего предка индийских гаплотипов группы Н-М82 по используемой выборке.

В списке YFull приведены 53 снипа представителей из Индии с гаплогруппой Н. Покажем их цепочки снипов:

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > Z5867 > Z13966 > Z13973 > **P80** (2 человека),

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > Z5867 > Z13966 > Z13973 > **Z13969**,

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > Z5867 > **Z14258** > Z14308 > Y28172 > Z34492 > **Y166956**,

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > Z5867 > **Z14258** > Z14308 > Y28172 > Y62403 > **Y61050** (2 человека),

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > Z4469 > Z4487 > Z4417 > Z4414 > **Z4425** > **Z14686** (2 человека),

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > Z4469 > Z4487 > Z4417 > **Y47409**.

Первые 12 представителей Индии, конечные снипы которых приведены выше, имеют цепочки снипов, не доходящих до M82, который образовался 114 снип-мутаций, или примерно 16,4 тыс. лет, назад.

Последующие 33 представителя Индии имеют в своих ДНК-генеалогических линиях снип M82:

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > Z5870 > M197 > **M36**,

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z5871 > **Y25775** > Z14604 > **Y28192**,

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > **Z5873** (2 человека),

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > **SK1225** > **Z5875** (2 человека) > **Z5878**,

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > SK1225 > Z5875 > **M3038** (2 человека) > **Z34693** (2 человека),

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > SK1225 > Z5875 > M3038 > Z5881 > Z5882 > **FGC54719**,

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > SK1225 > Z5875 > M3038 > Z5881 > Z5882 > **Z5883** > **Z5884** > **Z34721**,

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > SK1225 > **Z5885** > Z4490 > **Z4489** > **Z4542**,

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > SK1225 > Z5885 > **Z4507** > **Z12547** > **Z12537** (2 человека),

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > SK1225 > Z5885 > Z4507 > **Z5888** > Z5889 > Y33670 > **Y33651** > **Y33652** (3 человека),

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > SK1225 > Z5885 > Z4507 > Z5888 > Z5889 > Z12533 > **Z5890** > **CTS8144** (2 человека),

Н-L901 > M2826 > H1a-M69 > H1a1-M52 > M82 > M2914 > Z4361 > SK1225 > Z5885 > Z4507 > Z5888 > Z5889 > Z12533 > Z5890 > **Z5891**.

Замыкают этот список еще 8 представителей Индии ДНК-генеалогической линии снипа H3-Z5857 (образовался 301 снип-мутацию, или примерно 43 тыс. лет, назад):

H-L901 > M2826 > H3-Z5857 > H3b-Z13871 > Z5859 > **M6214**,

H-L901 > M2826 > H3-Z5857 > Z5866 > **Z5864 > Z5861** (2 человека),

H-L901 > M2826 > H3-Z5857 > Z5866 > Z5863 > **Z5865 > Y3007 > Z5862**,

H-L901 > M2826 > H3-Z5857 > Z5866 > Z5863 > Z5865 > Y3007 > Z5860 > **Z16780 > Y11258**.

## Гаплогруппа R2

Эта гаплогруппа — на третьем месте в Индии по результатам обсуждаемой выборки и на 4–5 местах в списке YFull (после R1a, H, J2). На дереве 67-маркерных гаплотипов (рис. 206) ветвь гаплогруппы R2 находится в нижней части, в довольно компактном виде. Ее базовый гаплотип следующий:

14 23 15 10 13 18 12 12 11 14 10 29 — 17 9 9 11  
11 27 16 19 32 12 13 15 15 — 10 11 19 21 15 15  
17 17 33 36 12 11 — 11 8 15 17 8 10 10 8 11 10  
12 21 22 14 10 12 12 16 8 12 25 21 12 12 11 14  
11 12 13 12,

с датировкой общего предка  $5840 \pm 650$  лет назад. Случайно или нет, эта датировка практически совпадает с датировкой ветви гаплогруппы H на том же дереве гаплотипов.

Снипы индийцев в списке YFull начинаются с небольшой ветви, в которой в основном наблюдаются индийцы и пакистанцы (последние в недавнем прошлом были индийцами):

R2-M479 > **FGC50368** > FGC50278 > FGC50324 > **FGC50245**,

R2-M479 > FGC50368 > FGC50278 > **Y136220**.

Другая обширная ветвь на дереве снипов гаплогруппы R2 следующая:

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > **FGC13203** > FGC13188 > F1092 > **F2791**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > **Y26630**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > Y26630 > Y28643 > **Y28642**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > **Y1378** > Y1377 > Y1376 > **Z29271**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > **Y1378** > Y1377 > Y1376 > Z29271 > **Y1383** (2 человека) > **Z6135**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1280 > SK2155 > **Y28600**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1280 > SK2155 > Y1331 > **Y20020**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1280 > SK2155 > Y1331 > Y26635 > **Y34210** (2 человека),

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1280 > Y1288 > **Y1290** > **Y1296 > Y1300 > Y1328 > Y2174** (2 человека),

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1334 > **Y1357**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1334 > Y1340 > **Y1371**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1334 > Y1340 > FGC56225 > **Y36376** (2 человека),

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1334 > Y1340 > L294 > **Y35095**,

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > Y1334 > Y1340 > L294 > **Y1349** (2 человека) > **V2947**.

Как видно, в эту обширную ветвь попадают все остальные снипы из списка YFull. Это — признак стабильной ветви, которая развивается (путем образования последующих мутаций) тысячелетиями.

## Гаплогруппа J2

По совокупности имеющихся в наличии данных можно заключить, что гаплогруппа J2 образовалась в обширном регионе — Кавказ, Ближний

Восток, Средиземноморье (в порядке предпочтительности гипотез), и около 8 тыс. — 9 тыс. лет назад ее носители достигли Индостана.

На дереве гаплотипов выборки из Индии в 67-маркерном формате (рис. 206) гаплогруппа J2 разошлась на две ветви — справа внизу, субклад J2a, и справа наверху, субклад J2b, с общими предками ветви соответственно  $7000 \pm 800$  и  $6100 \pm 800$  лет назад. Базовые их гаплотипы следующие:

12 23 15 10 14 17 11 15 12 13 11 29 — 16 8 9 11  
11 24 15 21 30 12 13 15 16 — 11 11 19 22 15 15  
17 17 36 38 12 9 — 11 7 14 15 8 11 10 8 10 9 12  
17 17 15 10 12 12 15 9 12 23 21 13 12 11 14 11  
12 12 12 (J2a),  
12 24 15 10 13 17 11 15 12 12 11 28 — 17 8 9 11  
11 27 15 19 29 13 14 15 18 — 12 10 19 20 13 14  
16 17 35 38 11 9 — 12 8 15 16 8 12 10 8 12 10 12  
21 24 16 11 12 12 17 8 13 23 21 13 13 10 14 10  
12 12 11 (J2b).

Считать мутационную разницу между этими двумя базовыми гаплотипами не имеет большого смысла, так как субклады J2a-M410 и J2b-M102 образовались соответственно 191 и 190 снип-мутаций назад, или оба примерно 27,5 тыс. лет назад. Действительно, между этими базовыми гаплотипами более 50 мутаций, и мы выходим далеко за красную черту отношения числа мутаций к числу маркеров, как было объяснено выше. Тогда мы в любом случае не ответим на вопрос, откуда появились гаплотипы группы J2 в Индии. Поможет в этом отношении серия ближневосточных гаплотипов, в данном случае евреев и арабов гаплогруппы J2a (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016). Предковый гаплотип евреев и арабов гаплогруппы J2a с датировкой примерно 4 тыс. лет назад имеет вид:

12 23 15 10 14 17 11 15 12 13 11 29 — 15 8 9 11  
11 24 15 21 31 12 13 16 17 — 10 10 19 23 16 14  
18 18 36 37 12 9 — 11 7 14 15 8 11 10 8 11 9 12  
17 17 14 10 12 12 15 9 12 22 21 14 12 11 14 11  
12 12 12.

Он всего на 15 мутаций (выделены) отличается на 67 маркерах от базового индийского гаплотипа гаплогруппы J2a, что разводит общего предка евреев и арабов, с одной стороны, и индийцев — с другой, в гаплогруппе J2a на  $15/0,12 = 125 \rightarrow 141$  условное поколение, или 3525 лет. Общий предок всех этих гаплотипов

жил  $(3525 + 4000 + 7000)/2 = 7300 \pm 700$  лет назад со всей очевидностью на Ближнем Востоке или в прилегающих регионах. Ископаемые гаплогруппы J2a-M410 найдены в Анатолии, на территории современной Турции, с археологической датировкой  $8315 \pm 100$  лет назад. Самые же древние ископаемые ДНК гаплогруппы J и J2a были найдены в Западной Грузии с археологическими датировками  $13\,260 \pm 120$  и  $9710 \pm 180$  лет назад (Jones E. R. et al. *Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians. Nature Commun.* 2015. DOI: 10.1038/ncomms9912).

Таким образом, индийские и ближневосточные гаплотипы гаплогруппы J2a показывают, что носители этой гаплогруппы могли выйти с Ближнего Востока около 8 тыс. лет назад и примерно 7 тыс. лет назад достигнуть Индии. К ариям они, конечно, не имели никакого отношения.

Можно применить еще один подход и сравнить снипы носителей гаплогруппы J2 из Индии и Ближнего Востока. Если одни и те же снипы наблюдаются и там, и там, то, строго говоря, это может означать, что или снипы были напрямую перенесены с Ближнего Востока в Индию или наоборот. Эти данные можно далее «оптимизировать», то есть встраивать в минимально противоречивую гипотезу. Например, снип Y22075 был найден в Палестине и в Индии. Снип, по данным YFull, образовался 37 снип-мутаций, или примерно 5,3 тыс. лет, назад. Поздновато для предполагаемого времени первых переселенцев с Ближнего Востока в Индию, но никто не утверждает, что это была только одна древняя волна переселенцев 8 тыс. — 9 тыс. лет назад. Возможно, это был и перенос снипа из Индии на Ближний Восток, и сейчас его носитель живет в Палестине. Но это — только один факт в общей оптимизации гипотезы. Снип завершает следующую цепочку:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > M205 > RF7321 > CTS1969 > YP51 > Y22075.

(Последний снип найден в Палестине и в Индии. Он образовался из 37 снип-мутаций, или примерно 5,3 тыс. лет, назад.)

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > Z2432 > Z2433 > Z2449 > Y978 (2 человека) > Y958 > Z8326 > Y82214.

(Последний снип найден в Португалии и Индии. Он образовался 43 снип-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад.)



J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > Z2432 > Z2433 > Z2449 > Z2437 > **Z2443**.

(Последний снип найден в Саудовской Аравии, Кувейте и Индии. Он образовался 51 снип-мутацию, или примерно 7,3 тыс. лет, назад.)

Все три цепочки снипов выше относятся к линии J2b. Всего в списке YFull имеются 24 снипа этого субклада из общего числа в 41 снип. Перейдем к линии J2a:

J2-M172 > J2a-M410 > PF5008 > L581 > Z37823 > PF5000 > PF4993 > P279 > Y25795 > **Y25793**.

(Последний снип найден в Катаре и Индии. Он образовался 39 снип-мутаций, или примерно 5,6 тыс. лет, назад.)

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y7687 > M47 > **Y3740**.

(Последний снип найден в Кувейте, Ливане и Индии. Он образовался 29 снип-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад.)

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > SK1382 > L192 > FGC30635 > FGC30640 > **Y14590**.

(Последний снип найден в Турции и Индии. Он образовался 33 снип-мутации, или примерно 4750 лет, назад. Снипы этой линии найдены также в Армении.)

Суть этого исследования в том, что одинаковые конечные снипы в этих цепочках не могли образоваться независимо по обе стороны Индийского океана. Они могут только физически переноситься. Но поскольку датировки образования этих снипов оказываются между 7,3 тыс. и 4,2 тыс. лет назад, то возможно, что не ранее 7,3 тыс. лет назад состоялся первый физический перенос носителей снипов между Ближним Востоком и Индией, чтобы один и тот же снип оказался в итоге здесь и там. Другие датировки показывают, что последующие процессы переноса снипов продолжались тысячелетиями.

### Гаплогруппа L1-M22

Эта гаплогруппа по всем признакам относится к коренным гаплогруппам Индии. Гаплотипы гаплогруппы L1 образуют неоднородную ветвь в верхней правой части дерева на рис. 206. Ее формальный базовый гаплотип:

11 22 14 10 12 17 11 12 12 12 14 29 16 9 9 11 12  
23 15 19 27 14 14 15 16 11 11 19 20 15 14 17 16  
34 36 11 10 11 8 16 17 8 10 10 8 10 9 12 19 20 14  
11 12 12 16 9 12 21 21 16 13 11 14 11 11 12 11,  
и формальный же (вследствие неоднородности ветви) общий предок ветви жил  $10\,300 \pm 1200$  лет назад.

Приведем для примера несколько снипов гаплогруппы L1 в Индии из списка YFull, но в первую очередь рассмотрим те, которые дублируются в Индии и на Ближнем Востоке, а именно в Саудовской Аравии и странах Персидского залива. Оказалось, что это — треть всех снипов гаплогруппы L в Индии.

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > Y6288 > **Y6259**.

(Последний снип найден в Омане и Индии. Он образовался 50 снип-мутаций, или примерно 7,2 тыс. лет, назад.)

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1307 > M2398 > Y12415 > Z20267 > Z5920 > **Z5921**.

(Последний снип найден в Объединенных Арабских Эмиратах и Индии. Он образовался 47 снип-мутаций, или примерно 6,8 тыс. лет, назад.)

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Z20387 > L1320 > SK1426 > Z5926 > Z5930 > Z5931 > **Z5932**.

(Последний снип найден в Саудовской Аравии и Индии. Он образовался примерно 4,5 тыс. лет назад, по данным YFull.)

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Z20387 > L1320 > SK1426 > Z5926 > Z20519 > **M3904**.

(Последний снип найден в Саудовской Аравии и Индии. Он образовался 28 снип-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад.)

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Z20387 > L1320 > SK1426 > Z5926 > Z5930 > Y17158 > SK1433 > Y31217 > **Y34005**.

(Последний снип найден в Катаре и Индии. Он образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад.)

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Z20387 > L1320 > SK1426 > Z5926 > Z5930 > **Y28525**

(Последний снип найден в Объединенных Арабских Эмиратах и Индии. Он образовался 24 снип-мутации, или примерно 3,5 тыс. лет, назад.)



L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Z20387 > L1320 > SK1426 > Z5926 > Z5930 > Z5931 > Z5933 > **Z42497**.

(Последний снип найден в Саудовской Аравии и Индии. Он образовался 22 снип-мутации, или примерно 3,2 тыс. лет, назад.)

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Z20387 > L1320 > Z5924 > Z5925 > **Z20478** > **Z34391**.

(Последние два снипа найдены в Саудовской Аравии и Индии. Они образовались 22 и 21 снип-мутации, или примерно 3,2 тыс. и 3 тыс. лет, назад соответственно.)

Мы видим, что снипы гаплогруппы L1-M22, а именно они наблюдаются в выборке Индийского проекта FTDNA и в списке YFull, встречаются как в Индии, так и на Ближнем Востоке, с датировками образования снипов от 7,2 тыс. до 3 тыс. лет назад, причем встречаются во множестве. Ясно, что между Ближним Востоком и Индией тысячелетиями происходил обмен снипами гаплогруппы L1, как и гаплогруппами J2a, J2b, R1a и, видимо, другими. В этой ситуации четко определить, где именно был первичный источник гаплогруппы L1, пока не представляется возможным. Интуиция подсказывает, что Индия, но интуиция — плохой советчик в науке.

## Гаплогруппа Q

Эта гаплогруппа в Индии определенно «пришлая», скорее всего — из Сибири, ее довольно много у сибирских народов. На дереве гаплотипов на рис. 206 есть всего 3 гаплотипа этой гаплогруппы, причем они разнесены в нижней части дерева и не образуют единой ветви. В списке YFull есть 11 представителей гаплогруппы Q из Индии, и соответствующие цепочки снипов следующие:

Q-M242 > Q2-L275 > F1213 > **M378** > Y2265 > P306 > **BZ3149**.

(Последний снип найден в Саудовской Аравии и Индии. Он образовался 23 снип-мутации, или примерно 3,3 тыс. лет, назад.) Предшествующий снип M378 (выделен) найден в Индии, он образовался 72 снип-мутации, или примерно 10,4 тыс. лет, назад.

Q-M242 > Q2-L275 > Y1150 > Y1144 > Y29468 > YP4500 > Y28557 > **Y28562** > **Y28555** > Y34111 > **BY185054**,

Q-M242 > Q2-L275 > Y1150 > Y1144 > Y29468 > YP4500 > Y28557 > **Y28562** > **Y28555** > Y34111 > **Y34109** (2 человека),

Q-M242 > Q2-L275 > F1213 > M378 > Y2265 > Y2244 > **Y5185**,

Q-M242 > Q2-L275 > F1213 > M378 > L245 > YP745 > YP1095 > YP1096 > YP1240 > **YP1236**,

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > L712 > F4747 > F5005 > **BZ992**,

Q-M242 > Q1-L472 > L56 > Y2659 > L940 > L932 > **L933**.

Из этих 11 представителей 2 относятся к линии Q1, и 9 — к линии Q2. Эти линии отошли от родительской гаплогруппы Q 201 и 207 снип-мутаций соответственно, то есть разошлись около 30 тыс. лет назад. Обе оказались в Индии, и 10 тыс. лет назад, как показано выше, снип линии Q2 был уже в Саудовской Аравии.

## Гаплогруппа C

Эта гаплогруппа в Индии относится к минорным (в количественном отношении), в проекте FTDNA ее только 4 %. Это определенно не «коренная» гаплогруппа в Индии, и ее носители прибыли «со стороны». Это вряд ли сибирские народы, у которых наблюдается в основном (или исключительно) гаплогруппа C2-M217, которой в Индии почти нет, судя по выборкам. Почти все гаплотипы гаплогруппы C в Индии относятся к субкладу C1, и в списке YFull только 1 представитель относится к субкладу C2. Субклад C1 наблюдается на Ближнем Востоке (в частности, в Саудовской Аравии, наряду с субкладом C2), в Армении, а также в Корее.

Примеры цепочек снипов гаплогруппы C в Индии из списка YFull:

C-M130 > C1-F3393 > F1370 > K281 > K98 > **P92** > Z5895 > **Y33574**.

Снип P92 (выделен) встречается в Саудовской Аравии и Индии, образовался 180 снип-мутаций, или примерно 26 тыс. лет, назад.

C-M130 > C1-F3393 > F1370 > K281 > K98 > P92 > Z5895 > **K96** > **K42** > **Z5896** > **K193** (2 человека) > **Z12522** (2 человека) > **K466** > **K469** > **Z5898** (2 человека).

C-M130 > C2-M217 > L1373 > F3447 > F1699 > M8574 > **Y11990**.

Мы видим, что опять Саудовская Аравия сопряжена с Индией через один и тот же субклад, в данном случае гаплогруппы С1. Какое было направление его переноса через Индийский океан (или каботажными морскими перевозками вдоль береговой полосы), мы пока не знаем.

### Гаплогруппа R1b

Представляет интерес источник гаплогруппы R1b в Индии. В Индийском проекте гаплотипов этой гаплогруппы почти нет, если не считать вставленных туда ирландцев, шотландцев, русских и прочих представителей, к Индии не имеющих прямого отношения. Есть группа пакистанцев, но только с поверхностно типированным субкладом R1b-M269, в данном контексте малоинформативным. Есть, правда, 3 индийца с субкладами L23, Z2105 и M73, которые могли попасть в Индостан из афанасьевской культуры алтайского региона, но поскольку гаплотипов мало, то датировку общего предка их определить затруднительно и фактически невозможно. Немного помогает то, что в списке YFull есть 5 индийских представителей со следующими снипами, замыкающими соответствующие цепочки:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Y4364 > **M12135**.

Последний снип найден, помимо Индии, также в Армении.

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > **Z2108** > Y14415 > **Y35099** (3 человека).

Линия снипа Z2108 (выделен) найдена также у русских, армян, дагестанцев.

Снип R1b-Z2103 был найден в серии ископаемых ДНК ямной культуры в Приволжских степях. Поэтому идентификация этого снипа и его нижестоящих снипов в Индии на первый взгляд представляется неожиданной и невероятной, но то, что те же конечные снипы найдены в России и на Кавказе, проясняет ситуацию. Эти снипы попали в Индию с мигрантами с запада.

\* \* \*

Остальные гаплогруппы в Индии (табл. 100) являются численно минорными, отражают определенно вклады «пришельцев», и их анализ в этой книге не представляет особого интереса.

## 106. ПЕРСЫ (ИРАНЦЫ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают примерно 3,7 тыс. персов/иранцев. Из десятков стран, в которых живут иранцы, Россия занимает третье место от конца, меньше персов живут только в Казахстане и Новой Зеландии.

Среди Проектов FTDNA есть «Иранский проект»: <https://www.familytreedna.com/public/Iranian%20Y-DNA?iframe=yresults>, в котором числится 210 гаплотипов. Но, как часто бывает с подобными Проектами, туда включают практически любых мужчин из других стран и регионов. Поэтому пришлось этот список значительно сократить, оставив только Иран как страну жительства наиболее отдаленного прямого предка по мужской линии (как и указывают в Проектах) и тех, у которых указано, что их предки из Ирана (например, несколько армян и азербайджанцев). В итоге в Проекте осталось 77 гаплотипов, к сожалению, в значительной степени 12-маркерных, с пониженной информативностью. Их состав по гаплогруппам приведен в табл. 101.

**Таблица 101.** Состав гаплогрупп иранцев (персов), по данным «Иранского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Iranian%20Y-DNA?iframe=yresults>), и число снипов из Ирана по каждой гаплогруппе, приведенное в списке YFull (<https://www.yfull.com/tree/>)

Гаплогруппа	Проект FTDNA 77 чел., %	Число снипов в списке YFull
J2a	29	7
J1	16	7
G (G1 + G2a)	13	2
R1a	10	7
E1b	8	5
T	5	1
R2	5	1
R1b	4	0
L	3	1
H	3	0
I2	1	1
Q	1	4
F	1	0

Мы видим, что почти половина гаплогрупп у иранцев в Проекте FTDNA приходится на J2 и J1, это же показывает число представителей из

Ирана в списке YFull. Исходя из исторических представлений и по аналогии с Индией, можно было бы думать, что лидирующее положение в Иране должна занимать гаплогруппа R1a, но это не так. В Иране, в отличие от Индии, гаплогруппа J (то есть суммарно J1 и J2) вытеснила носителей гаплогруппы R1a, но иранцы приняли персидский язык, наследник арийских языков в соответствующей лексикостатистической динамике.

На рис. 207 приведено дерево 12-маркерных гаплотипов Ирана, включенных в «Иранский проект» (<https://www.familytreedna.com/public/Iranian%20Y-DNA?iframe=yresults>).

### Гаплогруппа J2

К сожалению, гаплотипы иранцев из Проектов FTDNA пришлось анализировать в 12-маркерном формате, обычно малоинформативном, потому что более протяженных гаплотипов в Проекте недостаточно. На дереве гаплотипов на рис. 207 в таком формате гаплотипы групп J2 и J1 не разделяются, и в каждой подветви имеются гаплотипы обеих групп (на дереве вся левая часть

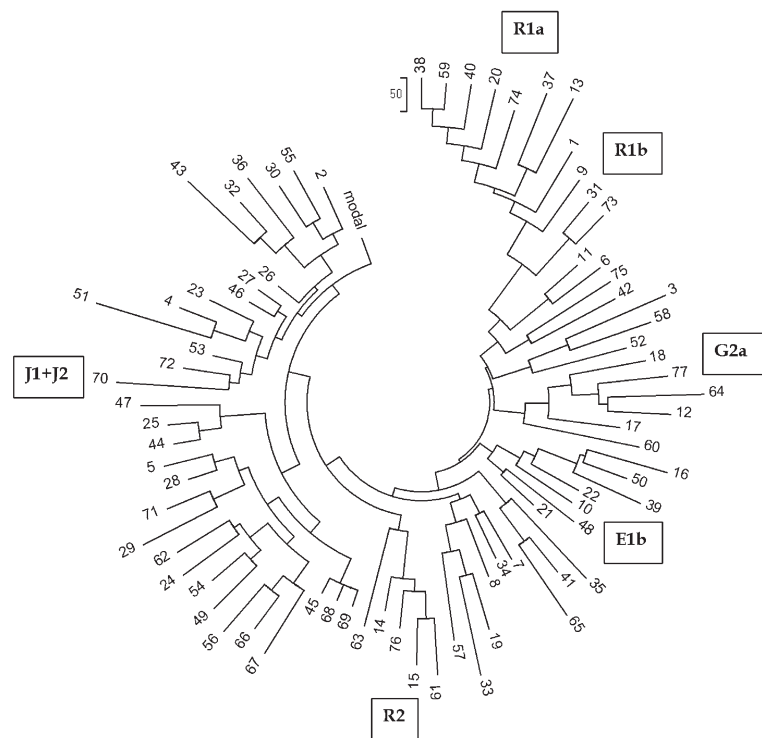
представлена смесью обеих гаплогрупп). В такой ситуации можно ожидать, что общие предки гаплотипов J2 и J1 по отдельности, которые являются общими предками только условно, будут примерно одинаково древними. Действительно, все 22 гаплотипа группы J2 в 12-маркерном формате показывают следующий кажущийся базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 16 11 15 12 13 11 30,

с общим предком  $8100 \pm 1100$  лет назад, а все 12 гаплотипов группы J1 показывают базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 18 11 15 12 13 11 30,

который отличается всего на 2 мутации от первого (выделено), с общим предком  $8900 \pm 1400$  лет назад. Разумеется, по мутационной разнице вести расчеты времени жизни общего предка для обоих гаплотипов бессмысленно, это вообще две разные гаплогруппы, мы и так знаем, что их общий предок, гаплогруппа J, образовалась 274 снп-мутации, или примерно 39,5 тыс. лет, назад. Две мутации разницы такого, разумеется, не дали бы, и причина простая — короткие, 12-маркерные гаплотипы. По чисто статистической причине в них оказалось мало мутаций по сравнению друг



**Рис. 207.** Дерево из 77 иранских гаплотипов проекта FTDNA (ссылка приведена в тексте) в 12-маркерном формате. Вся левая сторона дерева занята гаплотипами групп J1 и J2, которые в 12-маркерном формате почти не разделяются. Показаны некоторые ветви, относительно компактные

с другом. Именно потому сравнивать друг с другом пары гаплотипов по их мутациям, особенно гаплотипов коротких, не имеет смысла, если мы не знаем, что они относятся к одной гаплогруппе и желательно к одному субкладу.

Обратим внимание на снипы иранцев гаплогруппы J2. Как правило, в проекте FTDNA даются снипы поверхностные, недотипированные, в списке YFull снипы обычно намного «глубже». Так, в следующей цепочке снипов трех иранцев M67 и M92 приведены у представителей в Проекте FTDNA, последний снип — из списка YFull:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > **M67** > Z1847 > Z500 > **M92** > Z508 > Z504 > **Z8096**.

Последний снип найден также у армян и немцев, он довольно древний, образовался около 8 тыс. лет назад.

Еще три снипа (L25, L192, M47) приведены в «Иранском проекте» FTDNA. Они тоже довольно поверхностны, и даже последний снип в первой цепочке (выделен), приведенный в списке YFull, образовался около 6 тыс. лет назад, он найден в Иране и Кувейте:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > **L25** > F3133 > Z7706 > SK1382 > **L192** > FGC30635 > Z33976 > **FGC62047**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > Z6065 > Y7687 > **M47**.

Следующие цепочки снипов построены еще для снипов, приведенных в списке YFull:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Y12603 > Y12379 > Y12378 > Y27964 > Y26651 > **Y174403**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > PF5172 > Z7314 > PF5169 > FGC16096 > Y14400 > FGC16130 > FGC16079 > BY37605 > **Y155309** (2 человека),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > **L25** > F3133 > Y15604 > Y15601 > **Y17404**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > Y13534 > FGC9942 > Y14696 > Y14699 > Y14698 > **FGC9918**.

Мы видим, что все эти снипы продолжают линию субклада J2a-M410-PF4610, большин-

ство продолжают по линии L26-PF5087-PF5160, и только один уходит от снипа PF4610 в сторону, что произошло 118 снип-мутаций, или примерно 17 тыс. лет, назад. Мы видим, насколько далеко расходятся иранские цепочки снипов гаплогруппы J2.

## Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа в Передней Азии и на Ближнем Востоке представляет интерес, хотя бы отчасти, в том, происходит ли она от евреев или эволюционирует (в отношении дальнейшего накопления снип-мутаций) по другим линиям группы J1.

Одним из первых, хотя и относительно условных, критериев есть сопоставление базового гаплотипа с «референсным гаплотипом Авраама», если использовать библейское имя общего предка евреев и арабов гаплогруппы J1. В 111-маркерном формате базовый «референсный гаплотип» имеет вид, как было описано выше в этой книге:

**12 23 14 10 13 18 11 16 11 13 11 30** — 18 8 9 11  
11 25 14 20 25 12 14 16 17 — 11 10 22 22 15 14  
18 18 32 36 12 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12  
21 22 18 10 12 12 16 8 12 25 21 14 12 11 14 12 12  
12 11 — 34 15 8 15 12 25 27 20 13 12 12 11 12 9  
11 11 10 11 11 29 11 13 22 15 11 10 20 15 20 10  
23 15 11 15 24 12 21 18 9 15 17 9 11 11,

хотя возможны небольшие вариации аллелей в зависимости от выборки. Общий предок евреев и арабов данной гаплогруппы жил примерно 4 тыс. лет назад, для гаплотипа, приведенного выше, он жил  $3850 \pm 390$  лет назад. Выделены 6 маркеров (аллелей) «гаплотипа Авраама», с которых соответствующие исследования начались в конце 1990-х — начале 2000-х гг.

Для малой выборки из 12 иранских гаплотипов в 12-маркерном формате базовый гаплотип в гаплогруппе J1, как показано выше, имеет вид:

**12 23 14 10 13 18 11 15 12 13 11 30**.

Он отличается от «гаплотипа Авраама» на первых 12 маркерах только в одном маркере, хотя искать родство на 12-маркерных гаплотипах дело довольно условное. Тем более что общий предок евреев и арабов этой гаплогруппы жил примерно 4 тыс. лет назад, а у серии иранских гаплотипов —  $8900 \pm 1400$  лет назад. Иначе говоря, если проводить параллели с библейскими персонажами, то иранские гаплотипы происходят не от Авраама,

а скорее от Евера, который при расчете по особенно древним ДНК-линиям, как описано выше, в части I книги, жил  $8800 \pm 700$  лет назад, если следовать библейским текстам. От него (имя, конечно, в данном контексте условное) произошли примерно 10 % арабов.

Чтобы найти дальнейшие сходства или различия у современных иранцев и современных евреев и арабов на уровне ДНК-генеалогии, надо перейти на сноп-мутации. В «Иранском проекте» FTDNA приводятся несколько сноп-мутаций для гаплогрупп группы J1, их цепочки — следующие:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > Y4423 > **CTS1460**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > ZS4393 > P56,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > **Z640**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > S21237 > Y4348 > Y4349 > Y6074 > L859 > Y12869 > Y12361 > **FGC38790**.

Последний сноп есть в списке YFull, он найден также в Саудовской Аравии, образовался всего 8 сноп-мутаций, или примерно 1150 лет, назад.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > S21237 > Y4348 > Y4349 > Y6074 > L859 > Y12869 > Y12361 > **FGC30416** (2 человека).

Последний сноп есть в списке YFull, он образовался 10 сноп-мутаций, или примерно 1440 лет, назад.

Протяженность двух последних цепочек показывает, что конечные снопы должны быть относительно недавними, и, действительно, они образовались 8 и 10 сноп-мутаций соответственно, то есть примерно 1150 и 1440 лет назад.

Первые две цепочки даже не прошли через сноп P58 (образовался 84 сноп-мутации, или примерно 12,1 тыс. лет, назад), линия которого уходит еще на 8 тыс. лет ближе к нашему времени, к евреям этой гаплогруппы, но по пути расходится на многие несемитские линии. Часть из них, как мы видим, ведет к иранцам. Интерес

представляют две последние цепочки, которые до времен 3,3 тыс. лет назад идут по «еврейской генеалогии», до снopa Y6074 (образовался 23 сноп-мутации, или примерно 3,3 тыс. лет, назад), но затем все равно уходят в «иранскую генеалогия».

Для проверки этих выводов рассмотрим список YFull, в котором есть 7 представителей Ирана, снопы троих рассмотрены выше. Цепочки остальных снопов следующие:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > FGC6064 > FGC6031 > **Y19467**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > S21237 > Y4348 > Y4349 > Y10887 > Y5321 > Y5324 > Y5322 > Y9271 > Y5323 > Y5320 > Y8537 > FGC4474 > **Y12363**.

Последний сноп найден также в Кувейте и Алжире, он образовался 11 сноп-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > S21237 > Y4348 > Y4349 > Y10887 > Y5321 > Y5324 > Y5322 > Y9271 > Y5323 > Y5320 > Y8537 > **Y183358**.

Последняя линия снопов найдена в Турции и Ираке, в Турции она заканчивается (по списку YFull) на предпоследнем снопe (Y8537), в Ираке — на последнем снопe, он образовался всего 9 сноп-мутаций, или примерно 1,3 тыс. лет, назад.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > S21237 > Y4348 > Y4349 > Y10887 > Y5321 > Y5324 > Y5322 > Y9271 > Y5323 > Y5320 > Y8537 > FGC5447 > ZS5613 > **ZS11882**.

Последний сноп образовался 10 сноп-мутаций, или примерно 1440 лет, назад.

Последние три цепочки снопов тоже шли по «еврейской генеалогии» до снopa Y4349 (образовался в то же время, что и сноп Y6074, примерно 3,3 тыс. лет, назад, по данным YFull), и линия затем ушла в «иранскую сторону».

Таким образом, цепочки снопов опять, как уже говорилось ранее, показывают направления расхождения ДНК-генеалогических линий.



## Гаплогруппа G

Эта гаплогруппа у иранцев представлена линиями G1 и G2a. Соответствующие гаплотипы разбросаны по правой части дерева, не образуя ветвей по причине своей малочисленности, за исключением малой ветви справа (на 3 часа) с условным базовым гаплотипом:

14 22 16 10 14 15 11 12 12 13 11 29,

и датировкой общего предка  $11\,300 \pm 2300$  лет назад. Всего один гаплотип из этой ветви имел в «Иранском проекте» относительно глубокий снип (выделен):

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > PF3148 > PF3177 > **L91**, с датировкой его образования 75 снип-мутаций, или примерно 10,8 тыс. лет, назад. Как видно, эти датировки согласуются в пределах погрешности расчетов.

Еще два представителя Ирана включены в список YFull с соответствующими цепочками снипов:

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124 > GG313 > GG167 > GG162 > **V2154**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > Z30503 > BY47090 > Z30521 > **Z40458**.

Оба конечных снипа — древние, образовались около 7 тыс. лет назад. Но оба относятся к разным ДНК-линиям — гаплогруппы G1 и G2.

## Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа — единственная на дереве гаплотипов, которая компактно собрана в одну ветвь (справа вверх на рис. 207). Ее базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31,

с общим предком  $5550 \pm 1150$  лет назад. Все гаплотипы этой ветви, для которых были известны снипы, относились к ветви Z93-Z94:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > **Y7094**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > **Y15121**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > **Z2122**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y4 > Y6 > Y5 > Y920 > Y928 > Y1 > **Z29137**.

Снипы первой, второй и последней строк (выделены) есть в списке YFull (последний снип

второй строки найден также в Сирии). Мы видим, что в Иране согласно «Иранскому проекту» активно представлена ветвь Z93-Z94-Z2124-Z2123, конечный гаплотип которой был найден в ископаемом виде, по предварительным данным, в синташтинской культуре. Помимо этого, отмечена также ветвь Z94-Z2122, которая ведет к гаплотипам евреев субклада CTS6, как описано выше в соответствующем разделе:

Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6.

Наконец, в Иране отмечена ветвь снипа L657, которая обильно представлена на Ближнем Востоке и в Индии, и если она действительно вышла с Ближнего Востока и перевезена в Индию каботажными морскими путями, как обсуждается выше в этой книге, то на этом пути она могла быть завезена и в Иран. Пока другие варианты не обсуждаются за отсутствием данных.

Снипы в списке YFull для представителей Ирана также следующие (конечные в показанных цепочках снипов):

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > **CTS6** > CTS7297 > **CTS2736**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > **Y37891** > **Y37892**, (последний снип найден также в Ираке).

Стоит отметить, что обе эти линии продолжают в евреях гаплогруппы R1a, но общий предок евреев этой гаплогруппы жил примерно 1,3 тыс. лет назад, до этого евреи этой линии (Z2122-F1345-CTS6) практически исчезли, их очень немногие потомки линию сохранили, но прошли жесткое «бутылочное горлышко» выживания. В Иране же эти линии продолжались, уже не будучи еврейскими. Так, снип CTS2736 образовался 22 снип-мутации, или примерно 3,2 тыс. лет, назад, снип Y37892 — 8 мутаций, или примерно 1150 лет, назад.

## Гаплогруппа E1b

Эта гаплогруппа образует ветвь с относительно компактным ядром, но с диффузными «краями» на дереве гаплотипов (рис. 207) с базовым гаплотипом:

14 24 15 10 17 18 11 12 12 13 11 31,

который остается тем же для «ядра» и для всех гаплотипов, с общим предком  $4700 \pm 1400$  лет назад для «ядра» и  $6900 \pm 1500$  для всех гаплотипов

ветви. Три участника «Иранского проекта» имели следующие сніпы (выделены):

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > **M35** > Z287 > Z830 > PF1962 > M123 > **M34** > **M84**,

еще один участник — последний сніп в следующей цепочке:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z287 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Z849 > Y37093 > **Y37518** (= FGC75126).

Все эти сніпы, как обычно в Проектах, были значительно недотипированы. Так, последний сніп в последнем примере образовался примерно 7,4 тыс. лет назад.

Список YFull дополняет эти сніпы в гаплогруппе E1b, цепочки сніпов следующие:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > V22 > Y2498 > **L1250** > RH2818 > Y16536 > **V2418**.

Последний сніп найден не только в Иране, но и в Иордании.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z287 > L19 > PF2431 > Z21068 > PF2438 > Y10541 > PF2440 > PF2471 > BY9805 > **Y133414**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z287 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Z849 > Y37093 > **Y37518**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z287 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y5435 > Y5436 > FGC18389 > FGC18413 > FGC18401 > FGC18388 > FGC18422 > FGC77167 > **Y99171**.

Последний сніп найден также в Объединенных Арабских Эмиратах, он относительно недавний, образовался 20 сніп-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад.

## Гаплогруппа Т

В «Иранском проекте» есть только 4 гаплотипа этой гаплогруппы, но они продлены до 37-маркерного формата. Их базовый гаплотип:

14 23 14 10 14 17 11 12 11 13 14 29 17 9 9 11 13  
26 15 19 34 11 12 15 16 11 11 23 24 15 14 16 17  
36 38 12 9,

с общим предком  $7800 \pm 1200$  лет назад. Для Передней Азии и Ближнего Востока такие древние датировки общих предков серий гаплотипов гаплогруппы Т не удивительны, они там автохтонны. Напротив, потомки недавних мигрантов, носителей этой гаплогруппы, или «приобременной гаплогруппы Т», как у евреев, имеют относительно недавние датировки как 1 тыс. лет назад или меньше.

Единственный представитель Ирана в списке YFull имеет следующую цепочку сніпов:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > FGC63786 > **FGC63797**.

Тот же сніп найден не только в Иране, но и в Ливане.

## Гаплогруппа R2

Вопреки ожиданиям, носителей этой гаплогруппы мало в «Иранском проекте». Они образуют плотную ветвь в нижней части дерева на рис. 207 с базовым гаплотипом:

14 23 14 10 13 19 12 12 11 14 10 29 17 9 9 11 11  
26 15 19 33 12 13 15 16 10 11 20 21 15 15 17 20  
34 35 12 11,

с датировкой общего предка  $3200 \pm 600$  лет назад. Этот базовый гаплотип отличается на 7 мутаций от базового гаплотипа армян той же гаплогруппы с датировкой общего предка  $6100 \pm 620$  лет назад. Эта разница в мутациях эквивалентна  $7/0,09 = 78 \rightarrow 86$  условным поколениям, или примерно 2150 годам, между этими общими предками, и их общий предок жил  $(2150 + 6100 + 3200)/2 = 5700$  лет назад, что согласуется с датировкой общего предка армян в пределах погрешности расчетов.

«Иранский проект» приводит сніп одного из своих участников (выделен, Y3370):

R2-M479 > R2a-M124 (= L381) > Y3399 > **Y3370** (= P267) > FGC13203 > FGC13188 > F1092 > F2791 > F1758 > **FGC13184**,

но, как обычно в Проектах, этот сніп значительно недотипирован, он образовался 73 сніп-мутаций, или примерно 10,5 тыс. лет, назад. Список YFull значительно удлинил цепочку до конечного сніпа, который образовался 46 сніп-мутаций, или примерно 6,6 тыс. лет, назад. Тоже недотипировано, но в меньшей степени.

Гаплогруппа R1b Поскольку миграции этой гаплогруппы по Евразии оставили много нерешенных вопросов (наряду с прояснением многих особенностей миграции), представляло интерес взглянуть на гаплогруппу R1b в Иране. Ясно, что она не была в составе основных миграций или ее носители были в значительной степени истреблены в поздние времена, но понятно одно — гаплогруппы R1b в современном Иране очень мало, в выборке «Иранского проекта» ее носителей всего 4 %, в списке YFull — ни одного представителя.

Из трех гаплотипов группы R1b в Проекте только один имеет идентифицированный субклад — L23, с первым маркером (аллелью) 12, такую же аллель имеет и второй гаплотип, с неинформативным субкладом M269. Третий гаплотип имеет первый маркер 13, он и максимально отстоит на дереве от первых двух. По всей видимости, этот третий гаплотип принесен в Иран европейцем, там, в Европе (Западной и Центральной), почти все гаплотипы начинаются с аллели 13. Первые же два — гаплотипы ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад) или с территории, ей предшествующей в отношении миграций этого субклада (L23 и нижестоящих) со стороны Сибири. Во времена 4,3 тыс. — 5 тыс. лет назад носители этих сний передвигались из ямной культуры (приволжские степи, в частности) через Кавказ и на этом пути прибыли на Иранское плато, но, видимо, совсем в малых количествах.

### Гаплогруппы L, H, I2, Q и F

Эти гаплогруппы в Иране, видимо, случайные, присутствуют в «Иранском проекте» на уровне единиц процента, и мы их здесь анализировать не будем. Приведем только немногие цепочки их сний из списка YFull.

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Z20387 > L1320 > SK1426 > Z5926 > Z5930 > **Y28525**.

(Последний сноп найден еще в ОАЭ и Индии.)

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > L712 > L715 > YP844 > L713 > **YP1677**.

Последний сноп образовался 26 сний-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад. Предшествующий ему сноп L713 найден у русских, марийцев и узбеков.

Q-M242 > Q2-L275 > F1213 > M378 > Y2265 > Y2244 > Y5185 > L301 > **YP4503**.

Последний сноп найден также в Грузии.

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > Q1a1-L214 > L245 > BZ310 > BZ306 > **BZ3057** (2 человека).

Мы видим, что в гаплогруппе Q в Иране встречаются линии основных субкладов Q1 и Q2.

I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > M223 > CTS616 > Y3721 > **Y3670**.

Линия гаплогруппы I2, приведенная выше, — типичная западноевропейская, проходящая через сноп M223, которого, в частности, много в Англии.

### 107. УЙГУРЫ

Согласно Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 3,7 тыс. уйгуров. Всего же в мире их проживает между 12 млн и 20 млн человек, в основном в провинции Синцзянь (северо-западный Китай). Данных по гаплогруппам-гаплотипам уйгуров в базах данных весьма мало. Есть «Уйгурский проект» FTDNA, в котором числится 8 гаплотипов, из них половина приходится на гаплогруппу R1a, четверть на гаплогруппу C, и остальные — по одному гаплотипу гаплогрупп J2 и Q1 (<https://www.familytreedna.com/public/uigurs/default.aspx?section=yresults>).

Гаплогруппы уйгуров упомянуты также в старой (2006 г.) статье: Xue Y. et al. Male demography in East Asia: a North-South contrast in human population expansion times // *Genetics*. 2006. V. 172. №4. P. 2431-2439, но статья использует устаревшую номенклатуру и принципиально неверные расчеты по «методу Животовского», который давно уже никто не упоминает, — этот метод приводил к трехкратным завышениям в датировках и давно выведен из научного оборота. В этой статье приведен состав гаплогрупп по двум группам уйгуров — из Урумчи (столица провинции) и Или. Поскольку выборки малы — 31 и 39 человек соответственно, и анализировались гаплогруппы (в порядке представительства) R1a (7 и 6 человек соответственно), сумма R1b + Q (по 6 человек), гаплогруппа O (3 и 6 человек соответственно), N (по 3 человека), E (2 и 0 человек), C (1 и 4 человек), D (0 и 1 человек) и O (8 и 0 человек), это составляет всего 30 и 26 чело-

век в обеих группах, остальные гаплогруппы Y\* и K\* не имеют сейчас большого смысла, то приводить таблицы гаплогрупп и их анализировать нецелесообразно. Картина уже примерно ясна. Кстати, по данным статьи, ссылка на которую

дана в табл. 102, содержание гаплогрупп Y\* и K\* у уйгуров равно нулю.

В относительно недавней статье Tambets et al. (2018) изучали распределение гаплогрупп среди выборки в 109 уйгуров (табл. 102).

**Таблица 102.** Состав гаплогрупп уйгуров, по данным статьи\* и число снийов из Синцзяня по каждой гаплогруппе, приведенной в списке YFull (<https://www.yfull.com/tree/>)

Гаплогруппа	Статья* 109 чел., %	Статья**, 217 чел., %	Число снийов в списке YFull
R1a	22	22	3
R1a-Z93	н/п		3
O2-M122	14,7	16***	0
J	13,8		0
C2-M217	10,1	17	0
R1b	11	6	0
R2, Q	9,2**		1****
F-M89	4,6		0
N	4,6		0
N1a1	0,9		0
L-M20	3,7		0
G-M201	2,8		0
D-M174	2,8		0
I-M170	0,9		0

\* Tambets K. et al. *Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations* // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Shan W. et al. *Genetic polymorphism of 17 Y chromosomal STRs in Kazakh and Uighur populations from Xinjiang, China* // *Int. J. Legal Med.* 2014. V. 128. №5. P. 743–744. В таблице дана сумма вкладов гаплогрупп уйгуров и казахов.

\*\*\* O2a2b1-M134.

\*\*\*\* Только R2.

Мы видим, что по разным источникам у уйгуров преобладает гаплогруппа R1a, причем, как показано ниже, субкладов R1a-Z93-Z2123 и R1a-Z93-L657. Это согласуется, хотя и на малом числе образцов, с данными по списку YFull.

Несмотря на малочисленные данные, есть интересные наблюдения. Из 4 гаплотипов в «Уйгурском проекте» (<https://www.familytreedna.com/public/uigurs/default.aspx?section=yresults>) только два типированы на «глубокие» субклады, и оба имеют сний Z93 с последующими сниями:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y4 > **Y6**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > YP451 > YP449 > **YP450**.

Первая цепочка датируется арийскими временами, и последний сний (Y6) образовался 27 сний-мутаций, или примерно 3,9 тыс. лет, назад, во второй цепочке последний сний образовался 12 сний-мутаций, или примерно 1,7 тыс. лет, назад, причем он относится к другой ДНК-линии, Z2123, которая найдена на Южном Урале (синташтинская культура, 4,1 тыс. лет назад). Происхождение снипа L657 пока неясно, это мог быть Ближний Восток, страны Персидского залива.

Еще три представителя Синцзяня (должны быть уйгуры) имеют следующие цепочки снийов (выделены конечные снии):

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > Y30 > **Z29113**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Y3 > Y2 > L657 > Y9 > Y7 > Y30 > Y29 > Y944 > **Y26645**,  
(такой же конечный снип имеет представитель Индии).

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > **Y20746**.

Мы видим, что в Синцзяне, как и в Индии и на Ближнем Востоке, наблюдаются снипы линий L657 и Z2123, хотя к северу (в частности, на Южном Урале) найдены пока только ископаемые снипы Z645-Z2123. Все три конечных снипа, показанные выше, образовались во времена 3,5 тыс. — 4 тыс. лет назад.

Еще одна гаплогруппа из Синцзяня, приведенная в списке YFull, это R2:

R2-M479 > R2a-M124 > Y3399 > R2a2-Y3370 > Y12100 > V1946 > **Y23778**.

Конечный снип явно недотипирован, поскольку образовался 66 снип-мутаций, или примерно 9,5 тыс. лет, назад.

Наконец, в статье Shan W. et al. Genetic polymorphism of 17 Y chromosomal STRs in Kazakh and Uighur populations from Xinjiang, China (Int. J. Legal Med. 2014. V. 128. №5. P. 743–744) изучали 217 гаплотипов уйгуров и 121 гаплотип казахов (в 17-маркерном формате) автономного района Синцзян северо-западного Китая. Гаплогруппы и гаплотипы авторы не обрабатывали, ограничившись совершенно неинформативным «графиком многомерного шкалирования», типичным в популяционной генетике. Критика этого подхода приведена в статье А. А. Клёсова «Гаплогруппы и гаплотипы уйгуров Синцзяня» в Вестнике Академии ДНК-генеалогии (2014. Т. 7. №3. С. 479–486). Как эти 338 гаплотипов можно рассмотреть и какие выводы из этой сводки данных можно сделать?

На рис. 208 дано полное дерево гаплотипов в 17-маркерном формате. Слева — большая ветвь из 95 гаплотипов, в которой доминируют гаплотипы группы R1a (74 гаплотипа из всех 338, то есть 22 %, см. табл. 102) с общим предком около 20 тыс. лет назад (пояснение см. ниже), в той же ветви, у ее основания — гаплотипы гаплогруппы R1b (21 гаплотип, то есть 6 % от всех). Справа на 5 часов — молодая ветвь гаплогруппы O3a2c1-M134 из 55 гаплотипов (16 %), общий предок ветви жил всего 675 лет назад (калькулятор Килина — Клёсова дает 680 лет назад, что

практически одно и то же). Слева на 7 часов — молодая ветвь гаплогруппы C2-M217 из 40 гаплотипов (12 %) с общим предком 1,2 тыс. лет назад (линейный метод расчетов) или 1305 лет (по калькулятору). Рядом — на 8 часов — более старая ветвь той же гаплогруппы C2-M217 из 16 гаплотипов (4,7 %) с возрастом предка примерно 10,8 тыс. лет. Общее число гаплотипов группы C2-M217 (56) составляет 17 %. В сумме гаплотипы групп R1a (максимальное количество), C2-M217, O2-M122, R1b составляют около двух третей уйгуров и казахов.

Остальные древние ветви справа — гаплогруппы N, J2, G. Они небольшие по количественному представительству.

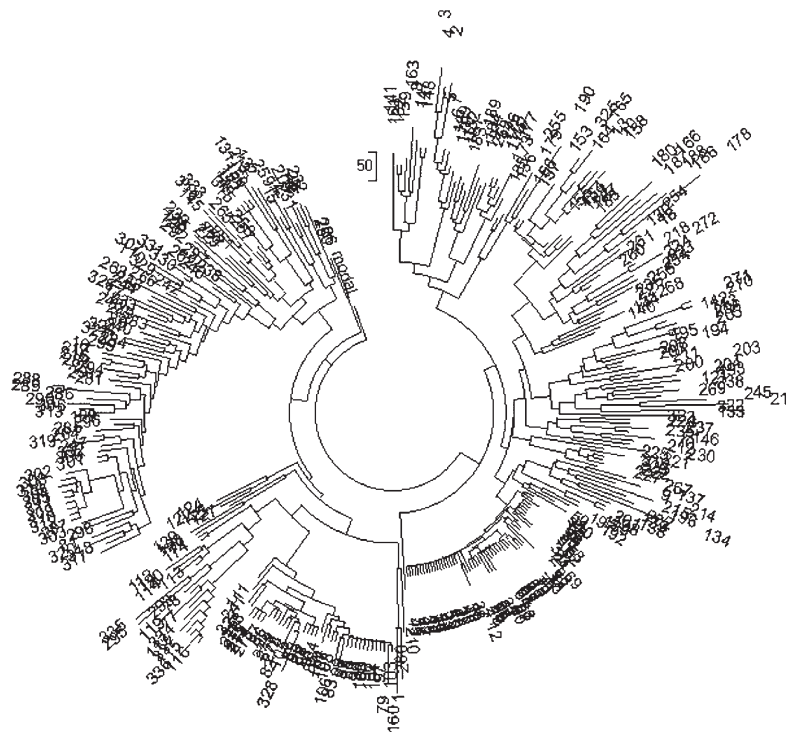
Уйгуры — древний народ. Все 217 гаплотипов дерева на рис. 208 в совокупности дают время до «общего предка» примерно 34 тыс. лет назад. Эта величина не имеет большого смысла, потому что любые древние рода в совокупности дают десятки тысяч лет назад до их фигуральных общих предков. Поэтому есть смысл подразделять деревья гаплотипов на ветви и анализировать их раздельно. Например, большая ветвь из 95 гаплотипов на дереве слева, которая содержит гаплотипы групп R1a и R1b, имеет общего предка 26,8 тыс. лет назад. Это уже имеет смысл, потому что это — время жизни общего предка гаплогруппы R1, как показывают независимые расчеты. Но и эта дата не является характерной именно для уйгуров, она просто помещает уйгуров в общий ДНК-генеалогический контекст, является скорее проверочной.

При дальнейшем разделении этой ветви и выделении из нее гаплотипов группы R1a мы уже получаем информацию, характерную только для уйгуров. В гаплогруппе R1a у уйгуров появляются две ветви, одна из которых очень необычна, ее базовый гаплотип:

13 25 15 10 11 11 12 14 7 30 — 17 14 19 11 15 11 21.

Самое необычное в ней — это аллель маркера DYS392 = 7. У европейских гаплотипов гаплогруппы R1a там DYS392 = 11. Четыре мутации в этом маркере (константа скорости мутации 0,0003 на маркер на условное поколение в 25 лет) требуют огромного времени для их осуществления, потому что из константы следует, что 1 мутация там происходит в среднем раз





**Рис. 208.** Дерево 17-маркерных гаплотипов казахов (121 гаплотип) и уйгуров (217 гаплотипов) Синцзяня. Слева — большая ветвь из 95 гаплотипов, в которой доминируют гаплотипы группы R1a (с общим предком 7271–6596 лет назад). Справа на 5 часов — молодая ветвь гаплогруппы O2a2b1-M134 из 55 гаплотипов, общий предок ветви жил всего 675–720 лет назад. Слева на 7 часов — молодая ветвь гаплогруппы C2-M217, с общим предком 1385 лет (расчет по калькулятору Килина – Клёсова) и 1,2 тыс. лет (расчет вручную). Рядом — на 8 часов — более старая ветвь той же гаплогруппы C2-M217 возрастом 7050–7290 лет, то есть примерно таким же, как и возраст ветви гаплогруппы R1a. Остальные древние ветви справа — гаплогрупп N, J2, G, R1b. Они небольшие по численному представительству

в  $1/0,0003 = 3333$  условных поколения, или раз примерно в 80 тыс. лет. Понятно, что эту величину нельзя формально умножать на 4, потому что мы имеем дело со статистикой и знаем, что орел или решка могут выпадать несколько раз подряд. Это же может происходить и с мутациями. Поэтому одна аллель скажет нам немного, кроме того, что этот гаплотип — реликтовый, остался от очень древних предков. Поскольку в списке уйгурских гаплотипов их 5 единиц и на все приходится 19 мутаций от приведенного выше базового гаплотипа, то общий предок данных 5 гаплотипов жил  $19/5/0,0365 = 104 \rightarrow 117$  условных поколений, или  $2900 \pm 800$  лет, назад. Иначе говоря, популяция с этими значениями DYS392 = 7 прошла «бутылочное горлышко» в II–I тыс. до н. э., и выжили относительно немногие. Относительно немного их осталось и сейчас, 5 гаплотипов из 217 уйгурских, всего 2 % популяции.

Остальные гаплотипы группы R1a имеют следующий базовый гаплотип, более обычного вида:  
13 25 16 11 11 14 10 13 11 31 — 15 14 20 13 16 11 23.

Все 69 гаплотипов этой ветви содержат 447 мутаций, что дает  $447/69/0,0365 = 177 \rightarrow 218$  поколений, или  $5450 \pm 650$  лет, до общего предка. Автоматический калькулятор (см. предшествующую статью) показал  $5600 \pm 600$  лет до общего предка, что совпадает в пределах погрешности расчетов. Это — заметно древнее европейских гаплотипов группы R1a. Но поскольку разница между двумя базовыми гаплотипами выше составляет 20 мутаций, что разводит общих предков этих двух ветвей на  $20/0,0365 = 588 \rightarrow 1138$  поколений, или 28 450 лет, это помещает общего предка обеих ветвей R1a на  $(2900 + 5450 + 28\,450)/2 = 18\,400$  лет назад.

Это — по расчетам по снипам — близко к времени жизни общего предка гаплогруппы R1a.

На основании этих данных можно полагать, что уйгуры — автохтоны на этой территории со времен примерно 20 тыс. лет назад. Возможно, ветвь с DYS392 = 7 и есть древнейшая ветвь гаплогруппы R1a в мире, и было бы крайне интересно определить снип и субклад носителей этих гаплотипов.

Представляет интерес сравнить базовый гаплотип основной ветви R1a уйгуров (5450 лет до общего предка) с базовым гаплотипом гаплогруппы R1a на Русской равнине (4,8 тыс. лет до общего предка), приведенным в данном формате ниже:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 — 15 14 20 11 16 11 23.

Между ними — всего 3 мутации. Это разводит их общих предков на  $3/0,0365 = 82 \rightarrow 90$  условных поколений, или 2250 лет, и помещает их общего предка на  $(2250 + 5540 + 4800)/2 = 6300$  лет назад.

Это всего на 1,5 тыс. лет старше гаплогруппы R1a на Русской равнине. Известные миграции носителей гаплогруппы R1a, ариев, на восток происходили намного позже, с прибытием на Урал, в Среднюю Азию, в Центральную Азию примерно 4 тыс. лет назад. Раскопки дают согласующиеся датировки ископаемых гаплотипов группы R1a — 3,8 тыс. — 3,4 тыс. лет назад. Поэтому датировка уйгурских гаплотипов R1a ставит вопросы, ответа на которые пока нет. Главный — откуда появились у уйгуров гаплотипы старше арийских на 2 тыс. лет?

Наиболее очевидные ответы следующие: (1) гаплотипы R1a уйгуров представляют собой смесь арийских и автохтонных гаплотипов, и датировка 5450–6300 лет назад представляет собой суперпозицию, усреднение датировок обеих популяций R1a, например, 4 тыс. и 8 тыс. лет назад, хотя результат усреднения будет зависеть от относительного количества потомков обеих популяций в настоящее время; (2) гаплотипы R1a появились на Русской равнине 4,6 тыс. — 4,9 тыс. лет назад не из Европы, а из Центральной Азии; этот вариант маловероятен и требует наличия среди уйгурских гаплотипов снипов M417, L664, Z645, Z283, Z282, Z93, и тогда Z280 и M458 появились уже на Русской равнине, как и все нижеследу-

ющие снипы субкладов Z93 и других, которые опять ушли на восток примерно 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад. Последняя гипотеза требует введения слишком многих новых факторов, потому и маловероятна. Придется подождать идентификации упомянутых выше снипов у уйгурских R1a, которых пока нет.

Таким образом, среди уйгуров наиболее представительная — гаплогруппа R1a, она же наиболее древняя (наряду с небольшим количеством носителей гаплогруппы C2-M217, в два раза меньшим, чем количество носителей R1a). Ее возраст — 6,3 тыс. — 5,5 тыс. лет — заметно превышает возраст общих предков гаплогруппы R1a на Русской равнине. Видимо, заметная доля уйгурских R1a — автохтоны, происхождением с Южной Сибири, где, собственно, уйгуры и живут.

## 108. СЕЛЬКУПЫ

Согласно данным Всероссийской переписи населения, число селькупов в РФ составляет примерно 3650 человек, из них 57 % живут в Тюменской области (из них 96 % — в Ямало-Ненецком автономном округе), 32 % — в Томской области, 8 % — в Красноярском крае, это в сумме уже составляет 97 % всех селькупов.

В табл. 103 представлен состав селькупов по гаплогруппам из разных источников.

Несмотря на определенный разноречивый в данных по разным выборкам и источникам, в целом ясно, что преобладающей гаплогруппой у селькупов является Q1, которая расходится на серию разных древних линий, следовательно, группы селькупов этой гаплогруппы имеют разное историческое происхождение.

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > **M25**.

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 (= M346) > M53 > M54 > Q1b1a3-**L330**.

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Q1b1-L53 > YP4010 > YP4004 > **YP4000**.

Их цепочки снипов расходятся от Q1-L472, который образовался 195 снип-мутаций, или примерно 28 тыс. лет, назад. Снип M25 (выделен) образовался 158 снип-мутаций, или примерно 22,8 тыс. лет, назад, снип L330 образовался 106 снип-мутаций, или примерно 15,3 тыс. лет, назад, наконец, снип YP4000 образовался 52 снип-мутации, или примерно 7,5 тыс. лет, назад.

**Таблица 103.** Состав гаплогрупп селькупов, по данным статьи\*, статьи\*\*\* и диссертации\*\*

Гаплогруппа	Статья* 43 чел., %	Диссертация** (северные селькупы), 131 чел., %	Статья***, %
Q1	58	66,4	52,9
Q1a2-M25	н/п	н/п	5,9
Q1b1b-YP4000	н/п	н/п	17,6
Q1b1a-L330	н/п	н/п	29,4
R1a	14	19,1	н/п
R1b	7	6,1	5,9****
N1a	9,3	6,9	41,2
N1a2b-P43	7	6,9	41,2
N1a1	2,3	н/п	н/п
I-M170	7	н/п	н/п
C2-M217	4,6	1,5	н/п

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Харьков В. Н. Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы: дисс. докт. биол. наук: 03.02.07. Томск, 2012. 440 с.

Эти же данные в литературе идут со ссылкой на Karafet и др. (2002).

\*\*\* Березовская Н. В. и др. Происхождение селькупов в свете междисциплинарного подхода (археология, генетика, лингвистика, историческая этнология) // *Вестник Томского государственного университета. История*. 2018. № 54.

\*\*\*\* Субклад R1b-M73.

Небольшая серия гаплотипов селькупов из 15 человек включена в «Уральский проект (финно-угро-самоеды)» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>).

В нем опять максимальное представительство (7 человек) занимают носители гаплогруппы Q, из которых двое показывают снипы M25 и YP4024 (= YP4000). Вторая по численности гаплогруппа — N (5 человек), из которых только один имеет «глубокий» снип VL64, к которому ведет цепочка снипов:

N-M231 > N1-Z4762 > L729 > L666 > N1a2b-P43 > VL67 > **VL64**

и который образовался 35 снип-мутаций, или примерно 5 тыс. лет, назад. Наконец, среди них есть по одному носителю гаплогрупп R1a и R1b-M269, и один явно недотипированный R-M173.

Несколько странно, что в недавней статье (Березовская и др., 2018) среди селькупов не

было обнаружено гаплогруппы R1a, хотя по другим данным ее содержание составило 14–19 %. Странно и то, что в данной статье авторы ни словом не упомянули гаплогруппу R1a, и еще более странно, что авторы даже не привели размера выборки селькупов, с которой работали. В этом отношении статья субстандартная. Такой вывод приходится сделать и потому, что в отличие от других исследований авторы не упомянули субклад N1a1, а также то, что содержание субклада N1a2b-P43 в их исследовании было во много раз выше, чем в других исследованиях селькупов, и авторы тоже не упомянули такое большое разногласие.

Из трех выборок в трех работах субклад гаплогруппы R1b был приведен только в одной статье, он оказался R1b-M73. Это — важное наблюдение, так как M73, видимо, типичный сибирский субклад, он встретился и в ботайской археологической культуре Северного Казахстана (датируется археологами 5,7 тыс. — 5,1 тыс. лет назад), сам

субклад образовался 84 снип-мутации, или примерно 12,1 тыс. лет, назад.

## 109. СОЙОТЫ

По данным Всероссийской переписи населения, численность сойотов в РФ составляет примерно 3,6 тыс. человек, из которых 99 % живут в Бурятии, около 1 % — в Иркутской области. Согласно официальной классификации, сойоты — коренной малочисленный народ Сибири.

Состав гаплогрупп у сойотов приведен в табл. 104.

**Таблица 104.** Состав гаплогрупп сойотов по данным статьи\*

Гаплогруппа	Статья* 34 чел., %	Гаплогруппа	Статья* 34 чел., %
O	26,5	C2-M217	17,6
R1a	24	Q	8,8
N1a	20,6	G	2,9
N1a2b-P43		R1b	0
N1a1	11,8		

\* Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277.

Как видно из таблицы, основными по численности у сойотов являются 4 гаплогруппы — O, R1a, N1a и C2, после чего идет сброс к относительно минорным по численности гаплогруппам. Формально первые 4 гаплогруппы можно разместить в той же последовательности, но при выборке в 34 образца погрешность не позволяет это делать. Для сибирских народов любой их них мог быть «этнообразующим», остальные — «примкнувшими» в ходе этнообразования.

## 110. СЕРБЫ

Число сербов в Российской Федерации, согласно переписи населения, — примерно 3,5 тыс. человек. Это — около 0,06 % сербов, проживающих в Сербии.

В сети есть «Сербский проект» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/SerbianDNAProject?iframe=yresults>, в котором перечислены 125 гаплотипов участников Проекта. Однако

при рассмотрении оказывается, что большинство участников не имеют записи «Сербия» и представляют Черногорию, Боснию-Герцеговину, Хорватию, Россию и другие страны. Участников с отнесением «Сербия» там 42 человека. Их гаплогруппы включены в табл. 105.

Мы видим, что среди сербских мужчин преимущественно представлена гаплогруппа I2a, причем в южнославянском субкладе, Y3120 (в таблице в цитированной статье приведены устаревшие данные), который подробно обсуждается выше в данной книге. За ним следуют гаплогруппы R1a, E1b и J2b, между которыми трудно выявить «лидера», в разных выборках численно преобладают одни или другие, в списке YFull они все представлены примерно одинаково. За ними следуют гаплогруппы I1, R1b и прочие, представленные уже в количествах единиц процентов (G2a, N, J1, Q, T, L).

Из 42 гаплотипов было построено дерево (рис. 209).

### Гаплогруппа I2a-Y3120

Это — субклад южнославянской ветви гаплогруппы I2a, который мы неоднократно разбирали в предшествующих разделах настоящей книги. Его ветвь показана на дереве на рис. 209 в верхней левой стороне. Хотя гаплотипов относительно мало, всего 10, но они образуют компактную ветвь, которую можно довольно показательно обработать. Базовый гаплотип всей ветви в 37-маркерном формате:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 19 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10,

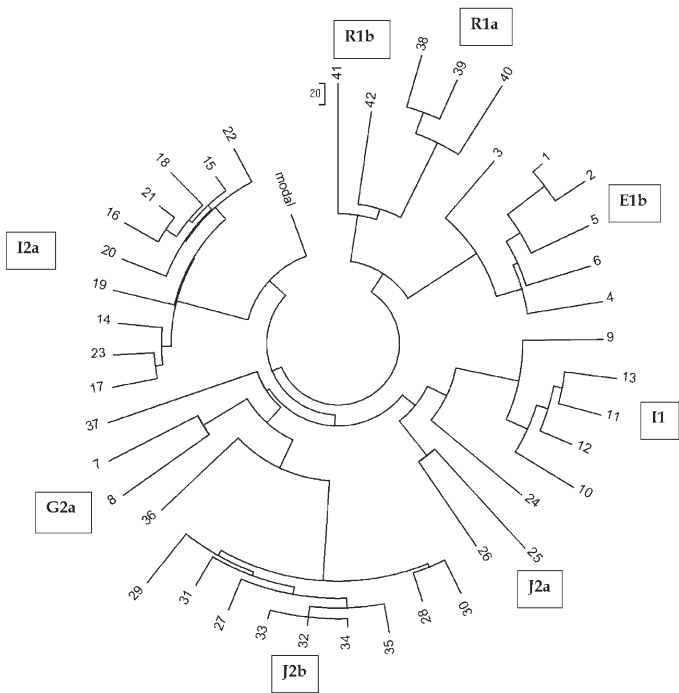
с общим предком  $1690 \pm 280$  лет назад, и без одного гаплотипа в 67-маркерном формате:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10  
11 11 25 15 19 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15  
12 18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11  
9 12 22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13  
11 11 12 9,

с общим предком  $1694 \pm 265$  лет назад (без округления), отличается всего на 2 мутации (отмечены) от «референсного» предкового гаплотипа субклада I2a-Y3120, общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад.

**Таблица 105.** Состав гаплогрупп сербов по данным «Сербского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/SerbianDNAProject?iframe=yresults>) и сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml); численность выборки в 1 тыс. человек — по сведениям сайта). Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Сайт Eupedia, (более 1000 чел.), %	«Сербский Проект» FTDNA, 42 чел., %	Число сніпов в списке YFull
I2	34,5	26,4	29
I2a-Y3120	н/п	24	27
I2a-M223	0,5	2,4	0
R1a	18	7,4	6
M458	н/п	5	
Z280	н/п	2,4	
E1b	15	14	6
J2	9	29	9
J2a-M410	н/п	5	2
J2b	н/п	24	7
I1-M253	8	12	5
R1b	6	5	7
Z2103	н/п	5	6
P312	н/п	0	1
G2a	2,5	5	1
N	2,5	0	3
J1	1		2
Q	1	0	0
T	0,5	0	0
L	н/п	2,4	0



**Рис. 209.** Дерево из 42 сербских гаплотипов проекта FTDNA (ссылка приведена в тексте) в 37-маркерном формате. Показаны некоторые ветви, относительно компактные



13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
 11 25 15 **20 32** 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
 18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
 22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
 12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
 11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
 14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

Две мутации на 37-маркерных гаплотипах эквивалентны  $2/0,09 = 22$  условным поколениям, или примерно 550 годам, на 67-маркерных гаплотипах —  $2/0,12 = 17$  условным поколениям, или примерно 425 годам. Это примерно соответствует разнице между общими предками сербских базовых гаплотипов и «референсного» предкового гаплотипа субклада I2a-Y3120.

Для нескольких гаплотипов этого субклада в «Сербском проекте» определены «глубокие» субклады. Все они являются нижестоящими от I2a-Y3120, как и предполагалось. Для ориентации приведем положение самого снипа Y3120:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > **Y3120**,

и далее — нижестоящих от него снипов на обсуждаемой ветви:

Y3120 > S17250 > **PH908** > Z16983 > Y4789 > **BY169115**,

Y3120 > S17250 > PH908 > FT14506 > Y56203 > **Y134578**,

Y3120 > S17250 > PH908 > FT14506 > Y179535 > Y52621 > **FT190693** (= FT190799),

Y3120 > S17250 > PH908 > Y32084 > PH3310 > A20333 > **FT14649** (= FT25902),

Y3120 > Z17855 > Z17855a > Y12341 > Y52071 > Y59595 > **BY152788** (= Y151307),

Y3120 > Z17855 > Z17855a > A16413 > A20030 > **BY66632** (= Y135653).

Все конечные снипы в последних шести цепочках — относительно недавние, образовались между 1550 и 900 лет назад. В этом и причина сравнительно малого возраста общего предка ветви I2a-Y3120 на дереве гаплотипов.

В списке YFull числится 25 представителей сербов с гаплогруппой I2, из них 24 — из южнославянской группы Y3120, конечные снипы образовались уже в нашей эре или на переходе старой и новой эры. Лишь один снип образовался в обход южнославянской линии:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > M436 > Y10705 > S2524 > L38 > S2606 > Y13067 > Y13076 > PH1237 > Y31038 > BY25359 > **Y125026**.

Таким образом, почти все сербы из двух независимых выборок гаплогруппы I2a принадлежат к компактной линии снипа Y3120 и нижестоящих снипов, их общий предок жил около 2 тыс. лет назад.

## Гаплогруппа R1a

Этой гаплогруппы у сербов в изучаемой выборке Проекта FTDNA мало, всего 3 гаплотипа. У двух известны конечные снипы, один из субклада M458, причем снип не входит ни в западнославянскую (L260), ни в центральноевропейскую (CTS11962 > L1029) ветви:

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > A11460 > **BY202471**,

другой из субклада Z280:

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y2613 > Y2609 > Y2608 > **BY68536** (= YP6098).

Первый концевой снип (BY202471) образовался 20 снип-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад, когда гаплогруппа I2a-Y3120 еще не прошла «бутылочное горлышко» выживания и носителей гаплогруппы I2a на территории современной Сербии практически не было. Но носители гаплогруппы R1a, видимо, были, причем их предки прибыли с севера, со стороны современных территорий Белоруссии—Польши, где по предварительным данным образовалась гаплогруппа R1a-M458. Второй концевой снип (BY68536) прибыл со своими предками также с севера, из балто-карпатской ветви (CTS3402), возможно, из фатьяновской археологической культуры (4,3 тыс. — 3,5 тыс. лет назад, сам снип CTS3402 образовался 31 снип-мутацию, или примерно 4450 лет, назад).

Получить некоторое, хотя вовсе не исчерпывающее представление, каких линий у сербов больше — M458 или Z280, позволяет список YFull.

Первый снип в списке — тот же BY202471 из линии M458. Все остальные пять снипов — из линии Z280, выходцев из культуры шнуровой керамики и/или фатьяновской культуры:

Z645 > Z280 > CTS1211 > Y35 > YP4278 > Y109474 > **BY30743**,

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y2613 > Y2609 > Y2608 > **YP6098**,

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y3301 > L1280 > Y5647 > YP611 > **YP3987** > **YP3989** > **YP3992**.

Последние три снипа образовались подряд в диапазоне времени 2,2 тыс. → 1,3 тыс. → 1,2 тыс. лет назад.

Так что пока по рассмотренным выборкам у сербов преобладает линия R1a-Z280, причем карпатская и балто-карпатская ветви.

### Гаплогруппа E1b

Все 6 гаплотипов этой гаплогруппы у сербов в рассматриваемой выборке Проекта FTDNA относятся к субкладу E1b-V13 и образуют одну ветвь с базовым гаплотипом:

13 24 13 10 16 18 11 12 11 13 11 30 16 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 16 12 17 20  
31 34 11 10,

и общим предком  $2840 \pm 480$  лет назад. Этот гаплотип всего на 3 мутации (отмечены) отличается от «референсного» предкового гаплотипа субклада E1b-V13 по всей Европе:

13 24 13 10 16 18 11 12 **12** 13 11 30 **15** 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 **17** 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11,

полученного для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, с временем жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад. В принципе, обе датировки согласуются в пределах погрешности расчетов, но здесь дело может быть не в погрешности. Три мутации в двух 37-маркерных гаплотипах эквивалентны расстоянию между их общими предками  $3/0,09 = 33 \rightarrow 34$  условных поколения, или 850 лет, и их общий предок жил  $(850 + 2840 + 3450)/2 = 3570$  лет назад. Это и есть датировка общего предка гаплотипов субклада E1b-V13 в Европе.

В отношении снипов — все они проходят через снип V13 по следующей цепочке:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13, и далее расходятся по линиям до соответствующих конечных снипов:

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Y18556 > Z19851 > Z19851a > A18833 > Y172393 > **A18844**,

V13 > Z1057 > **PH1246** (= Y30977),

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Y30977 > Y37092 > **BY14160**.

Такая же картина наблюдается и в списке YFull (помимо двух конечных снипов, приведенных выше):

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Y18556 > Z19851 > Z19851a > A18833 > Y172393 > A9739 > Y190254 > **Y190253** (2 человека),

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Z5016 > Y3762 > CTS6377 > CTS9320 > **Z16988** > BY34282 > BY50887 > BY155704 > Y133830 > **Z13591**.

Самые древние из перечисленных семи конечных снипов образовались во времена истребления носителей E1b-V13 в Европе в середине III тыс. до н. э. (описано в этой книге выше) — PH1246 (31 снип-мутация, или примерно 4,5 тыс. лет, назад) и BY14160 (30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад). Все остальные конечные снипы образовались между 3 тыс. лет назад (21 снип-мутация назад, снип Z16988) и 720 лет назад (5 снип-мутаций, Z13591).

### Гаплогруппа J2

В данной выборке у сербов наблюдается преимущественно субклад J2b, который образует выраженную ветвь в нижней части дерева на рис. 209. Ее базовый гаплотип:

12 23 15 10 16 19 11 15 12 12 12 28 16 8 9 11 12  
25 14 19 31 14 15 15 15 11 11 19 20 14 14 18 18  
34 35 11 9 11 8 15 16 8 11 10 8 12 9 12 22 24 17  
10 12 12 17 8 14 23 20 13 12 11 14 10 12 12 11,

с датировкой общего предка  $1160 \pm 200$  лет назад. Ясно, что у сербов эта линия недавно приобретенная, в конце IX в.  $\pm 200$  лет. Откуда пришла — неизвестно, в этой книге подобных базовых гаплотипов больше нет, тем более в преимущественных количествах в сравнении с линией J2a. В данной выборке сербов — в соотношении 5:1.

В списке YFull имеются следующие (конечные) снипы для 9 сербов:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 >

Z1847 > Y4036 > Z467 > FGC21348 > S11842 > **Y15913**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > PF7412 > SK1344 > Z36892 > BY41357 > Y143134 > **BY40623**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Y21045 > Z38300 > Y20899 > PH1751 > **Z38299**,

J2-M172 > J2b-M102 (= M12) > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Y15058 > Z38240 > PH1602 > PH502 > **Y40288**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > **BY38004**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z27522 > Y23094 > Y86181 > Y82533 > Y82978 > CTS8786 > Y182188 > **FT157333** (2 человека),

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > M205 > FT7321 > CTS1969 > YP51 > Y22075 > **Y22059** > Y22063 > **Y22069**.

Первые 2 из них относятся к линии J2a, остальные 7 — к линии J2b. Первые образовались 9,6 тыс. и 2,8 тыс. лет назад, вторые — между 5,8 тыс. и 550 лет назад.

### Гаплогруппа I1-M253

В «Сербском проекте» есть всего несколько гаплотипов этой гаплогруппы, которые образуют довольно компактную ветвь с общим предком, который жил в конце прошлой — начале нашей эры. Эта гаплогруппа по всей Европе легко предсказуема, поскольку ее носители были почти полностью уничтожены 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад и начали возрождаться примерно 3,7 тыс. лет назад, пройдя «бутылочное горлышко» выживания. У нескольких гаплотипов из «Сербского проекта» эта датировка заметно позже, но это может объясняться малой выборкой. Несколько сний из Проекта относятся к следующим цепочкам:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z2336 > Z2337 > S6346 > L22 > Y3549 > S25633 > P109 > S10891 > **FGC21732** (= Y13930),

I1-M253 > I1a-DF29 > Z2336 > Z2337 > S6346 > L22 > Y3549 > S25633 > P109 > FGC16695 > FGC16678 > Y3662 > S14887 > Y11203 > FGC22046 > FGC22045 > **FGC33034** > **FGC22057**.

Все эти конечные снии довольно недавние, образовались уже после геноцида их предков в Европе. Первый сний (FGC21732) образовался 19 сний, или примерно 2,7 тыс. лет, назад, последние (выделены) — 900 и 700 лет назад соответственно.

Несколько представителей сербов в списке YFull характеризуются следующими цепочками сний:

I1-M253 > DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > **Y59728**,

I1-M253 > DF29 > Y2592 > Z2336 > Y3866 > S4767 > Y4781 > S4770 > M227 > A11380 > **BY169301** (2 человека),

I1-M253 > I1a-DF29 > Z2336 > Z2337 > S6346 > L22 > Y3549 > S25633 > P109 > FGC16695 > FGC16678 > Y3662 > S14887 > Y11203 > FGC22046 > FGC22045 > **FGC33034** > **FGC22054**.

Первый из конечных сний (Y59728) образовался примерно 3,8 тыс. лет назад, второй (BY169301) — примерно 2,5 тыс. лет назад, последние два (выделены) — 900 и 700 лет назад.

### Гаплогруппа R1b

Эта гаплогруппа является в Сербии минорной по численности (см. табл. 105), как и в большинстве славянских стран. В «Сербском проекте» имеется 1 гаплотип гаплогруппы R1b с соответствующей цепочкой сний:

R1b-M343 > L754 > P297 > M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y10789 > Y23373 > Z2705 > **Y32147**.

Он образовался 9 сний-мутаций, или примерно 1,3 тыс. лет, назад.

В списке YFull имеются 7 сербских представителей, 5 из них с соответствующими цепочками сний, продолжающимися от Z2103...Z2705:

Z2705 > **BY199059**,

Z2705 > FT48939 > **FT49714**,

Z2705 > **Y32147** > FT166340 > Y37280 > Y83258 > **Y84624** (2 человека).

Все пятеро (плюс шестой выше) относительно близкие родственники в ДНК-генеалогическом смысле, их конечные сніпы образовались между 1450 лет назад (BY199059 и Y32147) и 950–800 лет назад (Y84624 и FT49714).

Еще один относится к линии западноевропейского субклада R312, и последний — к линии M269-PF7562, довольно редкой линии, которая образовалась (в виде сніпа PF7562) 43 сніп-мутации, или примерно 6,4 тыс. лет, назад, прошла в Европу со стороны Китая и через Армению и Турцию:

R1b-M269 > PF7562 > PF7563 > Y31335 > **BY16680**.

Последний сніп найден в Сербии с датировкой образования 32 сніп-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Видимо, его первые носители и принимали участие в геноциде коренного населения Европы, и потомки сейчас живут в Сербии.

### Гаплогруппа G2a

Эта гаплогруппа — минорная по численности у сербов, в «Сербском проекте» к ней относятся всего 2 гаплотипа, типированные только на гаплогруппу G-M201. Единственный представитель Сербии с этой гаплогруппой в списке YFull имеет следующий конечный сніп:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > PF3359 > F1193 > PF3369 > F872 > PF3378 > Z7016 > Z7022 > **BY63384**,

который образовался 39 сніп-мутаций, или примерно 5,6 тыс. лет, назад. Это было еще в Европе, до истребления предков современных сербов, которые представляли с гаплогруппами G2a, I1, I2, E1b коренное население Европы.

### Гаплогруппа N

Эта гаплогруппа в Сербии и на Балканах в целом весьма случайная, минорная по численности. В «Сербском проекте» ее носителей вообще нет, в списке на сайте Eupedia — единицы процентов. В списке YFull есть 3 представителя из Сербии с этой гаплогруппой, все трое фактически родственники:

N-M231 > Y6503 > P189.2 > Y6516 > Y7310 > Y7313 > FT182494 > **FGC28435** > **FGC28483** (2 человека).

Эти сніпы, как, видимо, и вся цепочка, были занесены из Турции, поскольку те же сніпы были найдены и там. Они образовались всего 4 сніп-мутации, или примерно 600 лет, назад.

\* \* \*

Остальные гаплогруппы, показанные в табл. 105, — J1, Q, T и L — являются в Сербии минорными по численности или вообще отсутствуют по приведенным выборкам. Они здесь анализироваться не будут.

## 111. РУМЫНЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают примерно 3,2 тыс. румын (из 24 млн, проживающих в Румынии, Италии, Молдавии, на Украине и в других странах Европы, а также в США и других неевропейских странах) (см. табл. 106).

Мы видим, что доли гаплогрупп в обеих колонках скажут, хотя надо учитывать то, что статистика в «Румынском проекте» оставляет желать лучшего. Видимо, «вес достоверности» выше у данных сайта Eupedia, хотя данные «Румынского проекта» надо тоже учитывать. Вообще с румынами надеяться на «точные» данные довольно сложно, и это показывают данные «Румынского проекта». Даже при беглом взгляде видно, что в них наблюдается сильный переко́с гаплотипов евреев с типичными для них именами-фамилиями, причем в Проекте есть множество евреев также из Польши, Украины, Белоруссии, России. Множество гаплотипов в Проекте из разных стран мира с фамилиями, типичными для тех стран, вовсе не румынскими. Всего в Проекте 257 гаплотипов, и после удаления явно не этнических румын, и далее оставляя только тех, против которых стоит «Румыния» или дополнительно указано румынское происхождение, в Проекте осталось только 77 гаплотипов, из них всего 58 гаплотипов в 37-маркерном формате, остальные 19 гаплотипов — в 12-маркерном формате. Из 37-маркерных гаплотипов построено дерево, приведенное на рис. 210.

**Таблица 106.** Состав гаплогрупп румын по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_ydna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_ydna_haplogroups.shtml); численность выборки в 500–1000 человек — по сведениям сайта) и «Румынского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Romania?iframe=yresults>). Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Сайт Eupedia, (500–1000 чел.), %	«Румынский Проект» FTDNA, 77 чел., %	Число снийов в списке YFull
I2	28	14	5
I2a-Y3120	н/п	14	2
I2b	2	0	0
R1a	18	8	3
M458	н/п		2
Z280	н/п		1
R1b	15	16	12
P312	н/п	5,2	3
Z2103	н/п	1,3	5
U106	н/п	н/п	1
E1b	14	14	5
V-13	н/п	8	
J2	13	14	7
J2a-M410	н/п	2,6	
J2b	н/п	3,9	
I1-M253	3	12	6
G2a	3	8	3
N1a1	1,5	6,5	1
J1	1	0	0
T	1	4	1
Q	0,5		0
H2b	н/п	1,3	0
C	н/п	1,3	0

### Гаплогруппа I2a-Y3120

Это — субклад южнославянской ветви гаплогруппы I2a, который мы неоднократно разбирали в предшествующих разделах настоящей книги. Его ветвь показана на дереве на рис. 210 в верхней левой стороне. Хотя гаплотипов относительно мало, всего 9, но они образуют компактную ветвь, базовый гаплотип которой в 37-маркерном формате:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10,

с общим предком  $1850 \pm 300$  лет назад, отличается на первых 37 маркерах всего на 1 мутацию (отмечена) от «референсного» предкового гаплотипа субклада I2a-Y3120, общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад.

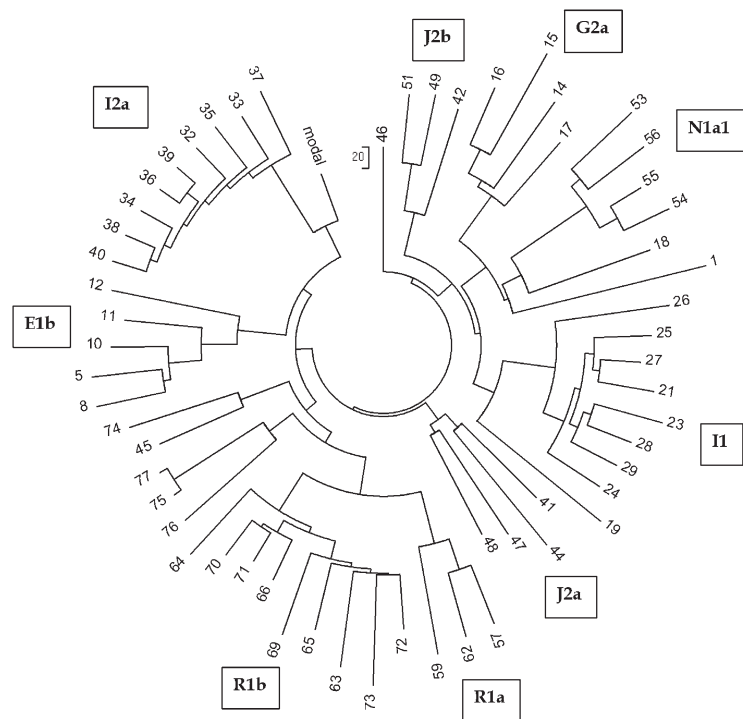
13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 **32** 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

На самом деле там разница не в 1 мутацию, а в 0,6 мутации при усреднении по всем румынским гаплотипам. Показанный румынский базовый гаплотип отличается всего на 1 мутацию (в другом маркере, выделено) от базового сербского гаплотипа:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 **19** 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10,

с общим предком  $1690 \pm 280$  лет назад, что тоже практически совпадает с румынским в пределах





**Рис. 210.** Дерево из 58 румынских гаплотипов проекта FTDNA (ссылка приведена в тексте) в 37-маркерном формате. Показаны некоторые ветви, относительно компактные. Остальные ветви являются или набором единичных гаплотипов, или гаплотипами разных гаплогрупп

погрешности расчетов. Одна мутация между двумя 37-маркерными гаплотипами эквивалентна  $1/0,09 = 11$  условным поколениям, или примерно  $275 \pm 196$  лет разницы между датировками общих предков. Как видим, это практически одно и то же.

Надо отметить, что значительная в количественном отношении гаплогруппа у румын, сербов и молдаван — I2a-Y3120, южнославянский субклад. Это — серьезный аргумент в пользу общего происхождения значительной части всех трех этносов, от одних общих предков, которые жили в конце прошлой — начале нашей эры. Хотя надо отметить, что у молдаван на первом месте по численности стоит гаплогруппа R1a (30–37 %), что отличает их от сербов и румын.

Для большинства гаплотипов этого субклада в «Румынском проекте» определены «глубокие» субклады. Все они являются нижестоящими от I2a-Y3120, как и предполагалось. Для ориентации приведем положение самого снипа Y3120:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > **Y3120**,

и далее — нижестоящих от него снипов на обсуждаемой ветви:

Y3120 > **Z17855** > Z17855a > A16413 > **BY37212 (= A20030)**,

Y3120 > **S17250 (= Y3548)**,

Y3120 > **Y4460** > Y3106 > **Y3118**.

Последний снип (выделен) образовался 14 снип-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад. Он найден также у молдаванина, как показано выше в соответствующей главе. Снип Y4460, найденный у двух румын, определенно недотипирован. Снип BY37212 образовался 9 снип-мутаций, или примерно 1,3 тыс. лет, назад.

В списке YFull имеются еще следующие снипы румын гаплогруппы I2a:

Y3120 > Z17855 > **Z17855a**,

Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > **A1815**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L161 > S2639 > L1498 > FGC7087 > Y3749 > S2742 > Y14338 > Y14605 > Y4879 > **ZS11586**,

I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > Y10705 > S2524 > L38 > S2606 > Y13067 > Y13076 > PH1237 > Y31038 > BY25359 > **Y125026** (2 человека).

Последний снип найден у греков, он образовался 16 снип-мутаций, или примерно 2,3 тыс. лет, назад.

Мы видим, что из 5 снипов в списке YFull два относятся к южнославянской ветви Y3120 и 3 снипа ее обходят.

### Гаплогруппа R1a

В «Румынском проекте» есть всего несколько гаплотипов этой гаплогруппы, из которых только три в 37-маркерном формате. Все они недотипированы, формальный расчет времени жизни их общего предка дает  $3200 \pm 670$  лет назад, то есть относительно недавно, времена лужицкой археологической культуры на северном направлении, на территории современной Германии, и завершение времен фатьяновской археологической культуры на Русской равнине. По смыслу это согласуется с временами миграции носителей фатьяновской культуры на юго-запад, но для такого вывода мало данных.

В списке YFull имеется 3 представителя румын, со снипами следующих цепочек:

Z645 > M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP619 > **YP444**,

Z645 > M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP417 > YP418 > **Y44160**,

Z645 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > FGC13681 > YP953 > YP951 > YP4659 > **YP6186**.

Две из них относятся к линии центральноевропейского субклада M458-L1029, один — к линии балто-карпатской ветви CTS3402. Все три последних снипа образовались относительно недавно, соответственно 13, 13 и 9 снип-мутаций, или примерно 1,9 тыс., 1,9 тыс. и 1,3 тыс. лет, назад, все в нашей эре или около того.

### Гаплогруппа R1b

Эта гаплогруппа у румын представлена из различных ДНК-линий — архаичных, западноевропейских, восточноевропейских, причем эти линии разрознены, к тому же в списке YFull гаплотипов нет, а в «Румынском проекте» гаплотипы типированы поверхностно. По этой причине можно сделать лишь оценочные определения времени жизни общего предка для 9 гаплотипов в левой нижней части дерева на рис. 210. Оно

равно  $3540 \pm 500$  лет назад и мало как для гаплогрупп субклада Z2103 (восточноевропейские, субклад ямной культуры), так и для гаплогрупп субкладов P312 и/или U106 (западноевропейские), обе группы субкладов образовались около 5 тыс. лет назад. Более того, всего 2 гаплотипа из этих девяти начинаются с аллели DYS393 = 12, характерной для Z2103 (ямной культуры), так что остальные в основном имеют скорее западно- или центральноевропейское происхождение.

Список YFull содержит 12 представителей гаплогруппы R1b из Румынии, из которых пятеро имеют субклад Z2103 и нижестоящие снипы со следующими цепочками снипов:

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > Y16852 > Y11410 > **FGC14600**,

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y5587 > Y14300 > **Y38317**.

Снип Y5587 из последней цепочки найден у осетин (образовался 34 снип-мутации, или примерно 4,9 тыс. лет назад) и прибыл в Румынию или с Кавказа, или напрямую из ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет, назад).

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y10789 > Y23373 > Z2705 > **Y32147**,

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y5587 > Y14300 > **V2986**,

Z2103 > Y4364 > Y4366 > BY13830 > FGC62957 > Y19860 > Y19847 > Y19847a > Y19853 > Y19852 > **A13358**.

Все конечные снипы в показанных выше пяти цепочках образовались относительно недавно, между 14 снип-мутациями (примерно 2 тыс. лет назад, снип V2986) и 6 снип-мутациями (примерно 860 лет назад, снип A13358).

Три снипа линии R1b-P312 у румын образовались по следующей цепочке, ведущей до P312: R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > P312, и далее:

P312 > U152 > L2 > **A19725**,

P312 > S461 > L21 > **DF13**,

P312 > DF27 > FGC20747 > V3505 > FGC20767 > FGC20770 > V2240 > FGC20758 > V3476 > FGC20816 > FGC20819 > **Z16828**.

Первый и второй конечные сніпы образовались примерно 4,3 тыс. и 4,2 тыс. лет назад соответственно, последний сніп — всего 2 сніп-мутации, или примерно 290 лет, назад.

Один сніп у румына в списке YFull относится к линии U106:

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > U106 > S263 > S499 > L48 > Z9 > Z331 > Y19416 > **FGC12346**.

Помимо этого, в списке YFull есть представители румын необычных линий гаплогруппы R1b: R1b-M343 > R1b1-L754 > **V2219**.

Последний сніп (выделен) образовался 115 сніп-мутаций, или примерно 16,6 тыс. лет, назад.

R1b-M343 > R1b1-L754 > L388 (= L389) > P297 > M269 > PF7562 > PF7563 > Y31335 > BY16680 > **Y140899**.

Последний сніп образовался примерно 4,5 тыс. лет назад.

### Гаплогруппа E1b

Большинство (5 из 6) гаплотипов этой гаплогруппы у румын в рассматриваемой выборке Проекта FTDNA в 37-маркерном формате относятся к субкладу E1b-V13 и образуют одну ветвь с базовым гаплотипом:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 16 9 9 11 11  
26 14 20 33 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10,

и общим предком  $2760 \pm 540$  лет назад. Этот гаплотип всего на 2 мутации (отмечены) отличается от «референсного» предкового гаплотипа субклада E1b-V13 по всей Европе:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 **15** 9 9 11 11  
26 14 20 **32** 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11,

полученного для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, с временем жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад. В принципе, обе датировки согласуются в пределах погрешности расчетов, но здесь дело может быть не в погрешности. Две мутации в двух 37-маркерных гаплотипах эквивалентны расстоянию между их общими предками  $2/0,09 = 22$  условных поколений, или 550 лет, и их общий предок жил  $(550 + +2760 + 3450)/2 = 3380 \pm 400$  лет назад. Это

и есть датировка общего предка гаплотипов субклада E1b-V13 в Европе.

Показательно, что в отношении субклада E1b-V13 румыны из данной выборки практически идентичны сербам (см. соответствующую главу выше) почти с таким же базовым гаплотипом и датировкой общего предка  $2840 \pm 480$  лет назад.

В списке YFull имеются 5 представителей румын, из них только двое относятся к субкладу V13:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > S2979 > Z16659 > L241 > **A7065**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > S2979 > Z16659 > L241 > **FGC63243**.

Оба конечных сніпа выше образовались 21 и 16 сніп-мутаций соответственно, или примерно 3 тыс. и 2,3 тыс. лет, назад.

Три остальные цепочки сніпов обходят V13:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > PF2025 > PF1974 > PF1987 > PF1952 > FGC56002 > **FGC56023**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y14899 > Y14891 > Y16781 > Y17225 > **BY192463**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > M132 > M44 > Y15944 > Z17699 > Z17697 > **Y32594**.

Три конечных сніпа образовались соответственно 1,2 тыс., 1050 и 800 лет назад.

### Гаплогруппы/субклады J2a и J2b

Эти гаплогруппы находятся среди румын в умеренных количествах, им соответствуют небольшие ветви наверху дерева гаплотипов (рис. 210) и в его нижней (слева) части. Формальный расчет времени жизни общих предков этих малых ветвей приводит к датировкам  $6800 \pm 1000$  и  $4600 \pm 860$  лет назад соответственно, и это лишь показывает, что это не недавние ветви, и скорее всего, они образованы совокупностью разнородных гаплотипов разного происхождения. По этой причине приводить базовые гаплотипы этих ветвей не имеет большого смысла, статистика здесь слишком мала.

В ветви J2a в «Румынском проекте» типированы только 2 гаплотипа, снипы которых выделены в цепочке ниже:

J2-M172 > **J2a-M410** > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > **L210** (= Z471).

Последний снип (L210) образовался около 10 тыс. лет назад.

В ветви J2b типированы тоже только два гаплотипа:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 (Z575) > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Y15058 > Z40052 > Z40054 > **BY811991**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Y21878 > CTS11100 > Y37121 > **BY137584** (= Y85328).

Их конечные снипы образовались соответственно 26 и 22 снип-мутации, или примерно 3,7 тыс. и 3,2 тыс. лет, назад. Эти две линии разошлись многие тысячи лет назад, от снипа L283, а именно 70 снип-мутаций, или примерно 10,1 тыс. лет, назад. Это показывает, что носители гаплогрупп J2 прибывали на территорию будущей Румынии случайно, разными группами и не относятся к числу «коренных».

Это подтверждается снипами 7 румын в списке YFull, которые завершают следующие цепочки.

В субкладе J2a:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 (= L560) > Y9005 > **Y13511**.

Эта линия характерна для украинцев, литовцев, поляков, евреев и армян. Последний снип (выделен) образовался всего 6 снип-мутаций, или примерно 860 лет, назад.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 (= L560) > Y11782 > **Y22280**.

Эта линия характерна для поляков и евреев. Оба последних снипа (выделены) образовались всего 6 снип-мутаций, или примерно 860 лет назад.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z7671 > CTS900 > Z7661 > Y3020 > Y11200 > Z30677 > Y17946 > **FGC62187**.

Эта линия характерна для армян, последний снип образовался 31 снип-мутацию, или примерно 4,5 тыс. лет, назад.

В субкладе J1b:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 (Z575) > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Y15058 > Z40052 > Z40054 > **BY811991**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 (Z575) > Z2453 > Z42941 > Z42957 > Z42942 > Z42946 > Z42983 > BY22607 > **Y102756**.

Последний снип найден также в Венгрии. Он образовался 26 снип-мутаций, или примерно 3,7 тыс. лет, назад.

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Y21878 > CTS11100 > Y37121 > **Y85328**.

Последний снип найден также в Болгарии. Он образовался 22 снип-мутации, или примерно 3,2 тыс. лет, назад.

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > **Y191359**.

Последний снип найден также в Албании. Он образовался 20 снип-мутации, или примерно 2,9 тыс. лет, назад.

Мы видим, что линии гаплогруппы J2 (J2a и J2b) не являются характерными для Румынии. Они распространены на Кавказе, откуда, возможно, и прибыли на Русскую равнину, а также продвинулись на запад — в Польшу, Болгарию, Венгрию, Румынию.

## Гаплогруппа I1-M253

Нет ничего удивительного, что в Румынии есть гаплогруппа I1, это — древняя европейская гаплогруппа, гаплотипы которой практически одинаковы по всей Европе, включая Скандинавию и Русскую равнину. Но этой гаплогруппы в двух выборках (см. табл. 106) мало — от 3 до 12 %.

В «Румынском проекте» есть несколько гаплотипов этой гаплогруппы, 8 из которых —

в 37-маркерном формате, они представлены на дереве гаплотипов на рис. 210 в виде довольно компактной ветви, с базовым гаплотипом:

13 23 14 10 13 15 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  
17 20 35 37 12 10

и датировкой общего предка  $2800 \pm 430$  лет назад. По сравнению с «референсным» 111-маркерным базовым гаплотипом, полученным при обработке 968 европейских гаплотипов в 111-маркерном формате (с датировкой общего предка  $3686 \pm 369$  лет назад, без округления):

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11,

на первых 37 маркерах мы видим 3 мутации (выделены). На самом деле это не 3, а 1,75 мутаций при усреднении серии румынских гаплотипов (усредненные аллели равны 22,625, 14,635 и 17 соответственно), и разница между общими предками этих двух гаплотипов эквивалентна  $1,75/0,09 = 19$  условным поколениям, или примерно 475 годам, и общий предок их жил  $(475 + 2800 + 3686)/2 = 3480 \pm 400$  лет назад, то есть во времена жизни «европейского» базового гаплотипа. Иначе говоря, румынские гаплотипы гаплогруппы I1 произошли напрямую от «европейского» общего предка.

В «Румынском проекте» приведены несколько сний ветви гаплогруппы I1 (в середине правой части дерева), их цепочки следующие:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z2336 > Z2337 > S6346 > **L22** > Y3549 > S25633 > **P109**,

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z138 > S2293 > S6277 > S6270 > S20289 > A6397 > FGC79161 > **S6402**,

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z138 > S2293 > Z2541 > **A6741** (= Y21391).

Все снии в этих цепочках, начиная с DF29, относительно недавние. Сам DF29 образовался 33 сний-мутации, или примерно 4750 лет, назад, и это отражает уникальную ситуацию, когда исходная гаплогруппа I1 образовалась очень давно, 27,5 тыс. лет назад, а ее первый же нижестоящий сний образовался столь недавно, 4750 лет назад,

как, разумеется, и все нижестоящие снии в цепочках выше между 4 тыс. и 2,9 тыс. лет назад. Это показывает, что во время геноцида коренного европейского населения в III тыс. до н. э. в ходе заселения эрбинами Европы носители гаплогруппы I1 были практически все уничтожены, за исключением носителей (возможно, одного носителя) субклада DF29. Поэтому все его потомки пошли только по этой линии. Все остальные линии этой гаплогруппы тоже начинаются не ранее 4,6 тыс. лет назад.

В списке YFull в данной гаплогруппе имеются несколько представителей румын, с цепочками сний:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z138 > S2293 > Z2541 > Y21391 > **A6733** (4 человека),

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z138 > S2293 > S6277 > S6270 > S20289 > A6397 > FGC79161 > **S6402**,

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z138 > S2293 > S6277 > S6270 > S20289 > A6397 > **Y12663**.

Такой же сний (Y12663) найден в Польше. Он образовался всего 6 сний-мутаций, или примерно 860 лет, назад. Как и в примерах цепочек сний, рассмотренных выше, все конечные снии образовались в последние 3 тыс. лет, чаще еще позже, уже в нашей эре.

## Гаплогруппа G2a

На долю этой гаплогруппы у румын приходится единицы процентов от всех мужчин, судя по рассматриваемым здесь выборкам. Рассмотрим для начала снии, приведенные для гаплогрупп данного субклада в «Румынском проекте» FTDNA:

G-M201 > G2-P287 > M3115 > **M377**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > **CTS342**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > FGC959 > U1 > L1266 > Y12277 > **L1264**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 > Y7538 > Z1816 > Z1823 > Z726 > **CTS4803**.

Конечный сний (выделен) был также найден в Армении. Он образовался 22 сний-мутации, то есть примерно 3,2 тыс. лет, назад.



G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > Z36520 > Z36525 > Z45700 > **Z45683** (= Z45690).

Мы видим, что из четырех представителей румын с 37-маркерными гаплотипами в «Румынском проекте» трое относятся к линии G2a.

В списке YFull имеются три румынских представителя гаплогруппы G с соответствующими цепочками снийпов:

G-M201 > G2-P287 > M3115 > M377 > Y12297 > Y12975 > Y15861 > Y16169 > **ZS5999**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > Z36520 > Z36525 > Z45700 > Z45683 (= Z45690) > **BY70232** (2 человека).

Первый сний (ZS5999) образовался всего 5 снийп-мутаций, или примерно 720 лет, назад. Второй сний — 19 снийп-мутаций, или примерно 2,7 тыс. лет, назад.

Мы видим, что из троих румынских представителей двое относятся к линии G2a.

### Гаплогруппа N1a1

Эта гаплогруппа несвойственна для Балкан и Центральной Европы, и в Румынии она обнаружена в количествах единиц процентов. На дереве гаплотипов (рис. 210) есть всего четыре 37-маркерных гаплотипа разнородного происхождения, к которым относятся следующие снийпы:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > **L1025** > Z16981 > CTS8173 > Y6075 > Y6077 > **Y6076**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > Y4341 > Y4338 > Y4339 > Y10932 > Y10931 > **VL15**.

Последний сний относится к князьям Российского дворянского собрания (VL15, VL11, VL14, VL12), которых (князей) официальные генеалоги считают Рюриковичами. Официальных генеалогических документов, идущих от Рюрика, у них (князей), конечно, нет, но «по совокупности соображений» считается так. Румын со снием VL15 генеалогами «Рюриковичем» не признается, возможно, это нелегитимная линия.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > Z16981 > CTS8173 > **Y11882**.

Мы видим, что все эти четыре линии расходятся от снийпа L550, который образовался 20 снийп-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад. Тогда можно ожидать, что все 4 гаплотипа на дереве (рис. 210) будут происходить от общего предка с подобной датировкой. Действительно, общий предок ветви N1a1 на рис. 210 жил  $2683 \pm 474$  года назад (без округления), что согласуется со сделанным предположением.

В списке YFull есть 1 представитель румын с гаплогруппой N1a1:

N-M231 > Y6503 > P189.2 > Y6516 > **Y7310**.

Это — архаичная боковая линия гаплогруппы N, которая отошла от N-M231 150 снийп-мутаций, или примерно 21,6 тыс. лет, назад. Сам конечный снийп образовался 22 снийп-мутации, или примерно 3,2 тыс. лет, назад, вскоре после того, как носители гаплогруппы N выходили с Уральских гор на Русскую равнину, что произошло примерно 3,5 тыс. лет назад.

\* \* \*

Остальные гаплогруппы румын — J1, T, Q, H, C — являются в численном отношении минорными, ветвей на дереве не образуют и рассматриваться здесь не будут. Это — не коренные гаплогруппы румын.

## 112. ИТЕЛЬМЕНЫ

По данным Всероссийской переписи населения, число ительменов в РФ составляет около 3,2 тыс. человек, из которых 74 % проживают на Камчатке и 19 % — в Магаданской области.

Данных по составу гаплогрупп у ительменов в литературе почти нет. Есть отрывочные сведения без указания источников и численности выборок, например, по ссылке: <http://www.garshin.ru/evolution/anthropology/populations/haplogroups/y-dna/c-y-hg/c3-father-subclade/index.html>, в которой сообщается, что у ительменов содержание гаплогруппы C составляет 67 %, то есть две трети, из них 39 % приходится на субклад C2a-M48. Не исключено, что показатель

исходной гаплогруппы С недотипирован и на субклад С2а-М48 приходятся все 67 %. Это не будет являться удивительным, так как у эвенков тот же субклад составляет 40–70 %, у эвенов — 74–78 %, у долган — 37 %, у калмыков 59–71 %, так что это все родственные по происхождению народы. Это опять же не удивительно, так как сам субклад С2а-М48 образовался 105 снп-мутаций, или примерно 15,1 тыс. лет, назад.

По данным, приведенным в той же ссылке, содержание гаплогруппы R1a у ительменов составляет 22 %, гаплогруппы N1a1 — 11 %. В сумме с содержанием гаплогруппы С это составляет 100 %.

### 113. РУССКИЕ ПОМОРЫ

По итогам Всероссийской переписи населения, число людей, самоидентифицированных как поморы, составило 3113 человек (1844 мужчин), из них две трети в Архангельской области.

Типичным «поморским местом» еще со времен М. В. Ломоносова считается Мезень, ныне город на правом берегу р. Мезени, с населением свыше 3 тыс. человек, в 45 км от Белого моря и в 390 км от Архангельска. Более 10 лет назад у 54 мужчин Мезени были определены гаплогруппы: N1a — 53 % (N1a1 — 46 %, N1a2b-P43 — 7 %), R1a — 44 %, F-M89 — 1,9 %. Таким образом, если жители Мезени действительно представляют поморов, то преобладающая гаплогруппа у них — N1a, из нее в основном N1a1, и второстепенная (по численности) N1a2b-P43. Если будущие поморы действительно передвигались миграциями с Урала до Белого моря через регионы нынешних Новгородской и Псковской областей, то у них, скорее всего, выражен снп Z1936 (образовался 30 снп-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, видимо, еще на Урале), который образовался по цепочке снпов, рассмотренных выше: N1a1 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936. Интересно, что соотношение гаплогрупп N1a1 и R1a у поморов является близким, с разницей всего 10 %, что соответствует соотношению этих гаплогрупп у литовцев, латышей, эстонцев, но не финнов, у которых гаплогруппы R1a почти нет (примерно 5 %).

Если мы взглянем на состав гаплогрупп у жителей Пинеги, которую обычно не рассматривают как поморскую (этот поселок в Архангельской области находится в 205 км от Архангельска,

примерно в середине Архангельской области), то увидим заметные различия с составом гаплогрупп в Мезени: максимальные по численности, по 40 %, гаплогруппы R1a и суммарная гаплогруппа N1a (N1a1 — 24 %, N1a2b-P43 — 16 %), на третьем месте — R1b, 14 %; и далее минорные по численности гаплогруппы I2a, 4 %, и 3 гаплогруппы по 0,9 % — I1, J1, и Q. Таким образом, при повышенной доле гаплогруппы N1a Пинега стоит между поморами (Мезень) и средней величиной у этнических русских (примерно 15 %), имеет — по понятным причинам — низкую долю южных славян и повышенную долю гаплогруппы R1b.

Вывод — хотя сведений по составу гаплогрупп у поморов мало, можно отметить, что это «северные русские» с преобладающей долей уральской гаплогруппы N1a1, но с долей гаплогруппы R1a, довольно типичной для этнических русских, хотя и незначительно заниженной за счет высокой доли гаплогруппы N1a1.

В связи с вопросом о поморах можно рассмотреть ДНК-Проект «Северная Двина»: <https://www.familytreedna.com/public/northDvina?iframe=yresults>, участники которого, по их сведениям, имеют генеалогические корни в бассейне реки Северная Двина или в других районах Архангельской области. Северная Двина начинает свой путь в Вологодской области, проходит по Архангельской области с юго-востока на северо-запад и возле Северодвинска и Архангельска впадает в Двинскую губу Белого моря. В какой степени участники Проекта относятся к поморам и их потомкам — вопрос открыт, но можно полагать, что если у них преобладает гаплогруппа N1a, возможно, в паре с гаплогруппой R1a, то их относительная близость к поморам станет довольно определенной.

Всего в Проекте 106 участников, из них 42 с гаплогруппой N1a (35 с гаплогруппой N1a1 и 7 с гаплогруппой N1a2b-P43), 32 с гаплогруппой R1a (но 9 человек — близкие родственники друг другу, субклада R1a-Z280-CTS1211-Y35-CTS3402-YP237-YP951, балто-карпатской ветви, с общим предком, который жил  $130 \pm 60$  лет назад, как показывают всего 5 мутаций в их 67-маркерных гаплотипах), так что по правилам в серии 24 гаплотипа гаплогруппы R1a (не считая близких родственников), из которых 4 человека гаплогруппы R1a-Z93. Еще — 12 гаплотипов



**Рис. 211.** В середине Архангельской области — р. Северная Двина, протекающая с юго-востока на северо-запад

гаплогруппы I1 и 7 гаплотипов гаплогруппы R1b. На эти 4 гаплогруппы (N1a, R1a, I1 и R1b) приходится 93 гаплотипа из 106, то есть 88 %. Остальные — единичные гаплотипы гаплогрупп E1b (2 гаплотипа), G и G2b (2 гаплотипа), I2 (5 гаплотипов), J1 (1 гаплотип), R2a (1 гаплотип).

На рис. 212 приведено дерево из 75 гаплотипов проекта «Северная Двина» в 67-маркерном формате.

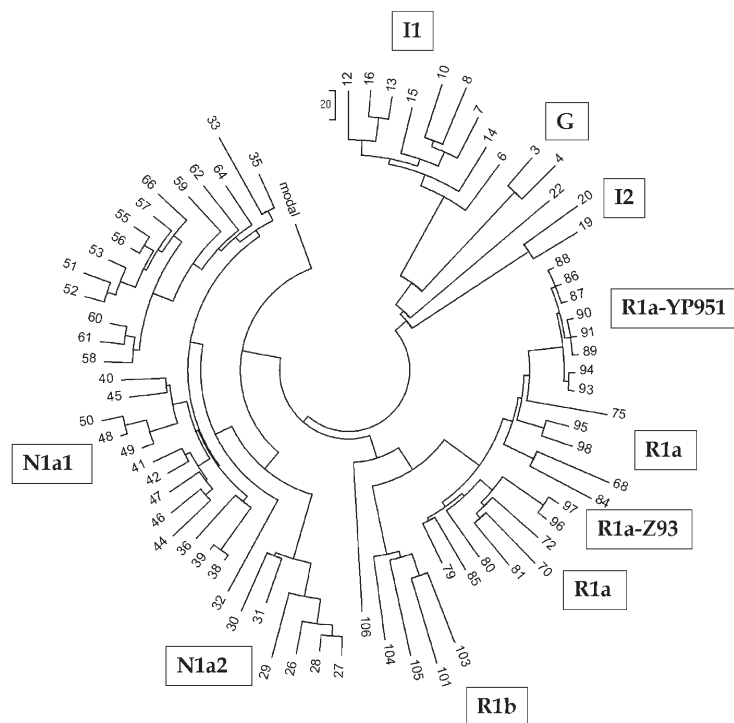
Самые древние общие предки представленных здесь носителей гаплогрупп жили  $3900 \pm 510$  и  $3900 \pm 620$  лет назад, это гаплогруппы R1a и R1b соответственно, но первых в 4–5 раз по численности больше, чем вторых. К тому же большинство из 7 носителей гаплогруппы R1b не автохтонные на Русской равнине, не потом-

ки древних археологических культур, а потомки прибывших из Европы, в частности, субклада R1a-P312.

Носители гаплогруппы I1 произошли от общего предка, который жил  $3100 \pm 420$  лет назад. Это — «общеευропейский» общий предок, который жил  $3700 \pm 370$  лет назад, и все европейские гаплотипы произошли от этого общего предка. Видимо, его потомки прибыли в регион Северной Двины несколько позже, но датировки совпадают в пределах погрешности расчетов.

Как повсеместно на Русской равнине, общие предки гаплогруппы N1a и ее ветвей жили сравнительно недавно, в I тыс. до н. э. или уже в новой эре. Общий предок субклада N1a2b-P43 жил  $2900 \pm 440$  лет назад, но это общий предок,





**Рис. 212.** Дерево из 75 гаплотипов проекта «Северная Двина» в 67-маркерном формате. Остальной 31 гаплотип представлен в Проекте в 12- и 37-маркерном формате и в состав дерева не вошел. Вся левая половина дерева представляет гаплогруппу N1a (в основном N1a1 и небольшое количество N1a2)

который в те времена мог жить еще на Урале, откуда и прибыли носители этого субклада. Это — несколько ранее времени прибытия носителей гаплогруппы N1a1 на юго-восточную Балтику, где позже сформировались литовцы и латыши, но субклада N1a2b-P43 среди них практически нет. Гаплогруппа N1a1 среди жителей бассейна Северной Двины состоит из двух основных ветвей, общий предок каждой из них жил примерно в одно и то же время,  $2400 \pm 310$  и  $2000 \pm 270$  лет назад, совпадающее в пределах погрешности расчетов. Обе ветви имеют сноп M46, который идентифицирует субклад N1a1, образовавшийся 99 сноп-мутаций, или примерно 14,3 тыс. лет, назад, видимо, в Алтайском регионе. Далее обе ветви прошли через образование снопов L708 (10,8 тыс. лет назад) и L1026 (6,4 тыс. лет назад), последний образовался, видимо, уже на Урале. Фактически, до этого времени это была одна сводная ветвь.

Далее, от снипа L1026 ветви разошлись, хотя, возможно, жили и мигрировали с Урала на запад вместе, судя по тому, что их общие предки жили в одно и то же время и потомки обеих ветвей сейчас живут в бассейне Северной Двины.

Ветви имеют следующие сныпы — нижняя на дереве, гаплотипы в целом в диапазоне 36–50 (рис. 212):

L1026 > VL29 > L550,

с датировками образования снопов соответственно 6,4 тыс., 4,1 тыс. и 3,1 тыс. лет назад и общим предком  $2400 \pm 310$  лет назад, и верхняя, гаплотипы 33, 35 и 51–66:

L1026 > Z1936 > Z1934 > Z1928 > Z1925,

с датировками образования снопов соответственно 6,4 тыс., 4,9 тыс., 4,3 тыс., 4,3 тыс. и 3,3 тыс. лет назад и общим предком  $2000 \pm 270$  лет назад.

Территории и маршруты миграции носителей этих снопов описаны выше в соответствующих разделах, посвященным гаплогруппе N1a1.

## 114. МОНГОЛЫ (ХАЛХА-МОНГОЛЫ)

По результатам Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 3 тыс. монголов, из них 29 % живут в Иркутской области, 13 % — в Бурятии, 12 % — в Калмыкии, 11 % — в Москве, в сумме это составляет уже две трети монголов в России.

В сети есть «Монгольский проект» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/mongol/default.aspx?section=yresults>, в котором записаны 23 человека, но судя по записям, это болгары, киргизы, турки, казахи, черкесы, японцы, белорусы, армяне, финны, ногайцы и китайцы. Ни одного отнесения к монголам в Проекте нет. Но в научной литературе есть публикация (Tambets et al., 2018), в которой проведено изучение относительно большой выборки монголов из 350 человек, а также более ранняя публикация (Деренко и др., 2006) с более малой выборкой из 47 человек (табл. 107).

**Таблица 107.** Состав гаплогрупп монголов, по данным статей Tambets\* et al., 2018 и Деренко\*\* и др., 2006. Представителей монголов нет в списке снипов сайта YFull

Гаплогруппа	350 чел.*, %	47 чел.***, %
C2-M217	53,1	57,4
O-M175	20,6	21,3***
Q	5,1	4,3***
R1a	5,1	2,1
N1a	6,6	8,5
N1a1	4	2,1
D-M174	2,9	н/п
K-M9	2,9	н/п
J	2	0
F-M89	1,1	0
G-M201	0,3	0
R1b	0,3	н/п

\* Tambets K. et al. *Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations* // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Деренко М. В. и др. *Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири* // *Доклады Академии наук*. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277.

\*\*\* В статье Деренко и др. (2006) использовалась архаичная система обозначения указанных гаплогрупп, здесь приведена реконструкция.

Видно, что почти три четверти монгольских гаплогрупп в данной выборке относятся к двум гаплогруппам — C2-M217 и O-M175. По-видимому, это и есть основной источник двух данных гаплогрупп в Сибири и Евразии в целом, хотя гаплогруппа O, видимо, вышла с территории будущего Китая.

## 115. ВЕНГРЫ

По результатам Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 2,8 тыс. венгров, из них 65 % живут в городских условиях, остальные 35 % — в сельских.

В сети есть «Венгерский проект» FTDNA, в котором насчитывается 582 гаплотипа, из которых около сотни имеют записи «Румыния», «Словакия», другие народы или «Происхождение неизвестно» ([https://www.familytreedna.com/public/Hungarian\\_Magyar\\_Y-DNA\\_Project/default.aspx?section=yresults](https://www.familytreedna.com/public/Hungarian_Magyar_Y-DNA_Project/default.aspx?section=yresults)).

После удаления тех записей, в которых Венгрия (или венгерское происхождение) не указаны, в Проекте остались 486 гаплотипов, на основании которых рассчитана доля соответствующих гаплогрупп, указанная в табл. 108.

Мы видим, что на первом месте по численности находится гаплогруппа R1a — по всем четырем выборкам, включая список YFull. Второе и третье места делят гаплогруппы R1b и I2a, вторая представляет почти исключительно южнославянский субклад I2a-Y3120. Остальные гаплогруппы относительно минорные по численности, показывая от 10 % и ниже от числа выборки. Они будут подробно рассматриваться в последующих разделах данной главы.

Как видно из рис. 213, практически всю левую часть дерева занимают две гаплогруппы — R1a и R1b. Каждая состоит из ряда подветвей, которые мы здесь рассмотрим.

### Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа находится у венгерских мужчин на первом месте по численности, с довольно большим отрывом от гаплогруппы R1b на втором месте. Максимальную долю в гаплогруппе R1a занимает восточнославянский субклад Z280, или субклад Русской равнины, далее следует центральноевропейский и западно-славянский субклад M458, и замыкает эту триаду южноарийский субклад Z93, которого среди носителей гаплогруппы R1a всего 3 %.

Если рассмотреть все гаплотипы гаплогруппы R1a в венгерской выборке базы данных FTDNA, которая включает субклады Z280, M458, Z93 и «другие» (см. табл. 108), последние представляют неидентифицированные субклады, то 67-маркерный базовый гаплотип этой смешанной выборки будет следующим:

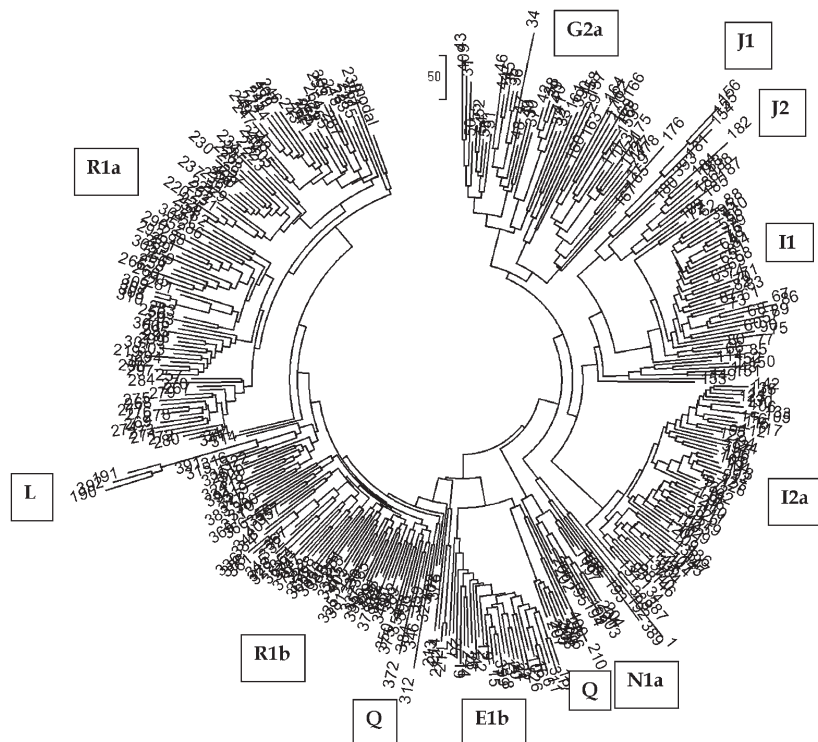


**Таблица 108.** Состав гаплогрупп венгров по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_ydna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_ydna_haplogroups.shtml); численность выборки в 500–1000 человек — по сведениям сайта), «Венгерского проекта» FTDNA ([https://www.familytreedna.com/public/Hungarian\\_Magyar\\_Y-DNA\\_Project/default.aspx?section=yresults](https://www.familytreedna.com/public/Hungarian_Magyar_Y-DNA_Project/default.aspx?section=yresults)) и статьи Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Сайт Eupedia, (500–1000 чел.), %	«Венгерский проект» FTDNA, 486 чел., %	Статья Tambets et al., 110 чел., %	Число снийов в списке YFull
R1a	29,5	25	22	14
Z280	н/п	14,6	н/п	7
M458	н/п	7,6	н/п	6
Z93	н/п	0,8	н/п	1
Другие	н/п	2	н/п	
R1b	18,5	19	21	6
L51	н/п	6,6	н/п	
P312	н/п	4,8	н/п	3
U106	н/п	3,7	н/п	1
Z2103	н/п	2,5	н/п	2
L23	н/п	1	н/п	
Другие	н/п	0,4	н/п	
I2	18	17,5	27*	11
I2a-Y3120	16	15	н/п	10
I2a1b-M223	2	2,3	н/п	0
I2a2 (I2c)	н/п	0,2	н/п	1
I1-M253	8,5	10	н/п	6
E1b	8	8	7	10
V-13	н/п	7	н/п	
J2	6,5	7,6	15,5**	12
J2a-M410	н/п	5,1	н/п	9
J2b-M102	н/п	2,5	н/п	3
G2a	3,5	6,2	1,8	0
J1	3	0,8	н/п	1
N1a1	0,5	2,7	0,9	2
Q	0	2	2,7	4
L	н/п	0,8	0	0
T	0	0,6	н/п	3
C	н/п	0,2	0	0
O	н/п	н/п	0	1

\* Сумма гаплогрупп I1 и I2.

\*\* Сумма гаплогрупп J1 и J2.



**Рис. 213.** Дерево из 409 гаплогрупп «Венгерского проекта» (ссылка приведена в тексте) в 37-маркерном формате. Показаны основные (в численном отношении) гаплогруппы ветвей

13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 30 — **16** 9 10  
11 11 24 14 20 32 12 **15** 15 16 — 11 11 19 23 16  
16 18 19 35 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11  
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11  
13 11 11 12 13,

в котором три выделенные мутации отличают его от базового гаплогрупп русских с Русской равнины на первых 67-маркерных (полный 111-маркерный гаплогрупп приведен ниже).

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10  
12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13  
11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15  
19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Эти и подобные базовые гаплогруппы имеют определенный смысл только тогда, когда один субклад (в данном случае из трех) преобладает по численности. В случае базового гаплогрупп Русской равнины это так, там доминирует субклад Z280. У венгров такого доминирования нет, но там все равно преобладает по численности Z280 (соотношение между тремя субкладами равно 1:0.5:0.06), и все 3 мутации вызваны вли-

янием маркеров субклада M458. В любом случае, венгерский базовый гаплогрупп гаплогруппы R1a с датировкой общего предка  $4175 \pm 450$  лет назад почти идентичен базовому гаплогрупп Русской равнины с датировкой общего предка  $4490 \pm 470$  лет назад.

Если же венгерские гаплогруппы разделить на три серии субкладов Z280, M458 и Z93, то их базовые гаплогруппы имеют вид:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 **15** 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12  
22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11  
12 13 (Z280,  $4090 \pm 440$  лет назад),  
13 25 16 **10** 11 14 12 12 **11** 13 11 30 — **16** 9 10 11  
11 **23** 14 20 32 12 **14** 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 **34** 38 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 11 11  
12 13 (M458,  $3510 \pm 400$  лет назад),  
**14 23 17** 11 11 14 12 12 10 **14** 11 **32** — **17** 9 10 11  
11 24 14 20 **31** 12 14 15 **15** — 11 **12** 19 23 16 **15**  
**20** 19 **34** 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 **11**  
**0** 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 **12** 11  
11 12 13 (Z93,  $720 \pm 240$  лет назад).

Последняя серия состоит из 4 гаплотипов субклада Z93 с общим предком, который жил в начале XIV в. н. э. плюс-минус несколько веков. Иначе говоря, это относительно недавняя группа носителей Z93, гаплотипы которых значительно отличаются от остальных носителей гаплогруппы R1a (Z280 и M458).

В «Венгерском проекте» FTDNA несколько гаплотипов охарактеризованы достаточно «глубокими» снипами. В ветви Z280 они следующие (7 снипов выделены):

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > YP4441 > **YP4706**,

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y3226 > **Y3219** > YP4863 > YP4966 > **Y35408**,

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > **Y2902** > Y3226 > Y3219 > YP1144 > PH3519 > **PH3782**,

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y2613 > **Y2609** > **Y2608**.

Мы видим, что эти 7 снипов относительно родственны и принадлежат к одной линии — снипа Y35, который образовался 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад. Видимо, эти снипы образовались в культуре шнуrowой керамики (5,2 тыс. — 4,3 тыс. лет назад) в регионе современной Германии — Белоруссии — России.

В ветви M458 цепочки снипов следующие (продолжение перехода Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458):

M458 > PF7521 > Y2604 > **CTS11962** > **L1029** > YP619 > YP444 > YP443 > YP446 > **YP445**,

M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP1337 > **A19324**.

Показанные 4 снипа принадлежат линии снипа Y2604, который тоже образовался 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад, и тоже могут быть отнесены к культуре шнуrowой керамики, если не будет идентифицирована другая археологическая культура в регионе современной Германии — Белоруссии — России, которая отличается от культуры шнуrowой керамики и в которой примерно 5 тыс. лет назад образовался снип R1a-M458. Сами конечные снипы образовались примерно 1750 и 1650 лет назад, то есть уже в нашей эре.

В ветви Z93 у венгров в данной выборке есть только 1 снип, Z2124, со следующей короткой цепочкой:

Z93 > Z94 > **Z2124**.

Этот снип определенно недотипирован, поскольку образовался 30 снип-мутаций, или примерно 4,3 тыс. лет, назад, а общий предок соответствующей ветви гаплотипов жил  $720 \pm 240$  лет назад.

В списке YFull цепочки снипов у представителей Венгрии следующие — в ветви Z280:

Z280 > S24902,

Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > P278 > **BY29685**,

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > YP237 > FGC3681 > **YP953** (= FGC21242),

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y3226 > **Y3219** > YP1144 > PH3519 > **Y18555**,

Z280 > CTS1211 > Y35 > YP4278 > YP4441 > **YP4706**.

В ветви M458:

M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP256 > YP254 > YP5297 > **YP6541**,

M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP256 > YP254 > Y2905 > **YP1364**,

M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > **YP6048**,

M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP1703 > **YP6189**,

M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > BY30715 > **V1334**,

M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP417 > YP418 > **YP1137**.

Наконец, в ветви Z93:

Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > Y2630 > Y2742 > FGC15532 > **FGC15533**.

Впрочем, последняя цепочка — это типичная еврейская линия, уже рассмотренная выше в разделе «Евреи». Последний снип (выделен) образовался всего 5 мутаций, или примерно 720 лет, назад.

## Гаплогруппа R1b

Как следует из табл. 108, 80 % носителей гаплогруппы R1b, по данным «Венгерского проекта», относятся по происхождению к западно- и цен-

тральноевропейским регионам, и только 13 % вышли с Русской равнины в виде субклада Z2103. Происхождение остальных 7 % неизвестно или субклад недотипирован (как L23), последний может оказаться «родительским» по отношению к тем или другим.

Субклад R1b-Z2103 — типичный для ямной археологической культуры и представляет основную часть гаплогруппы R1b у этнических русских. Общий предок в этих гаплогруппе-субкладе по расчетам для 204 гаплотипов в 111-маркерном формате (в основном российских) жил  $4583 \pm 462$  года назад (без округления), то есть именно во времена ямной культуры, и имел «референсный» базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
10 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 11 11.

Расчет по 67-маркерным гаплотипам из «Венгерского проекта» показал датировку их общего предка  $3080 \pm 460$  лет назад, то есть через 1,5 тыс. лет после ямной культуры. Понятно, что это не согласуется с «курганной теорией», по которой насельники ямной культуры ворвались конными ордами на Запад, уничтожив местное население и принеся индоевропейские языки. И датировки общего предка венгерских гаплотипов для этого слишком поздние, и все остальные «признаки» этой концепции являются ложными.

Базовый гаплотип серии гаплотипов субклада Z2103 из «Венгерского проекта» следующий, где выделены 7 мутаций по сравнению с «референсным» гаплотипом (на вид там 8 мутаций, но при усреднении по фактическим аллелям получается 7 мутаций разницы):

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — **16** 9 10  
11 11 25 15 19 29 **14** 15 16 17 — 11 11 19 23 16  
**16** 18 **18** 36 **40** 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10  
**11** 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 **14** 12 11  
13 11 11 12 12.

Понятно, что такое количество мутаций образовалось потому, что «венгерский» базовый гаплотип возник 1,5 тыс. лет спустя после базового «референсного» гаплотипа субклада Z2103 Русской равнины. Действительно, 7 мутаций

эквивалентны  $7/0,12 = 58 \rightarrow 61$  условному поколению, то есть 1525 годам, и их общий предок жил  $(1525 + 3080 + 4583)/2 = 4600$  лет назад, то есть практически точно попадает в диапазон времени жизни общего предка гаплотипов ямной культуры.

Подавляющее большинство гаплотипов группы R1b из «Венгерского проекта» относятся к «европейским» субкладам L51 (видимо, недотипирован до P312 или U106), P312 и U106. Их сводный базовый гаплотип имеет вид:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 30 15 16 17 17 11 11 19 23 16 15 18  
17 36 38 12 12,

что в точности совпадает с предковым «украинским» гаплотипом гаплогруппы R1b-P312, рассмотренным в соответствующем разделе. Общий предок венгерской выборки жил  $4790 \pm 510$  лет назад, украинской —  $4300 \pm 630$  лет назад, русской —  $3460 \pm 500$  лет назад, но общий предок всех жил примерно 4,6 тыс. лет назад, что в пределах погрешности согласуется с временем образования субкладов P312 и U106, 35 и 34 снип-мутации, то есть примерно 5 тыс. и 4,9 тыс. лет назад соответственно. Это все разумные датировки, поскольку оба снипа образовались, видимо, на Пиренеях, и потомкам нужно было еще дойти до Русской равнины.

В списке YFull имеются 6 снипов группы R1b, представителей Венгрии, которые находятся в конце следующих цепочек. Линия P312:

P312 > U152 > Z36 > **PH2997**,

P312 > U152 > L2 > **Y3961**,

P312 > DF27 > Z195 > Z198 > Z292 > Z262 > Z201 > Z202 > Z205 > Z206 > Z208 > Z207 > Z15783 > **BY16148**.

Все эти линии определенно недотипированы, конечные снипы образовались примерно 4,3 тыс., 4,3 тыс. и 2,9 тыс. лет назад соответственно.

Линия U106:

U106 > S263 > S264 > S497 > DF98 > S18823 > S22069 > **S22116**.

Последний снип образовался примерно 3,3 тыс. лет назад.

Линия Z2103:

Z2103 > Y4364 > Y4366 > BY13830 > FGC62957 > Y19860 > Y19847 > Y19847a > **Y143993**.

Последний снип образовался относительно недавно, примерно 1650 лет назад.

### Гаплогруппа I2

В состав этой гаплогруппы у венгров входят три основных субклада — I2a-Y3120, I2a1-M223 и I2a2-L596 (= L597). Первый — это южнославянский субклад, или «дунайский» субклад, распространенный на Балканах, его у венгров, судя по рассматриваемой выборке «Венгерского проекта», около 90 % от всей гаплогруппы. Базовый гаплотип венгров следующий:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10,

он в точности соответствует первым 37 маркерам «референсного» предкового гаплотипа субклада Y3120, общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

Общий предок венгерской серии из 57 гаплотипов жил  $2400 \pm 270$  лет назад, что согласуется с датировкой «референсного» предкового гаплотипа в пределах погрешности расчетов. Эти датировки согласуются также с датировкой образования снипа I2a-Y3120, который возник 18 снип-мутаций, или примерно  $2600 \pm 400$  лет, назад.

Получается, что около 50 % венгерских гаплотипов (гаплогрупп R1a и I2a) — славянские по происхождению (восточные славяне и южные славяне).

В составе венгерских гаплотипов рассматриваемой выборки есть также небольшое количество из западноевропейской ветви I2a1b1-M223:

I-M170 > I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > M223,

и единственный гаплотип субклада I2a2-L596 (устаревшее наименование I2c):

I-M170 > I2-M438 > I2a2-L596.

Субклад I2a-M223 распространен в Западной и Центральной Европе. Эта ветвь у венгров

в рассматриваемой выборке имеет базовый гаплотип:

14 24 16 10 15 15 11 13 11 13 12 31 — 15 8 10 11  
11 25 14 20 27 11 13 14 15 — 11 10 19 20 15 15  
17 18 35 38 12 10,

с датировкой общего предка  $5300 \pm 810$  лет назад. Другие базовые гаплотипы этого субклада, рассматриваемые выше в этой книге, тоже имеют общих предков, датируемых несколько более 5 тыс. лет назад, в этом отношении венгры попадают в общую картину. Как было показано в предыдущих главах, ветви Y3120 и M223 расходятся настолько, что имеют их общего предка более 8 тыс. лет назад. Видимо, это тот общий предок, потомки которого почти все погибли во время «гибели старой Европы», и выжили только носители I2a на Британских островах (в основном именно там имеется ветвь M223) и на Балканах. Потому ветви и расходятся так далеко друг от друга.

Гаплотипы ветви I2a-Y3120 расходятся по четырем основным нисходящим подветвям, которые в деталях разбирались выше в данной книге (снипы Y18331, Z17855, Y4460 и S17250), с последующими снип-мутациями. Все эти снипы найдены в странах бывшей Югославии, Греции, Албании, Украине, Белоруссии, России.

В качестве примеров приведем несколько снипов этих ветвей, приведенных в «Венгерском проекте»:

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > **CTS10228** > Y3120 > **S17250** > PH908 > **FT14506**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > **S17250** > Y5596 > Z16971 > Y5595 > **A815**,

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > **S17250** > PH908 > **Z16983**,

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > **S17250** > Y5596 > **Z16971**,

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > **Y4460**,



I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > **Z17855**.

В списке YFull имеется 11 представителей Венгрии с гаплогруппой I2a. Соответствующие цепочки снипов следующие:

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > Y4460 > SK1241 > **Y31845**,

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > Y4460 > **Y3106** > A6105 > **F17741**,

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > Y4460 > Y3106 > **Y3118** > Y161783 > **Y161695**,

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > Y4460 > Y3106 > Y3118 > Y161783 > **S17250** > Y5596 > **A14973**,

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > **Y12911** > **FT42350**,

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > **A815**,

I2-M438 > I2a2-L596 > Y14158 > S6635 > Y5334 > **S6595**.

### Гаплогруппа I1-M253

Это — общеевропейская гаплогруппа, коренная в Европе, носители которой были практически полностью уничтожены в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, в середине III тыс. до н. э. Это было продвижение в Европу носителей археологической культуры колоковидных кубков с Пиренейского полуострова, начавшееся в начале III тыс. до н. э. Гаплогруппа I1 прошла жесткое «бутылочное горлышко» выживания и начала возрождаться примерно 3,7 тыс. лет назад. Эта датировка соответствует времени жизни общего предка гаплогруппы I1. Базовый, или предковый, гаплотип этой гаплогруппы практически одинаковый («референсный») по всей Европе и имеет вид:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

Он был определен с использованием 968 гаплотипов в 111-маркерном формате, датировка общего предка равна **3675 ± 370** лет назад по 67-маркерным гаплотипам и **3725 ± 370** лет назад по 111-маркерным гаплотипам. Калькулятор Килина — Клёсова (описан в предыдущих главах этой книги) дает соответственно **3618 ± 363** и **3686 ± 369** лет до общего предка. Мы видим, что все эти расчеты дают практически одинаковые датировки.

Для серии из 37 гаплотипов гаплогруппы I1 венгерская выборка показывает следующий базовый гаплотип:

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 — 10 10 19 21 14 14  
16 20 35 37 12 10.

Он в точности равен показанному выше «референсному» гаплотипу на первых 37 маркерах. Общий предок венгерской выборки жил 2990 ± 340 лет назад, то есть заметно позже, чем «общеевропейский» общий предок этой гаплогруппы.

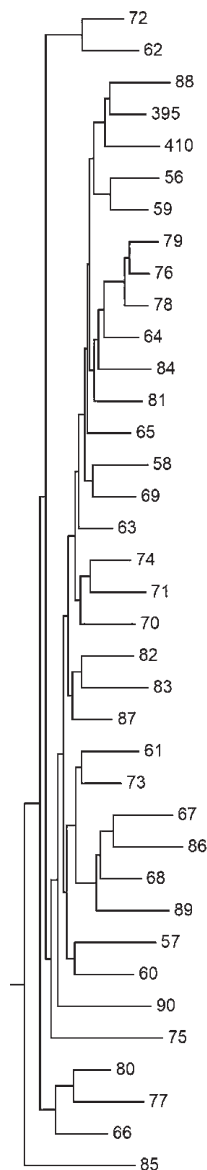
Почти все гаплотипы обсуждаемой венгерской выборки были недотипированы, почти все показывали только гаплогруппу I1-M253, и только в нескольких случаях были определены довольно поверхностные субклады Z63, L22, P109, CTS6364. Соответствующие цепочки снипов показаны ниже. Вместе с тем рис. 214 показывает, насколько компактная ветвь этой гаплогруппы, все до одного гаплотипы показаны здесь, ни один не перешел в соседние ветви.

В списке YFull числятся 6 представителей венгров с гаплогруппой I1, соответствующие цепочки снипов следующие:

I1 > I1a-DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > Y2245 > Y3968 > Y3979 > Y6228 > Y6229 > Y7626 > Y7627 > **FT110841** (2 человека),

I1 > I1a-DF29 > Z58 > Z138 > S5619 > **A6867**,

I1 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8747 > Z60 > Z140 > Z141 > Y6231 > Y7277 > Y7279 > Y7278 > Y10890 > **A2064**,



**Рис. 214.** Ветвь гаплогруппы I1-M253 дерева венгерской выборки, показанного на рис. 213

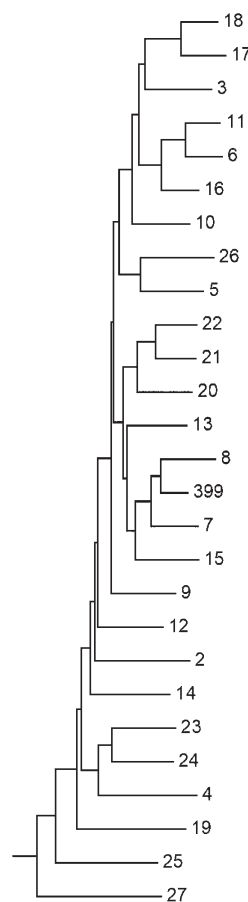
I1 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8747 > Z60 > Z140 > Z141 > Z2535 > Z2538 > Z2536 > **S4700**,  
I1 > I1a-DF29 > Y2592 > Z2336 > Y3866 > Y11221 > **Y65803**.

Поскольку второй субклад в этих цепочках, снипа DF29, образовался 33 снип-мутации, или примерно 4750 лет, назад, то все нисходящие снипы показывают еще более недавние датировки образования, в данной серии от 3,8 тыс. лет назад (A6867) до 1750 лет назад (A2064).

### Гаплогруппа E1b

Эта гаплогруппа в Европе за редким исключением относится к субкладу V13, гаплотипы которого имеют общего предка, который жил  $3450 \pm 350$  лет назад. Соответствующий «референсный» предковый гаплотип, полученный для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, имеет вид:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.



**Рис. 215.** Ветвь гаплогруппы E1b-V13 дерева венгерской выборки, показанного на рис. 213

Серия из 27 гаплотипов из «Венгерского проекта», рассматриваемого в настоящей главе, тоже относится к субкладу V13 и имеет базовый гаплотип, почти в точности равный приведенному выше (на первых 37 маркерах):

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 **18** 20  
31 34 11 10

и отличающийся всего 1 мутацией (выделена); на самом деле усредненная аллель там равна 17,7, то есть разница составляет всего 0,7 мутации. Общий предок венгерской серии гаплотипов жил  $3800 \pm 440$  лет назад, то есть согласуется с временем жизни общего предка для «референсного» предкового гаплотипа в пределах погрешности расчетов.

В списке YFull имеются 10 представителей венгров, и соответствующие цепочки снийпов имеют вид:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > L539 > M78 > **Y188009**.

Последний сноп определенно недотипирован, он образовался примерно 13,3 тыс. лет назад.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > E1b1-M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > Y35953 > PF6784 > Y93395 > **Y111755**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Z5016 > Y3762 > CTS6377 > **CTS9320** > Z17107 > A19247 > **Y81971** > **A19238** (последний сноп — 2 человека),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Z5016 > Y3762 > CTS6377 > CTS9320 > Z17107 > Y30991 > **A24070**.

Три цепочки выше, включающие 5 снийпов (выделены), относятся к линии снипа V13. Они разошлись с тремя нижеследующими цепочками (включающими 3 снипа, выделены) после снипа M35, который образовался 243 сноп-мутации, или примерно 35 тыс. лет, назад.

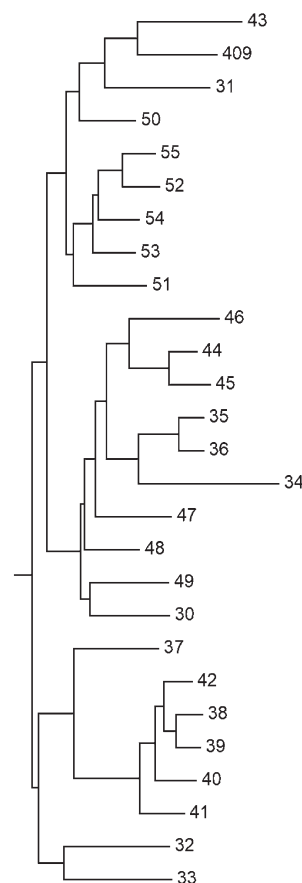
E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 (= Z1145) > M123 > M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > Y6926 > Y6923 > Y6938 > Z36123 > Y15937 > Y15936 > **Y15938**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 (= Z1145) > M123 > M34 > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y14899 > Y14891 > Z36149 > **BY20365**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 (= Z1145) > M123 > M34 > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y14899 > Y14891 > Y16781 > Y17225 > Y17227 > Y18621 > **A15856**.

## Гаплогруппа G2a

Это — относительно минорная по численности гаплогруппа в рассматриваемых венгерских выборках, ее доля составляет между 3,5 и 6 % от всех гаплогрупп. Как видно из рис. 216, ветвь гаплогруппы G2a состоит как минимум из четырех подветвей, но поскольку большинство гаплотипов типированы поверхностно, у них в основном определена только гаплогруппа G2a-M201, то отнесение ветвей провести почти невозможно.



**Рис. 216.** Ветвь гаплогруппы G2a-M201 дерева венгерской выборки, показанного на рис. 213

Вся ветвь из 27 гаплотипов в 37-маркерном формате имеет общего предка с базовым гаплотипом:

14 22 15 10 13 15 11 12 12 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 21 29 12 13 13 14 10 11 20 20 15 **14 17 18**  
35 38 11 10,

и датировкой общего предка  $7050 \pm 770$  лет назад. Этот гаплотип относительно близок к базовому гаплотипу группы G2a-P303 грузин (с датировкой  $3025 \pm 375$  лет назад (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016)), который имеет вид:

14 22 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 20 30 13 13 14 14 10 11 20 20 15 13 18 18  
35 38 11 10.

В списке YFull представителей Венгрии с гаплогруппой G2a нет.

## Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа состоит из двух подветвей — J2a и J2b (рис. 217), со следующими базовыми гаплотипами:

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 30 16 9 9 11 11  
26 15 21 31 12 13 15 16 10 10 19 22 15 14 16 18  
35 37 11 9 (**J2a-M410**),

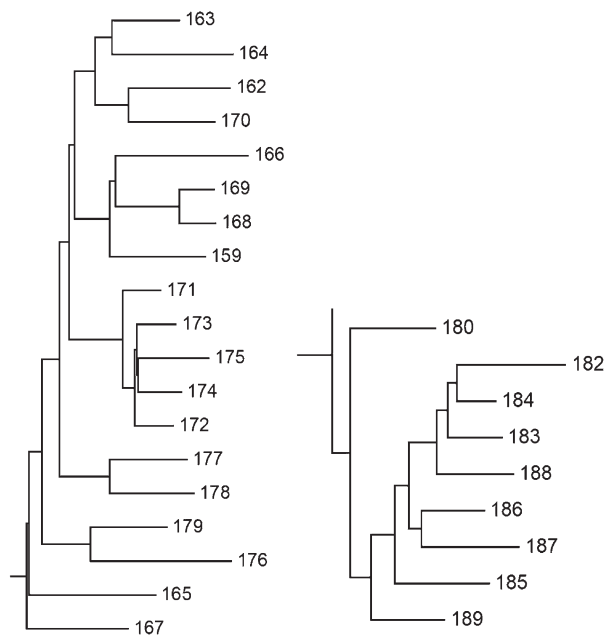
с датировкой общего предка  $7240 \pm 820$  лет назад, и:

12 24 15 10 14 17 11 15 12 12 11 28 16 8 9 11 11  
27 16 19 29 13 15 15 17 11 10 19 20 13 14 17 18  
36 38 11 9 (**J2b-M102**),

с датировкой общего предка  $4410 \pm 590$  лет назад. Оба базовых гаплотипа похожи на соответствующие гаплотипы в России, Белоруссии, Армении, Грузии и народов Кавказа и Восточной Европы.

Эти 2 гаплотипа различаются на 26 мутаций, то есть на  $26/0,09 = 289 \rightarrow 436$  условных поколений, или на 10,9 тыс. лет, и их общий предок жил примерно  $(10\,900 + 7240 + 4410)/2 = 11\,300$  лет назад с соответствующей погрешностью  $\pm 1$  тыс. лет. Иначе говоря, носители ветвей J2a и J2b прибыли на территорию современной Венгрии независимыми миграциями.

В списке YFull имеются 12 представителей венгров с соответствующими цепочками сипов, показанными ниже.



**Рис. 217.** Подветви гаплогруппы J2a (слева) и J2b (справа) дерева венгерской выборки, показанного на рис. 213

**Линия J2a-M410**, и далее через сип PF4610 (образовался 133 сип-мутации, или примерно 19 тыс. лет, назад)

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > Z6046 > Z6050 > S15572 > S23560 > Z43525 > Y36257 > **Y37127**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > PF5197 > PF5172 > Z7314 > PF5169 > FGC16096 > L198 > Z40068 > Y20569 > Y20307 > Y20308 > **Y20306**.

**Линия J2a-M410**, и далее через сип Z1847 (образовался 81 сип-мутацию, или примерно 12 тыс. лет, назад)

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > L210 > Z489 > CTS2282 > Z482 > Y15222 > Y15245 > Y15223 > BY194993 > **BY45295** (= Y53435).

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Y4036 > Z467 > L210 > Z489 > CTS2282 > Z482 > Y15222 > Y15245 > Y15223 > Y24492 > Y31766 > **Y33872**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 >

Y20492 > Y20051 > L556 > Y11782 > Y13373 > **ZS8094**.

*Линия J2a-M410, и далее через снип FGC4975 (образовался 52 снип-мутации, или примерно 7,5 тыс. лет, назад)*

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > PF5366 > FGC4975 > FGC30508 > BY37646 > **Z41512** (2 человека).

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > PF5366 > FGC4975 > FGC30508 > **FT69307**.

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > PF4888 > PF5366 > FGC4975 > L254 > Y178519 > **Y178520**.

#### *Линия J2b-M102*

J2 > J2b-M102 (= M12) > Z534 > Z1825 > Z2453 > Y18039 > Y31143 > **Y45371**.

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z2453 > Z42941 > Z42957 > Z42942 > Z42946 > Z42983 > BY22607 > **Y102756**.

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > CTS11760 > **Y53027**.

Из этих данных видно, что носители гаплогруппы J2, предки современных венгров, относились к разным миграционным «потокам» разного происхождения.

### Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа для европейцев нетипична и более характерна для евреев, арабов, ряда этносов Кавказа. В Венгрии она обычно принадлежит евреям, но бывают исключения.

В «Венгерском проекте» FTDNA есть всего 4 гаплотипа гаплогруппы J1, из них один имеет типичный 6-маркерный «гаплотип Авраама», который порой неверно называют «гаплотипом кознов». Неверно — поскольку этот гаплотип типичен для арабов данной гаплогруппы. В 6-маркерном формате (маркеры DYS 393, 390, 19, 391, 388, 392) он следующий — 12 23 14 10 16 11. У остальных трех значения аллелей маркера DYS388 (наиболее стабильного из шести) равны 13, 15 и 16, но у последнего DYS 19 равен не 23,

а 24. Базовый гаплотип всех 4 гаплотипов следующий (выделены маркеры «гаплотипа Авраама», но в DYS388 здесь он равен 15):

**12 23 14 10** 13 18 11 **15** 13 13 **11** 30 18 8 9 11 11  
26 14 21 26 13 14 15 16 11 10 21 22 15 14 17 18  
33 37 12 10.

Общий предок этих 4 гаплотипов жил  $4900 \pm 810$  лет назад, что превышает типичные датировки «гаплотипа Авраама» ( $4000 \pm 500$  лет назад), хотя и в пределах погрешности расчетов. Так что, скорее всего, происхождение этих 4 гаплотипов еврейское.

В списке YFull есть всего 1 представитель венгров с гаплогруппой J1, соответствующая цепочка снипов следующая:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Y15152 > ZS4336 > ZS4312 > Y6384 > ZS4326 > ZS10615 > **ZS10616**.

Последний снип (выделен) образовался всего 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад. Несмотря на то что цепочка снипов здесь проходит через снип P58, который часто (и необоснованно) приписывается евреям гаплогруппы J1, в данном случае, начиная со снипа Y15152 (образовался 39 снип-мутаций, или примерно 5,6 тыс. лет, назад), цепочка уходит в несемитском генеалогическом направлении, более типичном для армян.

### Гаплогруппа N1a1

Эта гаплогруппа представляется загадочной у венгров. Несмотря на то что язык их относится к финно-угорской группе, у венгров почти нет гаплогруппы N1a, частью которой является и N1a1 (см. табл. 108), ее количество варьируется от долей процента до единиц процента.

В «Венгерском проекте» FTDNA есть 13 гаплотипов гаплогруппы N1a1, их базовый гаплотип имеет вид:

14 23 14 10 11 14 11 12 10 14 14 30 — 17 9 10 11  
12 25 14 19 29 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 36 37 13 10,

с датировкой общего предка  $3880 \pm 500$  лет назад. В принципе, эта датировка в пределах погрешности согласуется с обычными датировками гаплотипов N1a1 на Русской равнине,  $3500 \pm 400$  лет назад. Но по нестандартному набору мутаций



в нем можно заключить, что это гаплотип смешанный, представляющий суперпозицию базовых гаплотипов разных субкладов. Действительно, в Проекте перечислены как минимум 9 субкладов этих гаплотипов, охватывающие 11 гаплотипов, и в двух случаях приведены только N-M231 и N-M232, что одно и то же, снипы недотипированы. В остальных случаях приведенные субклады соответствуют следующим цепочкам снипов:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > **L550** > **L1025**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Z1936 > Y13850 > **L1034** (3 человека) > **L1442** (2 человека),

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > L1026 > Y6058 > CTS10760 > VL29 > Z4908 > L550 > L1025 > Z16981 > CTS8173 > **Y6075**.

Эта же линия найдена у латышей. Последний снип образовался 19 снип-мутаций, или примерно 2,7 тыс. лет, назад.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > M2019 > M2058 > A9408 > RH1612 > **A9416**.

Эта же линия найдена у турок. Последний снип образовался 11 снип-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад, уже в нашей эре.

В списке YFull есть 2 представителя Венгрии, соответствующие цепочки снипов следующие:

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > M2019 > M2058 > A9408 > RH1612 > **RH1896**.

Эта же линия найдена у турок. Еще одна цепочка снипов, которая заканчивается снипом A9416, уже показана выше и найдена также в Турции.

## Гаплогруппа Q

Содержание этой гаплогруппы у венгров близко к нулю. В списке YFull, тем не менее, есть 4 представителя Венгрии с гаплогруппой N1a1, цепочки снипов следующие:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > M25 > L712 > L715 > YP844 > L713 > **YP789**.

Такая же линия найдена и у узбеков.

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > L53 > L54 > L330 > YP771 > L332 > YP1695 > BZ427 > **BZ3944** > **BZ3950**.

Последний снип найден у 2 человек. Он образовался всего 5 снип-мутаций, или примерно 720 лет, назад.

## Гаплогруппа T

Эта гаплогруппа нехарактерна для венгров, встречается единичными гаплотипами. В списке YFull есть три венгерских представителя, соответствующие цепочки снипов следующие:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > Y16897 > Z19971 > Y18956 > Y10641 > Y28685 (= BY11520) > Y34308 > BY28295 > **BY28564**,

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > CTS2214 > P77 > CTS6507 > Y7794 > **PF4074** (2 человека).

## Гаплогруппы L, C, O

Эти гаплогруппы встречаются в Венгрии, судя по выборкам, в относительных количествах долей процента. В списке YFull из них есть только 1 представитель Венгрии с гаплогруппой O:

O-M175 > O1-F265 > O1a-M119 > Y14027 > Z23193 > M307 > K587 > F2444 > **Y137054**.

Последний снип (выделен) найден также в Китае, он образовался 43 снип-мутации, или примерно 6,2 тыс. лет, назад.

## 116. УЛЬЧИ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 2,8 тыс. ульчей, из которых 95 % живут в Хабаровском крае, в Приамурье. В табл. 109 приведен состав гаплогрупп ульчей.

Как обсуждалось в ряде глав настоящей книги, народы Сибири можно подразделить на тех, у кого численное преимущество гаплогруппы N-M231, и тех, у кого численное преимущество гаплогруппы C-M130, как у ульчей. Ко второй группе относятся также эвенки (60–70 % гаплогруппы C2-M48), эвены (78 % C2-M48), казахи, хотя они не являются сибирским народом (42 % гаплогруппы C, при наличии всего 4 % гаплогруппы N), киргизы (27 % гаплогруппы C при нали-

чии всего 3 % гаплогруппы N). У бурят заметно представлены обе эти гаплогруппы (до 40 % гаплогруппы C2, 48 % гаплогруппы N1a1), у чукчей, напротив, до 58 % гаплогруппы N1a1-M46. К сожалению, у большинства этих народов неизвестны гаплотипы, по которым можно более точно определить происхождение этих народов и датировки жизни общих предков. Это — дело будущих исследований.

**Таблица 109.** Состав гаплогрупп ульчей, по данным статьи Балановской и др. «Демографический и генетический портреты ульчей» (Генетика. 2018. Т. 54. №10. С. 1218–1227). В статье приводится устаревшая номенклатура гаплогрупп, исправленная в данной таблице. Например, используемая в статье нотация C3c-M48 не используется с 2012 г.

Гаплогруппа	По данным статьи (см. выше), 52 чел., %
C2-M217	70
C2-M217-M48	35
C2-M217 (xM48)	35
O-M175	15
O2-M122	12
N	6
N1-L735*	2
M2118	2
B479	2
N1a2b-P43	0
Q	6
J1	2
I2a-P37	2

\* В статье Балановской и др. указан субклад LLY22, но он удален из номенклатуры еще в 2014 г. и заменен субкладом L735 (= M2291 = CTS11499).

## 117. ТАЛЫШИ

По данным Всероссийской переписи населения, число талышей, проживающих в РФ, составило примерно 2,5 тыс. человек, из них в Москве проживает 21 % от этого количества. Основные регионы талышей находятся за пределами РФ и включают северо-западную часть Ирана, юго-восток Azerbaijan и Южный Кавказ.

Данные по гаплогруппам-субкладам-гаплотипам талышей в литературе и базах данных не обнаружены. К сожалению, в Википедию вклю-

чены совершенно абсурдные «данные» о «генетической близости» талышей к белорусам, а также к эстонцам, а также к шведам, финнам и другим, помимо финнов, «финно-угорским народам». Мало того, что эти «данные» принципиально противоречат друг другу, хотя получены одними и теми же авторами, но они породили совершенно фантастические «теории» тех же авторов, популяционных генетиков, что талыши в древности мигрировали через Кавказ в Европу и породили перечисленные народы. Эти фантазии опубликованы в статье «Генетика и антропология народов Кавказа и проблема происхождения европеоидов» (Назарова А. Ф. и др., 2008, также статьи 2000 г.). Автор настоящей книги знаком с «методологией» авторов, основанной на электрофорезе белков, ферментов и изучении групп крови, и не может отнести ее к научным. Это — типичная методология «популяционных генетиков», правда, безнадежно устаревшая, основанная, как обычно, на «похожести» одних факторов на другие. Википедия же цитирует эти «данные» в отдельном разделе статьи «Талыши».

## 118. КРЫМСКИЕ ТАТАРЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ в 2010 г. проживало примерно 2,4 тыс. крымских татар, но в 2014 г. Крым вошел в состав России, и в настоящее время число крымских татар в России составляет примерно 250 тыс. человек. Надо отметить, что крымские татары — не субэтнос татар (например, поволжских). Состав гаплогрупп-субкладов-гаплотипов татар был рассмотрен в главе «Татары», там же упоминались и крымские татары.

По крымским татарам имеется немного данных, более того, они в основном противоречивы. Возможно, это объясняется тем, что крымские татары исторически подразделялись на три группы — степные (ногаи), горные (таты) и южнобережные, и их прямые потомки могли попадать в разные выборки в разной степени. Эта противоречивость следует из данных табл. 110 и диаграмм на рис. 218 и 219.

Из представленных здесь данных можно сделать не так много выводов, хотя бы потому, что популяционные генетики, как обычно, неряшливы и небрежны в представлении своих данных.

Один из выводов — что у крымских татар гаплогруппа R1a является основной по численности, и можно полагать, что это будет гаплогруппа R1a-Z93, как обычно, у татар. Это — гаплогруппа степняков, включая найденные субклады у ископаемых костных останков хазар (Klyosov A. A., Faleeva T. G. Excavated DNA from Two Khazar Burials // *Advances in Anthropology*. 2017. V. 7. №1. P. 17–21). Еще вывод — что у крымских татар имеется большое разнообразие гаплогрупп, указывающее на их разнообразное происхождение.

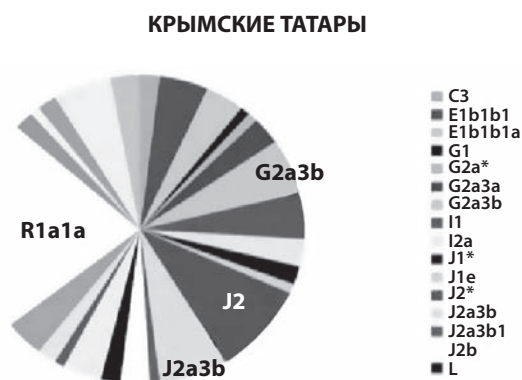
**Таблица 110.** Распределение основных гаплогрупп у крымских татар согласно данным англоязычной Википедии и статей А. Т. Агджоян. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Wikipedia, 2016 г., 22 чел., %	По данным Агджоян и др.**, 104 чел., %
R1a	32	24***
F	18	н/п
J2	14	20**
O	10	1–5**
R1b	9	12**
C	9	1–5**
I1	5	5–14**
E1b	5	10**
G2a	н/п	10**
G1-M285	н/п	1–5**
I2a-P37	н/п	1–5**
J1	н/п	1–5%
J2b	н/п	1–5**
T-M70	н/п	1–5**
Q-M242	н/п	1–5**
L	н/п	1–5**
N1a1	н/п	1–5**

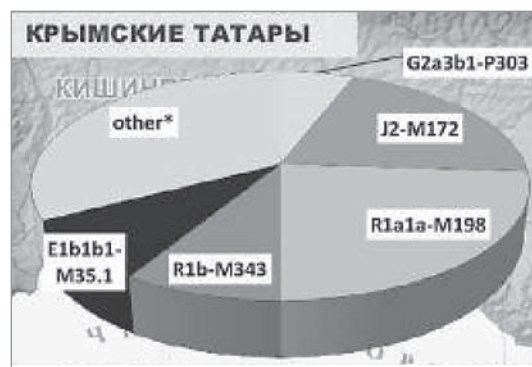
\* Цитируется в Википедии: <https://en.wikipedia.org/wiki/Tatars>. Сумма процентных показателей превышает 100 %, так приведено в Википедии.

\*\* Агджоян А. Т. и др. «Следы древних миграций в генофонде крымских и казанских татар: анализ полиморфизма Y-хромосомы» (*Генетика людини та медична генетика, Вестник УГТС* 2013); «Генофонд крымских татар в сравнении с тюркоязычными народами Евразии» (стендовый доклад, выходные данные нет: <http://генофонд.рф/library/papers/Agdjoyan2015.pdf>).

Обычно это наблюдается на «перекрестках цивилизаций». На втором месте по численности стоит гаплогруппа J2, что типично для южных территорий — Анатолия, Ближний Восток, Греция. Далее идет гаплогруппа R1b, и это наиболее вероятно не «европейская» R1b-P312 или R1b-U106, а древняя гаплогруппа Русской равнины R1b-Z2103 и нижестоящие ее ветви. Поскольку популяционные генетики субклады определяют редко и еще реже их рассматривают, то придется ждать грамотных исследований ДНК-генеалогии крымских татар.



**Рис. 218.** Диаграмма соотношения гаплогрупп и субкладов среди крымских татар — мужчин. См. цветную вклейку.



**Рис. 219.** Диаграмма соотношения гаплогрупп и субкладов среди крымских татар — мужчин. По данным А. Т. Агджоян в статье «Следы древних миграций в генофонде крымских и казанских татар: анализ полиморфизма Y-хромосомы» (*журнал «Генетика людини та медична генетика», Вестник УГТС*, 2013).

Показательно, что у крымских татар отсутствует гаплогруппа N1a, что заметно отличает их от поволжских или сибирских татар. Это еще раз показывает, что основное происхождение крымских татар — степь, они впитали гаплогруппы, типичные для Кавказа, Анатолии, Ближнего Востока, возможно, Древнего (средневекового) Рима и Древней (средневековой) Греции.

## 119. БЕСЕРМЯНЕ

По данным Всероссийской переписи населения, число бесермян в РФ составляет примерно 2,2 тыс. человек, из которых 96 % проживают на территории Удмуртии. До недавнего времени их официально считали удмуртами, и только в 1992 г. специальным постановлением было узаконено историческое имя бесермянского народа. Можно предполагать, что по составу гаплогрупп бесермяне близки к удмуртам (у которых две трети мужского населения имеют гаплогруппу N), так и оказалось, по данным статьи Н. В. Трофимова и др. «Генетическая характеристика популяций Волго-Уральского региона по данным об изменчивости Y-хромосомы» (Генетика. 2015. Т. 51. №1. С. 120), у бесермян содержание гаплогруппы N составляет 55 %. Точнее, по данным цитируемой статьи, оно равно 54,7 %, но при количестве тестируемых 53 человека такой точности не бывает. Чтобы было понятнее, из этого количества тестируемых гаплогруппу N нашли у 29 человек. Погрешность даже в 1 человека изменит процентный показатель от 54,7 % до 52,8 % или 56,6 %. Обычно погрешности заметно больше, но даже в таком, близком к идеальному, случае, мы получим  $55 \pm 2$  %, но никак не 54,7 %, с точностью до одной десятой (или даже выше).

В базах данных удалось найти всего 1 гаплогруппу из бесермян, соответствующая гаплогруппа записана как E-M35, но по структуре гаплогруппы это определенно субклад E-V13 (<https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>).

Это наблюдение еще раз подтверждает совершенно очевидное положение, что по одному образцу никак нельзя делать выводы об основной (или единственной) гаплогруппе всего этноса или племени. Например, в недавней работе было обнаружено, что в захоронении древнеславянского

племени кривичей (по данным или соображениям археологов) при изучении единственного ископаемого образца была найдена гаплогруппа E-V13 и был сделан — не категоричный, но вполне определенный вывод, что у кривичей была гаплогруппа E-V13, и описывались предполагаемые пути миграций кривичей с Балкан. Так делать, конечно, нельзя.

## 120. ХЕМШИЛЫ

По данным Всероссийской переписи населения, количество хемшилов в РФ составляет примерно 2050 человек, они признают себя субэтнсом армян. Проживают в основном в Краснодарском крае, Ростовской и Воронежской областях.

Результаты ДНК-тестов хемшилов в базах данных не обнаружены.

## 121. КАМЧАДАЛЫ

Камчадалы представляют, по сути, субэтнос русских, переселенцев в основном на Камчатку, в состав которых вошли некоторые представители малых народов Севера, в частности, ительменов. По данным Всероссийской переписи населения, количество камчадалов в Российской Федерации составляет примерно 1,9 тыс. человек, 80 % из которых проживают в Камчатском крае и 15 % — в Магаданской области.

Результаты ДНК-тестов камчадалов в базах данных не обнаружены.

## 122–123. ЧЕХИ, СЛОВАКИ

По данным Всероссийской переписи населения, количество чехов в РФ составляет примерно 1,9 тыс. человек, словаков — 324 человека. В данной главе мы объединим обе эти народности, хотя данные по ним будем приводить отдельно. Объединим мы их по нескольким причинам. Во-первых, в истории обе народности часто идут вместе, поэтому представляет интерес их сравнительное рассмотрение. Далее, если в России словаков проживают всего 324 человека, то в Чехии их около 150 тыс. Правда, самих словаков по численности — 6,2 млн человек.

Мужской состав Чехии и Словакии имеет три основные по численности гаплогруппы, которые

хотя по названию (индексу) одинаковые, но по доле населения заметно различаются. Это — гаплогруппы R1a, R1b и I2a. И у чехов, и у словаков гаплогруппа R1a наиболее представлена — 33 % и 39–42 % соответственно, но только у словаков она идет с большим отрывом от следующих гаплогрупп — R1b и I2a, которые у словаков почти одинаковы по численности, 15 % и 13–16 %. Однако у чехов гаплогруппа R1b, которой 28 %, уже подпирает гаплогруппу R1a (33 %), и дале-

ко внизу стоит гаплогруппа I2a, ее у них 8,5 %. Упрощенно говоря, гаплогруппы у чехов «менее славянские» по происхождению, у них почти треть гаплогруппы R1b, а «южнославянской» гаплогруппы I2a мало (табл. 111).

Как видно, и чехи, и словаки (мужчины) почти на три четверти состоят из трех указанных родов. Остальная четверть почти одинакова у тех и других, как показывает таблица состава гаплогрупп. По сути, относительно минорные

**Таблица 111.** Распределение основных гаплогрупп у чехов и словаков согласно данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и «Словацкому проекту» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/slovakia/default.aspx?section=yresults>). Обозначение «н/п» — данные не представлены. По сведениям сайта Eupedia, данные получены при анализе более 1 тыс. образцов (Чехия) и 250–500 образцов (Словакия)

Гаплогруппа	Чехи, Eupedia, %	Словаки, Eupedia, %	Словаки, (Проект FTDNA), 100 чел., %	Число снийов в списке YFull, чехи	Число снийов в списке YFull, словаки
R1a	33	42	39	35	18
Z280	н/п	н/п	23	13	10
M458-L260	н/п	н/п	8	14	6
M458-L1029	н/п	н/п	4	4	2
Z93	н/п	н/п	н/п	2	0
L664	н/п	н/п	н/п	2	0
R1b	28	15	12	29	1
P312	н/п	н/п	2	21	1
U106	н/п	н/п	6	4	0
Z2103	н/п	н/п	1	4	0
I2a	8,5	16	13	11	8
Y3120	н/п	н/п	11	5	7
M223	н/п	н/п	2	5	1
I2b	3	1,5	0	0	0
I1	7,5	6,5	8	6	2
E1b	6,5	6,5	9	11	9
V13	н/п	н/п	9	7	6
G	5	4	4	3	3
J2	4	2	4	7	1
J2a	н/п	н/п	1	1	0
J2b	н/п	н/п	3	6	1
N	2,5	3	6	1	2
N1a1-M46	н/п	н/п	5		
N1a2b-P43	н/п	н/п	1		
J1	1	1	3	3	2
T	0,5	0,5	0	0	0
Q	0	0,5	0	2	0
R2	н/п	н/п	1	0	1
C	н/п	н/п	н/п	1	1

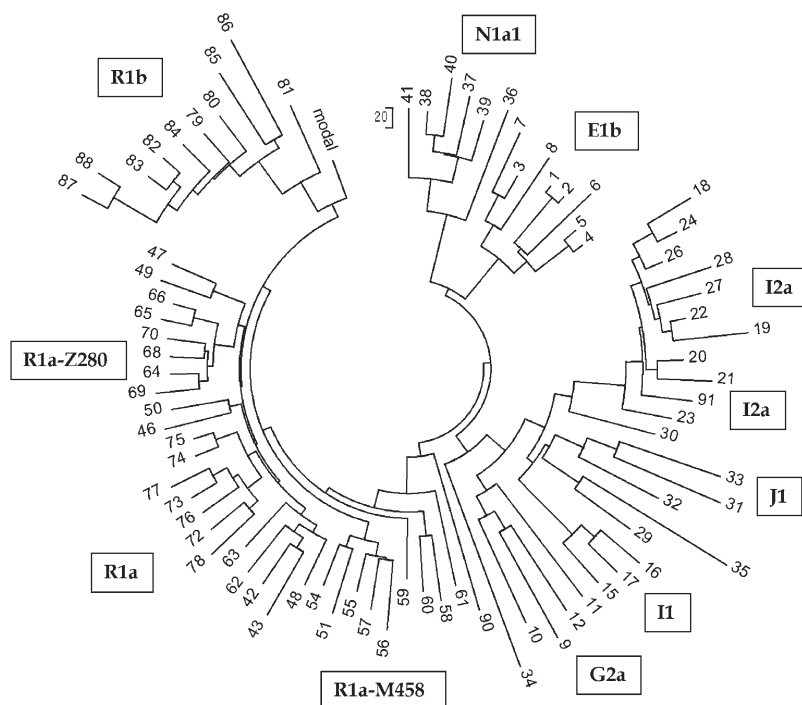


(по численности) гаплогруппы присущи чехам и словакам почти в одинаковой степени, поэтому мы их далее рассматривать почти не будем.

В сети есть база данных гаплотипов словаков: <https://www.familytreedna.com/public/slovakia/default.aspx?section=yresults>, в которой размещены 276 гаплотипов. Как обычно в таких базах

данных, большинство гаплотипов там не из Словакии. После оставления там только тех гаплотипов, у которых указано «Словакия», их число сократилось до 100, из которых 81 гаплотип имеется в 37-маркерном формате. Из них построено дерево гаплотипов на рис. 220.

Дерево получилось следующего вида.



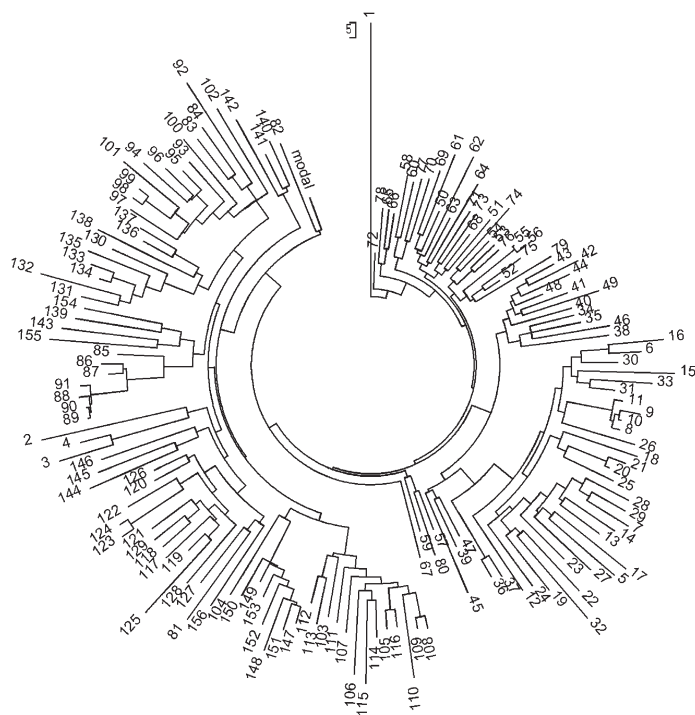
**Рис. 220.** Дерево из 81 гаплотипа «Словацкого проекта» (ссылка приведена в тексте) в 37-маркерном формате. Показаны основные (в численном отношении) гаплогруппы ветвей. Левую сторону дерева занимают гаплогруппы R1a (в основном) и R1b

## Гаплогруппа R1a

Ответим на вопрос — поскольку в гаплогруппе R1a много разных ветвей-субкладов и они у чехов и словаков в целом одинаковые, означает ли это, что происхождение тех и других в этой гаплогруппе одинаковое, или ветви у них расходятся? Для ответа было построено дерево 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a, взятых из открытой базы данных IRAKAZ. Всего в этой базе данных 6728 протяженных гаплотипов в 67- и 111-маркерных форматах, но поскольку чехи и словаки определяют свои ДНК сравнительно нечасто, то из этого количества гаплотипов им принадлежат всего 156, то есть всего 2 %. Но и этого количества вполне достаточно, чтобы увидеть основные закономерности.

Дерево получилось следующего вида (рис. 221).

Отметим несколько особенностей дерева, чтобы ответить на поставленные вопросы. Кстати, выброс гаплотипа под номером 1 (это словак древнего субклада R1a-YP1272, одного из древнейших в гаплогруппе R1a, который образовался 92 снипа, или 13,2 тыс. лет, назад) показывает, что это действительно архаичный гаплотип с необычными мутациями, поэтому он из дерева «вылетает». На дереве не менее десятка ветвей, каждая из которых имеет свой характерный снип и свою исходную территорию распространения. Конечно, в древности территории этих снипов были довольно четко очерчены, сейчас они изрядно размылись, но все равно идентифицируются.



**Рис. 221.** Дерево из 156 гаплотипов в 67-маркерном формате чехов и словаков гаплогруппы R1a. Справа — западнославянская (в которой большинство словаков) и центральноевропейская (в которой большинство чехов) ветви, слева — карпатские ветви (северная, восточная, южная и западная), во всех большинство словаков

На дереве нет ни одной ветви, которая принадлежала бы только чехам или только словакам. И те и другие в каждой ветви перемешаны. Есть некоторые смещения к чехам или словакам, но это еще и потому, что гаплотипов чехов в базе данных в полтора раза больше, чем гаплотипов словаков, поэтому для правильного сравнения нужно нормировать на долю тех или других. Но суть одна — гаплотипы перемешаны.

Больше всех среди чехов и словаков тех, кто относится к субкладу R1a-M458. В него входят европейская и западнославянская ветви. В общем, так и должно быть, географическое положение стран именно такое. Обе эти ветви занимают всю правую половину дерева гаплотипов. При этом в европейской ветви (R1a-M458-L1029) чехов вчетверо больше (79 %), чем словаков. Общий предок ветви жил  $2700 \pm 300$  лет назад, в начале I тыс. до н. э. Это — большая ветвь в середине правой стороны дерева.

Западнославянская ветвь (R1a-M458-L260) занимает верхнюю и нижнюю части правой половины дерева. Фактически там три подветви (можно насчитать и больше, в классификации там не менее пяти подуровней-субкладов), и в каждой

численно доминируют словаки. Общий предок всех трех подветвей жил  $2800 \pm 300$  лет назад, в те же времена, что и предок европейской ветви. Иначе говоря, эти предки разошлись примерно в одно время, один, патриарх западнославянской ветви, остался на территории современной Польши — Белоруссии, а патриарх европейской ветви передвинулся на запад, в сторону Центральной Европы. Вот их потомки и живут в наше время в Чехии и Словакии.

Остальную, левую половину дерева, занимают представители субклада Z280 основных карпатских ветвей — западнокарпатской, южнокарпатской, восточнокарпатской и северокарпатской, в таком же порядке их численности. Во всех четырех ветвях доминируют словаки. Субклад R1a-Z280 разошелся с субкладом R1a-M458 около 5 тыс. лет назад. Так что хотя оба образовались от арийского субклада R1a-Z645, но с тех пор ведут свои отдельные ДНК-линии. Таким образом, мы видим, что чехи в основном относятся к R1a-Z645-M458, а словаки — в основном к R1a-Z645-Z280. Остальные чехи и словаки пересекаются в карпатских субкладах, но с преобладанием словаков. Самая древняя ветвь

из них — западнокарпатская, общий предок чехов и словаков в ней жил  $3000 \pm 360$  лет назад. Общий предок чехов и словаков южнокарпатской ветви жил  $2000 \pm 270$  лет назад, восточнокарпатской ветви —  $2050 \pm 280$  лет назад, северокарпатской ветви —  $2200 \pm 320$  лет назад. Как мы видим, за исключением западнокарпатской ветви, общие предки всех остальных карпатских ветвей жили примерно в одно и то же время, в конце прошлой или в начале нашей эры. Общий предок всего субклада R1a-Z645-Z280 жил примерно 4,9 тыс. лет назад, от него потомки и пошли по всем карпатским и другим ветвям субклада Z280.

На левой половине дерева представлены и совсем минорные по численности ветви — балтокарпатская ветвь, балтийская, североευропейская, центральноевразийская и так далее, но они представлены всего несколькими гаплотипами каждая, там искать соотношение между чехами и словаками бесполезно, статистика не позволяет. Есть и ашкеназийская ветвь, в которой 5 словаков и 2 чеха, общий предок жил  $1100 \pm 210$  лет назад, как в целом и практически все ветви евреев в разных гаплогруппах по Европе.

Это было рассмотрение данных из базы IRAKAZ. Если мы обратимся к «Словацкому проекту» FTDNA, то базовый гаплотип субклада Z280 следующий:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 39 13 11,

с датировкой общего предка  $4430 \pm 510$  лет назад. Это типичный базовый гаплотип и типичная датировка (в пределах погрешности расчетов) для гаплотипов этнических русских и вообще гаплотипов Русской равнины. Он всего на 2 мутации (а фактически на 1,5 мутации при усреднении по гаплотипам серии) отличается на первых 37 маркерах от «референсного» предкового гаплотипа Русской равнины. Отметим, что субклад Z280 образовался 34 снип-мутации, или примерно 4,9 тыс. лет, назад, то есть в пределах погрешности расчетов от датировки общего предка базового гаплотипа Z280 словаков.

В серии гаплотипов субклада R1a-M458-L260 словаков базовый гаплотип на первых 37 маркерах оказался идентичным с «референсным» предковым гаплотипом того же субклада:

13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 23 14 20 32 12 15 16 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 35 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 — 31 15 9 15 11 26 27 19 12 12 12  
12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15  
19 12 23 14 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11,

и общий предок словацкого базового гаплотипа жил  $3210 \pm 600$  лет назад.

Гаплотипов субклада L1029 в «Словацком проекте» оказалось мало, и по ним расчеты не проводились.

Обратимся к списку YFull, в котором числится 35 представителей чехов и 18 представителей словаков гаплогруппы R1a. Все цепочки снипов приводить не будем, их слишком много, приведем некоторые. Но перед этим отметим, что у чехов, как было указано выше, преобладает европейский и западнославянский субклад M458 (по сравнению с восточнославянским Z280), у словаков — наоборот, наблюдается относительное преимущество Z280. В этом отношении данные YFull согласуются с данными «Словацкого проекта» FTDNA. Помимо того, у чехов имеются северо-западные европейские снипы L664, выраженные у скандинавов, но их нет у словаков, и у чехов обнаружена типичная еврейская линия снипа Z93-CTS6-YP264, которая в более развернутом виде записывается так:

Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > Y2630 > YP264.

Как обсуждалось выше в главе «Евреи», снип Y2630 образовался 9 снип-мутаций, или примерно 1,3 тыс. лет, назад, и к последней датировке сходится подавляющее большинство гаплотипов евреев гаплогруппы R1a.

Линия снипа L664 у чехов выглядит следующим образом:

R1a > M459 > M198 > M417 > CTS4385 > L664 > S3479 > S3485 > S3477 > **YP942** (2 человека).

Линии этого снипа крайне редки в Восточной Европе, но в обилии встречаются в Северо-Западной Европе — в Дании, Швеции, Голландии.

Еще у чехов найдена линия южноарийского субклада Z93, которая также редка в Восточной Европе:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > **Y874**.

Носители этой линии вышли из Европы или с Русской равнины и мигрировали на восток и юго-восток, дойдя до Индии и Ближнего Востока. Последний снип (выделен) образовался 25 снип-мутаций, или примерно 3,6 тыс. лет, назад. Это — времена срубной и синташтинской культур, как их датируют археологи.

У словаков линии L664 и Z93 в рассматриваемых выборках отсутствуют. Словаки тяготеют к восточнославянским снипам гаплогруппы R1a (Z280), чехи — к западнославянским и центральноевропейским снипам той же гаплогруппы (M458). Приведем примеры цепочек снипов у чехов.

*Западнославянская линия:*

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > **YP1337 > Z4624**,

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP1337 > **A19324**,

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP1337 > Y1337a > YP1337A1 > **YP5248 > YP5250** (последний снип — 2 человека).

*Центральноевропейская линия:*

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > **YP263**,

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP417 > **YP418**,

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP1703 > **YP4289**.

*Линия Русской равнины:*

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > **P278.2**,

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > P278 > **BY29685**,

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > **YP4278**.

Примеры цепочек снипов у словаков.

*Западнославянская линия:*

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP256 > YP254 > YP414 > **YP610**,

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP256 > YP654 > YP4518 > **YP4517** (2 человека) > **Y48566**,

Z645 > Z283 > Z282 > PF6155 > M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP256 > YP254 > YP5297 > **YP6541**.

*Центральноевропейская линия:*

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > **YP417**,

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > YP619 > YP444 > **YP443**.

*Линия Русской равнины:*

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > P278.2 > BY29685 > YP1702 > **Y134285**,

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > YP371 > YP372 > Y10810 > **YP380**,

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y3226 > Y3219 > YP4863 > YP4966 > **BY101983**.

## Гаплогруппа R1b

Переходим к гаплогруппе R1b у чехов и словаков. Как отмечалось выше, она у чехов подпирает первое место с гаплогруппой R1a, а у словаков опускается до того, что делит третье место с гаплогруппой I2a. Нет ни одного другого славянского народа, кроме чехов, с таким высоким содержанием гаплогруппы R1b. Каково происхождение этой гаплогруппы у чехов и словаков?

ДНК-генеалогия показывает, что происхождение одно и то же, но пропорции, как мы видели, совершенно разные. У тех и других есть два исторически разных источника гаплогруппы R1b. Один — в основном ямная культура (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад), а также, как считают историки, предшествующие ей культуры с той же гаплогруппой (например, хвалынская культура, среднестоговская, днепро-донецкая археологические культуры). Правда, в среднестоговской культуре (7,3 тыс. — 5750 лет назад) нашли гаплогруппу R1a-M417 (с археологической датировкой 7 тыс. — 5,5 тыс. лет назад, другая датировка 5,6 тыс. — 5,4 тыс. лет назад), и теперь некоторые историки предполагают, что и в днепро-донецкой культуре окажутся гаплогруппы серии R1a. Но ямная культура действительно показала только гаплогруппу R1b с субкладами R1b-M269-L23-Z2103, которые в основном ушли через Кавказ в Месопотамию, но, видимо, некоторые попали на Запад, либо по времени вскоре после ямной культуры, либо уже в нашей эре, возможно, и совсем недавно.

Второй источник гаплогруппы R1b в Чехии и Словакии — заметно более поздние, западноевропейские субклады, относящиеся к культуре колоколовидных кубков и их европейским потомкам. Их носители прибыли на Пиренейский полуостров около 5 тыс. лет назад, имея другую линию Y-хромосомы, ушедшую в сторону от показанной выше: R1b-M269-L23-L51 (последние два субклада образовались соответственно 43 и 42 снип-мутации, или 6,2 тыс. и 6 тыс. лет, назад), которая далее разошлась на основные субклады P312 и U106 (образовались 35 и 33 снип-мутации, или 5 тыс. и 4750 лет, назад соответственно). Эти последние субклады разошлись в современной Европе на сотни ветвей, ряд из которых попали на территории будущих Чехии и Словакии.

Самых древних снипов линии R1b-L278-L754-V88 и R1b-L278-L754-L389-P297 в интересующих нас странах найдено 2 человека, оба граждане Чехии. Датировки этих снипов такие:

L278, 139 снипов, или 20 тыс. лет, назад,  
L754, 124 снипа, или 17,9 тыс. лет, назад,  
M88, 118 снипов, или 17 тыс. лет, назад,  
P297, 110 снипов, или 15,8 тыс. лет, назад.

Эти снипы обнаружены в древних захоронениях с археологическими датировками более 10 тыс. лет назад в Поднепровье на Украине и в Западной Европе, например в Италии. Прямых потомков их сейчас почти не осталось.

Таблица 111 показывает, что субклада ямной культуры, R1b-Z2103, в Чехии и Словакии почти нет — в Словакии всего 1 образец в «Словацком проекте», и вообще нет в списке YFull, в Чехии по данным списка YFull имеются всего 4 образца из 29. У чехов и словаков основной источник гаплогруппы R1b — Западная Европа, субклады P312 и U106, оба образовались на Пиренейском полуострове около 5 тыс. лет назад и продвинулись в континентальную Европу с насельниками археологической культуры колоколовидных кубков (в основном субклад P312).

По другим данным (Клёсов А. А. ДНК-генеалогия славян. Новые открытия. СПб.: Питер, 2019), в современной Чехии обнаружены носители древних снипов Z2103 из ямной культуры в степном Поволжье, во всех случаях, а их было 5 человек, у них были серии нижестоящих снипов от Z2103. Когда их прямые предки попали с востока на территорию современной Чехии, во

времена ямной культуры, или сразу после нее, или в относительно недавнее время — можно прояснить методами ДНК-генеалогии. Оказалось, что общий предок этих 5 человек гаплогруппы R1a-Z2103 жил  $2900 \pm 500$  лет назад, то есть в начале I тыс. до н. э., намного позже самой ямной культуры. Среди словаков носителей древних субкладов оказалось 2 человека, оба ашкеназийские евреи, один венгерского происхождения.

Если же вернуться к европейским R1b, которые пришли с запада, то таких среди чехов и словаков значительно больше — соответственно 29 и 9 человек (цитируемая выше книга). Пиренейского (по происхождению) субклада P312 у чехов 12 человек (из них 5 человек нижестоящего субклада U152), у словаков — 3 человека; пиренейского же субклада U106 у чехов 15 человек, у словаков — 6 человек; западноевропейского субклада L21 (в основном с Британских островов) у чехов 2 человека, у словаков ни одного. Это в целом согласуется с распределением этих субкладов в Европе. Субклад R1b-U106 наблюдается на территориях Чехии и Словакии в повышенной степени по сравнению с другими, а субклад L21 там и не ожидается.

Если обратиться к «Словацкому проекту» FTDNA, то гаплотипов субклада P312 слишком мало для расчетов, но гаплотипы субклада U106 показывают следующий базовый гаплотип в 67-маркерном формате:

13 23 14 11 11 14 12 12 12 13 13 **30** — 17 9 10  
11 11 25 15 19 29 15 15 **16** 17 — 11 11 19 23 16  
15 17 17 **36 37** 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10  
10 **12** 23 23 **15** 10 12 12 **16** 8 12 22 20 13 12 11  
13 11 11 13 12,

с датировкой общего предка  $2550 \pm 425$  лет назад. Мутации по сравнению с «референсным» предковым гаплотипом субклада U106 выделены:

13 23 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  
17 17 37 38 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10 11  
23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11  
13 12 — 35 15 9 16 12 26 26 19 12 11 13 12 10 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 (U106).

Датировка общего предка здесь сравнительно недавняя, возможно потому, что гаплотипов мало, всего пять, если они к тому же оказались относительно родственными. Общий предок



современных «референсных» гаплотипов субклада U106 жил  $4175 \pm 430$  лет назад, субклада P312 —  $4350 \pm 700$  лет назад, их общий предок —  $4850 \pm 700$  лет назад (Klyosov A. A. DNA Genealogy. USA: Scientific Research Publishing, 2018). Сами снипы P312 и U106 образовались соответственно 5 тыс. и 4750 лет назад. Первый составил основу археологической культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 3,8 тыс. лет назад), второй образовал значительную часть народов Северной Европы с преимущественным количеством гаплогруппы R1b. В итоге, более 90 % европейских носителей гаплогруппы R1b имеют субклады P312 или U106 и их нижестоящие субклады.

В списке YFull в гаплогруппе R1b имеется довольно много представителей Чехии — в основном субклада P312 (21 человек из 29, см. табл. 111), и только 1 человек из Словакии, тоже субклада P312:

P312 > DF27 > FGC20747 > V3505 > FGC20767 > FGC20770 > V2240 > FGC20758 > V3476 > FGC20765 > A9700 > **A10519**.

Последний снип (выделен) образовался всего 3 снип-мутации, или примерно 430 лет, назад. Предшествующий снип, A9700, найден на Украине.

#### **Снипы представителей Чехии, линия R1b-P312:**

P312 > DF19 > Z302 > Y23278 > Z35692 > **BY142563** (2 человека).

Последний снип найден также в Германии. Он образовался всего 5 снип-мутаций, или примерно 720 лет, назад.

P312 > DF19 > Z302 > Y23278 > Z35692 > **Y78810** (3 человека).

Последний снип образовался всего 3 мутации, или примерно 430 лет, назад.

P312 > DF19 > DF88 > Y3096 > Y6234 > S4268 > Y6237 > S9287 > **S21149**.

Последний снип найден также в Германии. Он образовался 19 снип-мутаций, или примерно 2,7 тыс. лет, назад.

P312 > DF27 > FGC20747 > V3505 > FGC20767 > FGC20770 > V2240 > FGC20758 > V3476 > FGC20816 > FGC20819 > **A9510**.

Последний снип найден также на Украине. Он образовался всего 6 снип-мутаций, или примерно 860 лет, назад.

P312 > U152 > L2 > S14469 > **FG668**.

P312 > U152 > L2 > Z49 > S8183 > Y4353 > Y4354 > Y4355 > Y14145 > **Y14088** (8 человек).

Интересно, что последний снип найден у 8 чехов из 21. Он образовался 31 снип-мутацией, или примерно 4,5 тыс. лет, назад, в разгар геноцида коренного населения Центральной Европы.

P312 > U152 > L2 > Z49 > Z142 > S7402 > Y3140 > **BY102158**.

P312 > DF27 > Z2552 > **YP4295**.

P312 > DF27 > Z195 > Z272 > Z209 > Z419 > S19290 > S16785 > S15337 > **Y60489**.

P312 > DF27 > Z195 > Z272 > Z209 > Z295 > S1221 > Y8715 > Y7765 > CTS10029 > FGC29721 > FGC29724 > **FGC29751** (2 человека).

Последний снип образовался всего 2 снип-мутации, или примерно 290 лет, назад.

#### **Снипы представителей Чехии, линия R1b-U106:**

U106 > S263 > S499 > L48 > L47 > **L44** > L163 > FGC6202 > FGC6212 > Y17243 > FGC6211 > **SK540** (2 человека).

Эта линия найдена в Германии и Италии. Последний снип образовался 9 снип-мутаций, или примерно 1,3 тыс. лет, назад.

U106 > S263 > S499 > L48 > Z9 > Z331 > Z330 > **FGC43643**.

Данная линия найдена в Германии. Последний снип (выделен) образовался 25 снип-мутаций, или примерно 3,6 тыс. лет, назад.

#### **Снипы представителей Чехии, линия R1b-Z2103:**

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y5587 > Y14300 > **V2986** (2 человека).

Последний снип (выделен) найден также в Польше, Финляндии, Италии, Румынии, Швеции. Он образовался 14 снип-мутаций, или примерно 2 тыс. лет, назад.

Z2103 > Y13369 > L584 > FGC14590 > Y19434 > Y16852 > Y11410 > **FGC14600**.

Последний снип (выделен) найден также в Польше, Голландии, Германии и Румынии. Он образовался 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет, назад.

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > FT61900 > **Y189372**.

Последний снип (выделен) образовался 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад.

### Гаплогруппа I2a

История этой гаплогруппы изложена выше, это — южные славяне, общий предок которых прошел жесткое «бутылочное горлышко» выживания и датируется примерно 2,2 тыс. лет назад, в конце прошлой эры. После выживания носителей этой гаплогруппы, а именно субклада I2a-L460 > P37.2 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS10228 > Y3120, последний снип в этой строке отдален от настоящего времени 18 снип-мутациями, что составляет 2,6 тыс. лет назад. Он разошелся на четыре ветви со снипами S17250, Y4460, Z17855 и A2512, каждый образовался 16 снипов, то есть 2,3 тыс. лет, назад. Они коллективно называются «динарской ветвью» или «южнославянской». Эти 4 снипа разошлись между Грецией и Балтикой, включая Россию, Украину и Белоруссию, и пока какой-то закономерности в их более конкретном территориальном отнесении не обнаружено.

В книге «ДНК-генеалогия славян. Новые открытия» (2019 г.) рассматривалась база данных, в которой были 30 словацких носителей I2a и 23 чешских. Из них 52 гаплотипа входили в динарскую, южнославянскую ветвь, и только 1 (чешский) относился к древней ветви I2a-L1274, которая в составе немногих представителей пережила гибель Старой Европы. Эта редкая ветвь образовалась 74 снипа, или 10,7 тыс. лет, назад:

I2a-L460 > P37.2 > CTS595 > M26 > L1274.

Выжившие в Старой Европе снипы пошли по другой линии, как показано выше. В итоге, почти все чешские и словацкие гаплотипы группы I2a относятся к субкладу Y3120 и расходятся по всем четырем перечисленным нижестоящим снипам, относящимся к южнославянским линиям.

Гаплотипы группы I2a-Y3120 словацкой базы данных FTDNA образуют компактную ветвь на правой стороне дерева гаплотипов (рис. 220). Базовый гаплотип всей ветви в 37-маркерном формате:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 31 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10,

с общим предком  $2330 \pm 370$  лет назад. Это всего на 1 мутацию (на самом деле на 0,7 мутации) на первых 37 маркерах отличается от «референсного» предкового гаплотипа субклада I2a-Y3120, общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад. Эта мутация выделена ниже:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 **32** 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

Поскольку общий предок жил относительно недавно, соответствующие базовые гаплотипы почти идентичны по всей Восточной Европе.

То, что линия снипа I2a-Y3120 у словаков основная, показывает и список YFull, там цепочки снипов следующие:

Y3120 > Y4460 > Y3106 > Y3118 > **Y161783**,  
Y3120 > Y4460 > Y3106 > Y3118 > **Y189048**.

Последний снип (выделен) найден также на Украине.

Y3120 > S17250 > PH908 > **Y51673**.

Последний снип (выделен) найден также в Боснии-Герцеговине.

Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > A815 > A5875 > **Y31025**,

Y3120 > S17250 > **Y4882** > Y16973 > **Y162454**,  
Y3120 > S17250 > Y4882 > A1328 > **Y15928**.

Последний снип (выделен) найден также в России.

Как мы видим, все эти линии проходят через снипы Y4460 и S17250. Все выделенные снипы образовались уже в нашей эре, 1850–1550 лет назад.

Только в одном случае из восьми у словаков в списке YFull цепочка снипов проходит мимо Y3120, то есть в обход южнославянской линии, уйдя в сторону от снипа I2a1-L460, который образовался 148 снип-мутаций, то есть примерно 21 тыс. лет, назад, непосредственно за снипом I2-M438.

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > M436 > Y10705 > S2524 > L38 > S2606 > Y13067 > Y18920 > Y18919 > Y18921 > Y19084 > Y19211 > **Y19212**.

Последний снип (выделен) найден также в Германии.

У чехов, в отличие от словаков, как и от других восточноевропейцев с выраженной южнославянской компонентой, снип Y3120 уже не определяет основную линию гаплогруппы I2a, как иллюстрируется списком YFull. В нем из 11 образцов только пять относятся к линии снипа Y3120:

Y3120 > S17250 > Y5596 > Z16971 > Y5595 > **A815**.

Последний снип (выделен) найден также в Германии, на Украине, в Финляндии, Венгрии и Румынии.

Y3120 > S17250 > Y4882 > Y16473 > **FGC30452**,

Y3120 > S17250 > Y5596 > A14973 > **Y192026**,

Y3120 > S17250 > PH908 > Z16983 > Y4789 > **Y6651** (2 человека).

Остальные линии относятся к западноевропейскому снипу M223 (еще 5 образцов):

M223 > Y3259 > CTS616 > Y3721 > Y3670 > L1229 > **Z2069**,

M223 > CTS616 > CTS10057 > Z161 > L801 > Z170 > CTS6433 > S2364 > S2361 > Z78 > CTS8584 > Z185 > Z180 > L1198 > FT73935 > Y6060 > Y29658 > **Y164173** > **BY205023**,

M223 > CTS616 > CTS10057 > Z161 > L801 > Z170 > CTS6433 > S2364 > S2361 > Z78 > CTS8584 > Z185 > Z180 > L1198 > S20905 > Z190 > Y4869 > **Y105806**,

M223 > CTS616 > CTS10057 > Z161 > L801 > Z170 > CTS6433 > S2364 > Y4955 > Y11161 > Y10660 > **Y37834**.

Еще одна линия является довольно архаичной, последний снип (выделен) образовался 48 снип-мутаций, или примерно 6,9 тыс. лет, назад.

I2-M438 > I2a-CTS1799 > I2a1-L460 > P37 > CTS595 > L158 > L1274 > **BY21549**.

## Гаплогруппа I1

В «Словацком проекте» оказалось всего 3 гаплотипа этой гаплогруппы в 37-маркерном формате, но поскольку их общий предок жил сравнительно недавно, то даже 3 гаплотипа показали несомненное сходство с «референсным» 111-маркерным базовым гаплотипом (на первых 37 маркерах), полученным при обработке 968 европейских гаплотипов, с датировкой общего предка  $3686 \pm 369$  лет назад (без округления):

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

В словацком базовом гаплотипе по сравнению с «референсным» на первых 37 маркерах есть всего 4 мутации (выделены):

13 **23** 14 10 **14** 14 11 14 11 12 11 28 — **16** 8 9 8  
11 23 16 20 28 12 **15** 15 16 — 10 10 19 21 14 14  
16 20 35 37 12 10,

датировка общего предка  $2400 \pm 550$  лет назад. При 3 гаплотипах в серии расчеты не могут считаться достоверными, но тот факт, что базовый гаплотип близок к «референсному», оспариваться не может. Кстати, первая мутация (DYS390 = 23) в словацком базовом гаплотипе такая же, как и в румынском, как показано в соответствующей главе данной книги. Более того, все три словацких гаплотипа имеют аллель 23 в указанном маркере.

В списке YFull имеются шесть чешских представителей и два словацких. Соответствующие цепочки снипов у чехов следующие:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > **S2077**.

Последний снип (выделен) найден также в Англии, Испании, Норвегии.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z63 > BY151 > BY351 > CTS10345 > **Y31029**.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8647 > Z60 > Z140 > Z141 > Z2535 > YSC261 > L338 > Y15155 > **A2398**. I1-M253 > I1a-DF29 > Y2592 > Z2336 > Y3866 > Y11221 > **Y65803**.

Последний снип (выделен) найден также в Венгрии.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8647 > Z60 > Z140 > Z141 > A196 > Y6900 > Y7140 > Y7477 > YP1081 > **A2377** (2 человека).

Последний снип — самый недавний из данной серии, он образовался 15 снип-мутаций, или примерно 2,2 тыс. лет назад. Остальные конечные снипы (выделены) образовались во временном интервале 2,5 тыс. — 3,7 тыс. лет назад.

У словаков цепочки снипов следующие:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > S2293 > Z2541 > S19185 > BY52426 > **Y61915**.

Последний снип (выделен) найден также в Польше.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > S2293 > Z2541 > S19185 > S23519 > S20030 > **A13207**.

Последние снипы (выделены) образовались соответственно  $3500 \pm 1000$  и  $2700 \pm 500$  лет назад по данным YFull. Как видно, эти цепочки разошлись от снипа S19185, который образовался 30 снип-мутаций, или примерно  $4000 \pm 800$  лет, назад по тем же данным.

### Гаплогруппа E1b

Эта гаплогруппа в Европе относится в основном к субкладу E1b-V13 и имеет следующий «референсный» предковый гаплотип с общим предком, который жил  $3450 \pm 350$  лет назад:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 **17** 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11.

Этот гаплотип получен для выборки из 193 европейских гаплотипов в 67-маркерном формате.

Компактная ветвь гаплогруппы E1b словаков показана на правой части дерева гаплотипов на рис. 220, ее базовый 37-маркерный гаплотип:

13 24 13 10 16 18 11 12 **11** 13 11 30 **16** 9 9 11 11  
26 14 20 32 **15** 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10,

отличается от «референсного» всего на 3 мутации (выделены) и имеет датировку общего предка  $3440 \pm 510$  лет назад, что практически идентично датировке общего предка «референсного» гаплотипа, приведенного выше. Это означает, что все гаплотипы этой ветви на рис. 220 относятся к субкладу E1b-V13.

Это в целом согласуется с данными по чехам, судя по списку YFull, в котором **из 11 представителей чехов большинство, в данном случае 7 человек, относятся к субкладу E1b-V13:**

V13 > Z1057 > CTS1273 > L540 > **Y7026** > A783 > **Y12393**,

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > S2979 > Z16659 > L241 > **Y142744**,

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Z5016 > Y3762 > CTS6377 > CTS9320 > Z17264 > PH1173 > **YP223** (3 человека),

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > **A2192**.

Выделенные снипы образовались во временном интервале 3,6 тыс. — 1550 лет назад. Самый недавний — снип Y12393, образовался 12 снип-мутаций, или примерно 1,7 тыс. лет, назад.

Остальные 4 представителя чехов относятся к другим линиям, которые отходят от линии V13 на снипе V22 (образовался 82 снип-мутации, или примерно 11,8 тыс. лет, назад):

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > V22 > Y2498 > L1250 > FGC2726 > **BY7308**,

или даже ранее, на снипе M35 (образовался 236 снип-мутаций, или примерно 34 тыс. лет, назад).

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > FGC18353 > Y14899 > Y14891 > Y16781 > Y17225 > Y17227 > Y18621 > **FT41690** > **A18889**.

Эта линия (снип A18889) встречается также у словаков.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z287 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > M84 > S11387 > CTS5265 > Y5427 > PF6751 > PF6748 > Y6720 > BY11014 > BY11048 > **Y125213**.

Список YFull включает также **9 представителей словаков**, со следующими цепочками снипов (одна приведена выше, в серии снипов чехов):

V13 > Z1057 > CTS1273 > Y35953 > PF6784 > **Y93395**.

Последний снип встречается также у венгров.

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Z5016 > Y3762 > CTS6377 > CTS9320 > Z25461 > **BY4518**.

Последний снип встречается также у поляков и ирландцев.

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > S2979 > Z16659 > L241 > FGC63243 > **BY5681** (3 человека).

V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Z5016 > Y3762 > CTS6377 > CTS9320 > Z16988 > Z27131 > BY4222 > **BY4223**.

Последний снип встречается также у норвежцев.

Мы видим, что из 9 словацких линий большинство, в данном случае шесть, проходят через снип V13.



E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1a-M132 > M44 > Y15944 > Z17699 > Z17697 > Y32594 > **Y35994**.

Последний снип встречается также у украинцев.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > Y6926 > Y6923 > Y6938 > Z36123 > Y15561 > **Y90977**.

Последний снип встречается также у немцев. Он образовался 11 снип-мутаций, или примерно 1,6 тыс. лет, назад.

### Гаплогруппа G2a

Гаплотипы этой гаплогруппы образуют ветвь на правой стороне дерева на рис. 220, но среди них есть гаплотипы субкладов G1, G2 и G2a, поэтому формальный расчет времени жизни общего предка дает датировку  $12\,700 \pm 1700$  лет назад. Вследствие несимметричности ветви по субкладам эта датировка определенного смысла не имеет.

В списке YFull в этой гаплогруппе имеются 3 представителя чехов и 3 — словаков. Их цепочки снипов следующие:

G-M201 > G1-M342 > CTS11562 > BY1124 > Z3353 > GG362 > **Z26335** (2 словака).

Последний снип выше (выделен) линии G1 — очень древний, образовался 70 снип-мутаций, или примерно 10 тыс. лет, назад.

G-M201 > G2-P287 > M3115 > M377 > Y12297 > Y12975 > Y15861 > **BY37058**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 > Y7538 > Z1816 > Y8903 > BY27899 > Z45474 > **BY186748**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 > Y7538 > Z1816 > Z1823 > L43 > L42 > Y11074 > YSC0000033 > BY48693 > **Z39501**.

Три цепочки снипов выше — чехов. Первая относится к линии G2 и идет в обход линии G2a, две последующие относятся к линии G2a.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > FGC12126 > L660 > L661 > **Y15853**.

Последняя цепочка относится к словаку линии G2a.

### Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа относится больше к Кавказу и Южной Европе (в первую очередь Средиземноморье). Но у словаков, как больше тяготеющих к славянским линиям, этой гаплогруппы меньше, чем у чехов в рассматриваемых здесь выборках. Гаплотипов данной гаплогруппы на дереве гаплотипов (рис. 220) почти нет, и соответствующие расчеты (базовый гаплотип и время жизни общего предка) не проводились.

В списке YFull имеются 7 представителей чехов и только 1 словак. Соответствующие цепочки снипов следующие:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Y27522 > **Y23094** (словак),

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > **Z1043** (2 чеха),

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > **Y12007** (2 чеха),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > Z8096 > Y20492 > Y20051 > L556 > Y11782 > **Y13373**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Y98609 > **Y84349**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > CTS11760 > **Y166758**.

Интересно, что только один снип из этих восьми относится к линии субклада J2a, остальные семь относятся к линии J2b.

Все конечные снипы в данных цепочках распространены в Европе, выходя далеко за пределы Чехии и Словакии. Они встречаются в Швеции и Англии (Y23094), Дании, Албании, Германии (Z1043), Испании (Y166758), Италии, Англии,



Германии (Y12007), Польше, Молдавии, Германии (Y33373). Только последний снип относительно недавний, образовался 7 снип-мутаций, или примерно 1 тыс. лет назад. Остальные конечные снипы образовались во временном интервале 3,9 тыс. — 2,5 тыс. лет назад.

### Гаплогруппа N

Эта гаплогруппа нехарактерна для центральной Европы. Как излагалось выше в данной книге, носители этой гаплогруппы вышли по западным отрогам Уральских гор на Русскую равнину и направились миграциями на северо-восток, став будущими финнами и в значительной части коми, поморами и другими северными народами России; на запад, став будущими поляками и жителями сопряженных территорий, но с малым содержанием этой гаплогруппы (у поляков 4 % носителей гаплогруппы N1a1). У чехов и словаков (см. табл. 111) это содержание еще меньше или примерно равно тому, что у поляков.

У словаков в базе данных FTDNA есть всего 5 гаплотипов субклада N1a1-L1025, типичного (хотя и малочисленного) для западных славян, и один гаплотип субклада N1a2b-P43, типичного для сибирских и северных народов России. Эти 5 гаплотипов L1025 образуют компактную ветвь наверху дерева на рис. 220, их базовый гаплотип выглядит следующим образом:

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  
16 19 37 37 13 10,

с общим предком  $2500 \pm 470$  лет назад, который на 5 мутаций (в основном дробных) отличается на первых 37 маркерах от «референсного» базового гаплотипа того же субклада в России:

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 — 11 11 18 20 14 15  
16 19 36 36 14 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12  
21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11  
11 12 11 — 39 15 8 15 12 23 27 19 13 14 11 12 13  
9 11 12 10 10 12 31 12 12 21 18 11 9 23 15 21 12  
22 13 13 14 26 12 22 18 11 13 16 8 12 11,

с общим предком  $2760 \pm 300$  лет назад, что было рассчитано по 27 гаплотипам субклада L1025 в России в 111-маркерном формате. Датировка, как мы видим, практически совпала в пределах погрешностей расчетов. В Польше датировка ба-

зового гаплотипа того же субклада, рассчитанная по 52 гаплотипам в 37-маркерном формате, равна примерно 2,6 тыс. лет назад, что соответствует данным по русским и словакам.

В списке YFull имеется всего 1 представитель чехов и 2 — словаков, соответствующие цепочки снипов следующие:

L1025 > Z16981 > Z16980 (= CTS8173) > Y6075 > Y6077 > Y6076 > Y17696 > Y17420 > **Y17418**,

L1025 > Z16981 > Z16980 (= CTS8173) > Y6075 > Y6077 > **Y28545**.

Верхние две цепочки — чеха и словака, обе проходят через линию L1025 и заканчиваются выделенными снипами уже в начале нашей эры. Последующая цепочка относится к словаку, проходит по «северной» линии и завершается снипом, который образовался 12 снип-мутаций, или примерно 1,7 тыс. лет, назад, тоже в нашей эре.

N-M231 > Z4762 > L729 > L666 > N1a2b-P43 > VL67 > VL73 > **Y37153**.

### Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа нехарактерна для чехов и словаков, ее содержание у них на уровне единиц процентов. В списке YFull в данной гаплогруппе есть 3 представителя чехов и 2 — словаков. Соответствующие цепочки снипов следующие:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > ZS4393 > ZS4416 > ZS10589 > **ZS10568**.

У евреев, арабов и многих кавказских народов вслед за снипом L136 идет сразу снип P58, но данная линия у чехов проходит мимо P58. Это — не еврейская и не кавказская линия. Такой же конечный снип встречается на Украине.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Y15152 > ZS4336 > ZS4312 > Y6384 > ZS4326 > **ZS10615**.

Эта цепочка у чехов проходит через снип P58, далее немного следует типичной армянской линии и уходит в сторону от той и другой.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Y4067 > L817 > L818 > L816 > ZS2728 > ZS2736 > **ZS12015**.

Последняя (из рассмотренных здесь) цепочка у чехов также не является «семитской» или «кавказской», уходя в сторону после снипа P58.

Цепочка снийов у двух словаков следующая:  
J1-M267 > J1a-Z2215 > Z2217 > Z2217a >  
Z1828 > Z18463 > **Y31163** (2 человека).

Эта цепочка вообще не проходит через сний P58. Таким образом, все пять цепочек снийов у чехов и словаков «не семитские» и не кавказские.

### Гаплогруппы T, Q, R2 и C

Эти гаплогруппы у чехов и словаков почти не встречаются, их единичные примеры приведены в списке YFull:

Q-M242 > Q2-L275 > F1213 > M378 > L245 >  
Y2998 > Y2209 > Y2225 > Y2200 > Y2197 >  
Y2780 > **BZ37** (чех).

Последний сний (выделен) образовался всего 5 сний-мутаций, или примерно 720 лет, назад.

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Y2659  
(= Y4801) > L940 > L932 > L933 > BZ1466 >  
L939 > **BZ1499** (чех).

Последний сний (выделен) образовался 34 сний-мутации, или примерно 4,9 тыс. лет, назад. Поэтому неудивительно, что он встречается и в Грузии.

Мы видим, что у чехов встречаются две совершенно разные линии гаплогруппы Q, а именно Q1 и Q2. Они разошлись 199 сний-мутаций, или примерно 29 тыс. лет, назад, и понятно, что их потомки прибыли в Центральную Европу совершенно разными путями.

R2-M479 > R2a-M124 (= L381) > Y3399 >  
Y3370 > FGC13203 > FGC13188 > **F1092**.

Эта линия, найденная у словака, встречается также в Латвии и характерна в Европе для евреев-ашкенази.

C-M130 > C2-M217 > C2b-L1373 > F3447 >  
F1699 > M8574 > Y11990 > **ZQ354**.

Эта линия, найденная у словака, встречается по всей Евразии вплоть до арабского мира. Сам последний сний образовался 51 сний-мутацию, или примерно 7,3 тыс. лет, назад.

C-M130 > C2-M217 > L1373 > F3447 >  
F1699 > F3918 > F1756 > Y10420 > **Y11606**.

Эта линия, найденная у чеха, была также обнаружена в России, Польше, Китае, Индии.

## 124. СААМЫ

Саамы не образуют единое государство, они как народность разделены между Норвегией, Шве-

цией, Финляндией и Россией (в порядке численности), и из общего их числа в 60 тыс. — 80 тыс. человек в России проживает — согласно Всероссийской переписи населения — примерно 1770 человек. Из этого числа 90 % живут в Мурманской области.

**Таблица 112.** Состав гаплогрупп саамов по данным статьи\*

Гаплогруппа	Статья*. Саамы из Швеции, 73 чел., %	Статья*. Саамы с Кольского п-ва, 23 чел., %	Статья**. Саамы, 23 чел., %
N1a1	41,1	39,1	39
I-M170	32,9	17,4	17
R1a	17,8	21,7	22
R1b	5,5	8,7	9
F-M89	2,7	0	н/п
J	0	4,3	4
E-M96	н/п	н/п	9

\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Wells R. S. et al. The Eurasian heartland: A continental perspective on Y-chromosome diversity // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 2001. V. 98. №18. P. 10244–10249.

Очевидно, что данные в последней колонке те же самые, что в предыдущей колонке, но округленные (за исключением данных по гаплогруппе E-M96).

В статье Ilumäe A. M. et al. *Human Y chromosome haplogroup N: A non-trivial time-resolved phylogeography that cuts across language families* (*American Journal of Human Genetics*. 2016. V. 99. №1. P. 163–173), в которой изучалась, в частности, гаплогруппа N у саамов, было найдено, что у саамов Швеции из 13 носителей этой гаплогруппы шестеро имеют субклад N1a1-VL29 и четверо — субклад N1a1-Z1936.

Для 9 носителей той же гаплогруппы в статье (Ilumäe et al., 2016) были определены 16-маркерные гаплотипы, в серии было 5 носителей субклада VL29 и четверо — субклада Z1936. В принципе, оба субклада родственные, оба нисходящие от N1a1-M46, оба образовались почти в одно и то же время, 28 и 30 сний-мутаций, или соответственно (примерно) 4 тыс. и 4,3 тыс. лет, назад (с погреш-

ностью  $\pm 700$  лет назад по данным YFull: <https://www.yfull.com/tree/N/>), так что расчеты времени жизни их общего предка вполне обоснованны.

L1026 > VL29.

L1026 > Z1936.

Датировка общего предка саамов в этих субкладах оказалась  $1900 \pm 450$  лет назад, что вполне согласуется с тем, что предки носителей гаплогруппы N1a1 прибыли на территорию будущей Финляндии (и оттуда на территорию будущей Швеции) и на Кольский полуостров только в начале нашей эры. Базовый гаплотип саамов имел следующий вид:

14 24 14 11 11 13 10 13 14 16 17 14 19 12 14 10, с датировкой жизни общего предка  $3300 \pm 380$  лет назад. Этот предковый гаплотип является в некоторой степени «фантомным», поскольку предковые гаплотипы субкладов VL29 и Z1936 различаются в нескольких маркерах, и 6 гаплотипов субклада N1a1-VL29 «перетянули» аллели на себя по сравнению с 4 гаплотипами субклада N1a1-Z1936. «Конкуренция» проходила между аллелями DYS390 (23 или 24), DYS19 (14 или 15), DYS389-1 (13 или 14) и так далее. Это может служить очередным примером в данной книге, что неоднородные гаплотипы в серии часто дают смешанные базовые гаплотипы. Именно поэтому гаплотипы «базовые», а не «предковые».

## 125. ЭСКИМОСЫ (ЗА ПРЕДЕЛАМИ РОССИИ — ИНУИТЫ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают около 1740 эскимосов, из них 88 % живут в Чукотском автономном округе, еще 2 % — в Магаданской области.

Гаплогрупп эскимосов в литературе и базах данных ДНК обнаружить не удалось.

## 126. ДУНГАНЕ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают примерно 1650 дунган, которые перебрались в Россию в основном из Китая, Казахстана, Киргизии, Узбекистана относительно недавно, в основном в последней четверти XIX в. Сейчас в Саратовской области насчитываются 46 % дунган России, в Алтайском крае — 13 %, в других регионах их значительно меньше, на-

пример, в Пензенской области живут около 3 % российских дунган, в Москве — 2,6 %.

В статье Zhabagin M. et al. *The Connection of the genetic, cultural and geographic landscapes of Transoxiana* (Scientific Reports. 2017. V. 7. №1. P. 3085) приводятся данные по распределению гаплогрупп у дунган Узбекистана (Ташкентская область), которые просуммированы в табл. 113.

**Таблица 113.** Состав гаплогрупп дунган Ташкентской области Узбекистана по данным статьи Zhabalin et al., ссылка в тексте

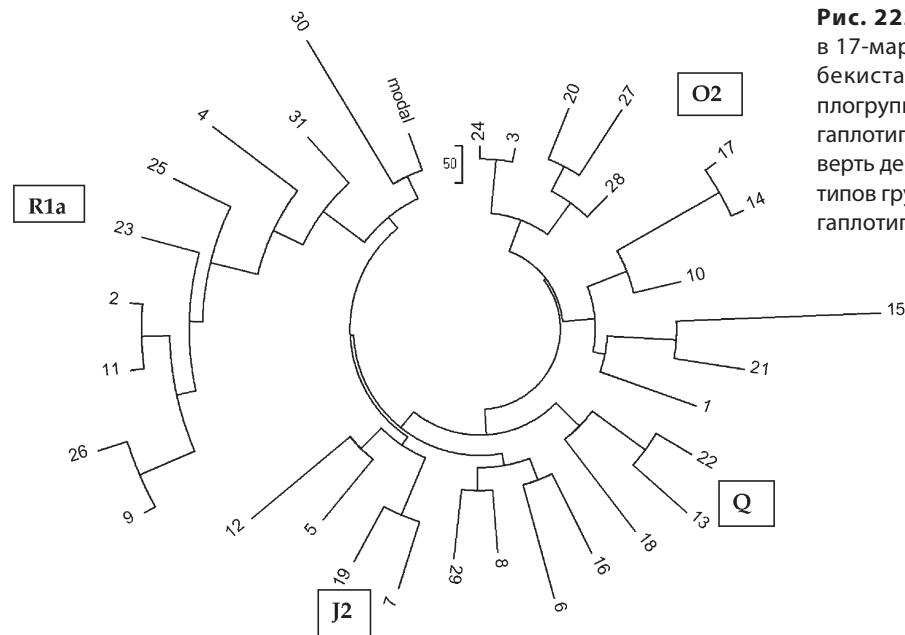
Гаплогруппа	Дунгане, 31 чел., %
O-M175	38
O2a2-P201	19
O2-M122	13
O1b-M268	6
R1a (xM458)	19
Q-M242	10
R1b	6
J2-M172	6
C2-M217	3
N1a2a-M128	3
E1b	3
L-M20	3
T1a-M70	3

Данные табл. 113 подтверждают китайское происхождение по меньшей мере трети дунган, которые имеют гаплогруппу O, характерную для Китая. Следующей за ней стоит гаплогруппа R1a с указанием, что она не западнославянского или центральноевропейского происхождения, что довольно очевидно. Другие субклады гаплогруппы R1a в цитированной статье не определяли, но опыт работы с гаплогруппами подсказывает, что это должен быть субклад R1a-Z93, носителей которого в Китае десятки миллионов человек.

Ветвь гаплотипов гаплогруппы R1a имеет базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 31 15 14 20 12 16 11 23.

Это — типичный южноазиатский базовый гаплотип субклада R1a-Z93, который наблюдается, например, у таджиков, узбеков, пуштунов, туркмен Северного Ирака и так далее. Отличие только в том, что общий предок дунган



**Рис. 222.** Дерево из 31 гаплотипа в 17-маркерном формате дунган Узбекистана. Отмечены основные гаплогруппы — R1a (левая часть дерева гаплотипов) и O2 (правая верхняя четверть дерева), а также две пары гаплотипов групп J2 и Q. Ветвь O2 состоит из гаплотипов субкладов O2 и O2a2

этого субклада жил относительно недавно,  $2800 \pm 660$  лет назад, тогда как остальные перечисленные группы имеют общего предка более 4 тыс. лет назад. Похоже, что эта группа дунган прошла «бутылочное горлышко» выживания при миграциях из Китая (или в самом Китае).

Для сравнения можно рассмотреть ветвь гаплогруппы O2 (рис. 222), где 10 гаплотипов имеют общего предка с датировкой  $10\,500 \pm 1500$  лет назад, и базовый гаплотип имеет вид:

12 23 15 10 12 17 12 13 13 29 17 15 19 12 15 10 20.

Это — типичные датировки для юго-восточных азиатских гаплотипов группы O. Как видим, дунгане «перенесли» эту датировку в ходе миграции и «бутылочное горлышко» не проходили. Это показывает, что племена R1a и O2 были разными и мигрировали отдельно.

**127. ЮАГИРЫ**

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают примерно 1,6 тыс. юаги́ров, из них в Якутии живут 79 %, в Чукотской автономной области — 13 %, в Магаданской области — 4 %.

Данных по ДНК юаги́ров мало (табл. 114).

**Таблица 114.** Состав гаплогрупп юаги́ров по данным двух статей

Гаплогруппа	Юаги́ры	
	13 чел., %, статья*	11 чел., %, статья**
N1a	31	27,3
N1a1	н/п	27,3
Q1	31	18,2
C2-M217	31***	54,5
C2a1a2-M48	н/п	н/п
C2a1a2a-M86	н/п	н/п
F	8****	н/п

\* A. T. Duggan A. T. et al. Investigating the prehistory of Tungusic peoples of Siberia and the Amur-Ussuri region with complete mtDNA genome sequences and Y-chromosomal markers // PLOS ONE. 2013. V. 8. 12. P. e83570.

\*\* Tambets K. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // Genome Biology. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\*\* В этом коротком списке номенклатура переведена в современную, хотя гаплогруппу F, которая определено недотипирована, сейчас практически не определяют.

\*\*\*\* Один человек.

Мы видим, что данные двух статей в значительной степени не воспроизводятся. По одним данным, основной гаплогруппой у юкагиров является C2-M217, причем с большим отрывом, по другим данным — гаплогруппа N1a1. Как обычно, это или неаккуратная методология авторов (в одной статье или в обеих), или следствие малых выборок в обеих статьях.

## 128. ТАТЫ (КАВКАЗСКИЕ ПЕРСЫ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 1585 татов, из них в Дагестане живут 29 %, в Москве и Московской области — 30 %, в Ставропольском крае — 14 %.

Из общих соображений можно было бы заключить, что состав гаплогрупп у татов должен быть схож с тем, что у иранских персов, но при этом в расчет не принималось бы то, что за многие века существования татского этноса на Кавказе относительный состав их гаплогрупп мог претерпеть изменения. В литературе удалось обнаружить 13 гаплотипов татов, относящихся к гаплогруппе J1, и они рассмотрены ниже в разделе «Горские евреи».

## 129. АМЕРИКАНЦЫ (АФРОАМЕРИКАНЦЫ)

Наименование этой «национальной принадлежности» в том виде, в каком оно фигурирует во Всероссийской переписи населения и вынесено в название данной главы, не имеет определенности в понятиях ДНК-генеалогии. Фактически, 1572 человека, имеющие российские паспорта, записали в опросных листах Переписи, что они «американцы» или «афроамериканцы». И те и другие имеют практически все гаплогруппы из классификации, и перечислять их здесь смысла не имеет.

## 130. УДЭГЕЙЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают примерно 1,5 тыс. удэгейцев, из которых в Приморском крае живут 54 % и в Хабаровском крае — 42%.

Состав удэгейцев по гаплогруппам приведен в табл. 115.

**Таблица 115.** Состав гаплогрупп удэгейцев, по данным\*

Гаплогруппа	Работа* 31 чел., %
C2-M217	61
C2c-P53.1**	9,7
O	25,8
O2a-M324	9,7
O2a2b-P164	3,2
O1b-M268	12,9
N1a1	3,2

\* Харьков В. Н. Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы: дисс. докт. биол. наук: 03.02.07. Томск, 2012. 440 с.

Эти же данные в литературе идут со ссылкой на Karafet и др. (2002).

\*\* Выведена из номенклатуры в 2014 г.

## 131. ФРАНЦУЗЫ

В списках Всероссийской переписи населения число граждан РФ, записавших себя в опросных листах как «французы», насчитывает 1475 человек. Правда, по итогам переписи они идут под уточнением «корсиканцы», что по меньшей мере озадачивает. Что, другие французы в Россию не переезжали? Или это кто-то из французов записал себя корсиканцем, так и вошло в перепись населения?

Тем не менее, несмотря на некоторую неопределенность в записях, рассмотрим гаплогруппы, субклады и гаплотипы французов в целом, а также отдельно корсиканцев (табл. 116).

Как видно, по приведенным выборкам самая частая гаплогруппа во Франции — R1b, причем это на три четверти субклад/сний R1b-P312, прямые потомки археологической культуры колоковидных кубков. Интересно, что носителей «северного» субклада U106 во Франции почти на порядок меньше. Он с наибольшей частотой встречается в Германии. Не менее интересно то, что носителей археологической ямной культуры во Франции мало, всего 8 % от всех носителей гаплогруппы R1b, что никак не согласуется с «курганной теорией» М. Гимбутас, что якобы насельники ямной культуры ворвались с востока в Европу, уничтожили коренное население и при-



**Таблица 116.** Состав гаплогрупп французов в целом и отдельно корсиканцев, по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml))

Гаплогруппа	Французы, более 1000 чел., %	Корсиканцы, 100–250 чел., %	Число снийов французов по списку YFull
R1b	58,5	49	112
P312	н/п	н/п	86
U106	н/п	н/п	10
Z2103	н/п	н/п	9
Другие	н/п	н/п	7
I1	8,5	0	27
E1b	7,5	8	11
I2	6,5	19,5	39
I2a	6,5	18,5	39
M436	н/п	н/п	16
M223	н/п	н/п	23
Y3120	н/п	н/п	0
J2	6	14	17
G2a	5,5	7,5	12
R1a	3	0	7
Z280	н/п	н/п	2
M458	н/п	н/п	0
Z93	н/п	н/п	2
Z284	н/п	н/п	2
J1	1,5	0	1
T	1	0,5	0
Q	0,5	0	1
N	0	0	0
H	0	0	1

несли индоевропейские языки. Если бы было так, то основным субкладом в Европе должен был быть Z2103 и его нисходящие субклады.

Таблица 116 также показывает, что состав гаплогрупп на Корсике заметно отличается от состава гаплогрупп во Франции в целом. На острове заметно меньше доля R1b, вдвое выше доля I2 и в шесть раз выше доля I2a, и там практически полностью отсутствуют гаплогруппы I1 и R1a, во всяком случае по рассматриваемым выборкам. Как обычно, число снийов в списке YFull в целом согласуется с другими, совершенно независимыми данными. В этом списке у французов максимальное количество гаплогруппы R1b, причем

именно снпа P312, за ней следует гаплогруппа I2a, далее I1 и далее последующие субклады, которые не очень выражены у французов, как J2, E1b, G2a, R1a и так далее к минорным по численности гаплогруппам J1, T, Q, H.

В сети есть и другие базы данных французских гаплотипов, к ним относится база данных французских фамилий, в которой более 4 тыс. гаплотипов, но она организована по родовым фамилиям, а не по гаплогруппам: <https://www.familytreedna.com/public/frenchheritage?iframe=yresults>.

Еще одна база данных по французским гаплотипам — из Нормандии. В ней записаны более 400 гаплотипов, но, как часто бывает, большин-

ство гаплотипов записаны из других стран и континентов, и фамилии в таких записях явно не французские. После снятия таких «чужих» строк осталось всего 137 гаплотипов из Нормандии, состав их гаплогрупп приведен в табл. 117.

**Таблица 117.** Состав гаплогрупп французов из Нормандии, по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и проекта «Нормандия» FTDNA

Гаплогруппа	Eupedia, 100–250 чел., %	Проект, 137 чел., %
R1b	76	81
I1	7	12
E1b	5	3
I2	6	2
J2	2	0
G	0	1
R1a	1	0
J1	1	1
Q	1	0

### Гаплогруппа R1b

Данные по Нормандии еще больше усиливают вывод о численном преобладании гаплогруппы R1b во Франции и об увеличении ее доли к северо-западу страны. Интересно, что среди 111 гаплотипов этой гаплогруппы в выборке из Нормандии имеется всего 1 гаплотип субклада R1b-Z2103, древнего происхождения из ямной культуры. Опять, это показывает, что фантазии о том, что насельники ямной культуры в древности заповили Европу и принесли туда индоевропейский язык, лишены на самом деле какого-либо основания. Большинство гаплотипов группы R1b происходят из субклада P312, всего несколько — из субклада U106, как и было отмечено нами выше в данной главе.

Как было сказано ранее, по данным списка YFull, из 112 образцов гаплогруппы R1b во Франции есть 9 образцов субклада Z2103, то есть примерно 8 % от всех. Соответствующие цепочки сний следующие:

Z2103 > Y13369 > L584 > Y18781 > PH2731 > **Y82989** (3 человека),

Z2103 > Z2106 > CTS8966 > BY3295 > PH4902 > FGC48354 > BY39488 > **BY12515** (2 человека),

Z2103 > Z2106 > Z2108 > KMS64 > **Y128034**,  
 Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 >  
 Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y19469 > **Y23493**,  
 Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 >  
 Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y19469 >  
 BY20217 > Y132099 > **Y132110**,  
 Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 >  
 Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y15982 > Y16145 >  
 Y16143 > Y17988 > **Y19137**.

Большинство конечных сний (выделены) образовались в период 2 тыс. — 3,2 тыс. — 3,9 тыс. лет назад, за исключением двух — сний Y128034 образовался 43 сний-мутации, или примерно 6200 лет, назад, и сний Y132110 образовался всего 6 сний-мутаций, или примерно 860 лет, назад. Скорее всего, первый сний недотипирован, потому что за прошедшие 6,2 тыс. лет крайне маловероятно, что у него не образовались нижестоящие производные снии.

В целом картина с гаплогруппой R1b во Франции ясна. Подавляющее большинство сний там выходят из археологической культуры колоковидных кубков. Это те, которые фактически устроили геноцид коренного населения Европы, после своего выхода с Пиренеев для заселения континентальной Европы. Носителей северного субклада (в основном германского по современному расселению) U106 во Франции мало, и меньше всего носителей сния ямной культуры, Z2103. В базе данных «Нормандия» носителей Z2103 всего 1 человек. Среди более 4 тыс. человек в базе данных французских фамилий, где у каждого указан гаплотип и гаплогруппа, субклада Z2103 вообще нет. На этом вопрос о «вторжении ямников в Европу» можно считать полностью закрытым. Вторгались главным образом носители гаплогруппы R1b-P312 с Пиренейского полуострова, которые «ямниками» не были, субклад P312 не выходит из Z2103. Он относится к «параллельной» линии.

### Гаплогруппа R1a

Исторически сложилось так, что носителей R1a, судя до данным выборкам, почти нет во Франции в целом, и практически нет в Нормандии и на Корсике. Самое высокое содержание носителей R1a есть в Провансе — 5 % от всего мужского населения. В базе данных французских фамилий,

в которой более 4 тыс. гаплотипов, ссылка на которую дана выше, оказалось всего 29 гаплотипов гаплогруппы R1a в 12-маркерном формате, и соответствующее дерево гаплотипов показано на рис. 223.

### Архаичные линии гаплогруппы R1a во Франции

Обращает на себя внимание плоская ветвь внизу дерева. Она отличается от всех остальных ветвей тем, что у всех 5 гаплотипов маркер DYS392 равен 13. Это характерный признак архаичных ветвей гаплогруппы R1a, которые мы рассмотрим ниже. Большинство их прошли «бутылочное горлышко» выживания, то есть утратили прямую ДНК-генеалогическую связь со своими древними предками, и их общие предки датируются временами I тыс. до н. э. или уже нашей эры. Мы это рассмотрим также ниже.

Из 5 гаплотипов нижней ветви дерева в 12-маркерном формате четыре идентичны друг другу, то есть являются относительно близкими родственниками:

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

поэтому расчет времени жизни их общего предка можно проводить только по двум гаплотипам, различающимся на одну мутацию. Погрешность в таких случаях оценивается в  $\pm 100\%$ , а именно в данном случае  $640 \pm 640$  лет назад. Это, конечно, малоинформативно. Но удлинение гаплотипов до 37-маркерных, хотя при этом один гаплотип теряется (он определен только в 12-маркерном варианте) приводит к следующему базовому гаплотипу:

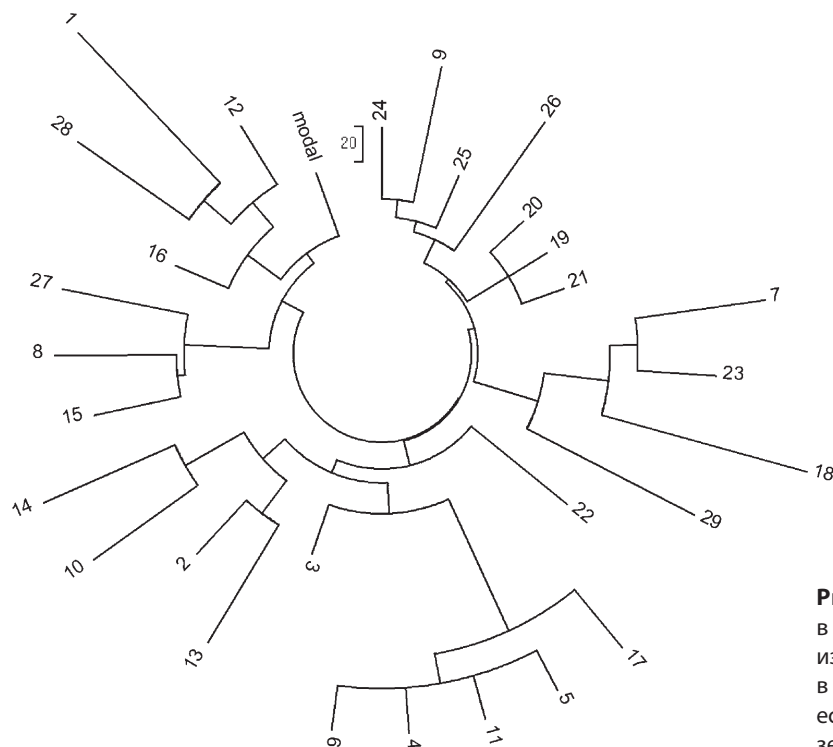
13 25 15 11 13 14 12 12 10 14 13 31 16 9 10 10  
11 25 14 19 30 12 15 15 15 10 11 19 23 16 16 17  
19 36 37 11 11,

с датировкой общего предка  $1175 \pm 320$  лет назад.

Это базовый гаплотип следующей линии:  
R1a-M420 > M459 > M198 > YP1051 > Y8856 > YP4622.

В базе данных IRAKAZ есть 16 гаплотипов этой линии из Англии, Ирландии, Франции, Австрии, Польши, Македонии, Германии, США с базовым гаплотипом:

13 25 15 11 13 14 12 12 10 14 13 31 16 9 10 10  
11 25 14 19 **31** 12 15 15 15 10 11 19 23 16 16 17  
**18** 36 **38** 11 11,



**Рис. 223.** Дерево из 29 гаплотипов в 12-маркерном формате французов из базы данных французских фамилий, в которой более 4 тыс. гаплотипов (то есть гаплотипы R1a представляют в базе данных 0,7 %)

который отличается всего на 3 мутации (выделены) от французского базового гаплотипа, приведенного выше, и имеет общего предка, который жил  $2530 \pm 340$  лет назад. Это архаичная европейская линия, которая уходит в сторону от снипа M417, который образовался 68 снип-мутаций, или примерно 9,8 тыс. лет, назад. От последнего произошли почти все современные европейские линии гаплогруппы R1a. Таким образом, во Франции сохранилась линия архаичных гаплотипов, которые остались в основном в Европе, и часть потомков переехала в США, где сейчас в южных штатах есть кластер этих гаплотипов. Линия, параллельная европейской линии M459, а именно линия снипа YP4141, ушла в основном на Кавказ и Ближний Восток:

R1a-M420 > YP4141 > YP5018 > Y22242 > YP5664 > Y66139 > Y62718,

и сейчас ее потомки живут в Армении, Грузии, Турции, Ираке, Катаре, Йемене.

Еще одно ответвление этой линии:

R1a-M420 > YP4141 > YP4132 > YP4131 > YP6500 > Y168233 > Y44910 > FT25271 > Y51022,

(с дополнительными боковыми ответвлениями) продвинулось в Кувейт и Индию, и большинство носителей этих снипов, начиная с YP4131, живут сейчас в США.

Суммарно, в базе данных IRAKAZ имеются 65 гаплотипов линий M459 и YP4141, все они имеют DYS392 = 13, в то время как более 99 % европейских гаплотипов гаплогруппы R1a (нисходящих от снипа M417) имеют DYS392 = 11. В дополнение к перечисленным странам, в которых обнаружены носители линий M459 и YP4141, надо еще назвать Шотландию, Италию, Россию, Белорусию, Чехию, Ливан, Египет, Тунис и представителей курдов.

### Другие линии гаплогруппы R1a во Франции

Если на рис. 223, показывающем дерево гаплотипов группы R1a из выборки более чем 4 тыс. гаплотипов, вычесть нижнюю ветвь (из 5 гаплотипов, потомков архаичной линии предполагаемого (с большой вероятностью) снипа YP4622), то оставшиеся гаплотипы покажут базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 13 15 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 38 13 11.

Он является «фантомным», суперпозицией нескольких базовых гаплотипов, поскольку дерево на рис. 223 неоднородно, хотя он больше напоминает базовые гаплотипы балто-карпатской и восточнокарпатской ветвей, подробно рассмотренных выше в этой книге. Общий предок этой серии гаплотипов жил  $4730 \pm 570$  лет назад, что есть типичная датировка для европейских гаплотипов группы R1a. Причина этого понятна — все основные ветви европейских ветвей R1a — Z280, Z284, L664, M458, Z93 — образовались примерно в одно и то же время, около 5 тыс. лет назад, поэтому даже суперпозиция ветвей дает хотя и «фантомного» общего предка, но с типичной датировкой, как указано выше.

Более детальное рассмотрение гаплотипов на рис. 223 показывает, что в составе их имеются по 4 гаплотипа субклада/снипа L664 (северо-западной европейской ветви), снипа Z284 (скандинавской ветви), снипа Z280 (ветви Русской равнины), снипа M458 (европейской ветви) и Z93 (южноарийской ветви), это уже 20 гаплотипов из 29 на дереве. Есть еще 2 гаплотипа снипа Z282 (возможно, недотипированного), и остальные семь неидентифицированных. Таким образом, гаплотипы группы R1a во Франции характеризуются максимально высоким разнообразием по основным ветвям, при том, что их там очень мало.

В такой ситуации рассмотрим данные списка YFull, в котором есть сведения по 7 снипам французов, соответствующие цепочки снипов следующие:

Z645 > Z283 > Z282 > Y2395 > **YP694**,

Z645 > Z93 > **YP1451**,

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1558 > S23201 > S21872 > YP5505 > S10438 > FGC56440 > **A14133**,

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > **YP968**,

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y3301 > **L1280**,

Z645 > Z283 > Z282 > Y2395 > Z284 > Z287 > **YP405**,

Z645 > Z283 > Z282 > Y2395 > Z284 > Z287 > CTS8277 > S6244 > **S6242**.

Верхняя линия проходит мимо всех основных пяти ветвей гаплогруппы R1a в Европе, перечисленных выше. Две последующие линии проходят через южноарийский сноп Z93, еще две линии — через сноп Русской равнины Z280, и, наконец, еще две линии — через скандинавский сноп Z284. Таким образом, выборка в YFull показывает такое же разнообразие основных субкладов гаплогруппы R1a (за исключением более редкого субклада L644), что и в базе данных французских фамилий из более чем 4 тыс. образцов.

### Гаплогруппа I1

Эта гаплогруппа во Франции встречается в относительных количествах по регионам от 0 до 13 %. В списке YFull она находится на третьем месте (27 образцов), после гаплогрупп R1b (112 образцов) и I2a (38 образцов). Ее 27 конечных снов образовались — самые древние — 4,4 тыс., 4,2 тыс. и 3,9 тыс. лет назад (4 образца из 27), и более древних, чем 4,6 тыс. лет назад, снов гаплогруппы I1 во Франции и других странах и регионах не обнаружено. Причина в том, что в середине III тыс. до н. э. носители гаплогруппы I1 были почти полностью уничтожены и прошли жесткое «бутылочное горлышко» выживания. Где именно это «бутылочное горлышко» было пройдено, остается неизвестным, но наибольшее количество носителей гаплогруппы I1 проживает сейчас в Швеции (в среднем 37 %, и 50 % — на острове Готланд на Балтике).

### Гаплогруппа I2

Эта гаплогруппа особенно представлена на Корсике (19,5 %) по сравнению со средним показателем во Франции (6,5 %). Снопы этой гаплогруппы рассыпаны по всей иерархии снов гаплогруппы I2a, за исключением одной группы — южнославянских снов Y3120 и нижестоящих. Во всех доступных выборках таких нет ни одного.

### Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа во Франции прибыла, видимо, из Средиземноморья, что и есть часть французских берегов. Судя по разбросу снов французских из списка YFull по всей иерархии снов гаплогруппы J2 и отсутствия какой-то системы, носители этих снов прибывали на территорию будущей Франции независимо друг от друга. В списке есть снопы субклада J2a и субклада J2b, несколько примеров ниже:

группы J2 и отсутствия какой-то системы, носители этих снов прибывали на территорию будущей Франции независимо друг от друга. В списке есть снопы субклада J2a и субклада J2b, несколько примеров ниже:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > **Z8096**,

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > F3133 > Z7706 > Y13534 > FGC9942 > Y14696 > **F3369**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z600 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1297 > **Y27522**.

### Гаплогруппа G2a

Эту гаплогруппу связывают с древнейшими европейскими гаплогруппами, которые были почти полностью уничтожены в III тыс. до н. э., в ходе заселения Европы эрбинами, и прошли жесткое «бутылочное горлышко» выживания примерно 3,6 тыс. лет назад, как рассказано выше в данной книге. Выжившие носители гаплогруппы G2a прошли через Малую Азию в будущую Турцию и на Кавказ, и сейчас на Кавказе наблюдается максимальное относительное количество этой гаплогруппы. Во Франции носители гаплогруппы G2a являются, видимо, или прямыми потомками тех, кто пережил геноцид и остался в Европе, или потомками турок и кавказцев (с наибольшей вероятностью).

В списке YFull имеются 12 представителей французов гаплогруппы G2a, рассмотрим несколько примеров соответствующих цепочек снов:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 > Y7538 > Z1816 > Z1823 > Z726 > **CTS4803** > S2808 > Y3098 > **Y3101**.

Линия со сном CTS4803 найдена также в Армении и Германии, со сном Y3101 — в Германии.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > U1 > L13 > Z2022 > Z6759 > Z6764 > **Z38875**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 >



L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > PF4202 > **FGC37656**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > CTS342 > Z724 > Z1903 > CTS7045 > Z3408 > Z3428 > Y65 > Z6025 > FGC23437 > **Z22644**.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > M3317 > FGC5089 > FGC5081 > L14 > FGC5185 > **Y38327**.

Эта линия со снипом Y38327 обнаружена также в Турции.

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > PF3147 > Z36520 > Z36525 > BY37102 > Y90753 > **Z36522** (2 человека).

Как видим, четыре из приведенных цепочек снипов проходят через снип P303, распространенный на Кавказе. Он образовался 88 снип-мутаций, или примерно 12,7 тыс. лет, назад, еще, видимо, до прибытия мигрантов в Европу, покрытую в те времена ледовым панцирем. Эта линия разошлась от снипа PF3345, который образовался 74 снип-мутации, то есть примерно 10,7 тыс. лет, назад, уже после отступления ледника из Европы, на целый ряд генеалогических линий, уже, видимо, характерных для послеледниковой Европы.

### Гаплогруппа E1b

В целом во Франции примерно 8 % носителей гаплогруппы E1b. Обычно современные европейские линии этой гаплогруппы содержат снип V13, древние носители которого пережили геноцид в III тыс. до н. э. в Европе. Посмотрим на «французские» цепочки снипов, которые можно извлечь из списка YFull:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > M132 > M44 > **Y63256**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > L19 > M81 > PF2548 > Y8827 > PF2546 > **BY10290** (2 человека),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > L19 > M81 > PF2548 > Y8827 > PF2546 > Z5009 > Z5013 > **A1152** > **MZ147**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 >

M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y179036 > Y2947 > **L793**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > M34 > Z841 > Z849 > CTS1727 > L791 > Y4971 > Y4972 > K257 > Y4970 > Y143722 > **A9889** (3 человека),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5017 > Z5016 > Y3762 > CTS6377 > CTS9320 > Z16988 > BY34282 > FT12534 > **Y172786**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1919 > L618 > V13 > Z1057 > CTS1273 > BY3880 > Z5018 > **Y154545**.

Мы видим, что только две последние цепочки проходят через снип V13.

### Гаплогруппы J1, T, Q, N и H

Все эти гаплогруппы во Франции в количественном отношении минорные, судя по рассматриваемым выборкам встречаются там в относительных количествах 1–1,5 % или меньше, и рассматриваться здесь не будут.

## 132. КАРАКАЛПАКИ

По данным Всероссийской переписи населения, на территории РФ проживало 1466 каракалпаков. Это — малая доля от общего количества народа численностью между 390 тыс. и 500 тыс. человек, живущего главным образом в составе Узбекистана. В России они живут в основном в южных районах страны, в Москве и Московской области их насчитывают 18 % от общего количества каракалпаков в Российской Федерации.

Поскольку в состав каракалпаков входят много этнических групп, гаплогруппы каракалпаков, в свою очередь, расходятся по многим линиям, как показывают данные табл. 118.

Таблица 118 показывает, что состав гаплогрупп у каракалпаков существенно различается по районам, в данном случае Узбекистана. В одном районе доля гаплогруппы Q равна 6 % (по данной выборке), в других районах эта доля составляет 36 %. В целом же для каракалпаков характерно высокое разнообразие по гаплогруппам, среди

**Таблица 118.** Состав гаплогрупп каракалпаков Узбекистана, по данным статьи\* (каракалпаки района Нукус, 100 чел., и по выборке из нескольких разных районов Узбекистана, включая район Нукус, 172 чел.) и данных Википедии\*\*

Гаплогруппа	По данным статьи*, 100 чел., %	По данным статьи*, 172 чел., %	По данным Википедии**, 50 чел., %
C	28	17	26
C2-M217	19	12	н/п
C2a1a2-M48	9	5	н/п
R1a	18	12	4
M198***	10	7	н/п
M458***	8	5	н/п
O-M175	9	5	14
O2-M122	1	0,5	н/п
O2a2-P201	1	0,5	н/п
O2a2b1-M134	7	4	н/п
R1b-M269	8	7	8
N	7	5	8
N1	2	1,7	н/п
N1a1-M46	4	2,9	н/п
N1a2a-M128	1	0,4	н/п
Q-M242	6	36	6
I-M170	5	3	н/п
J2-M172	5	3,6	12
J2-M172*	3	2,4	н/п
J2a-M67	2	1,2	н/п
R2	5	3	4
J1-M267	3	2,4	н/п
G2a-M15	3	3,6	1
E1b	2	1,3	н/п
I2a	н/п	н/п	1
L-M20	1	0,6	н/п
H1a	н/п	3,5	н/п

\* Zhabagin M. et al. The Connection of the genetic, cultural and geographic landscapes of Transoxiana // Scientific Reports. 2017. V. 7. №1. P. 3085.

\*\* <https://ru.wikipedia.org/wiki/Каракалпаки>

\*\*\* Так показано в цитируемой статье, хотя M458 — нижестоящий субклад родительского субклада M198.

которых выделяются гаплогруппы Q (кроме района Нукус), C и R1a. Это видно также на рис. 224, на котором показано сводное дерево гаплотипов каракалпаков суммарно по разным районам, где левая сторона дерева занята только двумя гаплогруппами — Q и R1a, а на правой стороне небольшие ветви десятка разных гаплогрупп. При этом видно, что основная ветвь гаплогруппы Q является «неглубокой», что означает относительно небольшую древность общего предка этой ветви, как будет показано ниже.

### Гаплогруппа Q

Эта гаплогруппа образует две принципиально различающиеся ветви на дереве гаплотипов (рис. 224) — обширную ветвь слева, из 55 гаплотипов, и малую ветвь справа, из 6 гаплотипов, все из района Нукус Узбекистана. Среди 55 гаплотипов слева нет ни одного из района Нукус. Даже на глаз видно, что 6 гаплотипов из района Нукус имеют древнего общего предка, а общий предок обширной ветви слева жил относительно недавно.

Действительно, ветвь из 6 гаплотипов справа имеет общего предка, который жил  $4650 \pm 920$  лет назад и имел базовый гаплотип:

13 24 13 10 15 17 12 13 14 16 16 14 19 11 16 11 23.

Здесь запись аллелей произведена, следуя системе авторов цитируемой статьи. В общепринятой системе десятое по счету число (здесь 16) было бы 29.

Общий предок ветви из 55 гаплотипов слева жил  $1205 \pm 170$  лет назад, базовый гаплотип:

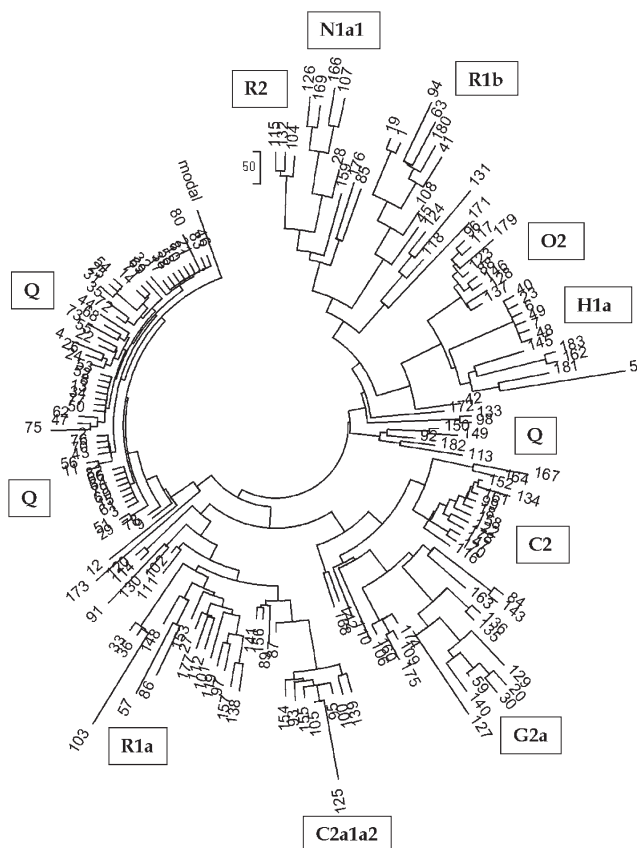
13 23 13 10 13 16 13 13 16 15 20 14 22 11 17 11 23.

Мы видим, что гаплотипы в районе Нукус действительно относительно древние, а остальные регионы в выборке приняли носителей гаплогруппы Q только в конце I тыс. н. э. Между этими двумя гаплотипами имеется 16 мутаций (выделены), что для 17-маркерных гаплотипов указывает на огромное временное расстояние между их общими предками, равное  $16/0,0365 = 438 \rightarrow 781$  условному поколению, или 19,5 тыс. лет, причем

эта величина, скорее всего, является заниженной из-за слишком большого числа мутаций на гаплотип. Но даже в таком случае общий предок обеих ветвей гаплотипов каракалпаков жил  $(4650 + 1205 + 19\,500)/2 = 12\,700$  лет назад как минимум. Оттуда, из того региона, где жил древний общий предок гаплогруппы Q, и пришли носители этой гаплогруппы, став каракалпаками Узбекистана.

### Гаплогруппа C

Эта гаплогруппа считается типичной азиатской, распространенной в Монголии и Южной Сибири. У каракалпаков она по численности находится на первом месте в районе Нукус (по представленной выборке) и на втором месте по сводной выборке каракалпаков из разных районов. На дереве гаплотипов (рис. 224) гаплотипы этой гаплогруппы расходятся на две ветви, субкладов C2-M217 и нижестоящего C2a1a2-M48. Их базовые гаплотипы соответственно можно записать (в 17-маркерном формате):



**Рис. 224.** Дерево из 172 гаплотипов в 17-маркерном формате каракалпаков, построенное по данным статьи (Zhabagin M. et al. The Connection of the genetic, cultural and geographic landscapes of Transoxiana // Scientific Reports. 2017. V. 7. №1. P. 3085)

13 25 16 10 12 14 10 13 11 16 17 14 22 11 15 10  
21 (C2-M217),  
13 25 16 10 12 **12 11 14** 11 16 17 14 **20 10 15 10**  
**23** (C2a1a2-M48).

Общие предки их жили соответственно  $5200 \pm 740$  и  $1075 \pm 330$  лет назад. Правда, один гаплотип в серии M48 (под номером 125 на дереве на рис. 224) резко отклоняется от ветви и явно не относится к этой ветви, и если его снять, то базовый гаплотип остается тем же, но общий предок ветви датируется  $600 \pm 250$  лет назад.

Между этими двумя гаплотипами есть 9 мутаций, что эквивалентно  $9/0,0365 = 247 \rightarrow 333$  условным поколениям, или примерно 8325 годам, и общий предок этих двух базовых гаплотипов жил  $(8325 + 5200 + 1075)/2 = 7300$  лет назад, если учесть все гаплотипы обеих ветвей.

Не будет особенно удивительным, если отметить, что базовый гаплотип субклада M48 похож на базовый гаплотип казахов, поскольку у казахов нередко встречается снип M48, например, в таких цепочках снипов:

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > **M48** > Y12792 > Y12825 > Y15844 > Y15552 > BY18743 (= Y33019),

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > **M48** > Y12792 > Y12825 > Y15844 > Y15552 > Y22661.

Эти цепочки снипов были рассмотрены выше в главе «Казахи». Как правило, цепочки казахских снипов начинаются с фрагмента C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 и далее расходятся по трем «параллельным» направлениям — к снипам F3918, M504, **M48**. Надо отметить, что все три последних снипа как у казахов, так и у каракалпаков недотипированы и образовались соответственно 96, 95 и 107 снип-мутаций, или 13,8 тыс., 13,7 тыс. и 15,4 тыс. лет, назад.

### Гаплогруппа R1a

На удивление, у каракалпаков наблюдается относительно небольшое, но заметное количество субклада R1a-M458 (см. табл. 118), который обычно встречается в виде центральноевропейского субклада R1a-M458-CTS11962-L1029 и западнославянского субклада L260. Даже по названиям понятно, что их должно быть трудно встретить

в Средней Азии. Однако среди каракалпаков из 9 гаплотипов группы R1a-M458 оказались 1 гаплотип западнославянского субклада и 8 гаплотипов центральноевропейского субклада, последние имели базовый гаплотип:

13 25 16 10 11 14 11 13 11 29 16 14 20 12 17  
11 23,

с датировкой общего предка  $2670 \pm 570$  лет назад. Этот базовый гаплотип полностью совпадает на 17 маркерах (выделены) с «референсным» 111-маркерным предковым гаплотипом субклада R1a-L1029 с датировкой общего предка  $2300 \pm 240$  лет назад, как совпадает и датировка в пределах погрешности расчетов:

**13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29** — 16 9 9 11  
11 23 **14 20** 32 12 13 15 15 15 16 — 11 **11** 19 23  
**17** 16 18 19 34 37 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 — 33 15 9 15 12 26 27 19 12  
12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10  
19 15 19 12 23 14 12 15 24 12 **23** 19 10 15 17 9  
11 11 (L1029).

Как к каракалпакам попали центральноевропейские гаплотипы да еще с «аутентичной» датировкой их общего предка — это очередная загадка для историков.

Серия гаплотипов гаплогруппы R1a (xM458), то есть кроме M458, дает базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 29 16 14 20 12 16 11 23,  
с датировкой общего предка  $3320 \pm 570$  лет назад. Это — типичный предковый гаплотип балто-карпатской ветви R1a-Z280-CTS1211-Y35-CTS3402. Как эта ветвь попала к каракалпакам да еще с древним общим предком — загадка для историков такого же порядка, как и предшествующая.

### Гаплогруппа R1b

Эта серия является неоднородной по субкладам. Согласно цитируемой статье, серия гаплотипов группы R1b разделена на субклады M269 (7 гаплотипов) и R1b (xM269), то есть все остальные субклады за исключением M269 (6 гаплотипов). В этих 6 гаплотипах ясно видны признаки субклада/снипа M73 (3 гаплотипа), «параллельного» M269, с характерными маркерами DYS390 = 19 и 22, и еще 3 гаплотипа неидентифицированных субкладов. Неудивительно, что последние 6 гаплотипов показали очень древнюю датировку (фантомного) общего предка  $10\,500 \pm 1700$  лет

назад, поскольку она явилась наложением датировок разных субкладов с (фантомным) базовым гаплотипом:

13 25 15 10 13 15 14 14 13 16 16 15 19 12 15 11 24.

Гаплотипы субклада M269 почти все имеют DYS393 = 12, что является характерным признаком субклада M269-L23-Z2103 и нижестоящих ветвей, как было найдено в ямной культуре с археологической датировкой 5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад. Базовый гаплотип этой серии из 6 гаплотипов следующий:

12 24 14 11 11 14 12 13 13 16 16 15 19 12 15 12 23,

с датировкой общего предка  $3230 \pm 680$  лет назад. В этой датировке нет ничего странного, поскольку носители гаплотипов группы M269-L23-Z2103 продвигались из Южной Сибири на запад по территории нынешнего Северного Казахстана и вполне могли оказаться в Средней Азии, в частности, у предков каракалпаков.

### Гаплогруппа О

Все 9 гаплотипов гаплогруппы О у каракалпаков были найдены в районе Нукус, в то время как почти все гаплотипы гаплогруппы Q были найдены в других районах и не найдены в районе Нукус. Это показывает, как различаются каракалпаки в зависимости от региона проживания и что миграции каракалпаков были раздельными, по раздельным родам. В данном случае это был в основном род/субклад O2a2b1-M134.

Оказалось, что гаплотипы каракалпаков в районе Нукус происходят от весьма недавнего общего предка с датировкой  $700 \pm 280$  лет назад с базовым гаплотипом:

12 23 14 10 13 18 11 13 14 16 17 15 20 12 15 11 20.

Это означает, что миграция каракалпаков гаплогруппы O2a2b1-M134 была весьма «замкнутой» и локальной, прибыв на одну территорию. Представители еще двух субкладов, M122 и P201, были представлены всего одним гаплотипом каждый.

### Гаплогруппа N1a1

Эта гаплогруппа тоже неравномерно распределена среди каракалпаков. Четыре из пяти гаплотипов N1a1-M178 (= M46) найдены в районе Нукус,

и только один гаплотип найден во всех остальных районах. Все пять гаплотипов имеют общего предка, который жил  $2600 \pm 680$  лет назад и имел базовый гаплотип:

14 23 14 11 11 13 10 14 15 16 17 14 19 12 14 11 22.

Это — типичный базовый гаплотип для разных субкладов гаплогруппы N1a1, включая M178, определенный авторами цитируемой статьи.

### Гаплогруппы I, J1, J2, R2, G2a, E1b, I2a, L, H

Эти гаплогруппы у каракалпаков находятся в единичных количествах и здесь анализироваться не будут.

## 133. ИТАЛЬЯНЦЫ

В списках Всероссийской переписи населения число граждан РФ, записавших себя в опросных листах как «итальянцы», насчитывает 1370 человек. Правда, по итогам переписи они идут под уточнением «сицилийцы», что вызывает вопросы, почему эта группа итальянцев выделена. Действительно, в России из итальянцев живут только сицилийцы? Или только сицилийцы выделяют себя среди итальянцев в материалах переписи?

Ну раз так, рассмотрим гаплогруппы, субклады и гаплотипы итальянцев в целом, а также отдельно сицилийцев (табл. 119).

Как видно, по приведенным выборкам как в Италии в целом, так и на Сицилии, самая частая гаплогруппа — R1b, как и во Франции, причем это на 70–80 % субклад/сноп R1b-P312, прямые потомки археологической культуры колоколовидных кубков. Носителей «северного» субклада U106 в Италии, как и во Франции, в 15–20 раз меньше. Он с наибольшей частотой встречается в Германии. Доля носителей археологической ямной культуры в Италии составляет 8 % от общего числа снопов гаплогруппы R1b (во Франции была та же величина, 8 %, но по списку YFull, в Италии по списку YFull — 16 %), что никак не согласуется с «курганной теорией» М. Гимбутас, что якобы насельники ямной культуры ворвались с востока в Европу, уничтожили коренное население и принесли индоевропейские языки. Если бы было так, то основным субкладом в Европе должен был быть Z2103 и его нисходящие субклады.



**Таблица 119.** Состав гаплогрупп итальянцев в целом и отдельно сицилийцев, по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), проекта «Италия» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Italy?iframe=yresults>) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>)

Гаплогруппа	Итальянцы, более 1000 чел., %	Сицилийцы, 500–1000 чел., %	Итальянцы, Проект FTDNA, 875 чел., %	Число снийов итальянцев по списку YFull
R1b	39	26	33	152
P312	н/п	н/п	26	102
U106	н/п	н/п	1,4	6
Z2103	н/п	н/п	2,6	25
Другие	н/п	н/п	3	19
J2-M172	15,5	23	22	95
J2a-M410	н/п	н/п	18	71
J2b-M102/M12	н/п	н/п	4	24
E1b	13,5	20,5	13,5	79
G2a	9	8,5	9	66
I2	5,5	4	3	38
I2a-L460	н/п	н/п	н/п	18
I2a-Y3120	н/п	3	0,9	2
I2a-M223	н/п	1	0,5	11
I2a2-L596	н/п	н/п	н/п	5
Прочие I2	н/п	н/п	1,6**	2
R1a	4	4,5	3,3	24
Z280	н/п	н/п	3*	11
M458	н/п	н/п	1*	4
Z93	н/п	н/п	3*	8
Z284	н/п	н/п	0*	0
Z282	н/п	н/п	н/п	1
J1	3	3,5	4,3	30
I1	4,5	3,5	6,2	20
T	2,5	4	2,5	18
R1	н/п	н/п	1,4	н/п
Q	0	1	0,5	5
L	н/п	н/п	0,5	4
R	н/п	н/п	0,5	н/п
R2	н/п	н/п	0,1	3
H2	0	0	0,1	2
C-M130	н/п	н/п	0,1	3
O	н/п	н/п	н/п	0
N	0	0	н/п	0

\* Число гаплотипов в итальянском Проекте, у которых определен соответствующий субклад. Остальные гаплотипы не были типированы на «глубокие» сниты.

\*\* Как правило, не типированные на «глубокие» субклады.

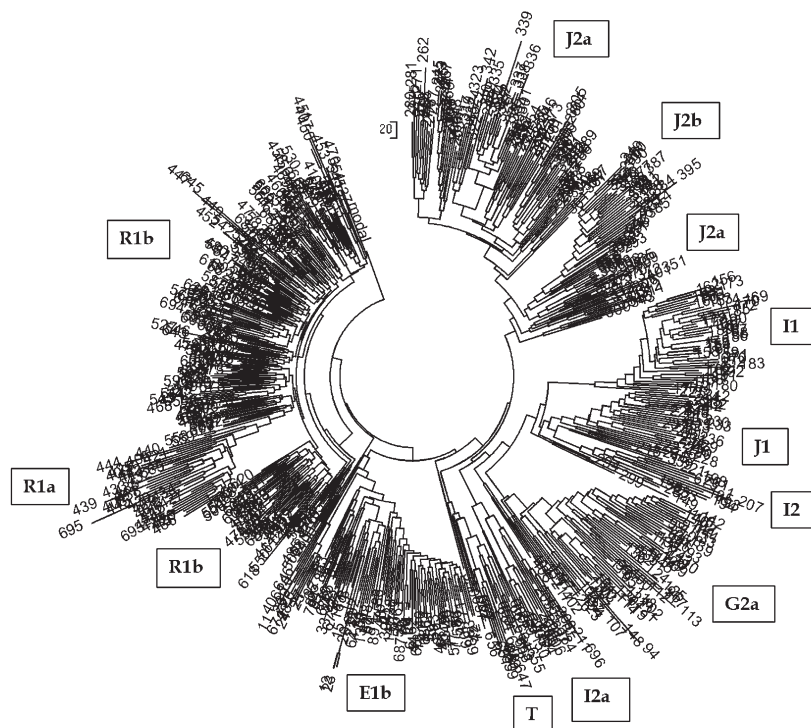
Таблица 119 также показывает, что состав гаплогрупп в Сицилии принципиально не отличается от состава гаплогрупп в Италии в целом. На острове несколько меньше доля R1b, но она остается преобладающей по сравнению с другими гаплогруппами. В Сицилии несколько выше доля E1b и J2, но остальные гаплогруппы примерно занимают сходную долю в Сицилии и Италии в целом. Как обычно, число сипов в списке YFull в целом согласуется с другими, совершенно независимыми данными. В этом списке у итальянцев максимальное количество гаплогруппы R1b, причем именно сипа R312, за ней следуют гаплогруппы E1b и J2, доля которых примерно одинакова, затем гаплогруппы G2a и I2, далее R1a, J1 и I1, далее гаплогруппа T, и затем совсем минорные по численности гаплогруппы Q, H, C, L, R2, F.

Дерево гаплотипов на рис. 225 было построено по 697 гаплотипам проекта «Италия» FTDNA. Всего в Проекте было 875 гаплотипов, из них немного «примесных», из других регионов, подавляющее большинство гаплотипов было из Италии, и после удаления 12-маркерных гаплотипов осталось 697 гаплотипов в 37-маркерном формате.

### Гаплогруппа R1b

Как и во Франции (см. табл. 116), в Италии гаплогруппа R1b занимает по численности первое место среди остальных гаплогрупп (см. табл. 119). В составе R1b подавляющее количество носителей относятся к субкладу R312 и являются прямыми потомками археологической культуры колоколовидных кубков. Это тоже образует полную аналогию с французскими гаплогруппами и субкладами.

Надо сказать, что в Италии нет такого преобладания R1b в составе гаплогрупп (менее 35–40 %) по сравнению с Францией (50–60 %). Как и во Франции, «субклад ямной культуры» занимает относительно небольшую долю в составе гаплогруппы R1b, в Италии это 2,6 % от всего мужского населения и около 8 % от общего числа носителей гаплогруппы R1b, что никак не соотносится с гипотезой М. Гимбутас, что «ямники» ворвались конными ордами в Европу и в значительной степени уничтожили коренное население. В таком случае именно Z2103 и нижестоящие ветви были бы основными линиями европейцев. Однако это не так, эта роль принадлежит потомкам культуры колоколовидных кубков, прибывших с Пиренейского полуострова.



**Рис. 225.** Дерево из 697 гаплотипов в 37-маркерном формате итальянцев из базы данных «Италия» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Italy?iframe=yresults>. Показаны основные ветви дерева

В списке YFull, который строится по другим принципам, нежели статистический отбор выборок (но все-таки часто представляет довольно репрезентативные выборки), носителям снипа Z2103 и нижестоящих снипов в Италии также принадлежит значительное меньшинство по сравнению с P312 (25 человек из 513 во всех гаплогруппах, то есть 4,9 %, в то время как на P312 приходится 20 % от всех).

На дереве гаплотипов мы видим две подветви гаплогруппы R1b (на левой стороне дерева), причем гаплотипы группы Z2103 разбросаны по всей большой подветви, от ее нижней до верхней части, не образуя отдельной подветви. В нижней, малой ветви R1b их нет. Все 22 гаплотипа субклада Z2103 и нисходящих снипов сходятся к базовому гаплотипу:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 **16** 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 17 11 11 19 23 **15 16** 18  
17 36 38 12 12,

с датировкой общего предка  $4062 \pm 476$  лет назад (без округления). Здесь выделены 3 мутации, отличающие данный гаплотип от «референсного» предкового гаплотипа Z2103, определенного из независимой выборки 204 гаплотипов в 111-маркерном формате с базовым гаплотипом:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12 10 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 11 11,

и с датировкой расчетного общего предка  $4583 \pm 462$  года назад (без округления). Это — времена ямной культуры в пределах погрешности расчетов. В Италии датировка общего предка на 500 лет позднее, но почти в пределах погрешности.

Гаплотипы группы R1b на дереве (рис. 225) расходятся на две ветви, в нижней 52 гаплотипа, в верхней 233 гаплотипа, включая ветви Z2103, P312, U106. Базовый гаплотип нижней подветви следующий:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 **16** 17 — 11 **10** 19 23 **16** 15  
18 17 36 38 12 12.

Он всего на 3 мутации (выделены) отличается на первых 37 маркерах от «референсного» предкового гаплотипа субклада R1b-P312, причем все

3 мутации дробные (полученные при усреднении по 52 аллелям, там на самом деле 16,46 вместо 16, 10,46 вместо 10 и 15,76 вместо 16):

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 15 15  
18 17 36 38 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10  
11 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13  
11 11 12 12 (P312).

Гаплотипы в количестве 137 из верхней ветви (при вычете гаплотипов Z2103, R1a, U106) показали следующий базовый гаплотип:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 **30** 15 15 **16** 17 — 11 11 19 23 **16** 15  
18 17 36 38 12 12,

в котором тоже есть три мутационных отклонения от «референсного» предкового гаплотипа R1b-P312, из которых два — те же самые, что и в малой (нижней) подветви. Как видим, столь малые различия привели к разделению ветвей (в основном R1b-P312) на дереве гаплотипов и даже позволили ветви R1a вклиниться между ними.

Датировки общих предков следующие: для «референсного» предкового гаплотипа R1b-P312 — это  $4350 \pm 700$  лет назад (Klyosov A. A. DNA Genealogy. USA: Scientific Research Publishing, 2018), для малой подветви —  $4100 \pm 440$  лет назад, для большой подветви —  $4530 \pm 465$  лет назад. Все эти датировки согласуются друг с другом в пределах погрешности расчетов.

Интересно отметить, что в Италии обнаружено относительно много, наверное, больше всех в Европе носителей архаичных субкладов гаплогруппы R1b и их нисходящих ветвей, которые не входят в R1b-P312, R1b-U106 или в R1b-Z2103. Несколько примеров из списка YFull:

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > **PF7563** > Z29758 > Y32042 > **V3286** (2 человека),

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > PF7563 > Z29758 > **PF7566**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > PF7563 > Z29758 > Y32042 > **BY55016**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > PF7562 > PF7563 > Z29758 > Y32042 > **FGC42003**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > Z2118 > Z2116 > Y5149 > **Y5141**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > Z2118 > **Z4416** (2 человека),

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > P297 > M269 > L23 > L51 > Z2118 > Z2116 > S1161 > FGC12521 > PF7592 > A626 > **PF7590** (2 человека),

R1b-M343 > L278 > L754 > V2219 > V88 > **M18** (2 человека),

R1b-M343 > L278 > L754 > V2219 > V88 > Y7777 > Y8451 > **V35**,

R1b-M343 > L278 > L754 > L389 > V1636 > Y1274 > **CTS6460**.

Поскольку через Апеннины во времена Римской империи прошли неисчислимые представители самых разных племен Евразии и Африки, определить происхождение носителей этих снийпов у современных итальянцев возможно только при исследовании их гаплотипов, которых в списке YFull нет.

Взглянем на снийпы субклада R1b-Z2103 в списке YFull у итальянцев и сравним эти снийпы с теми, что есть в списке YFull у французов. Как показывает табл. 119, таких у современных итальянцев 25 человек (из 152 снийпов гаплогруппы R1b и из 513 снийпов по всем гаплогруппам). Все приведенные ниже снийпы являются нижестоящими от Z2103, который образовался 41 снийп-мутацию, или примерно 5,9 тыс. лет, назад, и самые «древние» конечные снийпы здесь завершают две первые цепочки снийпов. Остальные конечные снийпы образовались от 5,3 тыс. до 2 тыс. лет назад, за исключением самого последнего, Y23387, который образовался 1–2 снийп-мутации назад, то есть примерно 150–300 лет назад.

Z2103 > Z2106 > **Z2108**.

Выделенный снийп образовался 38 снийп-мутаций, или примерно 5,5 тыс. лет, назад.

Z2103 > M12149 > **PF331**.

Выделенный снийп образовался 31 снийп-мутацию, или примерно 4,5 тыс. лет, назад.

Z2103 > M12149 > Y4364 > BY41455 > **Y64508**.

Z2103 > L584 > **FGC14590**.

Z2103 > M12149 > Y4364 > M12135 > Y91901 > Y86971 > Y81705 > Y128770 > **Y128347** (2 человека).

Z2103 > M12149 > Y4364 > Y4366 > **Y36437**.

Z2103 > Z2106 > CTS8966 > BY3295 > PH4902 > FGC48354 > BY39488 > **BY125315**.

Этот же снийп, BY125315, найден во Франции. Впрочем, он образовался 21 снийп-мутацию, или примерно 3 тыс. лет, назад.

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > **CTS699** > **Z29827** (1 и 2 человека соответственно).

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > S10547 > **Y157951** (2 человека).

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > FGC24408 > FGC24396 > **FGC24444** (3 человека).

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y5587 > Y14300 > **V2986**.

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > **Y10789** > **Y30192**.

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y19469 > Y23493 > **Y28788**.

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y19469 > Y19752 > Y19972 > **Y37249**.

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y15982 > Y16145 > Y16143 > Y181461 > **FT124920**.

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y15982 > Y16145 > Y16143 > Y17988 > Y18455 > **Y18850** > Y23386 > **Y23387** (выделены — 1 и 2 человека соответственно).

Сопоставление показанных цепочек снийпов у итальянцев с соответствующими цепочками у французов показывает, что все они в целом проходят по линиям L584, Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 и другим, но конечные снийпы у французов и итальянцев почти не пересекаются. Есть только один общий снийп, BY125315, но он довольно древний (образовался примерно 3 тыс. лет назад).

## Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа — типичная ближневосточная и средиземноморская, потому ее достаточно большое количество в Италии, от 16 до 22 % по разным выборкам (см. табл. 119). Это помещает ее на второе место по численности среди итальянцев. Как часто встречается в Европе, в этой гаплогруппе по численности преобладает субклад J2a, на который приходится три четверти всей гап-

логруппы J2, и оставшаяся четверть приходится на субклад J2b.

Как видно из рис. 225, ветвь гаплогруппы J2a расходится на две подветви. Верхняя подветвь, из 100 гаплотипов субклада J2a в 37-маркерном формате, сходится к следующему базовому гаплотипу:

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 29 16 9 9 11 11  
26 15 20 30 12 14 15 16 10 10 19 22 15 14 17 17  
35 38 11 9 (**J2a-M410**),

с датировкой общего предка  $7230 \pm 740$  лет назад, и нижняя подветвь, из 30 гаплотипов того же субклада, сходится к следующему базовому гаплотипу:

12 24 14 10 14 17 11 15 11 13 11 30 16 9 9 11 11  
24 15 20 29 12 14 15 16 11 10 19 22 16 14 17 17  
34 38 11 9 (**J2a-M410**),

с датировкой общего предка  $8760 \pm 940$  лет назад.

Между ними 10 мутаций, то есть времени жизни их общих предков различаются на  $10/0,09 = 111 \rightarrow 128$  условных поколений, или 3,2 тыс. лет, и общий предок обеих линий жил  $(3200 + 7230 + 8760)/2 = 9600$  лет назад.

26 гаплотипов субклада J2b имеют следующий базовый гаплотип:

12 24 15 10 14 17 11 15 12 12 11 28 16 8 9 11 11  
26 16 19 29 13 15 15 18 11 10 19 20 14 14 17 17  
36 38 11 9 (**J2b-M102**),

с датировкой общего предка  $5430 \pm 610$  лет назад. Этот базовый гаплотип похож на соответствующие базовые гаплотипы в России, Белоруссии, Венгрии, Армении, Грузии и других народов Кавказа и Восточной Европы. Например, базовый гаплотип субклада J2b в Венгрии имеет вид:

12 24 15 10 14 17 11 15 12 12 11 28 16 8 9 11 11  
**27** 16 19 29 13 15 15 **17** 11 10 19 20 **13** 14 17 **18**  
36 38 11 9 (**J2b-M102**),

с датировкой общего предка  $4410 \pm 590$  лет назад. Отклоняющиеся от базового гаплотипа итальянцев аллели выделены, число мутаций составляет всего 4.

Два итальянских базовых гаплотипа субклада J2a отличаются от базового гаплотипа субклада J2b на 19 и 19 мутаций соответственно, то есть их общие предки по времени жили раздельно на  $19/0,09 = 211 \rightarrow 282$  условных поколения, или на 7050 лет, и общие предки субкладов J2a и J2b жили примерно  $(7050 + 7230 + 5430)/2 = 10\,475$  и  $(7050 + 8760 + 5430)/2 = 10\,620$  лет назад, с со-

ответствующей погрешностью  $\pm 1$  тыс. лет. Это — конец ледникового периода в Европе, начало мезолита. Иначе говоря, носители ветвей J2a и J2b прибыли на территорию современной Италии независимыми миграциями. Отметим, что в Венгрии расчетный общий предок жил 11,3 тыс. лет назад с погрешностью тоже  $\pm 1$  тыс. лет, то есть один и тот же, что и на Апеннинах, в пределах погрешности расчетов.

Поскольку в списке YFull содержится 95 образцов из Италии с соответствующими цепочками снийпов, приводить их нецелесообразно. Приведем лишь несколько примеров. Например, цепочку снийпов, где конечный сний найден в Италии и Индии. Это, возможно, след древних миграций из Средиземноморья в Индостан. Датировка образования снипа (выделен) — 61 сний-мутация, или примерно 8,8 тыс. лет, назад:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > Y6240 > PF7394 > **Y36180**.

Еще один конечный сний найден как во Франции, так и в Италии:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > M67 > Z1847 > Z500 > M92 > Z508 > Z504 > **Z8096**.

Интересно, что в списке YFull имеется 95 конечных снийпов из Италии и всего 17 из Франции.

## Гаплогруппа E1b

Эта гаплогруппа по численности стоит на третьем месте у итальянцев, практически деля это место с гаплогруппой J2a, как и у французов. Гаплогруппа I1 входит у французов в ту же группу по численности, но, будучи относительно «северной», у итальянцев находится ниже по списку с заметным отрывом.

Ветвь гаплогруппы E показана внизу на дереве на рис. 225. В ней есть несколько одиночных гаплотипов, не относящихся к линии E1b (из 118 гаплотипов в 12-маркерном формате), все остальные относятся к обычной в Европе и на Ближнем Востоке линии E1b, и из 86 гаплотипов группы E в 37-маркерном формате 39 относятся к субкладу E1b-V13. Это — нижний предел численности, потому что у многих гаплотипов в «Итальянском проекте» субклады не определены. Те, у кого определены, имеют базовый гаплотип:



13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10,

в точности соответствующий на первых 37 маркерах «референсному» предковому гаплотипу субклада E1b-V13 по всей Европе:

13 24 13 10 16 18 11 12 **12** 13 11 30 **15** 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 **17** 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11,

полученному для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, с временем жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад. Для итальянских 39 гаплотипов общий предок жил  $3390 \pm 380$  лет назад, что практически совпадает в пределах погрешности расчетов. Мы уже рассказывали выше в этой книге о том, что носители этого субклада были практически полностью уничтожены в Европе в середине III тыс. до н. э., через тысячелетие прошли «бутылочное горлышко» выживания, и их потомки сейчас живут в Европе от Средиземного моря до Скандинавии и от запада Европы до Уральских гор, у всех почти идентичный друг другу предковый гаплотип.

В списке YFull есть 79 представителей Италии с гаплогруппой E. Из них несколько линий, появившихся в древности, уходят «в сторону» еще в древние времена со следующими цепочками снийов:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > M132 > M44 > Y15944 > **Z17467** (2 человека) > Y20219 > **Z20769** (2 человека),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > V38 > M2 > Y1705 > V43 > M4732 > M4895 > M4231 > U175 > M4254 > M4232 > Z1720 > **M4041**,

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > **V1039**.

Затем 15 снийов итальянцев проходят по линии M35 до снийа V13, последний имеет 21 итальянец. Далее 13 итальянских снийов проходят через сний Z827, 2 снийа — через PF1962, 8 снийов — через M34, 12 снийов — через M84, и остальные снийы по списку наблюдаются почти исключительно на Ближнем Востоке. Так что в Италии, в отличие от многих европейских стран, сний E1b-V13, хотя и составляет большинство (21 нижестоящий сний) среди остальных субкладов гаплогруппы, но занимает всего 27 % от всех снийов гаплогруппы E1b итальянцев.

В других странах Европы это почти единственный выживший сний после геноцида коренных европейцев в III тыс. до н. э., в Италии, видимо, благодаря большому разнообразию племен и народов, после геноцида осталось много вариантов субкладов и гаплогрупп.

## Гаплогруппа G2a

Как неоднократно сообщалось выше, эта гаплогруппа является одной из древнейших в Европе, наряду с гаплогруппой I. Но в середине III тыс. до н. э. ее носители были в значительной степени уничтожены в ходе заселения Европы эрбинами и прошли жесткое «бутылочное горлышко» выживания примерно 3,6 тыс. лет назад. Выжившие носители гаплогруппы G2a прошли через Малую Азию в будущую Турцию и на Кавказ, и сейчас на Кавказе наблюдается максимальное относительное количество этой гаплогруппы.

Удивительным образом в Италии этот геноцид, видимо, проходил в меньшей степени, чем в основной континентальной Европе. Поэтому, как показано ниже, датировки общих предков гаплогруппы G2a в Италии оказались значительно древнее, чем в остальной Европе, в Малой Азии и на Кавказе. Возможно, это тоже следствие прибытия во времена Римской империи многочисленных потомков древних гаплогрупп, в том числе гаплогруппы G2a.

На дереве гаплотипов (рис. 225) ветвь гаплогруппы G2a занимает правую нижнюю часть, и почти все гаплотипы действительно относятся к G2a, за исключением одного гаплотипа субклада G2a и при отсутствии гаплотипов группы G1. В этой ветви имеются 58 гаплотипов группы G2a, их базовый гаплотип имеет вид:

14 22 15 10 **14** 15 11 12 12 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 21 29 12 13 13 14 10 11 **20** 20 15 **13** 16 18  
35 38 11 10,

с датировкой общего предка  $7030 \pm 730$  лет назад. Этот базовый гаплотип всего на 4 мутации (выделены) отличается от венгерского базового гаплотипа группы G2a, рассмотренного в соответствующей главе, и общий предок там был  $7050 \pm 770$  лет назад, то есть практически тот же, как и в Италии.

Оба эти базовых гаплотипа относительно близки к базовому гаплотипу группы G2a-P303 грузин (с датировкой  $3025 \pm 375$  лет назад (*Клѐ-*

сов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016)), который имеет вид:

14 22 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 20 30 13 13 14 14 10 11 20 20 15 13 18 18  
35 38 11 10.

Как видим, 4 тыс. лет разницы во времени не столь значительно отразились на базовом гаплотипе, тем более что нет никаких сведений, что древние гаплотипы в Италии и Венгрии относились именно к субкладу G2a-P303 (образовался 88 снип-мутаций, или примерно 12,7 тыс. лет, назад).

В списке YFull имеются 66 представителей итальянцев гаплогруппы G, из которых только один из гаплогруппы G1:

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > G1a1-BY1124 > Z3353 > **L1324**.

Такой же снип (выделен) найден также в Монголии и Объединенных Арабских Эмиратах, что может дать представление о древних миграциях носителей этой линии группы G1, если только данные подтвердятся на большем количестве образцов.

К линиям, вышестоящим по отношению к снипу G2a-P15, относятся еще две цепочки снипов итальянцев:

G-M201 > G2-P287 > M3115 > FGC3095 > Y37100 > **FGC2964**,

G-M201 > G2-P287 > M3115 > M377 > Y12297 > **M3124**.

Остальные 63 представителя Италии с гаплогруппой G имеют цепочки снипов, проходящие через линию:

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15,  
и далее, к более «глубоким» снипам.

## Гаплогруппа I2

Эта гаплогруппа относится к малочисленным в Италии, на ее долю приходится 3–5,5 % итальянцев по разным выборкам. Удачно то, что в списке YFull приведены 38 образцов группы I2 итальянцев, что позволило сделать немало важные выводы, как показано ниже.

Гаплотипы этой гаплогруппы на дереве на рис. 225 расходятся на три подветви, I2, I2a и I2b. Небольшая ветвь I2 имеет базовый гаплотип:

13 23 16 10 12 13 11 13 11 13 11 29 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 31 11 15 15 16 — 11 11 21 21 14 13  
18 18 34 36 12 10,

и ее общий предок датируется  $4900 \pm 810$  лет назад.

Ветвь I2a-M223, которая распространена в основном на Британских островах и в Западной Европе, имеет базовый гаплотип:

14 23 16 10 14 15 11 13 11 14 12 31 — 15 8 10 11  
11 25 14 20 27 12 14 14 15 — 11 10 19 21 15 14  
18 19 35 37 12 10,

и ее общий предок датируется  $6000 \pm 890$  лет назад.

Наконец, третья ветвь в точности совпадает на первых 37 маркерах с «референсным» предковым гаплотипом субклада I2a-Y3120, общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад, типичным для южных (дунайских) славян:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

У итальянских I2a-Y3120 из Проекта FTDNA общий предок жил  $2320 \pm 380$  лет назад, что совпадает с «референсной» датировкой в пределах погрешности расчетов. В списке YFull таких только два образца, и соответствующие цепочки снипов следующие:

Y3120 > S17250 > **PH908** > Z16983 > Y4789 > **BY169115**.

Последний (выделенный) снип был найден также в Сербии. Он образовался 10 снип-мутаций, или примерно 1440 лет, назад.

## Гаплогруппа R1a

Этой гаплогруппы в Италии немного, от 3 до 4 % по разным выборкам (см. табл. 119), но их источники весьма разнообразны, как показано ниже. На первый взгляд может вызвать удивление, что большинство гаплотипов группы R1a в Италии происходит из праславянских и славянских регионов, это субклады R1a-Z280 и R1a-M458, в сумме 15 образцов из 24 (почти две трети), причем большинство из них — карпатские, балто-карпатские, восточнокарпатские и североевразийские ветви, как показано ниже. На самом деле это получает объяснение при понимании, что носители субкладов Z280 (и, возможно, M458)

расходились из фатьяновской культуры и культуры боевых топоров (шнуровой керамики) Русской равнины, в том числе на Балканы, Адриатику, Пафлагонию (север Малой Азии), возможно, соседние Лидию и Трою и далее в венецкий регион Италии. Подробнее об этом — в первой части настоящей книги, со ссылками на античных историков.

Архаичных линий гаплогруппы R1a в Италии, в отличие от Франции, пока не обнаружено. Из 29 гаплотипов этой гаплогруппы, приведенных в итальянской базе данных FTDNA, большинство не типированы на снипы, за исключением «поверхностных» M512 и M198, которые в данном контексте неинформативны. Из тех, что типированы, есть 1 гаплотип из линии Z645-Z283-Z282, три из южноарийской линии Z93 (2 гаплотипа) и Z93-Z2122, один из линии M458-L1029, и три из линии Z280 — два из карпатской ветви CTS1211 и один из североевразийской линии Z92.

25 гаплотипов группы R1a проекта FTDNA были представлены в 37-маркерном формате, они и образовали довольно компактную ветвь в левой нижней части дерева. Определять их базовый гаплотип и датировку общего предка довольно бесполезно, поскольку все эти линии (Z280, M458 и Z93) образовались около 5 тыс. лет назад и предковые гаплотипы всех линий весьма близки друг к другу. Но проверим. Базовый гаплотип всей ветви R1a на дереве следующий:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16  
18 19 **34 39 13 11**.

В нем всего 3 мутации отличают этот базовый гаплотип от «референсного» предкового гаплотипа субклада Z280. Общий предок этой ветви жил  $4400 \pm 500$  лет назад.

В списке YFull имеются 24 образца гаплогруппы R1a из Италии. Из них наибольшее количество, 15 гаплотипов, имеют славянские/праславянские корни — из карпатской ветви (Z280-CTS1211), балто-карпатской (Z280-CTS3402), восточнокарпатской (Z280-Y2902) и североевразийской, иногда называемой венедской (Z280-Z92), а также европейской ветви M458 (4 гаплотипа) с субкладами центрально-европейским M458-L1029 и западнославянским M458-L260. Помимо того, в списке имеются также 8 гаплотипов южноарийской ветви Z93,

с субкладами Z94 и Z2123 (3 и 2 человека соответственно), и 1 гаплотип линии Z283-Z282, с глубокими снипами.

Посмотрим на цепочки снипов, ведущих к конечным снипам итальянцев гаплогруппы R1a со славянскими/праславянскими линиями.

R1a-M458 > PF7521 > PF6188 > **PF7536**

R1a-M458 > PF7521 > PF6188 > **Z29307**.

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > L260 > YP1337 > **YP13379**.

R1a-M458 > PF7521 > Y2604 > CTS11962 > L1029 > **YP1703**.

R1a-Z280 > Z92 > Z685 > YP270 > CTS4648 > YP1408 > **Y13891**.

R1a-Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > **YP573**.

R1a-Z280 > **CTS1211** > YP343 > YP340 > **P278**.

R1a-Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > YP371 > **YP372**.

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y3301 > **YP311**.

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > **Y2902** > Y1396 > **Y1399** (2 человека).

R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > **YP3994**.

То, что треть линий в списке YFull для итальянцев группы R1a относится к южно-арийской линии Z93, является необычным для европейской страны. Либо субклад Z93 возник на Апеннингах, и затем продвинулся на Русскую равнину, либо, что более вероятно, это «скифский след», результат продвижения скифов во времена Римской империи (как воины и/или привезенные рабы). Для ответа на этот вопрос необходимы более развернутые исследования.

Z645 > **Z93** (2 человека) > Z94 > Y40 > YP294 > **Z676** > **Z96** (2 человека).

Z645 > Z93 > Z94 > Y40 > Y37 > Y41 > **Y150771**.

Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > Y874 > Z6405 > **Y24669** (2 человека).

## Гаплогруппа I1

Эта гаплогруппа в Италии встречается в относительно малых количествах, от 3,5 до 6,2 % по разным выборкам (см. табл. 119). В списке YFull она с 20 представителями итальянцев находится на относительно высоком месте. Как уже не раз отмечалось выше в настоящей книге, в середине

III тыс. до н. э. носители гаплогруппы I1 были почти полностью уничтожены и прошли жесткое «бутылочное горлышко» выживания. Где именно это «бутылочное горлышко» было пройдено, остается неизвестным, но наибольшее количество носителей гаплогруппы I1 проживает сейчас в Швеции (в среднем 37 %, и 50 % — на острове Готланд на Балтике). В Италии, как уже отмечено, это относительно минорная гаплогруппа (по численности).

В Итальянском проекте FTDNA гаплотипы группы I1 находятся в компактной ветви на правой стороне дерева (рис. 225). В ней — 43 гаплотипа в 37-маркерном формате. Их базовый гаплотип имеет вид:

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 — 10 10 19 21 14 14  
16 19 35 37 12 10,

с общим предком  $3130 \pm 350$  лет назад. Этот гаплотип почти в точности соответствует «референсному» предковому гаплотипу, полученному при обработке 968 европейских гаплотипов в 111-маркерном формате, с датировкой общего предка  $3686 \pm 369$  лет назад (без округления) на первых 37 маркерах:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

Отличается только 1 маркер (аллель выделена), и то не на целую единицу — у итальянского базового гаплотипа средняя величина там равна 19,29, вместо 20 у «референсного» гаплотипа. Таким образом, древние носители гаплогруппы I1 были истреблены и на Апеннинах, примерно 4,5 тыс. — 4 тыс. лет назад, и прошли жесткое «бутылочное горлышко» выживания через 500 лет — 1 тыс. лет.

Приведем несколько примеров цепочек снипов в Италии и тех странах, где еще такие конечные (или близкие к конечным) снипы были найдены:

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z138 > S2293 > S6277 > S6270 > S20289 > **A6397** (Румыния),

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8747 > Z60 > Z140 > Z141 > Y6231 > Y7277 > Y7279 > **Y7278** (Венгрия),

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8747 > Z60 > Z140 > Z141 > Y6231 > Y7277 > Y7279 > Y7278 > **Y10890** (Венгрия),

I1-M253 > I1a-DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > Y2245 > Y7234 > **Y7666** (Франция).

Все эти конечные снипы были образованы относительно недавно, как и все 20 снипов группы I1 у представителей Италии. Датировки обычно варьируются между 3,2 тыс. — 2,9 тыс. — 2,7 тыс. лет назад до 1,7 тыс. — 1,6 тыс. лет назад.

## Гаплогруппа J1

Это типичная гаплогруппа Ближнего Востока и Кавказа, распространенная в первую очередь среди евреев и арабов, но не только среди них. В Италии это минорная по численности гаплогруппа, на уровне 3–4 % среди итальянских мужчин. На дереве гаплотипов (рис. 225) этой гаплогруппе принадлежит довольно компактная ветвь справа, на 4 часа. В ней 32 гаплотипа, базовый гаплотип которых имеет вид:

**12 23 14 10** 13 17 11 **16** 11 13 **11** 30 — 18 8 9 11  
11 25 14 20 27 13 14 15 16 — 11 10 21 22 15 14  
17 18 33 36 12 10.

Здесь выделены маркеры так называемого «модального гаплотипа коэнов», который правильнее было бы назвать базовым 6-маркерным «гаплотипом Авраама», как обсуждалось выше в настоящей книге, поскольку он во множестве присутствует и у арабов. «Референсный» предковый гаплотип евреев и арабов гаплогруппы J1 имеет вид (Клёсов А. А. Практическая ДНК-генеалогия для всех. М.: Концептуал, 2018. С. 273):

**12 23 14 10** 13 18 11 **16** 11 13 **11** 30 — 18 8 9 11  
11 25 14 20 25 12 14 16 17 — 11 10 22 22 15 14  
18 18 32 36 12 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12  
21 22 18 10 12 12 16 8 12 25 21 14 12 11 14 12 12  
12 11 — 34 15 8 15 12 25 27 20 13 12 12 11 12 9  
11 11 10 11 11 29 11 13 22 15 11 10 20 15 20 10  
23 15 11 15 24 12 21 18 9 15 17 9 11 11.

Мы видим, что по этим 6 маркерам базовый гаплотип итальянских J1 совпадает с «референсным» предковым гаплотипом евреев и арабов гаплогруппы J1, хотя по первым 37 маркерам между ними имеется 9 мутаций. Самое большое различие между этими предковыми гаплотипами в том, что общий предок итальянских J1



жил  $6300 \pm 680$  лет назад, а общий предок евреев и арабов —  $3850 \pm 390$  лет назад для 111-маркерных гаплотипов. Этих общих предков разделяли  $9/0,09 = 100 \rightarrow 111$  условных поколений, или примерно 2775 лет, тогда общий предок тех и других жил  $(2775 + 6300 + 3850)/2 = 6460 \pm 600$  лет назад, то есть тогда же, когда жил общий предок итальянских гаплотипов в пределах погрешности расчетов.

Можно сопоставить базовый гаплотип итальянских J1 с базовыми гаплотипами различного происхождения. Наиболее удаленным тогда является гаплотип чеченских J1.

12 23 15 10 12 18 11 13 12 13 11 30 — 20 8 9 11  
11 27 14 21 30 15 15 16 16 — 11 10 20 22 15 13  
17 19 34 37 12 10.

Его носитель жил  $5001 \pm 514$  лет назад (без округления), но 37-маркерные гаплотипы чеченцев и итальянцев различаются на 24 мутации, то есть на  $24/0,09 = 267 \rightarrow 389$  условных поколений, или 9725 лет, и общий предок чеченцев и итальянцев гаплогруппы J1 жил  $(9725 + 5001 + 6300)/2 = 7450$  лет назад.

Сравним с базовым гаплотипом группы J1a у армян:

12 23 14 10 13 18 11 15 11 13 11 30 — 19 8 9 11  
11 26 14 21 27 13 15 16 16 — 11 10 20 22 15 13  
18 19 34 36 12 10,

с датировкой общего предка  $7176 \pm 737$  лет назад (без округления). Этот гаплотип отличается на 12 мутаций от базового гаплотипа итальянцев, что разводит предковые гаплотипы армян и итальянцев на  $12/0,09 = 133 \rightarrow 158$  условных поколений, или 3950 лет, и общий предок обеих ветвей жил  $(3950 + 7176 + 6300)/2 = 8700$  лет назад. Это или времена доурукских миграций носителей гаплогруппы J1 из Месопотамии на Кавказ, или, напротив, времена распространения гаплогруппы J1 с Кавказа, где эта гаплогруппа, возможно, образовалась. Аналогично, остается открытым вопрос о том, в каком направлении шли миграции носителей гаплогруппы J1 — с Ближнего Востока на Апеннины или наоборот. На Ближнем Востоке общий предок гаплогруппы J1 жил примерно 4 тыс. лет назад, и более древний общий предок в этой гаплогруппе у евреев и большинства арабов не просматривается. Возможно, прошел жесткое «бутылочное горлышко» выживания после какого-то катаклизма, например, масштабного по-

топа. В Италии он датируется временем 6,3 тыс. лет назад.

Для возможного ответа на этот вопрос взглянем на цепочки сний итальянских представителей в списке YFull. Из 30 образцов 4 происходят от линий, более древних, чем сний J1-P58:

J1-M267 > Z2215 > Y29696 > PF7261 > **PH128**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > ZS4393 > **ZS4416 > BY45309**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > Z2217a > Z1828 > Z1842 > ZS3114 > Y33967 > **Y60194**

(последний сний найден также в Индии).

Остальные 26 цепочек сний проходят через P58, например,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > **FGC4745**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > YP4763 > **S7953** (2 человека),

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > YP4763 > ZS2527 > **Y40431** (2 человека),

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > **Y15152 > Z18293 > FGC20891**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Y15152 > ZS4336 > ZS4312 > **Z28165** (2 человека).

Примерно половина из оставшихся цепочек сний проходит через сний Z1884 (= L858), который образовался 28 сний-мутаций, или примерно 4 тыс. лет, назад, и от него (или непосредственно перед ним) расходятся семитские и несемитские линии, в числе несемитских — армяне и азербайджанцы, рассмотренные выше. Сейчас при рассмотрении к ним добавились итальянцы.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > **FGC11**.

Как отмечалось выше, сний Z1884 является, по-видимому, «снимом Авраама», от которого расходились еврейская и арабская линии гаплогруппы J1. На самом деле от него расходятся 5 сний (FGC12834, Y2919, Y4341, Z640 и FGC11), пер-



вый из которых найден в Азербайджане, второй в Армении, третий — в Иордании, Польше, на Украине, четвертый и пятый — почти исключительно в арабских странах. Сний Z640 является в определенной степени «знаковым», от него расходятся семитские линии (арабы и евреи) и несемитские (чеченцы, албанцы, греки, французы, кабардино-калкарцы, некоторые словаки, украинцы и русские и итальянцы). Примером сния Z640 у итальянцев является следующая цепочка снийов:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > Z1884 > Z640 > **FGC5230**.

То, что у многих итальянцев наблюдается «сний Авраама», может показывать еврейское и арабское «наследство» на Апеннинах, и таких среди итальянцев гаплогруппы J1 немало.

## Гаплогруппа Т

Судя по распределению носителей этой гаплогруппы в мире, она могла произойти на Ближнем Востоке, датировка ее образования — 278 сний-мутаций, или примерно 40 тыс. лет, назад.

На дереве гаплотипов итальянцев (рис. 225) ветвь гаплогруппы Т является довольно компактной и состоит из 18 гаплотипов (рис. 226). Ветвь довольно неоднородная, видимо, отражает набор субкладов гаплогруппы. То, что в ветви нет примесей других гаплогрупп, означает, что гаплотипы этой гаплогруппы достаточно характерные по своему строению.

Базовый гаплотип ветви гаплогруппы Т следующий:

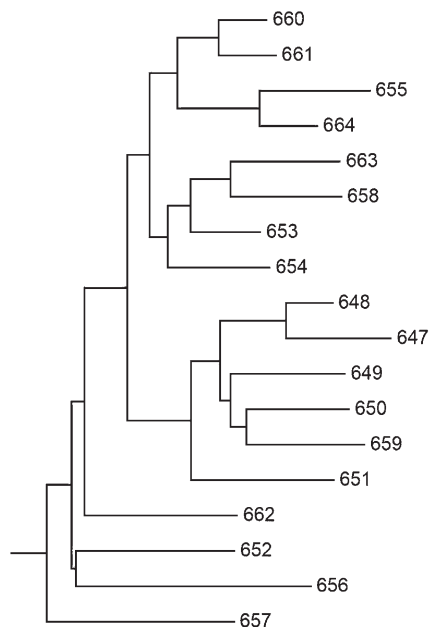
13 23 14 10 14 16 11 12 12 14 13 30 17 9 9 11 13  
26 14 19 33 12 13 15 16 10 10 23 24 15 14 16 17  
35 37 12 9,

с датировкой жизни общего предка  $6200 \pm 710$  лет назад.

Этот гаплотип почти идентичен базовому гаплотипу гаплогруппы Т в Турции (3 мутации выделены):

13 23 14 10 14 16 11 12 12 14 13 30 17 9 9 11 13  
26 14 19 33 **11** 13 15 16 10 10 23 24 15 14 **17 18**  
35 37 12 9,

с датировкой жизни общего предка  $5600 \pm 750$  лет назад.



**Рис. 226.** Ветвь гаплогруппы Т итальянцев, показанная на дереве гаплотипов на рис. 225 нижней правой части дерева

Регион происхождения этой гаплогруппы остается спорным, впрочем, как и всех гаплогрупп. Есть основания считать, что этот регион — Месопотамия, Ближний Восток.

В списке YFull есть 18 представителей Италии с гаплогруппой Т. Соответствующие цепочки снийов следующие:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > Y11151 > Y8614 > Y12871 > **Y14629**.

Такой же сний найден в Турции, что неудивительно, он образовался примерно 11 тыс. лет назад.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L131 > Y6033 > CTS933 > Z19890 > S27463 > Y21210 > **Y21215**.

Такой же сний найден в Ираке. Он образовался 18 сний-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L131 > Y6033 > CTS933 > Z19890 > **CTS3767** > CTS8489 > CTS9984 > Z19945 > **BY143483** (2 человека).

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > Y16897 > Z19971 > Y18956 > **Y21221** (2 человека).

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > **Y6671** > Y12643 > **PF7443** > Y37311 > Y37800 > PF7444 > **Y37796**.

Такой же снип найден в Марокко.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Y15127 > Y3781 > Y3858 > **Y3782**.

Такой же снип найден в Алжире.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Y15127 > Y3781 > Y3858 > Y9102 > Y16247 > BY31225 > **Y130586** (2 человека).

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z20015 > **PF7469** (2 человека).

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4956 > CTS6507 > CTS6280 > **YP5441** (2 человека) > **Y24665** (2 человека).

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4956 > CTS6507 > FGC80981 > **Y31474**.

Такой же снип найден в Ливии.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4956 > CTS6507 > Y4963 > CTS9882 > Y4981 > Y4958 > **BY83409**.

Такой же снип найден в Сирии.

## Гаплогруппы R1, Q, L, R, R2, H, C, F, O и N

Все эти гаплогруппы в Италии в количественном отношении минорные, судя по рассматриваемым выборкам, встречаются там в относительных количествах 0,1–1,4 % и анализироваться здесь не будут. Здесь приведем просто в качестве примеров несколько цепочек снипов из списка YFull:

C-M130 > C1-F3393 > C1a-CTS11043 > Y11591 > V20 > V86 > V182 > **V222**,

C-M130 > C2-M217 > C2a-L1373 > F3447 > F1699 > M48 > Y12792 > Y138418 > **Y152949** (2 человека).

\*\*\*\*\*

L-M20 > **L2-L595** (= PF5533).

Выделенный снип был также найден в Азербайджане и Турции.

L-M20 > L1-M22 > L1b-M317 > SK1412 > Y16366 > **Y16187**.

L-M20 > L1-M22 > L1a-M2481 > L1a1-M27 > Z20387 > L1320 > SK1426 > Z5926 > Z5930 > Z5931 > **YP5671** (2 человека).

Выделенный снип был также найден в Чеченской Республике.

\*\*\*\*\*

Q-M242 > Q2-L275 > Y1150 > Y1144 > Y29468 > YP4500 > **Y28557**.

Выделенный снип был также найден в Индии.

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > M378 > L245 > BZ3896 > BZ3900 (= BZ3897) > **BZ3920**.

Выделенный снип был также найден среди армян.

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > M378 > L245 > Y2998 > Y2209 > Y2225 > **FGC10659** (2 человека).

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Y2659 (= Y4801) > L940 > L527 > Y4827 > FGC7000 > Y4813 > **Y16739**.

Выделенный снип был также найден в Грузии.

\*\*\*\*\*

R2-M479 > R2a-M124 (= L381) > Y3399 > Y3370 (= P267) > Y12100 > V1946 > Y8763 > Y8766 > V3714 > L295 > **Y1280** > Y1288 > M3349 > **YP5340** (последний снип — 2 человека).

\*\*\*\*\*

H-L901 > **H2-P96**.

H-L901 > H2-P96 > Y21618 > **Y19962**.

Оба конечных снипа очень древние, видимо, принципиально неотипированы. Они образовались соответственно 45,6 тыс. и 16 тыс. лет назад (<https://www.yfull.com/tree/H>).

## 134. КЕТЫ (ОСТЯКИ)

Согласно данным Всероссийской переписи населения, в составе РФ проживают 1219 кетов, из которых 80 % проживают на севере Красноярского края и в Красноярске, 6 % — в Томской области, 2 % — в Тюменской области, и 2 % — в Санкт-

Петербурге. Кеты официально считаются малочисленным коренным народом Сибири.

В табл. 120 приведен состав гаплогруппов кетов по нескольким выборкам.

Несмотря на некоторый разброс в четырех колонках в табл. 120, в том числе и на «точность» представления данных до десятых долей процента, что указывает на неважную квалификацию авторов статьи в базовых понятиях математики, картина по результатам таблицы довольно ясна. У кетов почти исключительно гаплогруппа Q, остальные примеси в значительной степени случайные.

Чтобы осознать, что при выборке в 22 человека нельзя представлять данные с точностью до одной десятой процента (тем самым авторы претендуют на такую точность), надо понять, что если гаплогруппу Q имеют 19 человек из 22, то в независимой выборке в реальных условиях ее могут иметь хотя бы 18 или 20 человек. Или 17 или 21, разброс данных часто заметно больше. Если даже это 18 или 20 человек, это уже 82 % или 91 %. Поэтому уже имеем  $86 \pm 5$  %. В такой ситуации писать 86,4 % — это показывать безграмотность в элементарной математике.

Надо заметить, что кеты с их 90 %-ной долей гаплогруппы Q практически уникальны в этом отношении. Их можно сравнить только с селькупам, у которых 53–66 % гаплогруппы Q по разным выборкам.

## 135. ИСПАНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, число россиян, записавших себя в переписных листах как «испанцы», составляет 1162 человека. В материалах переписи в скобках отмечено «галлисийцы», «каталонцы». Возможно, часть российских «испанцев» так себя записали, примем это к сведению и при рассмотрении данных по Испании добавим еще басков, которые вызывают неизменный интерес у любителей ДНК-генеалогии.

В табл. 121 приведены данные по распределению испанцев по гаплогруппам из разных источников — сайта Eupedia, «Испанского («Иберийского») проекта» FTDNA и списка YFull. Последний, как и в других случаях, не ставит своей целью показать репрезентативную выборку по испанцам, но обычно неупорядоченный выбор представителей Испании (в данном случае) неплохо согласуется с картиной распределения по другим источникам.

В «Иберийском проекте» FTDNA исходно было 2418 гаплотипов, но из них множество было из других стран и регионов, в том числе из России и Украины с типичными русскими и украинскими фамилиями. После удаления всех «инородных» гаплотипов в списке осталось 1133, из них в 37-маркерном (и выше) формате было 780 гаплотипов. Из них и было построено дерево гаплотипов на рис. 227.

**Таблица 120.** Состав гаплогрупп кетов, по данным статьи Tambets et al.\* и статьи Flegontov и et al.\*\*

Гаплогруппа	Кеты*, 69 чел., %	Кеты*, 22 чел., %	Кеты**, 20 чел., %	Кеты***, 48 чел., %
Q	91,3	86,4	90****	93,7
N1a1	0	9,1	н/п	н/п
C2-M217	4,3	0	н/п	6,2
I1a2	н/п	н/п	5	н/п
I2a-L147,2*****	н/п	н/п	5	н/п
R1a	1,4	4,5	н/п	н/п
O-M175	1,4	0	н/п	н/п
K-M9	1,4	0	н/п	н/п

\* Tambets K., et al. *Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations* // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139.

\*\* Flegontov P., et al. *Genomic study of the Ket: a Paleo-Eskimo-related ethnic group with significant ancient North Eurasian ancestry* // *Scientific Reports*. 2016. V. 6. №1. P. 1–12.

\*\*\* Karafet u др., 2002.

\*\*\*\* Q1b1a3-L330.

\*\*\*\*\* В статье использована устаревшая номенклатура I2a1b3a, которая отменена 7 лет назад, в 2013 г.

**Таблица 121.** Состав гаплогрупп испанцев в целом, и отдельно галицийцев, каталонцев и басков, по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), «Иберийского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/IberianDNA?iframe=yresults>) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>)

Гаплогруппа	Испанцы*, более 1000 чел., %	Галицийцы*, 250–500 чел., %	Каталонцы*, более 1000 чел., %	Баски*, 250–500 чел., %	Испанцы**, Проект FTDNA, 1133 чел., %	Число сніпов испанцев по списку YFull
R1b	69	57	66,5	85	58	112
P312	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	101
U106	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	8
Z2103	н/п	н/п	н/п	н/п	0,5	3
J2-M172	8	10,5	7,5	2,5	7,5	31
J2a-M410	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	24
J2b-M102/ M12	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	7
E1b	7	10,5	8,5	2,5	12	24
M35	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	12
V13	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	7
Другие	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	5
G2a	3	4	4,5	1,5	4	7
I2	4,5	3,5	3,5	5	3	20
I2a-L460	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	12
I2a-Y3120	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	0
I2a-M223	1	2	1,5	0	0	5
I2a2-L596	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	0
Прочие I2	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	3
R1a	2	1	1,5	0	2	11
Z280	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	1
M458	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	0
Z93	н/п	н/п	н/п	н/п	2	9
Z284	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	0
M459	н/п	н/п	н/п	н/п	н/п	1
I1	1,5	5	2	0,5	6	10
J1	1,5	4	1,5	0,5	4	3
T	2,5	2	1	0	2	7
Q	0	0	0	0,5	0,18	1
L	н/п	н/п	н/п	н/п	0,26	0
C	н/п	н/п	н/п	н/п	0,09	1
F	н/п	н/п	н/п	н/п	0,09	0
O	н/п	н/п	н/п	н/п	0,18	0
N	0	0	0	0	0,18	0
K	н/п	н/п	н/п	н/п	0,18	0

Таблица 121 показывает, что среди испанцев с большим отрывом преобладает гаплогруппа R1b, в количестве 60–70 % от всех по разным выборкам, среди басков это количество возрастает до 85 %. При этом преобладающие сніпы в Испании — R1b-P312 и нижестоящие сніпы, это —

сніп археологической культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад). Сніпов ямной культуры (Z2103 и нижестоящих) у испанцев почти нет. Интересно, что сніпов группы R1b-U106 в Испании всего относительно малая доля по сравнению с R1b-P312; возможно, этот

сний образовался уже за пределами Пиренейского полуострова, в ходе продвижения эрбинов к северу Европы.

Вслед за R1b по численности идет гаплогруппа J2, наряду с гаплогруппой E1b, в количестве каждая несколько менее 10 % от всех. Это — средиземноморские и ближневосточные гаплогруппы. За ними опять со значительным сбросом следует гаплогруппа G2a, в количестве менее 5 %, что определяет ее в состав минорных (по численности) гаплогрупп. Это — одна из древнейших европейских гаплогрупп, наряду с гаплогруппами I (I1 и I2), которые были практически уничтожены в Европе в середине III тыс. до н. э. и позднее и бежали на периферию Европы. Часть из них вернулись позже в Европу, но так и остались в Испании минорными.

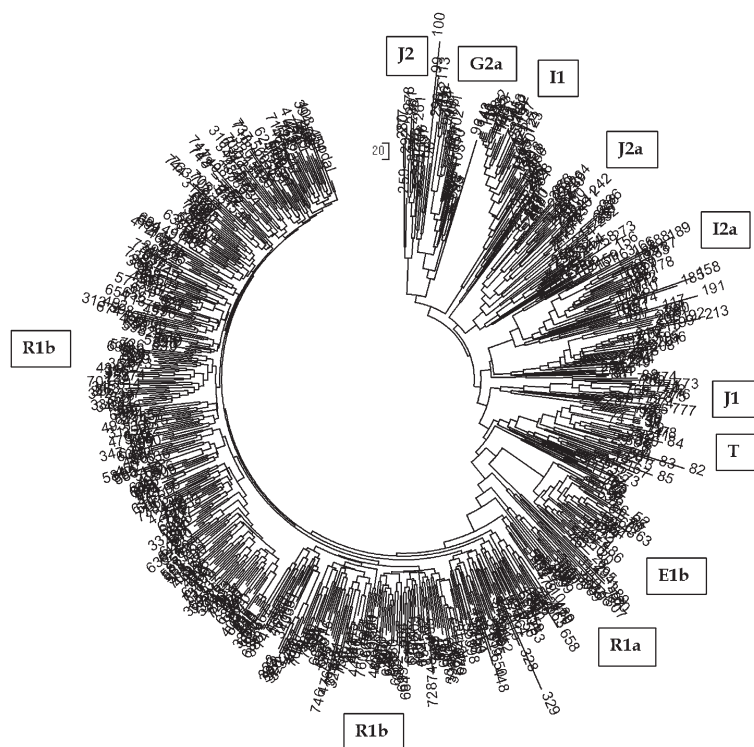
Гаплогруппы R1a в Испании почти нет, и, как показано ниже, она относится в основном к южноафриканской ветви, R1a-Z93 и нижестоящим субкладам.

Остальные гаплогруппы в Испании — минорные по численности (как J1 и T), они для Испании нехарактерны, как и еще менее распространенные Q, L, C, F, O, N, K, детектируемые на уровне следовых количеств.

### Гаплогруппа R1b

То, что подавляющее число гаплотипов в группе R1b в Испании относится к субкладу P312, видно из списка YFull. В нем из 112 образцов гаплогруппы R1b всего 8 относятся к субкладу U106 и 3 — к субкладу Z2103 и нижестоящим ветвям.

В проекте «Иберия» FTDNA из 661 гаплотипа группы R1b всего 6 относятся к субкладу Z2103 (субклад ямной культуры), что составляет 0,5 % от всех гаплотипов в Проекте, и почти все остальные относятся к субкладу P312 или не идентифицированы, так как большинство гаплотипов в Проекте типированы поверхностно, на уровне M269. Во всем списке из 661 гаплотипа группы R1b только один помечен как U106. Определенно такой не единственный в списке, но их должно быть немного. По виду гаплотипов те, которые относятся к субкладам P312 и U106, почти не различимы. Гаплотипы субклада Z2103, напротив, отличаются тем, что у них маркер DYS393 в основном равен 12, что позволяет их выявить и подвергнуть дополнительной проверке на дереве гаплотипов.



**Рис. 227.** Дерево из 780 гаплотипов в 37-маркерном формате испанцев из базы данных «Иберия» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/IberianDNA?iframe=yresults>. Показаны основные ветви дерева



Выявленные 6 гаплотипов группы R1b-Z2103 показывают следующий базовый гаплотип в 37-маркерном формате:

12 24 14 11 11 14 12 12 **13** 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 17 — 11 11 19 23 16 15  
**17** 17 36 **37** 12 12,

в котором всего 3 мутации (выделены) отличают его от «референсного» предкового гаплотипа субклада R1b-Z2103 на первых 37 маркерах:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 16 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 26 26 19 12 11 13 12  
10 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 11 11.

Датировка «референсного» предкового гаплотипа  $4583 \pm 462$  года назад (без округления), то есть именно во времена ямной культуры (5,3 тыс. — 4,6 тыс. лет назад). Датировка «испанского» общего предка по 6 гаплотипам  $4237 \pm 645$  лет назад (без округления). «Референсный» гаплотип был рассчитан по 204 гаплотипам в 111-маркерном формате (в основном российских).

Лишь 1 из 6 гаплотипов в «Испанском проекте» FTDNA был типирован на глубокие снипы, и соответствующая цепочка снипов имеет вид:

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y10789 > Y30192 > **Y32843**.

Последний снип (выделен) образовался 16 снип-мутаций, или примерно 2,3 тыс. лет, назад.

В списке YFull есть 3 представителя Испании с субкладом R1b-Z2103, один имеет следующую цепочку снипов:

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y5587 > Y5586 > **BY71456**.

и двое других имеют конечный снип Y32843, цепочка для которого показана непосредственно выше.

В целом 435 гаплотипов гаплогруппы R1b (за исключением Z2103 и одного гаплотипа редкой в Европе группы R1b-M73) показывают следующий базовый гаплотип:

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,

который в точности равен на первых 37 маркерах «референсному» предковому гаплотипу субклада P312:

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 15 15  
18 17 36 38 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10  
11 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13  
11 11 12 12 (P312).

Носитель «референсного» гаплотипа субклада P312 жил  $4350 \pm 700$  лет назад (Klyosov A. A. DNA Genealogy. USA: Scientific Research Publishing, 2018), общий предок 435 испанских гаплотипов —  $4040 \pm 410$  лет назад, что практически то же самое в пределах погрешности. Сам снип P312 образовался соответственно  $5000 \pm 400$  лет назад.

## Гаплогруппа J2

В «Испанском проекте» FTDNA есть 69 гаплотипов группы J2, базовый гаплотип которых имеет вид:

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 29 16 9 9 11 11  
26 15 20 30 12 14 15 16 10 10 19 22 15 14 17 17  
35 37 11 9,

с датировкой общего предка  $8610 \pm 890$  лет назад. Этот гаплотип имеет типичный вид базового гаплотипа J2a, но некоторые маркеры усреднены с маркерами базового гаплотипа J2b. Так, маркер DYS389-2 у них обычно равен 30 и 28 соответственно, и в испанском гаплотипе эта величина равна 29. Подобные усреднения есть по маркерам 21 и 19, в гаплотипе выше это 20, также по 13 и 15, в гаплотипе выше это 14. Поскольку в Проекте гаплотипы субкладов J2a и J2b не разделены, мы имеем суперпозицию обоих базовых гаплотипов, то есть «фантомный» базовый гаплотип. Но по списку YFull можно найти, что представители субклада J2a находятся в выборке в преимуществе (в соотношении 24:7).

Примером цепочки снипов к конечному снипу представителя Испании в списке YFull является следующая:

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 > Z1296 > Z1297 > Z1295 > Z8421 > Z631 > Z1043 > Z8424 > Z8429 > CTS11760 > **Y166758** > **Y81358** (1 и 2 человека соответственно).

Предпоследний снип (выделен) найден также у словака, как сообщалось в соответствующей главе.

## Гаплогруппа E1b

Мы не раз обсуждали выше в этой книге, что носители гаплогруппы E1b, как и многие другие древнейшие жители Европы, были почти полностью уничтожены в ходе заселения континентальной Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, начиная с середины III тыс. до н. э. У выживших носителей гаплогруппы E1b в Центральной и Восточной Европе остались две характерные особенности — они прошли «бутылочное горлышко» выживания  $3450 \pm 350$  лет назад, и их составляли главным образом обладатели субклада E1b-V13.

Однако в современной Испании состав субкладов гаплогруппы отличается от «общеευропейского». Он весьма гетерогенный, субклад V13 составляет относительное меньшинство по сравнению, например, с субкладом M35, и «фантомный» общий предок выборки из 84 гаплотипов группы E1b, не считая нескольких носителей субклада E-M2, жил  $8400 \pm 860$  лет назад. Его «фантомный» базовый гаплотип:

13 24 13 9 14 16 11 12 11 13 11 30 17 9 9 11 11  
25 14 20 32 14 15 16 17 10 11 19 22 16 13 18 21  
34 34 11 10,

отличается на первых 37 маркерах на 20 мутаций от «референсного» предкового гаплотипа субклада E1b-V13 по всей Европе:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 9 9 11 11  
26 14 20 32 14 16 17 17 9 11 19 21 17 12 17 20  
31 34 11 10 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18  
11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11,

полученного для выборки из 193 гаплотипов в 67-маркерном формате, с временем жизни общего предка  $3450 \pm 350$  лет назад. Поскольку эти отклонения вызваны другими субкладами, нежели V13, можно рассчитать, когда примерно жил «фантомный» общий предок «испанского» базового гаплотипа и насколько это соответствует «фантомной» же датировке  $8400 \pm 860$  лет назад. Разница в 20 мутаций на 37 маркерах соответствует  $20/0,09 = 222 \rightarrow 302$  условным поколениям, или 7550 годам, и их общий предок жил  $(7550 + 8400 + 3450)/2 = 9700$  лет назад. Погрешности расчета составляют здесь не менее  $\pm 10\%$ , то есть около 1 тыс. лет, и в некотором приближении можно полагать, что эти мутации соответствуют древнему европейскому базовому гаплотипу гаплогруппы E1b.

Приведем несколько примеров цепочек снийпов из списка YFull, которые не относятся к линиям снийпов V13 и M35:

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > V38 > M2 > Y1705 > V43 > M4732 > M4895 > M4706 > L485 > Z36531 > Y36000 > Z36530 > **Y23253** (2 человека),

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > V38 > M2 > Y1705 > V43 > M4732 > M4895 > M4706 > L485 > **CTS9883** > CTS3274 > Z6012 > Z6013 > **Z6015**,

и один пример — из линии M35.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > L539 > M78 > Z1902 > V12 > Y2863 > CTS693 > Y6730 > FGC7703 > CTS1239 > CTS6667 > Y2862 > Y2881 > Y2873 > CTS8411 > BY8505 > BY8508 > **BY8500**.

## Гаплогруппа G2a

Это тоже одна из древнейших гаплогрупп неолитической Европы, носители которой почти все погибли, оставшиеся бежали в Малую Азию и далее на Кавказ, где древние ветви гаплогруппы G2a начинаются обычно около 4,5 тыс. лет назад.

Выборка «Испанского проекта» FTDNA содержит 28 гаплотипов группы G2a в 37-маркерном формате, и их базовый гаплотип имеет следующий вид:

14 22 15 10 13 15 11 12 12 12 11 28 18 9 9 11 11  
23 16 21 29 12 13 14 14 11 11 20 20 15 14 17 18  
35 37 11 10,

с датировкой общего предка  $7750 \pm 840$  лет назад.

Этот базовый гаплотип относительно близок к базовому гаплотипу группы G2a-P303 грузин с датировкой  $3025 \pm 375$  лет назад (Клэсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М.: Книжный мир, 2016), который имеет вид:

14 22 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 17 9 9 11 11  
23 16 20 30 13 13 14 14 10 11 20 20 15 13 18 18  
35 38 11 10.

Как видим, 4 тыс. лет разницы во времени привели к появлению 11 мутаций в базовом гаплотипе, если базовый испанский гаплотип относится к G2a-P303, что, конечно, совсем не обязательно. Это количество мутаций соответствует  $11/0,09 = 122 \rightarrow 143$  условным поколениям, то есть примерно 3575 годам, и их общий предок жил  $(3575 + 7750 + 3025)/2 = 7175$  лет

назад, то есть в пределах погрешности с базовым испанским гаплотипом. Это, конечно, не следует принимать буквально, но порядок величин согласуется с тем, что гаплотипы G2a в Европе более 7 тыс. лет назад могли действительно быть впоследствии источником гаплотипов G2a на Кавказе. Сам субклад G2a-P303 образовался 88 снип-мутаций, или примерно 12,7 тыс. лет, назад.

В списке YFull имеются 7 представителей Испании со следующими цепочками снипов:

G-M201 > G1-M342 > G1a-CTS11562 > **F2885**,  
G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 >  
G2a2-L1259 > PF3147 > Z36520 > Z36525 >  
Z45700 > Z45690 > BY37106 > **Z45715**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 >  
G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > P303 >  
L140 > **PF3346** > PF3345 > CTS342 > Z724 >  
Z1903 > CTS7045 > **Z3408** > Z3428 > **Y65**,

G - M 2 0 1 > G 2 - P 2 8 7 > G 2 a - P 1 5 >  
G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 >  
P303 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > Z1815 >  
Y7538 > Z1816 > Z1823 > L43 > FGC70408 >  
**Z31333** (2 человека).

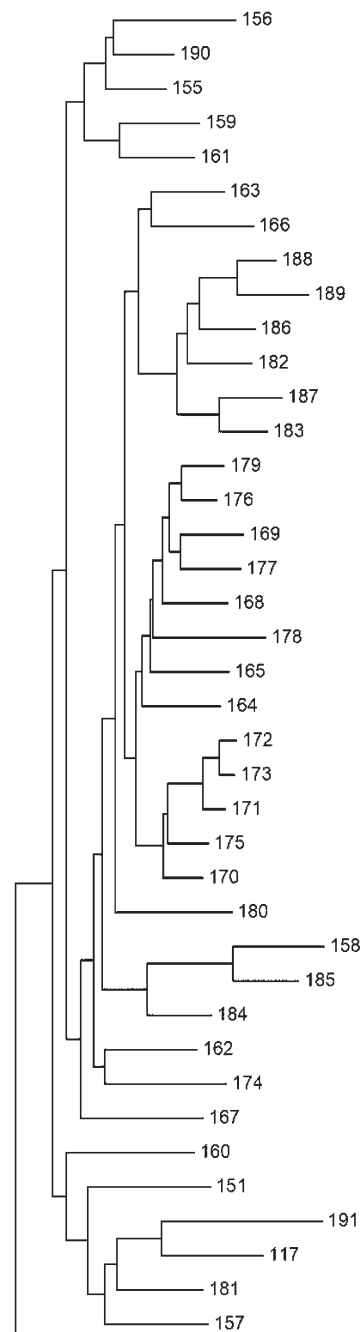
Первая цепочка относится к линии G1-M342, остальные — к линии G2a-P15.

### Гаплогруппа I2a

Для исследований исторического характера важность имеют гаплотипы южнославянского субклада/снипа I2a-Y3120 и западноевропейского субклада/снипа M223. В выборке «Испанского проекта» южнославянские гаплотипы отсутствуют (см. табл. 121), и в соответствующей ветви дерева гаплотипов их нет (рис. 228). Гаплотипы субклада I2a-L460 > P37, вышестоящего по отношению к I2a-Y3120, находятся в выборке в большинстве, на втором месте по численности идут западноевропейские M223, что можно было ожидать. Но те и другие неоднородны по наборам мутаций, поэтому при столь малом количестве гаплотипов в ветвях и их неоднородности расчеты проводить большого смысла не имеет.

Приведем в качестве примеров цепочки пять «испанских» снипов западноевропейской ветви I2a-M223:

I 2 - M 4 3 8 > I 2 a 1 - L 4 6 0 > M 4 3 6 >  
M223 > CTS616 > Y3721 > Y3670 > L1229 >  
Z2069 > Z2059 > Z2068 > Y3672 > Y9443 > **L812**  
(4 человека),

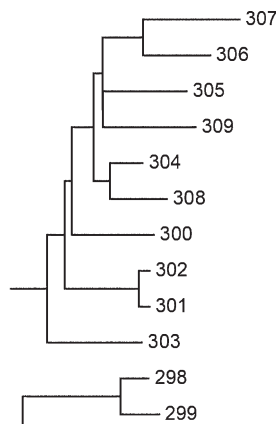


**Рис. 228.** Ветвь гаплогруппы I2a испанцев, показанная на дереве гаплотипов на рис. 227 в правой части дерева. В верхней части ветви — гаплотипы субклада M223, в нижней — субклада L460 > P37. Гаплотипы показаны в «Иберийском проекте» FTDNA. На субклад M223 типированы гаплотипы под номерами 155, 156, 159, 190, на субклад P37 — под номерами 164, 165, 167, 171–175, 178, 179, 182, 187–189, 191

I2-M438 > I2a1-L460 > M436 > M223 > CTS616  
> Y3721 > M284 > L1195 > L126 > **Y55254**.

### Гаплогруппа R1a

Эта гаплогруппа в Испании минорная по численности и по разным регионам варьируется от 0 до 2 % (исключение — Кантабрия в северной Испании, где содержание R1a около 10 %).



**Рис. 229.** Ветвь гаплогруппы R1a, показанная на дереве гаплотипов на рис. 227 правой нижней части дерева. Гаплотипы показаны в «Иберийском проекте» FTDNA. Из показанных здесь 12 гаплотипов на глубокие сніпы типированы всего 5 гаплотипов, все нижестоящие от южноарийского сніпа Z93, под номерами 298, 299 (оба — сніп KMS36), 300 (FT92252), 304 и 308 (оба — FT18348)

Все пять (из 12) гаплотипов гаплогруппы R1a в «Испанском проекте» FTDNA, для которых определили глубокие сніпы, оказались из субклада Z93 и нижестоящих сніпов. Это — южноарийская ветвь гаплогруппы R1a. Все 12 гаплотипов показали следующий базовый гаплотип:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11  
11 24 14 20 33 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 35 38 13 11,

с датировкой общего предка  $4340 \pm 560$  лет назад. Он довольно близок (отличается на 5 мутаций, без округления — 3,91 мутации) к базовому гаплотипу армян группы Z93:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 14 15 16 11 11 19 23 16 16 18  
19 34 38 13 11,

с датировкой общего предка  $4500 \pm 545$  лет назад, практически той же в пределах погрешности, что и «испанского» общего предка. Это так-

же совпадает с временем образования сніпа Z93 (32 сніп-мутации, или  $4600 \pm 400$  лет, назад). 3,91 мутации на 37 маркерах соответствует по времени  $3,91/0,09 = 43 \rightarrow 45$  условным поколениям, или 1125 годам дистанции между двумя общими предками, и общий предок этих двух базовых гаплотипов (испанского и армянского) жил  $(1125 + 4340 + 4500)/2 = 4980$  лет назад, что практически совпадает с датировкой образования сніпа Z93.

Эти пять конечных сніпов гаплотипов группы R1a в «Испанском проекте» FTDNA имеют следующие цепочки сніпов:

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > Y7094 > Y5992 > **KMS36** (= KMS45) (2 человека),

R1a-Z645 > Z93 > YP1451 > **FT92252** > **FT18348** (= Y183389) (последний сніп — 2 человека).

Наконец, из 11 сніпов гаплогруппы R1a представителей Испании девять относятся к южноарийской линии Z93, один — представитель архаической линии M459 и один — линии Русской равнины Z280:

R1a-M420 > M459 > YP1272 > YP1276 > **Y53588**,

R1a-Z645 > Z93 > YP1451 > **FT92252** > **Y183389** (последний сніп — 3 человека),

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > F2935 > YP4768 > **Y86945**,

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > CTS7297 > CTS2736 > **CTS10041** (2 человека).

Сніп CTS7297 найден у армян, но при всей похожести на линию евреев гаплогруппы R1a она к евреям по последним нескольким сніпам не относится.

R1a-Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 > Z2123 > Y934 > Y7094 > Y5992 > **KMS45** (2 человека).

R1a-Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > **FGC13681**.

Последний сніп (выделен) найден у эстонцев и описан в соответствующей главе.

### Гаплогруппа I1

Эта гаплогруппа в Испании имеет такого же общего предка (практически такой же предковый гаплотип), как и по всей Европе, до Скандинавии

и до Урала. Это предковый гаплотип носителя I1, который пережил истребление носителей гаплогруппы I1 в Европе ориентировочно в середине III тыс. до н. э., во время заселения континентальной Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b. Гаплотипы его потомков образуют достаточно компактную ветвь на дереве на рис. 227, которая воспроизведена на рис. 230. Обратим внимание на то, что в этой ветви — только гаплотипы группы I1 и нет «примесных» гаплотипов других гаплогрупп. Это означает, что гаплотипы группы I1 достаточно характерны, чтобы «отстроиться» от других гаплотипов. Их базовый гаплотип следующий:

13 **23** 14 10 13 **15** 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 **19** 35 37 12 10,

с датировкой общего предка  $2620 \pm 310$  лет назад. Этот базовый гаплотип отличается всего на 3 мутации от соответствующего «референсного» предкового гаплотипа группы I1 по всей Европе (на первых 37 маркерах), рассчитанного из 968 гаплотипов в 111-маркерном формате:

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11,

с датировкой общего предка  $3700 \pm 370$  лет назад. Три мутации между ними эквивалентны по времени  $3/0,09 = 33 \rightarrow 34$  условным поколениям, или 850 годам, и их общий предок жил  $(850 + 3700 + 2620)/2 = 3585$  лет назад. Это и есть датировка общего предка гаплотипов гаплогруппы I1 в Европе.

В списке YFull есть 10 представителей Испании с гаплогруппой I1. Соответствующие цепочки снипов следующие:

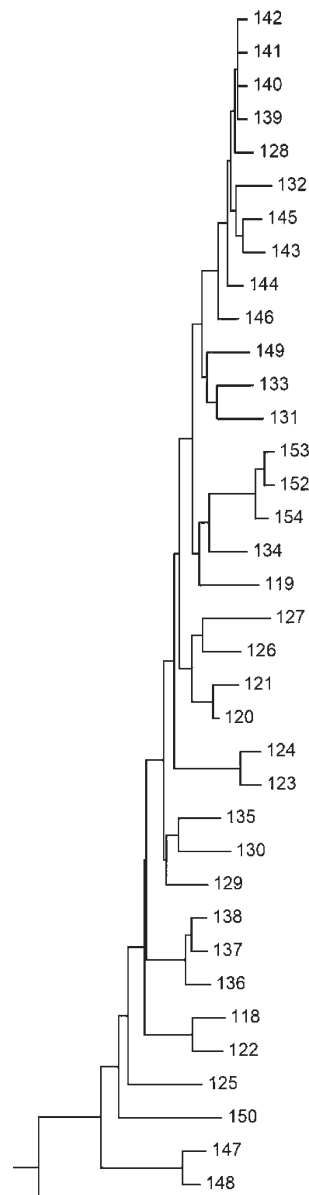
I1-M253 > I1a-DF29 > A5697 > **A5718**.

Такой же снип (выделен) найден в Андорре.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > **S2077**.

Такой же снип (выделен) найден в Англии, Чехии, Норвегии.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > Y4245 > Y3968 > **I1242**.



**Рис. 230.** Ветвь гаплогруппы I1 из 36 гаплотипов в 37-маркерном формате (под номерами 118–150, 152–154), показанная на дереве гаплотипов на рис. 227 в правой верхней части дерева. Гаплотипы показаны в «Иберийском проекте» FTDNA

Такой же снип (выделен) найден в Польше и Турции.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z63 > BY151 > FGC81364 > S2078 > S2077 > Y2245 > Y7234 > **Y7666**.



Такой же снип (выделен) найден в Болгарии, Италии, Франции.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8647 > Z60 > Z140 > Z141 > A196 > Y6900 > Y7140 > Y18586 > **Y183653**.

Такая же линия (до снипа Y7140) найдена в Мещере.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z2336 > Z2337 > S6346 > L22 > Y3549 > S25633 > P109 > FGC16695 > Y14999 > **FT26559** > **Y182227** (по 2 человека — выделенные снипы).

I1-M253 > I1a-DF29 > Y2592 > Z2336 > Y3866 > **Y164166**.

Такой же снип (выделен) найден в Андорре. Он образовался 20 снип-мутаций, или примерно 2,9 тыс. лет, назад.

### Гаплогруппа J1

Это — минорная по численности гаплогруппа в Испании, ее относительное содержание там варьируется от 0,5 % (в Стране басков) до 4 %. Ветвь гаплотипов гаплогруппы на дереве гаплотипов достаточно компактная (рис. 231), некоторая неоднородность вызвана, видимо, наличием нижестоящих субкладов. Базовый гаплотип ветви следующий:

**12 23 14 10** 13 17 11 **16** 11 13 **11** 30 — 17 8 9 11  
11 25 14 20 26 12 14 16 17 — 11 10 21 22 15 14  
18 18 32 35 12 10,

общий предок ветви жил  $4590 \pm 520$  лет назад. Здесь выделены 6 маркеров «предкового гаплотипа Авраама», и полное совпадение их с «референсными» значениями говорит о том, что эти гаплотипы имеют древнее еврейское происхождение. Это неудивительно, поскольку Пиренейский полуостров и Испания как часть его были местом жительства большого числа евреев вплоть до Средних веков, когда почти все евреи были оттуда изгнаны, кроме тех, кто принял католичество. Видимо, гаплотипы их потомков мы видим в гаплогруппе J1. В 111-маркерном «референсном» предковом гаплотипе евреев и арабов гаплогруппы J1 мы видим тот же 6-маркерный «гаплотип Авраама»:

**12 23 14 10** 13 18 11 **16** 11 13 **11** 30 — 18 8 9 11  
11 25 14 20 25 12 14 16 17 — 11 10 22 22 15 14  
18 18 32 36 12 10 — 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12  
21 22 18 10 12 12 16 8 12 25 21 14 12 11 14 12 12

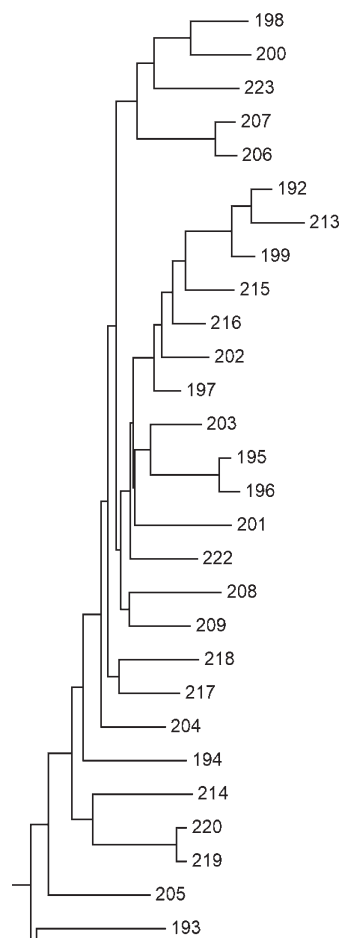
12 11 — 34 15 8 15 12 25 27 20 13 12 12 11 12 9  
11 11 10 11 11 29 11 13 22 15 11 10 20 15 20 10  
23 15 11 15 24 12 21 18 9 15 17 9 11 11.

В списке YFull имеются всего 3 представителя Испании с гаплогруппой J1, и их соответствующие цепочки снипов имеют вид:

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > ZS6599 > ZS6638 > Y169874 > **Y169631**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > FGC4745 > ZS6270 > ZS6261 > **ZS6262**,

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > Z2317 > Z2313 > YSC0000234 > **Z1884**.

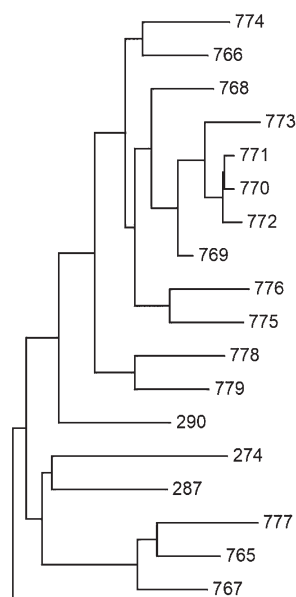


**Рис. 231.** Ветвь гаплогруппы J1 из 28 гаплотипов в 37-маркерном формате, показанная на дереве гаплотипов на рис. 227 в правой части дерева. Гаплотипы показаны в «Иберийском проекте» FTDNA

Первый выделенный снип (Y169631) относится к древней линии, он образовался 74 снип-мутации, или примерно 10,7 тыс. лет, назад. Две последующие линии представляют типичные линии евреев, обе проходят через снип YSC0000234 и затем расходятся. Сам снип YSC0000234 образовался 31 снип-мутацию, или примерно 4,5 тыс. лет, назад, так что расхождение обеих линий происходило уже во времена становления евреев.

### Гаплогруппа Т

Эта гаплогруппа встречается в Испании в относительных количествах от 0 (баски) до 2,5 % по разным выборкам. Она образует относительно компактную ветвь на дереве гаплотипов на рис. 227, приведенную на рис. 232.



**Рис. 232.** Ветвь гаплогруппы Т из 15 гаплотипов в 37-маркерном формате, показанная на дереве гаплотипов на рис. 227 в правой части дерева. Гаплотипы показаны в «Иберийском роекте» FTDNA. Три гаплотипа под номерами 274, 287 и 290 попали в ветвь случайно, они относятся к гаплогруппе J2a

Базовый гаплотип этой ветви имеет следующий вид:

13 23 15 10 14 16 11 12 12 13 13 30 17 9 9 11 13  
26 14 19 34 11 13 15 16 10 10 23 24 15 14 17 18  
36 38 12 9,

с датировкой жизни общего предка  $5065 \pm 610$  лет назад.

Данный гаплотип относительно похож на базовые гаплотипы гаплогруппы Т, например, из Италии и Турции, отличаясь от них на 3–5 мутаций, и более недавний ( $6200 \pm 710$  и  $5600 \pm 750$  лет назад соответственно).

Регион происхождения этой гаплогруппы остается спорным, впрочем, как и всех гаплогрупп. Как отмечалось ранее, есть основания считать, что этот регион — Месопотамия, Ближний Восток.

В списке YFull имеются 7 представителей Испании с гаплогруппой Т, соответствующие цепочки снипов следующие:

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > L131 > Y6033 > CTS933 > Z19890 > CTS3767 > CTS8485 > CTS9984 > Z19945 > **CTS1848**.

Такой же конечный снип (выделен) найден в Бельгии и Италии.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > Y63197 > **Y152024**,

Такой же конечный снип (выделен) найден в Турции.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > Z710 > Y4983 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4990 > CTS6507 > Y4963 > CTS9882 > Y4981 > Y5676 > **Y5674**.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Z709 > CTS7703 > Z710 > L906 > Y4984 > P77 > Y4964 > Y4956 > CTS6507 > CTS6280 > Y32895 > **BY5979**.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y4119 > CTS2214 > Y15127 > **Y3781** > Y3858 > Y3782 > Y3836 > Y3833 > **Y4122**.

T-M184 > T1-L206 > T1a-M70 > T1a1-L162 > L208 > CTS11451 > Y6671 > Y12643 > PF7443 > Y37311 > Y37800 > **PF7444**.

Такой же конечный снип (выделен) найден у евреев. Последний снип образовался 26 снип-мутаций назад, или примерно 3,7 тыс. лет назад.

### Гаплогруппы Q, L, C, F, O, N, K

Эти гаплогруппы для испанцев нехарактерны, встречаются в относительных количествах менее 0,3 % (по результатам «Иберийского проекта») и рассматриваться здесь не будут. В качестве редких примеров рассмотрим цепочки снипов для «испанских» гаплогрупп Q и C:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1b-L56 > Y2659 (= Y4801) > L940 > L932 > L933 > BZ1466 > L939 > BZ1499 > **BY106206**.

Последний снип (выделен) найден в Грузии.

C-M130 > C1-F3393 > C1a-CTS11043 > Y11591 > B20 > V86 > V182 > **Y10490**.

Последняя линия — очень древняя и определенно недотипирована, выделенный снип образовался 109 снип-мутаций, или примерно 16 тыс. лет, назад.

### 136. ЛАТГАЛЬЦЫ (ЛАТГАЛЫ)

При Всероссийской переписи населения было 1089 человек, которые записали в опросных листах себя «латгальцы» или «латгалы». Это название коренного населения культурно-исторической Восточной части Латвии, российские латгальцы в основном проживают в Красноярском крае и Новосибирской области. В Латвии

численность латгальцев составляет более 160 тыс. человек.

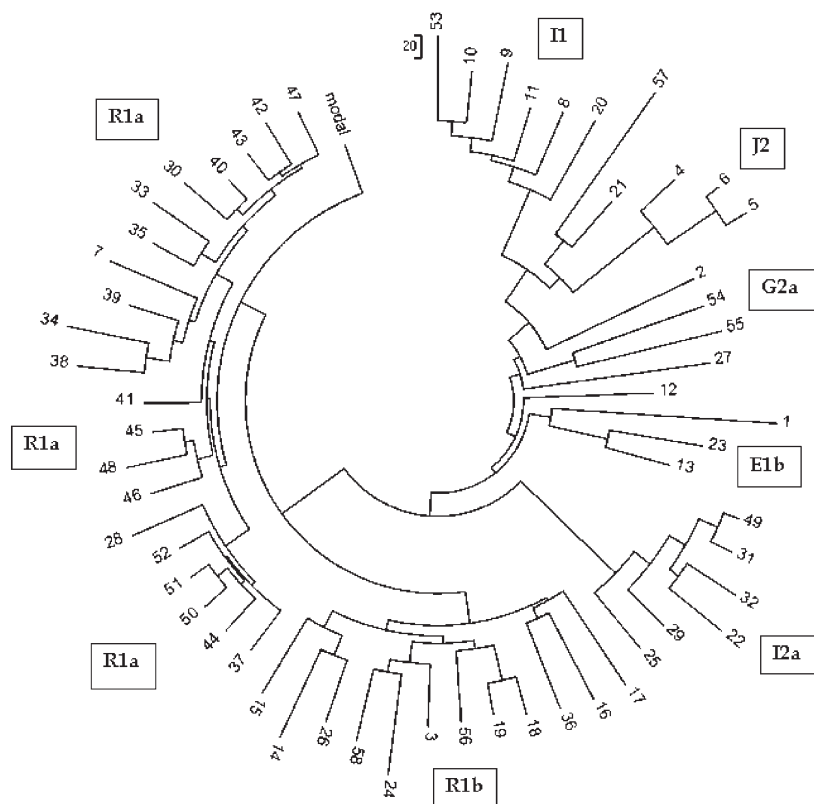
Данных латгальцев по их ДНК-тестированию в литературе не обнаружено.

### 137. СЛОВЕНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 1008 словенцев, что составляет крайне малую долю от общего числа словенцев в 2,0–2,5 млн человек. Состав словенцев по гаплогруппам приведен в табл. 122. На удивление, словенцы мало интересуются своим ДНК-происхождением, и их Проект «Словения» FTDNA содержит всего 75 гаплогрупп (https://www.familytreedna.com/public/slovenia?iframe=yresults). О том же свидетельствует и список YFull, в котором размещаются данные с «глубокими» снипами. Бедное его представительство в отношении словенцев показывает, что они мало определяют у себя такие снипы.

**Таблица 122.** Состав гаплогрупп словенцев, по данным сайта Eupedia (https://www.eupedia.com/europe/european\_y-dna\_haplogroups.shtml), Проекта «Словения» FTDNA (https://www.familytreedna.com/public/slovenia?iframe=yresults) и списка YFull (https://www.yfull.com/tree/)

Гаплогруппа	Словенцы, сайт Eupedia, 250–500 чел., %	Словенцы, Проект FTDNA, 75 чел., %	Число снипов словенцев по списку YFull
R1a	38	37	6
Z280	н/п	н/п	6
M458	н/п	н/п	0
Z93	н/п	н/п	0
Z284	н/п	н/п	0
I2a	22	8	0
I2a-L460	20,5	8	0
I2a-M223	1,5	0	0
R1b	18	23	2
P312	н/п	н/п	2
U106	н/п	н/п	0
Z2103	н/п	н/п	0
I1	9	9	12
E1b	5	5	0
J2a	2,5	8	3
G	1,5	7	0
T	1	1	0
L	0	1	0
J1	0	0	0
Q	0	0	0
N	0	0	0



**Рис. 233.** Дерево из 58 гаплотипов в 37-маркерном формате словенцев из базы данных «Словения» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/slovenia?iframe=yresults>. Показаны основные ветви дерева

Как часто бывает в подобных «Проектах», в словенском исходно имеются 144 гаплотипа, но почти половина их — представители других народов, и после соответствующего сокращения осталось 75 человек, которые указали Словению как страну происхождения себя и своих предков.

Мы видим, что у словенцев в наибольшей степени представлена гаплогруппа R1a, за ней со значительным отрывом следуют гаплогруппы I2a и R1b, доля которых примерно одинакова, причем R1b представлена в основном западно-европейским субкладом P312, далее гаплогруппа I1, после чего следуют минорные по численности гаплогруппы.

Гаплотипы словенцев из Проекта FTDNA в 37-маркерном формате представлены на дереве на рис. 233. Мы видим, что вся левая половина дерева состоит из гаплотипов группы R1a, рядом — тоже относительно широкая ветвь группы R1b, и вместе с последующей на дереве группой I2a эти три гаплогруппы составляют две трети словенцев.

### Гаплогруппа R1a

Это — преобладающая по численности гаплогруппа среди словенцев, на рис. 233 она занимает около половины дерева гаплотипов. К сожалению, в Проекте FTDNA «глубокие» сніпы определены всего у 4 гаплотипов из 21, все они относятся к субкладу Русской равнины Z280, их цепочки сніпов следующие:

Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > **CTS3402** > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y3226 > Y3219 > YP1144 > PH3519 > **PH3782**,  
 Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y2613 > **Y40718** (= Y41337),  
 Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y2613 > **BY110446**.

Более того, мы видим, что все 4 сніпа словенцев относятся к балто-карпатской ветви сніпа CTS3402.

Вся ветвь гаплогруппы R1a на рис. 233 имеет следующий базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11  
 11 24 14 20 32 13 15 15 16 — 11 11 19 23 17 16  
 18 19 35 38 13 11,

с датировкой общего предка  $3950 \pm 470$  лет назад. Этот «словенский» базовый гаплотип отличается всего на 5 мутаций от первых 37 маркеров предкового «референсного» гаплотипа балто-карпатской ветви CTS3402:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10  
11 11 23 14 20 32 13 15 15 16 — 11 12 19 23  
16 16 18 19 34 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10  
8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12  
12 11 13 11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19  
12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13  
9 10 19 15 19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15  
17 9 11 11,

с датировкой общего предка  $3700 \pm 380$  лет назад, хотя сам снип CTS3402 образовался 32 снип-мутации, или примерно 4,6 тыс. лет, назад и на 3 мутации отличается от «референсного» предкового гаплотипа русских субклада Z280 с Русской равнины:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10  
11 11 24 14 20 32 12 14 15 16 — 11 11 19 23  
16 16 18 19 35 38 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10  
8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12  
12 11 13 11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19  
12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13  
9 10 19 15 19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15  
17 9 11 11,

с датировкой общего предка  $4490 \pm 470$  лет назад.

Таким образом, словенские гаплотипы показывают суперпозицию разных ветвей субклада Z280, в том числе (возможно, при преимуществе) балто-карпатской ветви. Проверим это по списку YFull, в котором есть 6 представителей словенцев гаплогруппы R1a:

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > Y3226 > Y3219 > YP1144 > PH3519 > **PH3782** (2 человека) > **BY32501**,

Z280 > CTS1211 > YP343 > YP340 > P278 > **BY29685**.

Этот снип найден также в России, Венгрии, Чехии.

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y2613 > **Y41337**.

Этот снип найден также в России и Польше.

Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > Y2613 > Y2609 > Y2608 > **BY27373**.

Мы видим, что из 6 снипов словенцев все шесть относятся к карпатской линии CTS1211, из них пять — к балто-карпатской линии CTS3402.

## Гаплогруппа I2a

На дереве гаплотипов (рис. 233) эта гаплогруппа образует компактную ветвь с базовым гаплотипом:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 20 32 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10,

с датировкой общего предка  $1810 \pm 350$  лет назад. Этот гаплотип в точности совпадает на первых 37 маркерах с «референсным» предковым гаплотипом субклада I2a-Y3120, общий предок которого жил  $2200 \pm 230$  лет назад, то есть в пределах погрешности расчетов со «словенским» базовым гаплотипом.

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 — 17 8 10 11  
11 25 15 **20 32** 12 14 15 15 — 10 10 21 21 15 12  
18 18 34 35 11 10 — 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12  
22 22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11  
12 9 — 31 14 8 14 11 27 27 19 12 11 11 13 11 9 13  
11 10 11 12 31 11 12 22 15 11 10 23 15 18 11 25  
14 11 16 23 11 23 18 10 15 19 9 12 11.

Действительно, 3 из 6 типированных на «глубокие» субклады гаплотипа имеют следующие цепочки снипов:

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > **Y4460** > Y3106 > **A6106** (= A6105),

I2-M438 > I2a1-L460 > P37 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS4002 > CTS5966 (= L147) > Y3120 > S17250 > Y4882 > **A1328**.

Эти снипы (выделены) образовались соответственно 14, 14 и 10 снип-мутаций, или приблизительно 2 тыс., 2 тыс. и 1,4 тыс. лет назад. Неудивительно, что датировка общего предка ветви группы I2a равна  $1810 \pm 350$  лет назад. Как обычно, датировка по снипам и по гаплотипам дала согласующиеся результаты.

Словенцев в списке YFull с гаплогруппой I2 нет.

## Гаплогруппа R1b

Эта гаплогруппа образует довольно большую ветвь на дереве гаплотипов словенцев с базовым гаплотипом:

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 **37** 38 12 12,

и датировкой общего предка  $4440 \pm 570$  лет назад. Этот гаплотип отличается всего на 2 мута-



ции (выделены) от «референсного» предкового гаплотипа субклада P312 с датировкой общего предка  $4350 \pm 700$  лет назад, то есть практически такой же, как и словенского базового гаплотипа, в пределах погрешности расчетов.

13 24 14 11 11 14 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 17 17 — 11 11 19 23 15 15  
18 17 36 38 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10  
11 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13  
11 11 12 12 (P312).

Таким образом, словенские гаплотипы группы R1b фактически происходят из культуры колоколовидных кубков (4,8 тыс. — 4 тыс. лет назад) из Западной Европы. Об этом свидетельствуют и два «глубоких» снипа, на которые были типированы гаплотипы из этой ветви:

**P312 > DF99 > FT3450 (= BY3449).**

Остальные гаплотипы были типированы только на поверхностные снипы, типа M269.

В списке YFull есть всего 2 словенца гаплогруппы R1b, цепочки снипов у которых следующие:

P312 > U152 > Z36 > CTS5531 > CTS9981 > **Z37**,

P312 > U152 > L2 > Z49 > S8183 > FT44656 > **Y17176**.

Мы видим, что это опять снипы линии P312.

## Гаплогруппа I1-M253

Гаплотипы этой гаплогруппы в Словении практически ничем не отличаются от гаплотипов по всей Европе. Компактная ветвь гаплотипов этой группы в верхней правой части дерева на рис. 233 имеет базовый гаплотип:

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 — 15 8 9 8  
11 **22** 16 20 28 12 14 15 16 — 10 10 19 21 14 14  
16 20 **34** 37 12 10,

с датировкой общего предка  $2840 \pm 480$  лет назад. Это практически совпадает с датировкой общего предка, например, румынских гаплотипов группы I1 ( $2800 \pm 430$  лет назад) и отличается всего на 2 мутации (выделены) на первых 37 маркерах по сравнению с «референсным» 111-маркерным базовым гаплотипом, полученным при обработке 968 европейских гаплотипов в 111-маркерном формате (с датировкой общего предка  $3686 \pm 369$  лет назад без округления):

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 — 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 — 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11  
11 10 12 12 31 11 13 21 16 11 10 24 15 19 11 24  
17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11.

Здесь надо напомнить, что датировка  $3686 \pm 369$  лет назад получена по всей Европе, включая Скандинавию и Британские острова, и показывает, когда носители этой гаплогруппы прошли «бутылочное горлышко» выживания, а датировки по регионам отражают времена, когда носители этой выжившей гаплогруппы прибыли в очередной регион. Надо учесть и то, что, например, для Словении расчет проведен всего по 6 гаплотипам, которые содержались в Словенском проекте в 37-маркерном формате, но, как видим, базовый гаплотип почти точно отражает «общеευропейский предковый», а малое число гаплотипов могло равновероятно завysить или занижить датировку. В любом случае, нас здесь интересует не точная датировка (она все равно невозможна при погрешностях в несколько столетий), а принципиальный ответ об общности гаплотипов группы I1 по всей Европе.

«Глубокие» снипы гаплогруппы I1 словенцев относительно хорошо представлены в списке YFull. Соответствующие цепочки снипов следующие.

I1 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > Z2041 > Z2040 > Y3560 > Y3568 > Y14516 > **Y3562** > Y3563 > **FGC12743** > **FGC12751** (3 человека) > **BY93052** (2 человека).

Последний выделенный снип образовался всего 3 снип-мутации, или примерно 430 лет, назад.

I1 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > Z2041 > Z2040 > Y3560 > Y3568 > Y14516 > Y3562 > Y3563 > FGC12743 > FGC12751 > **FGC12749** (3 человека) > **FGC12753**.

Мы видим, что две предыдущие линии являются для ряда словенцев «династическими», включая 11 человек. Последний выделенный снип образовался всего одну снип-мутацию, то есть примерно 140 лет, назад.

I1-M253 > I1a-DF29 > Z58 > Z59 > CTS8647 > Z60 > Z140 > Z141 > Z2535 > Z2538 > Z2536 > S2202 > **A16098**.

Последний выделенный снип образовался 13 снип-мутаций, или примерно 1,9 тыс. лет назад.

Надо заметить, что все 12 снипов словенцев из списка YFull и показанные выше являются относительно недавними и образовались во временном интервале от 2,4 тыс. (17 снип-мутаций) до 140 лет назад (1 снип-мутация). Это в целом согласуется с датировкой общего предка выборки словенских гаплогрупп, приведенной выше и равной  $2840 \pm 480$  лет назад.

### Гаплогруппы J2a, E1b, G2a, T и L

Эти гаплогруппы у словенцев являются минорными по численности, то есть представлены единичными примерами в Словенском проекте и списке YFull (или в последнем вообще не представлены), и здесь в деталях рассматриваться не будут. Приведем только цепочки снипов для тех немногих гаплогрупп в Словенском проекте, для которых были определены «глубокие» мутации, и в списке YFull для сопоставления.

Все образцы словенцев в Проекте относились к субкладу J2a:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5160 > L24 > Y22662 > L25 > Z438 > Z387 > L70 > Z435 > Z2148 > CTS3601 > **PF5456**,

J2-M172 > J2b-M102 > Z534 > Z1825 > Z593 > M241 > L283 > Z585 > Z615 > Z597 > Z2507 > Z638 (= Z1296) > Z1297 > Z1295 > Y21878 > CTS11100 > **BY201552** (= Y166564),

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > Y5014 > Y8344 > Y8349 > Y8356 > **FGC30603**.

То же самое наблюдалось в списке YFull, в котором приведены два последних снипа (выделены), один из них определен для двух представителей Словении.

Для остальных гаплогрупп в названии этого раздела данные в списке YFull отсутствуют, и в Словенском проекте для немногих (единичных) гаплогрупп приведены только самые поверхностные снипы, на уровне M35 для гаплогруппы E1b и M201 для гаплогруппы G. В таком варианте их анализ большого смысла не имеет.

## 138. ЧУВАНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживает 1002 чуванца, из которых 90 % числятся в Чукотском автономном округе, еще 6 % живут в Магаданской области.

Сведений о ДНК-тестировании чуванцев в литературе не найдено.

## 139. БРИТАНЦЫ

В ходе Всероссийской переписи населения 950 человек записали в опросных листах, что они по происхождению британцы. Видимо, это сводный термин, поскольку в окончательных списках Переписи они числятся как англичане, валлийцы, уэльсцы, шотландцы. Ирландцев в переписных списках не было.

Поскольку ситуация с записавшимися таким образом не очень определена и количество их относительно мало, мы не будем здесь проводить детальное рассмотрение десятков тысяч гаплогрупп этих «британцев» из многочисленных баз данных, в первую очередь FTDNA. Вместо этого мы ограничимся данными сайта Eupedia, которые относительно информативны, и списком YFull, поскольку последние многократно показали себя по результатам этой книги как вполне представительные. Данные приведены в табл. 123–124.

Надо сказать, что в списке YFull жители Британских островов сообщали — при предоставлении своих «глубоких» снипов — свою самоидентификацию как англичане, ирландцы, шотландцы, уэльсцы и «великобританцы». При этом они дополнительно часто указывали графство, что для «великобританцев» были города или графства Англии — как Йорк (город, столица графства Северный Йоркшир) или Северный Йоркшир, или Кент, Суррей, Суффолк, Эссекс, Девон, Кирклис (правительственный район в графстве Западный Йоркшир в Англии) и так далее. Отсюда ясно, что в отношении записей в списке YFull Великобритания (Great Britain) фактически то же, что и Англия, но по своим причинам представители Англии записывали себя так или иначе. В ряде случаев число снипов под названием «Великобритания» было больше, чем под названием «Англия». Поэтому было принято решение оставить колонку «Великобритания» в табл. 123.

**Таблица 123.** Состав гаплогрупп жителей Британских островов (англичане и ирландцы), по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>)

Гаплогруппа	Англичане, сайт Eupedia, 250–500 чел., %	Англичане, число сніпов по списку YFull	Великобритания, число сніпов по списку YFull	Ирландцы, сайт Eupedia, > 1000 чел., %	Ирландцы, число сніпов по списку YFull
R1b	67	379	343	81	466
P312	н/п	245	269	н/п	432
U106	н/п	122	72	н/п	29
Z2103	н/п	12	2	н/п	5
I1	14	169	180	6	49
I2a	7	97	117	6	133
I2a-L460	2,5	43	44	1	65
I2a-M223	4,5	54	73	5	68
I2a-Y3120	н/п	0	0	н/п	0
R1a	4,5	58	50	2,5	15
L664	н/п	20	12	н/п	6
Z284	н/п	15	29	н/п	8
Z93	н/п	12	3	н/п	0
Z280	н/п	4	4	н/п	0
M458	н/п	1	1	н/п	0
Другие (M417)	н/п	5	1 (YР4141)	н/п	1
J2	3,5	21	25	1	5
E1b	2	62	17	2	13
G2a	1,5	12	25	1	5
J1	0	2	4	0	2
T	0,5	0	2	0	2
Q	0,5	8	8	0	2
N	0	2	7	0	0
R2	0	0	1	0	0
H	0	1	2	0	1
C	0	0	1	0	0

### Гаплогруппа R1b

Как мы видим, на Британских островах с большим отрывом доминирует гаплогруппа R1b (70–80 % от всех), причем в ее составе преобладает субклад P312 — 65–78 % у англичан, 85 % у шотландцев, 93–94 % у ирландцев и уэльсцев. Важно отметить, что это не автохтонная, коренная гаплогруппа на Британских островах, она пришла туда с носителями культуры колоколовидных кубков в ходе заселения ими Европы, начиная с середины III тыс. до н. э. Показательно, что субклада U106, который образовался, как и P312, около 5 тыс. лет назад, то есть в начале III тыс. до н. э., на Островах относительно мало, 21–32 %

у англичан, 14 % у шотландцев, 6 % у ирландцев и уэльсцев. Вместо Островов, носители субклада U106 устремились на север Европы. Возможно, они вообще не относились к культуре колоколовидных кубков.

Еще исторически важная особенность гаплогруппы R1b на Островах состоит в том, что там почти нет субклада ямной культуры, Z2103 — вообще нет в Уэльсе по данным выборкам, всего 1 образец из 373 в Шотландии, от 2 до 12 образцов (0,6–3 %) в Англии, 5 образцов из 466 (1,1 %) в Ирландии. Это, конечно, никак не стыкуется с курганной теорией М. Гимбутас, как описано в предыдущих разделах этой книги.

**Таблица 124.** Состав гаплогрупп жителей Британских островов (шотландцы и уэльсцы/валлийцы), по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Валлийцы — синоним названия уэльсцев

Гаплогруппа	Шотландцы, сайт Eupedia, 500–1000 чел., %	Шотландцы, число снийов по списку YFull	Уэльсцы, сайт Eupedia, 250–500 чел., %	Уэльсцы, число снийов по списку YFull
R1b	72,5	373	74	36
P312	н/п	318	н/п	34
U106	н/п	54	н/п	2
Z2103	н/п	1	н/п	0
I1	9	105	12	5
I2a	5	98	4	11
I2a-L460	1	32	1	5
I2a-M223	4	66	3	6
I2a-Y3120	н/п	0	н/п	0
R1a	8,5	58	1	1
L664	н/п	0	н/п	0
Z284	н/п	48	н/п	0
Z93	н/п	3	н/п	0
Z280	н/п	2	н/п	0
M458	н/п	0	н/п	0
Другие (M417)	н/п	0	н/п	1 (Z283)
J2	2	7	0,5	0
E1b	1,5	7	4	2
G2a	0,5	2	2,5	3
J1	0	1	0	2
T	0,5	1	1	0
Q	0,5	1	0	0
N	0	1	0	0
H	0	1	0	0
L	0	0	0	0
C	0	0	0	0

### Гаплогруппа I1

Поскольку основная доля гаплогрупп на Островах относится к R1b, остальные по определению занимают умеренную или малую долю. К умеренной доле относятся носители гаплогруппы I1, от 6 % (ирландцы) до 14 % (англичане), в тот же диапазон попадают шотландцы и уэльсцы. Число снийов в списке YFull с этими данными согласуется, их больше всего у англичан (169–180 снийов), меньше всего у ирландцев (6 снийов) и уэльсцев (5 снийов), промежуточное положение занимают шотландцы (105 снийов). Это — коренная европейская гаплогруппа, кото-

рая нашла убежище на островах и относительно выжила. Возможно, это по происхождению пикты или другие автохтонные жители Островов.

### Гаплогруппа I2a

Это — тоже коренная гаплогруппа Европы, которую постигла та же печальная судьба подвергнувшихся геноциду на континенте. По данным, представленным ранее в этой книге, общий предок гаплогруппы I2a на Островах, в основном субклада M223, жил около 5 тыс. лет назад, а на Балканах, в основном субклада Y3120, южнославянской ветви, жил примерно 2,2 тыс. лет назад.

Доля этой гаплогруппы на Островах составляет от 4 до 7 % у англичан, ирландцев, шотландцев и уэльсцев, в целом близко друг к другу. Если мы посмотрим на количество снипов в списке YFull, то их 97–117 у англичан, 133 у ирландцев, 98 у шотландцев и всего 11 у уэльсцев. Южнославянской ветви нет ни у кого из перечисленных, что неудивительно. У всех преобладает местная ветвь I2a-M223, та, носители которой бежали на Острова в ходе геноцида.

### Гаплогруппа R1a

Гаплогруппа R1a на Островах представлена в основном субкладами L664 (северо-западноевропейский) и Z284 (скандинавский), которых в современной России нет и в ископаемых ДНК на Русской равнине не обнаружено.

Так, в Англии суммарная доля этих двух субкладов равна 60–82 %, в Ирландии — 93 %, в Шотландии — 83 %, а в Уэльсе гаплогруппы R1a практически нет. В Англии есть еще южноамериканский субклад Z93, между 6 и 21 % от всех R1a, в Шотландии — 5 %, в Ирландии и в Уэльсе его нет. Такой разницей позволяет предположить, что Z93 образовался не на Островах, поскольку за 4750 лет (время образования Z93) он бы разошелся по Островам достаточно равномерно. Этот субклад скорее отражает приход в Британию скифов в относительно недавние времена.

Славянских (по сути) субкладов Z280 и M458 на Островах очень мало, в Англии 5 из 58 (9 %) и 5 из 50 (10 %) по разным выборкам, в Шотландии 2 из 58 (3,4 %), в Ирландии и Уэльсе их нет вообще. Опять, это скорее относительно недавние «визитеры», пока не будут найдены древние (ископаемые) гаплогруппы R1a-Z280 или R1a-M458 на Островах.

Остальные гаплогруппы, которых больше десятка, являются минорными по численности, и соответствующие данные в табл. 123–124 рассматриваться здесь не будут.

## 140. ЯПОНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, число россиян, которые указали в опросных листах, что они японцы, составило 888 человек.

ДНК-рассмотрение японцев в целом намного проще, чем многих других народов. В отличие от

европейцев, которые, как правило, происходят из регионов на «перекрестках цивилизаций» и представляют множественные наборы гаплогрупп, у японцев таких гаплогрупп всего несколько, как показано в табл. 125.

### Рассмотрение «Японского проекта» FTDNA

В «Японском проекте» FTDNA исходно содержались 132 гаплотида, многие из которых включали гаплотипы неазиатского происхождения, как по территориям, так и по фамилиям. После исключения «примесей» в Проекте остались 93 гаплотида, и после исключения 12- и 25-маркерных гаплотипов остались 76 гаплотипов в 37-маркерном формате, с которыми и проводились расчеты.

На рис. 234 приведено дерево гаплотипов японцев. Почти всю правую половину дерева (кроме нескольких гаплотипов группы C) занимают гаплотипы группы O, большую часть левой части дерева занимает гаплогруппа D, и 4 гаплотипа в нижней части дерева относятся к гаплогруппе N. Рассмотрим это подробнее.

### Гаплогруппа O

Ветвь этой гаплогруппы состоит из двух подветвей, верхняя справа на дереве гаплотипов (рис. 234) — субклада O2-M122, например, цепочки снипов, ведущие к конечным снипам P201 (гаплотип под номером 73) или F706 (гаплотип под номером 86):

O-M175 > O2-M122 > O2a-M324 > **P201** > P164 > F3237 > F871 > **F706**,

нижняя ветвь справа — субклада O1-F265, например, цепочки снипов, ведущие к конечным снипам K2 (гаплотип под номером 58) и K14 (гаплотип под номером 49) или L682 (гаплотип под номером 89).

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > 47Z > **K2** > **K14**,

O-M175 > O1-F265 > O1b-M268 > P49 > F1658 > CTS9259 > K10 > K4 > **L682**.

Подветвь субклада O1-F265 имеет базовый гаплотип:

13 22 15 10 10 19 11 12 12 14 13 30 — 18 9 10 11  
11 25 14 18 30 13 15 16 17 11 11 19 23 15 13 18  
19 34 37 11 13,

с датировкой общего предка  $4200 \pm 490$  лет назад, подветвь субклада O2-M122 имеет базовый гаплотип:



12 24 15 10 13 19 11 11 11 12 13 28 — 17 9 9 11  
11 23 15 20 32 12 13 14 15 10 11 19 21 15 15 18  
18 34 37 11 10,

с датировкой общего предка  $7590 \pm 890$  лет назад. Между этими базовыми гаплотипами имеется 35 мутаций (!), что разводит общих предков этих гаплотипов на  $35/0,09 = 389 \rightarrow 695$  условных поколений, или примерно 17,4 тыс. лет, назад, и их общий предок жил  $(17\,400 + 4200 + 7590)/2 = 15\,000$  лет назад.

Многие «японские» снипы найдены в Корее и Китае, это показывает, что древние миграции будущих японцев, по всей вероятности, шли через Китай и/или Корейский полуостров. Так, из 52 конечных «японских» снипов в списке YFull (табл. 125) 10 найдены в Китае и 7 — в Южной Корее. Самые древние снипы гаплогруппы О, которые найдены непосредственно в их носите-

лях (не нижестоящие снипы), были образованы 28,3 тыс. лет назад (в Корее), 26,8 тыс. лет назад (во Вьетнаме), 22,7 тыс. лет назад (в Китае) и 11,7 тыс. лет назад (в Японии).

### Гаплогруппа D1a

Эта гаплогруппа занимает почти всю левую половину дерева на рис. 234. В целом, эта гаплогруппа выражена больше всего в Японии, во всяком случае по современным данным ДНК-тестирования. В списке YFull имеются 33 образца японцев, 7 — китайцев, 5 — индийцев и по 1 — из Филиппин, Тайваня, Узбекистана, Казахстана и Украины. Показательно, что ни одного корейца в списке нет, хотя в разделе гаплогруппы О было 52 японца и 49 корейцев. Отсюда достаточно очевидно, что носители гаплогруппы О прибыли на японские острова, наиболее вероятно, через Корейский

**Таблица 125.** Состав гаплогрупп японцев, по данным статьи И. Л. Рожанского\*, Hammer et al.\*\*, Kim et al.\*\*\*, «Японского проекта» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/japan/default.aspx?section=yresults>) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Номенклатура субкладов приведена к современной

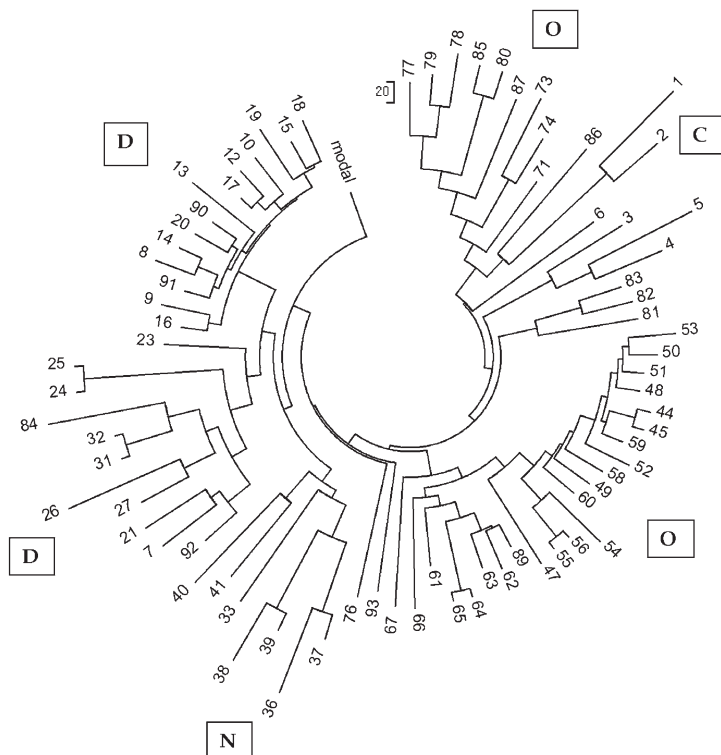
Гаплогруппа	По данным статьи Рожанского*, 1164 чел., %	По данным статьи Hammer**, 259 чел., %	По данным статьи Kim***, 157 чел., %	Проект FTDNA, 93 чел., %	Японцы, число снипов по списку YFull
O-M175	56,4	51,8	56	53	52
O1a-M119	1,4	н/п	1,9	н/п	0
O1b-M268	33,2	31,7	29,9	н/п	32
O2-M122	21,8	20,1	24,2	н/п	20
D1a-M55	30,4	34,7	29,3	34	33
C-M130	11,2	8,5	12,1	5	9
C1a1-M8	4,8	5,4	5,1	н/п	5
C2a-L1373	6,4****	3,1****	7****	н/п	1
C2b-F1067				н/п	3
N1	1,5	3,9	2,5	7	6
N1a1-M46	н/п	н/п	н/п	н/п	2
N1a2-L666	н/п	н/п	н/п	н/п	3
N1b-F2905	н/п	н/п	н/п	н/п	1
E	н/п	н/п	н/п	1	0
Q-M242	0,4	н/п	0	н/п	0

\* Рожанский И. Л. Япония и Корея. Ранняя история, этногенез и новый взгляд на образование алтайской языковой макросемьи с позиций ДНК-генеалогии // Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2012. Т. 5. №12. С. 1526–1551.

\*\* Hammer M. F. et al. Dual origins of the Japanese: common ground for hunter-gatherer and farmer Y chromosomes // Journal of Human Genetics. 2006. V. 51. №1. P. 47–58.

\*\*\* Kim S. H. et al. High frequencies of Y-chromosome haplogroup O2b-SRY465 lineages in Korea: a genetic perspective on the peopling of Korea // Investigative Genetics. 2011. V. 2. №10. P. 1–11.

\*\*\*\* Сумма субкладов C2a и C2b.



**Рис. 234.** Дерево из 76 гаплотипов в 37-маркерном формате японцев из базы данных «Япония» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/japan/default.aspx?section=yresults>. Показаны основные ветви дерева

полуостров, но носители гаплогруппы D шли другим путем, возможно, через территорию будущего Китая. В целом же происхождение гаплогруппы D представляет загадку, так как она наряду с гаплогруппой E является дочерней гаплогруппой DE, обе образовали «тупииковую ветвь» и нижестоящих гаплогрупп не имеют. При этом гаплогруппа E в основном распространена на Ближнем Востоке и Северной Африке, а гаплогруппа D — в Японии и Юго-Восточной Азии и рассыпана там по островам.

Все гаплотипы в ветви гаплогруппы D на рис. 234 относятся к линии снипов:

D-CTS3946 > D1-M174 > D1a-CTS11577 > D1a2-Z3660 > D1a1a-M64.1 > M116 (= Z1622) > M125,

и затем расходятся по линиям нижестоящих снипов. Общий предок ветви гаплогруппы D на дереве имеет базовый гаплотип:

13 25 16 10 13 17 11 12 12 14 11 31 16 9 9 11 12  
25 14 18 31 16 16 17 17 11 10 19 21 15 14 18 17  
36 36 12 10,

с датировкой общего предка  $4750 \pm 540$  лет назад. В этой общей ветви выделяется малая компактная ветвь в верхней части с базовым гаплотипом:

13 25 17 10 13 17 11 12 12 14 11 31 15 9 9 11 12  
25 14 19 31 16 16 18 18 11 10 19 22 15 14 18 17  
36 36 11 10,

с датировкой общего предка  $1790 \pm 270$  лет назад, то есть уже в нашей эре.

Список образцов представителей Японии в ресурсе YFull подтверждает, что почти все цепочки снипов группы D относятся к линии D1a-CTS11577 > Z3660, кроме одной, «боковой»:

D-CTS3946 > D1-M174 > D1a-CTS11577 > Y15407 > F901 > N1 > PH4979 > PH1991 > F17412 > **MF10280**.

Это — архаичная линия, она началась, как и все линии группы D, 419 снипов, или примерно 60,3 тыс. лет, назад, прошла через снип D1a 308 снип-мутаций, или примерно 44,3 тыс. лет, назад, после чего отошла «в сторону», и выделенный снип (см. выше) образовался 37 снип-мутаций, или примерно 5,3 тыс. лет, назад. Все остальные 32 снипа японцев в списке YFull прошли через снип Z3660 (образовался 308 снип-мутаций, или примерно 44,3 тыс. лет, назад) и образовали соответствующую иерархическую структуру снипов вплоть до самого недавнего времени. Самыми не-

давними снипами японцев в списке YFull являются следующие, относящиеся к двум подлиниям:

D-CTS3946 > D1-M174 > D1a-CTS11577 > D1a2-Z3660 > D1a1a-M64.1 > M116 (= Z1622) > M125 > IMS-JST022457 > IMS-JST006841 > CTS3397 > Z1500 > Z1504 > CTS8093 > **FGC6373** (3 человека).

Последний снип (выделен) образовался 16 снип-мутаций, или примерно 2,3 тыс. лет, назад, в конце прошлой эры.

D-CTS3946 > D1-M174 > D1a-CTS11577 > D1a2-Z3660 > D1a1a-M64.1 > M116 (= Z1622) > CTS6609 > Z1574 > Y12546 > Y11739 > Z1527 > **CTS3033** (2 человека).

Последний снип (выделен) образовался 8 снип-мутаций, или примерно 1150 лет, назад.

### Гаплогруппа N

Эта гаплогруппа представляет особый интерес, поскольку распространена по Сибири и по Русской равнине, а также в Китае, Вьетнаме и других регионах Юго-Восточной Азии. Очевиден вопрос: насколько ее линии в Японии сходны или отличаются от уже известных нам линий, описанных выше в данной книге?

На дереве гаплотипов на рис. 234 есть всего 4 гаплотипа группы N, образующих малую ветвь в нижней части дерева. Базовый гаплотип их следующий:

13 23 14 10 12 13 11 12 11 14 15 30 — 17 9 9 11  
12 27 14 19 29 14 14 16 16 — 11 11 18 19 14 15  
19 19 36 36 12 10,

с датировкой общего предка  $4470 \pm 760$  лет назад. Лишь один из этих гаплотипов имел «глубокий» снип, но его уже достаточно, чтобы понять происхождение ветви:

N-M231 > N1-Z4762 > N1a-L729 > N1a2-L666 > N1a2a-F1101 > F1154 > Y23741 > F710 > **CTS1350**.

От снипа L666 цепочка расходится на N1a2a-F1101 и N1a2b-P43, последний довольно широко распространен на севере и северо-востоке европейской части России, а также в Сибири. Таким образом, носители снипа L666 (образовался 93 снип-мутации, или примерно 13,4 тыс. лет, назад) могли разойтись более 13 тыс. лет назад на сибирскую линию, которая затем, через много тысяч лет, продвинулась за Урал на запад, и на линию,

которая ушла в Японию. Это — времена археологической культуры Дзёмон на Японских островах.

### Гаплогруппа C

Эта гаплогруппа — явно «визитеры» в Японии. Пять гаплотипов этой группы, образующие древнюю ветвь на дереве гаплотипов справа, скорее всего, объединяют гаплотипы разного происхождения. Эта ветвь имеет базовый гаплотип:

15 24 15 10 12 17 11 13 12 13 11 29 — 18 8 8 11  
11 25 14 20 33 13 14 14 15 10 11 21 21 15 15 19  
17 32 35 13 10,

с датировкой общего предка  $9500 \pm 1300$  лет назад. К сожалению, большинство этих гаплотипов были типированы только поверхностно, на уровне C-M130 (= M216), в том числе гаплотипы под номерами 1 и 2 на дереве (рис. 234). Два гаплотипа относились к субкладу C2b1a, среди них следующий (выделен, субклад C2b1a1a):

C-M130 > C2-M217 > L1373 > F3447 > F1699 > M8574 > **Y11990**.

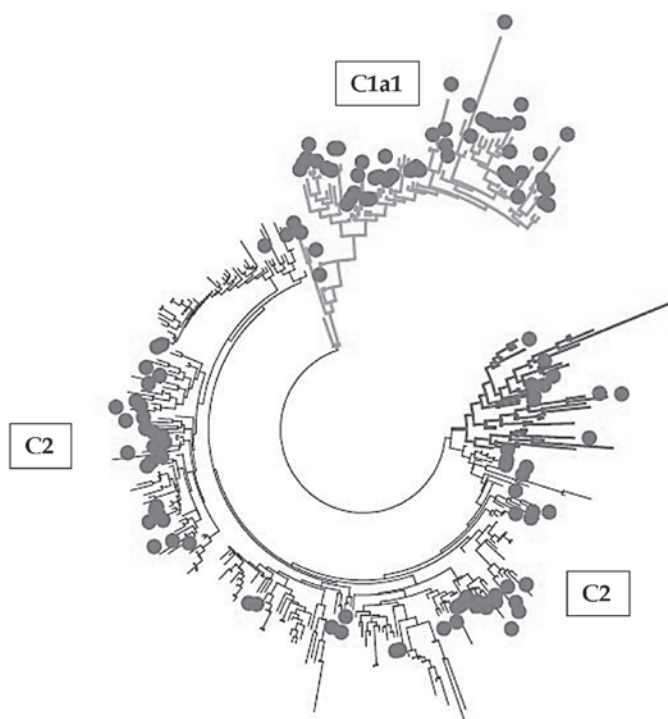
Этот снип найден также в Индии и Армении, что показывает широкий географический диапазон передвижения его носителей, правда, для одиночного снипа неизвестно, когда это было. Сам снип Y11990 образовался 68 снип-мутаций, или примерно 9,8 тыс. лет, назад.

### Углубленное рассмотрение субкладов японцев и сопоставление их с корейскими, по материалам исследований И. Л. Рожанского

И. Л. Рожанский — член Академии ДНК-генеалогии, десятилетия живет в Японии, лауреат высоких японских научных наград. Ему принадлежат наиболее обстоятельные изучения ДНК-генеалогии японских и корейских мужчин, которые он опубликовал, в частности, в Вестнике Академии ДНК-генеалогии, 2012, т. 5, №12, с. 1526–1551. Несмотря на прошедшие годы, они остались в мировой литературе наиболее обстоятельными. В этом разделе мы изложим основные результаты и выводы его исследований в данном направлении.

### Гаплогруппы C1a1-M8 и C2-M217

Соответствующие гаплотипы расположены на дереве на рис. 235.



**Рис. 235.** Дерево 349 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогрупп C1a1-M8 и C2-M217 из Японии и Южной Кореи. 62 гаплотипа гаплогруппы C1a1 образуют одну ветвь в верхней части дерева, остальные ветви вокруг дерева — гаплотипы группы C2. Темными кружками помечены гаплотипы японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским

В верхней части дерева находятся 62 гаплотипа гаплогруппы C1a1-M8, из которых только шесть принадлежат корейцам. Все они образуют однородную ветвь с общим предком, жившим  $4200 \pm 500$  лет назад, и базовым гаплотипом:

14 24 13 10 13 15 13 13 11 29 19 14 18 12 16 10 21.

Остальные 287 гаплотипов относятся к распространенной на Дальнем Востоке и в Центральной Азии гаплогруппе C2-M217. Они встречаются среди как японцев, так и корейцев, с заметным перевесом у последних — 14 % против 6,4 % от японской выборки. Их список распадается на две неравные по размеру ветви примерно одинакового «возраста». Первая, насчитывающая 40 гаплотипов, располагается справа сверху (на 2 часа) и сходится к предку, жившему  $7300 \pm 900$  лет назад, и базовому гаплотипу:

13 24 15 9 12 12 11 13 11 29 16 14 21 11 15 10 21.

Вторая насчитывает 247 гаплотипов и занимает три четверти круга на диаграмме. Ее общий предок датируется временем  $7075 \pm 750$  лет назад. Базовый гаплотип:

15 23 16 10 11 18 12 14 11 29 16 14 21 11 15 10 21.

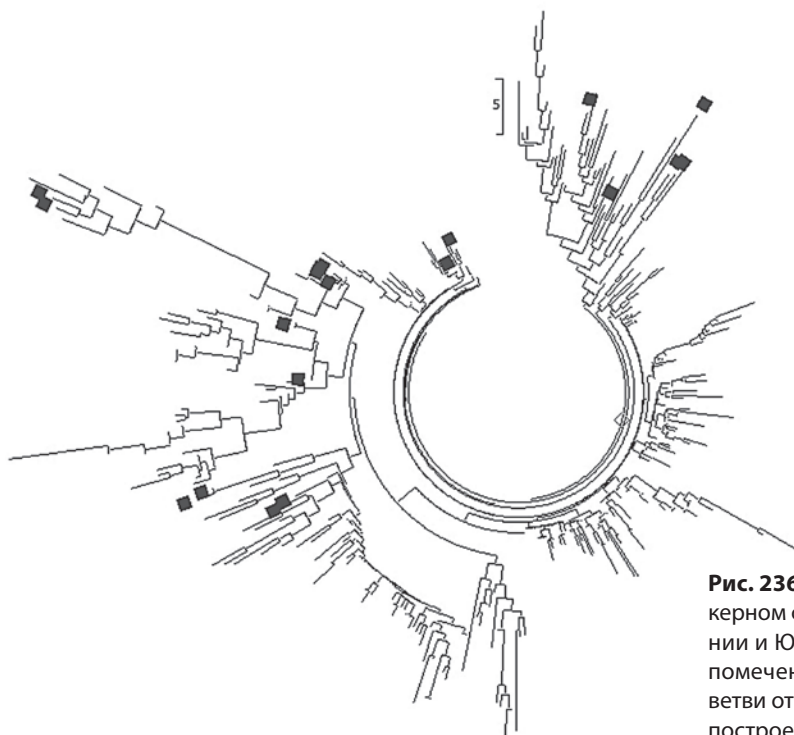
Эти базовые гаплотипы расходятся на 15 мутаций, что очень много для

17-маркерных гаплотипов и соответствует  $15/0,0365 = 411 \rightarrow 702$  условным поколениям, или примерно 17,6 тыс. лет между их общими предками. Тогда общий предок обеих ветвей жил  $(7300 + 7075 + 17\,600)/2 \approx 16\,000$  лет назад. Это в пределах погрешности совпадает с временем жизни предка всех ныне живущих носителей гаплогруппы C2-M217, рассчитанным по протяженным гаплотипам.

Для первой ветви известно большое количество близких гаплотипов в Центральной Азии, тогда как распространенность второй ветви ограничена в основном народами Дальнего Востока — корейцами, японцами, маньчжурами, ханьцами. В «дальневосточной» ветви можно выделить несколько достаточно стабильных дочерних подветвей «возрастом» примерно 4,5 тыс. лет и одну еще более молодую ветвь —  $1575 \pm 250$  лет до общего предка, состоящую из 38 гаплотипов из Южной Кореи.

### Гаплогруппа D1a-M55

К этой гаплогруппе относятся 374 гаплотипа, из которых только 20 найдены в Корее, остальные в Японии (рис. 236). В коммерческих базах данных



**Рис. 236.** Дерево из 374 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы D1a-M55 из Японии и Южной Кореи. Темными квадратами помечены гаплотипы корейцев, графические ветви относятся к гаплотипам японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским

эта гаплогруппа также представлена одними японцами, она же оказалась доминирующей у народности айну с о. Хоккайдо, хотя и на очень малой выборке в 12 человек (Tajima, et al., 2004). Айны обсуждаются в последней главе в заключительной части этой книги.

Видно, что дерево гаплогруппы D1a-M55 весьма сложное, с большим количеством перекрывающихся ветвей разного «возраста», поэтому без знания протяженных гаплотипов и нисходящих снип-мутаций возможен лишь предварительный его анализ. В представленном виде его можно разделить на четыре группы с отстоящими на 5–8 мутаций друг от друга базовыми гаплотипами. Они представлены ниже в порядке убывания численности ветви:

13 25 17 10 13 17 12 14 11 31 15 14 19 11 15 10 21 (191 гаплотип, датировка общего предка  $2250 \pm 250$  лет назад),  
 13 25 16 10 13 17 12 13 11 30 15 14 17 11 15 10 22 (88 гаплотипов,  $9300 \pm 100$  лет),  
 13 25 15 10 14 17 12 13 11 30 15 14 17 12 16 10 21 (51 гаплотип,  $1900 \pm 250$  лет),  
 13 25 17 10 13 18 12 13 11 30 16 14 18 12 15 10 21 (43 гаплотипа,  $7000 \pm 800$  лет).

Время, когда жил общий предок этих довольно разнородных ветвей, можно оценить из сравнения базовых гаплотипов самых старых из них — второй и четвертой. Они различаются на 6 мутаций, это соответствует дистанции между ними в 5325 лет, что дает датировку общего предка  $(5325 + 9300 + 7000)/2 \approx 11\,000$  лет назад. Оценка, конечно, предварительная, но она вполне согласуется с датировками археологов для культуры Дзёмон, с которой начался рост населения в Японии. Следует также отметить, что около двух третей носителей этой гаплогруппы находятся в молодых ветвях, что начали расти на рубеже нашей эры, а гаплотипы всех 20 корейцев расположились в старых ветвях.

### Гаплогруппа N-M231

К гаплогруппе N относится 89 гаплотипов из выборки, в основном корейцы, хотя и у них эта гаплогруппа численно минорная (3–5 % от всех). Все вместе они образуют следующий базовый гаплотип:

13 23 14 10 11 13 11 14 15 30 16 14 19 11 15 10 21,



с датировкой общего предка  $8600 \pm 950$  лет назад. Хотя на дереве (рис. 237) можно выделить как минимум четыре довольно далеко отстоящие ветви, проверка на сходимость показывает, что выборка довольно однородна. Это подтвердил и расчет по базовым гаплотипам отдельных ветвей, давший около 9 тыс. лет до их общего предка. Следовательно, время жизни общего предка всех этих дочерних линий можно считать вполне надежным в рамках статистической погрешности.

Поскольку это практически единственная гаплогруппа японцев и корейцев, которая встречается с заметной частотой в Европе, имеет смысл сравнить дальневосточные и европейские линии. Так, базовый гаплотип южнобалтийской ветви N1a1-L550, характерной для балтов и восточных славян, дает в том же 17-маркерном формате разницу в 8 мутаций от дальневосточного:

**14 23 14 11 11 13 10 14 14 30 17 14 19 12 14 10 22.**

Это соответствует 7125 годам между гаплотипами, или, с учетом «возраста» обоих,  $(8600 + 2700 + 7125)/2 \approx 9200$  лет до их общего предка. Это в пределах погрешности совпадает с временем жизни предка носителей гаплогруппы N у японцев и корейцев очевидно означает, что он был и предком европейских N1a1 или, во

всяком случае, был к нему близок. Это согласуется с известными данными о восточноазиатском происхождении гаплогруппы N. Из этого примера также следует, что у корейцев и японцев представлены ветви N, отличные от европейских, что и подтверждается на деле. Так, в списке YFull представлены 6 японских конечных сніпов и 1 корейский. Соответствующие цепочки сніпов в Японии следующие:

N-M231 > Z4762 > L729 > F1360 > N1a2-L666 > F1101 > F1154 > Y23741 > **F710** > CTS1350 > **F1998** > **Y71703**,

N-M231 > Z4762 > N1b-F2905 > CTS12473 > M1928 > Y125475 > CTS4714 > F2407 > Y24191 > Y24193 > **Y24190**,

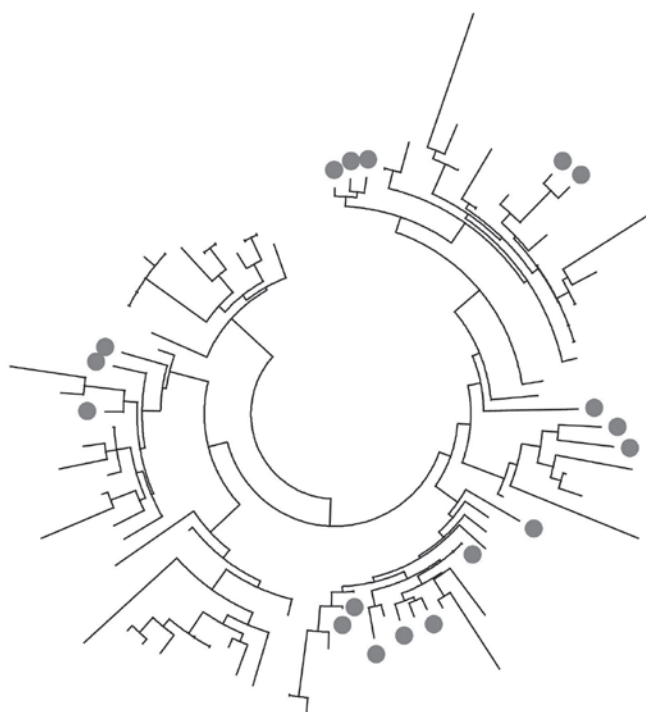
N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > Y23747 > **Y23749** (2 человека).

Мы видим, что первая цепочка сніпов объединяет трех представителей Японии, то есть является по сути наследственной. От сніпа L666 цепочка расходится на N1a2a-F1101 и N1a2b-P43 (здесь не показан), последний довольно широко распространен на севере и северо-востоке европейской части России. Вторая цепочка относится к линии N1b, редкой на западе от Урала. Третья цепочка проходит через сніп N1a1-M46, самый растространенный в Европе среди других сніпов гаплогруппы N1a1, но у японцев его линия уходит в сторону около 12 тыс. лет назад и наблюдается только в Китае, Корее и Японии.

Корейские цепочки сніпов в списке YFull следующие:

N-M231 > Z4762 > L729 > F1360 > N1a2-L666 > F1101 > F1154 > Y23741 > F710 > CTS1350 > F1998 > **MF41795**.

Эта цепочка точно такая же, как первая японская выше до предпоследнего сніпа F1998, который образовался 23 сніп-мутации, или примерно 3,3 тыс. лет, назад, и от него уходит сніп Y71703 в Японии и сніп MF41795 — в Корее. Эти последние сніпы образовались тогда же, 22 и 23 сніп-мутации соответственно, то есть 3,2 тыс. — 3,3 тыс. лет назад. Как было отмечено



**Рис. 237.** Дерево из 89 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы N из Японии и Южной Кореи. Кругами помечены гаплотипы японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским

выше, от значительно более раннего снипа L666 (образовался 99 снип-мутаций, или примерно 14,3 тыс. лет, назад) пошло ответвление на сибирскую линию P43, она же «северная линия» к северо-западу от Урала.

N-M231 > Z4762 > L729 > F1360 > N1a2-L666 > F1101 > F1154 > Y23741 > F710 > CTS1350 > F1998 > Y71703 > **Y173843**.

Это опять продолжение первой японской цепочки, у корейского представителя просто добавился еще один снип, который образовался 15 снип-мутаций, или примерно 2,2 тыс. лет, назад.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > M2019 > M2058 > A9408 > **Y70200**.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > Y23747 > Y125664 > F22150 > **MF15288**.

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > Y23747 > Y125664 > F22150 > **MF55680**.

Последние три цепочки прошли через снип N1a1-M46, но это не линии, которые распространены в Восточной Европе. Первая цепочка найдена в Турции, Хорватии, Черногории, и, видимо, ее носители прошли по югу Евразии до Малой Азии и Балкан, последний этап был, видимо, пройден турками в ходе многовековой оккупации Балкан.

### Гаплогруппа O1a-M119

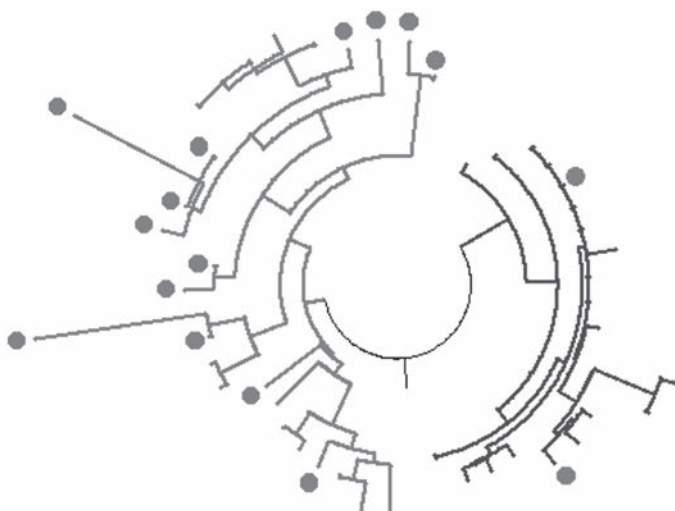
Гаплогруппа O1a составляет небольшую долю (1–2 %) среди японцев и корейцев. Дерево, построенное из 48 гаплотипов (рис. 238), распадается на две ветви.

Первая ветвь из 28 гаплотипов (на дереве слева) показывает при расчетах время жизни общего предка  $6500 \pm 850$  лет назад и сходится к базовому гаплотипу:

14 23 15 10 12 14 12 12 14 29 15 14 18 11 16 10 21.

Вторая ветвь, справа, состоит из 20 гаплотипов и показывает относительно недавнего общего предка с датировкой  $1425 \pm 300$  лет назад и с базовым гаплотипом:

13 23 15 11 13 13 12 12 14 28 17 14 18 12 12 10 20.

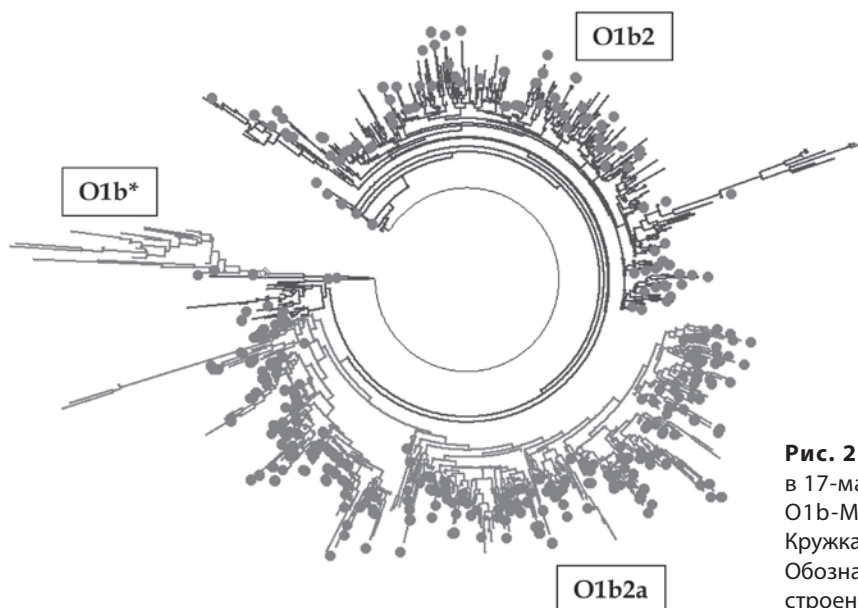


**Рис. 238.** Дерево из 48 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы O1a из Японии и Южной Кореи. Кругами помечены гаплотипы японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским. См. цветную вклейку.

Хотя разница во временах может создать иллюзию, что вторая ветвь является дочерней по отношению к первой, это не так. Их базовые гаплотипы разделяет очень большая дистанция — 13 мутаций, что соответствует 15 тыс. лет между ними, а их общий предок датируется  $(6500 + 1425 + 15\,000)/2 \approx 11\,500$  лет назад. В академических исследованиях представители этой гаплогруппы найдены в основном среди народов Юго-Восточной Азии, включая коренных жителей о. Тайвань (43 из 48 образцов) (Karafet T.M. et al. «Balinese Y-chromosome perspective on the peopling of Indonesia: genetic contributions from pre-neolithic hunter-gatherers, Austronesian farmers, and Indian traders». Hum Biol. 77, 93-114 (2005)), в коммерческих базах данных их единицы и они рассеяны по всей Восточной Азии.

### Гаплогруппа O1b-M268.

К гаплогруппе O1b относится 886 гаплотипов, или почти одна треть всей выборки, что делает ее своего рода меткой корейцев и японцев. Среди других народов Восточной и Юго-Восточной Азии она встречается сравнительно редко. Дерево гаплотипов распадается на три заметно отстоящие друг от друга ветви (рис. 239).



**Рис. 239.** Дерево из 886 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы O1b-M268 из Японии и Южной Кореи. Кругами помечены гаплотипы японцев. Обозначены основные ветви. Дерево построено И. Л. Рожанским

Первая, расположенная слева (на 9 часов), состоит из 26 гаплотипов (4 японских и 22 корейских) и соответствующие расчеты показывают датировку общего предка, который жил  $4700 \pm 650$  лет назад. Базовый гаплотип:

14 24 15 10 12 17 11 14 13 30 16 14 18 12 15 10 21.

По всей видимости, эта ветвь принадлежит субкладу O1b-M268.

Вторая ветвь, занимающая верхнюю часть дерева, насчитывает 453 гаплотипа, из которых 343 гаплотипа (76 %) принадлежат корейцам. Ее общий предок датируется временем  $3000 \pm 310$  лет назад. Базовый гаплотип:

13 23 16 10 10 18 12 14 13 29 17 14 18 11 15 13 21.

Ветвь эта очень однородная, из нее не удастся выделить какие-либо стабильные дочерние подветви с более поздними предками. Кажущаяся далеко отстоящая ветвь на 2 часа таковой не является — это алгоритм построения дерева собрал вместе 7 гаплотипов с гесLON мутацией в парном маркере DYS385 10–18 → 10–10. Если засчитать эту мутацию как однократное событие, то они войдут в общую верхнюю ветвь, которая относится к подветви O1b2-P49 субклада O1b-M268.

Третья ветвь, расположенная внизу (красная в сетевом издании), состоит из 407 гаплотипов, и в ней наблюдается численный перевес японцев — 273 гаплотипа (67 %). Ее предок жил  $3300 \pm 350$  лет назад. Базовый гаплотип:

13 22 15 10 10 19 12 14 13 30 18 14 18 12 15 13 20.

Эта ветвь подтверждена как O1b2a-CTS713 (в полной записи O1b2a1a1-CTS713). В ее составе можно выделить несколько более молодых подветвей с временами до общих предков около 2,2 тыс. — 2 тыс. лет, но из-за низкого разрешения 17-маркерного формата их состав и базовые гаплотипы надежно оценить не представляется возможным. Ее базовый гаплотип отличается от базового гаплотипа ветви O1b\* на 7 мутаций, что соответствует 6450 годам между ними и  $(3000 + 3300 + 6450)/2 \approx 6400$  лет до их общего предка. Остальные ветви на дереве различаются по своим базовым гаплотипам на 14 и 13 мутаций соответственно, что помещает общего предка дерева примерно на 3 тыс. — 12 тыс. лет назад.

### Гаплогруппа O2-M122

Гаплогруппа O2-M122 занимает — с небольшим преимуществом по сравнению с O1b-M268 — первое место по численности в исследуемой суммарной выборке японцев и корейцев в основном за счет корейцев. Все 909 гаплотипов этой гаплогруппы в выборке дают следующий базовый гаплотип:

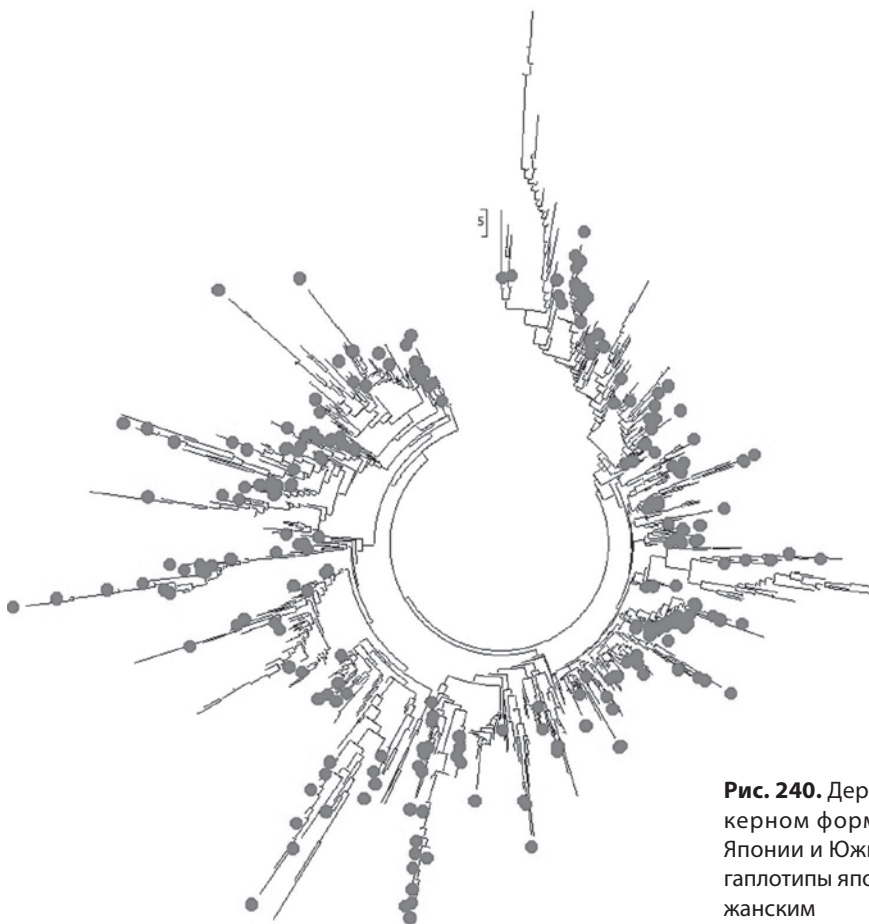
12 24 15 10 13 18 12 12 13 28 18 15 19 12 15 10 21,

с датировкой общего предка  $11\,900 \pm 1200$  лет назад, но легко убедиться, что это заниженная величина, поскольку 10 063 мутации в 909 гаплотипах дают среднее число мутаций 0,65 на маркер. Это намного выше «красной линии», как пояснялось выше, поскольку при таком числе мутаций расчеты начинают «захлебываться» возвратными мутациями и датировка занижается. Таким образом, показанный базовый гаплотип, как и расчетная датировка, являются «фантомными», и реальный предок носителей гаплогруппы O2-M122 из Японии и Кореи жил существенно раньше. Такой же вывод можно сделать из структуры дерева, состоящего из далеко расходящихся ветвей.

Формально это помещает общего предка на  $11\,900 \pm 1200$  лет назад, но проверка на сходимость показывает, что этот (модальный) гаплотип не является базовым, и для более аккуратной оценки необходимо провести разделение по вет-

вям, рассчитать базовые гаплотипы и времена до общих предков каждой из ветвей и по дистанциям между ними рассчитать, когда жил их общий предок. В общей сложности было определено 10 ветвей, в порядке убывания численности, и ниже указано, сколько гаплотипов в ветви и расчетная датировка общего предка:

12 24 14 10 13 19 12 12 14 28 18 15 20 12 15 11 20 (252 гаплотипа,  $6300 \pm 650$  лет назад),  
 12 24 16 10 15 20 11 12 13 29 16 15 19 12 15 10 21 (177 гаплотипов,  $7800 \pm 820$  лет назад),  
 12 24 16 10 12 19 12 12 13 28 18 14 19 12 14 10 22 (89 гаплотипов,  $6000 \pm 660$  лет назад),  
 12 23 15 11 12 16 13 12 12 29 18 15 19 12 15 10 20 (85 гаплотипов,  $5700 \pm 650$  лет назад),  
 12 25 17 10 14 18 12 12 13 27 18 14 19 12 14 10 23 (72 гаплотипа,  $5950 \pm 670$  лет назад),  
 12 23 15 10 12 18 12 12 12 29 18 15 19 12 16 10 19 (70 гаплотипов,  $6100 \pm 700$  лет назад),



**Рис. 240.** Дерево из 909 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы O2-M122 из Японии и Южной Кореи. Кругами помечены гаплотипы японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским

12 24 15 10 12 18 12 12 13 28 18 14 19 11 15 10  
 22 (69 гаплотипов,  $9250 \pm 1000$  лет назад),  
 12 24 16 10 14 21 11 12 13 29 17 14 20 12 15 10  
 21 (42 гаплотипа,  $9500 \pm 1100$  лет назад),  
 12 23 16 10 11 11 12 13 14 29 17 15 19 12 15 10  
 20 (32 гаплотипа,  $8600 \pm 1050$  лет назад),  
 12 23 15 10 11 19 11 12 12 29 18 15 19 11 16 10  
 21 (17 гаплотипов,  $1075 \pm 250$  лет назад).

Дерево, построенное по базовым гаплотипам из этого списка, сошлось к предку, жившему около 14,5 тыс. лет назад. Эту оценку можно считать верхним пределом для предка японских и корейских носителей гаплогруппы O2-M122. Нижний предел — около 20 тыс. лет назад до общего предка, что были получены при расчете по медленным 22-маркерным гаплотипам из коммерческих баз данных.

Гаплогруппа O2-M122, без сомнения, является самой большой по численности среди всех гаплогрупп в мире и встречается повсеместно в Восточной и Юго-Восточной Азии. Ее подробная филогения пока не исследована на таком уровне, как у европейских и ближневосточных гаплогрупп, но из приведенных здесь данных очевидно, что в данной выборке не обнаружены линии этой гаплогруппы, которые можно было бы назвать специфически японскими или специфически корейскими.

### Гаплогруппа Q-M242

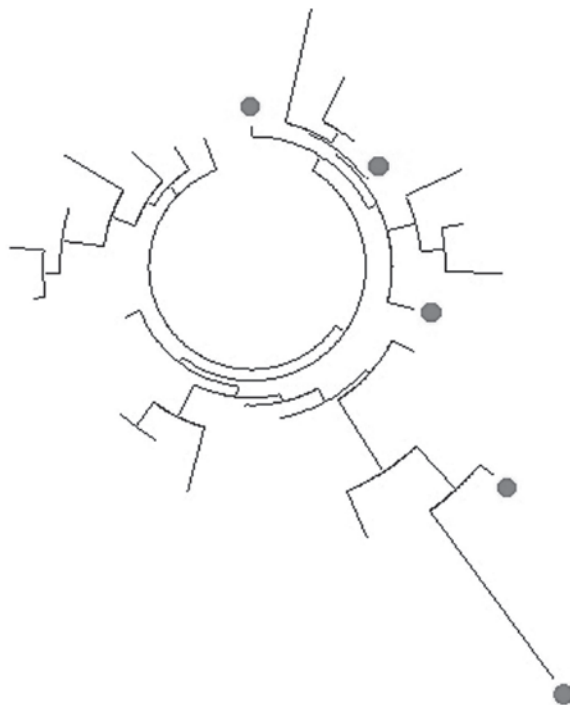
К гаплогруппе Q относится 27 гаплотипов из общей выборки в 2690 человек — 5 японцев и 22 корейца. В отличие от другой минорной по численности гаплогруппы, L, они не разрознены, а образуют однородную ветвь (рис. 241) с общим предком, жившим  $4800 \pm 650$  лет назад, и базовым гаплотипом:

14 24 13 9 15 22 11 14 14 30 16 14 19 10 15 12 22.

Данных по глубоким сникам в списке YFull у японцев нет вообще, у корейцев есть 1 сноп (F5088, образовался 29 сноп-мутаций, или примерно 4,2 тыс. лет, назад), цепочка снипов для него следующая:

Q-M242 > Q1-L472 > Q1a-F1096 > Q1a1-F746 > Q1a1a-M120 > Y515 > Y560 > Y542 > Y558 > **F5088**.

Видно, что этот сноп относится к линии Q1a. Эта линия является своеобразным рекордсменом



**Рис. 241.** Дерево из 27 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы Q-M242 из Японии и Южной Кореи. Кругами помечены гаплотипы японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским. См. цветную вклейку.

по географическому распространению в доколумбову эпоху — ее носители жили повсюду, кроме Африки, южнее Сахары, Австралии и Океании. Однако среди всех этносов, кроме коренных жителей Америки и некоторых народов Сибири, их доля редко превышает 1–2 %. Япония и Корея — не исключение.

### Гаплогруппа R

В общей выборке присутствуют 3 гаплотипа из гаплогруппы R, все из Южной Кореи:

13 19 15 11 13 13 12 14 13 30 17 15 19 11 15  
 10 24,  
 13 25 17 10 11 13 10 13 11 30 17 14 20 12 16  
 11 24,  
 13 25 17 11 11 14 11 13 11 31 15 14 19 13 16  
 12 24.

Первый из них типичен для субклада R1b-M73, два других, по-видимому, R1a-M417. И та и другая гаплогруппа встречается у монголов и тюркоязычных народов Южной Сибири.



Анализ имеющихся данных подтвердил в целом закономерности, что были найдены для японских Y-хромосомных линий на выборках меньшего размера [Hammer, et al., 2006; Kim, et al., 2011]. А именно, специфической для Японии является гаплогруппа D2, к которой принадлежит около 30 % японцев, а специфической для японцев и корейцев оказывается гаплогруппа O2b, которая охватывает у обоих народов около одной трети гаплотипов. Дальнейшие выводы популяционных генетиков о модели заселения Японии фактически основаны на этой статистике, поскольку приводимые ими датировки этой модели противоречат (см. введение) и они ими просто пренебрегли.

С другой стороны, датировки, полученные в настоящей работе, дают более веское обоснование версии, что культура Яёй была принесена с Корейского полуострова сначала на о. Кюсю, а потом и на всю территорию Японии, а ее носители принадлежали по преимуществу к гаплогруппе O2b. Среди японцев представлены обе ветви O2b, хотя и в другой пропорции, чем у корейцев, причем у обеих началось роста приходится на время, предвещающее на 500–800 лет появление первых находок культуры Яёй в Японии (3,3 тыс., 3 тыс. и 2,5 тыс. лет назад соответственно). Обе ветви весьма однородны и не делятся на чисто японские и чисто корейские подветви. Такое их распределение говорит о том, что миграция с Корейского полуострова была достаточно длительным процессом и затрагивала довольно большие группы населения. Рост их численности в Японии был плавным продолжением роста, начавшегося еще на континенте. Помимо O2b, к той же волне переселенцев можно отнести представителей гаплогрупп O3, C3 и N. Краниометрические данные группируют представителей культуры Яёй с японцами Средневековья и современности (что закономерно), а также с современными корейцами и северными китайцами времен династии Шан (около 3 тыс. лет назад) (Pietruszewsky M. (2010) A multivariate analysis of measurements recorded in early and more modern crania from East Asia and Southeast Asia. *Quaternary International*, 211, 42–54). Это также свидетельствует в пользу предложенной гипотезы об источнике и характере миграции.

Несколько необычна ситуация с аборигенной линией японцев — D2. В других частях света ге-

неалогические линии древнего населения почти полностью вытеснялись линиями мигрантов, находившихся на более высоком технологическом и социальном уровне. В качестве примера можно привести гаплогруппы C и D в Юго-Восточной Азии, A0 и A1 в Африке, G2a и I в Европе. На Японском архипелаге, однако, такого не произошло, и гаплогруппа D2 там является одной из основных. Более того, начало роста ее самой населенной линии датируется временем  $2250 \pm 250$  лет назад, что совпадает как с временем распространения культуры Яёй, принесшей рисосеяние на острова, так и с началом распада протояпонской диалектной общности (Lee S., Hasegawa T. (2011) Bayesian phylogenetic analysis supports an agricultural origin of Japonic languages. *Proc. R. Soc. B*, 278 (1725), 3662–3669). Очевидно, это означает, что взаимодействие мигрантов с континента и аборигенов Японии можно описать не как вытеснение последних, а как своего рода симбиоз. Коренные жители, в первую очередь с о. Кюсю, достаточно быстро усвоили технологические достижения своих соседей, что дало толчок к росту их численности. К началу формирования государства Ямато на западе о. Хонсю обе группы этносов уже слились в один народ.

О движущих силах такого редкого сценария можно пока только предполагать. Возможно, это было связано с тем, что богатые морские ресурсы Японии позволяли поддерживать высокую численность населения и соответствующий уровень материальной культуры даже при отсутствии развитого земледелия и животноводства, тогда как земледельцы, переселившиеся с Корейского полуострова, могли испытывать на первых порах трудности с внедрением такой теплолюбивой культуры, как рис, и недостатком белка в их структуре питания. Это не могло не способствовать активному товарообмену между двумя народами и, как следствие, их сближению. Косвенные указания на подобный ход событий можно найти в японских мифах, которые помещают дату образования японского государства на 660 г. до н. э. Его основатель — легендарный император Дзимму (神武, букв. «бог-воитель, божественный воин»), был потомком богов, создавших острова, сошел с небес на о. Кюсю и вместе со своим кланом завоевал область Ямато на Хонсю. Миф о рождении Дзимму можно трактовать и как знак

того, что его род жил на архипелаге с незапамятных времен (потомок богов Японии), и как то, что он прибыл из других краев (спустился с небес). Некоторую ясность о происхождении правящего клана древнего Ямато могли бы дать ДНК-тесты членов японской императорской фамилии — его прямых потомков, но это уже политический вопрос, и вряд ли он будет решен в ближайшем будущем.

Этногенез корейцев протекал иначе. Характерные для них генеалогические линии O2b\* и O2b1a восходят к временам, когда на Корейском полуострове наступила эпоха бронзы, а именно к началу I тыс. до н. э. По археологическим данным, *«процесс распространения культуры бронзы по Корейскому полуострову, с севера на юг, в X–V вв. до н. э., был одновременно и процессом смешения "северных пришельцев" — емэк — с автохтонным неолитическим населением полуострова»* (Тихонов В. М., Мангиль К. История Кореи. Том 1: С древнейших времен до 1904 г. М.: Наталис. 2011). Исходным регионом, откуда началось это движение, считается Южная Маньчжурия, где сложился комплекс культур, родственных как китайской Шан-Иньской, так и степным карасукской и ордосской. Среди современных народов, населяющих этот регион, — маньчжуров и сибиряков, преобладают гаплогруппы O3 и C3 из тех же ветвей, что найдены у корейцев (Kim S.-H. et al (2011) High frequencies of Y-chromosome haplogroup O2bSR465 lineages in Korea: a genetic perspective on the peopling of Korea. *Investigative Genetics*, 2: 10 (11 pp); Shi M. et al. (2011) Population genetics for Y-chromosomal STRs haplotypes of Chinese Xibe ethnic group. *Forensic Science International: Genetics*, 5, e119–e121.; Zhong H. et al. (2011) Extended Y chromosome investigation suggests postglacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. *Mol. Biol. Evol.*, 28, 717–727). Видимо, их носители составляли основную часть емэк, имевших восточноазиатский монголоидный антропотип.

Собственно корейские ветви гаплогруппы O2b могут, в принципе, относиться как к народам, принесшим культуру бронзы на Корейский полуостров, так и к потомкам ее неолитического населения, с их культурой гребенчатой керамики, начавшей распространяться около 6 тыс. лет назад. Судя по тому, что археологические данные свидетельствуют скорее о смешении, чем о вытеснении

населения Кореи эпохи бронзы, второй вариант выглядит более предпочтительным. Откуда носители O2b пришли на полуостров, остается неизвестным. Археологи связывают неолитическую керамику Кореи с современными ей культурами Приморья, но данных ДНК-генеалогии на этот счет пока нет. Если сопоставить археологические и ДНК-генеалогические датировки, то по ним прослеживается планомерное движение на юг народов, населявших Маньчжурию около 3 тыс. лет назад. Достигнув южного побережья Кореи, они после недолгой паузы переправились через Корейский пролив и продолжили свой путь уже в Японии. За то время, что они расселялись по Корейскому полуострову, эти народы в значительной мере смешались с местным населением, чем и обусловлен, вероятно, перевес O2b над O3 у японцев.

Остается пока загадкой, кто населял территорию Кореи до того, как туда стали проникать представители гаплогруппы O. Среди археологов нет единого мнения о происхождении самой ранней неолитической культуры Кореи — Юнгимун, или догребенчатого периода керамики. Существуют предположения об ее родстве с современной ей японской Дзёмон, носители которой, по всем признакам, принадлежали к гаплогруппе D2. Если принять во внимание наличие у корейцев гаплотипов D2, причем из старых ветвей, то такое предположение о ранних контактах между Японией и Кореей, в том числе и миграционных, не лишено оснований. Эта проблема еще ждет своих исследователей. В качестве отправной точки может быть сообщение о находках чрезвычайно древней керамики (13,7 тыс. — 13,3 тыс. лет назад) в трех далеких друг от друга регионах — Японии, Южном Китае и российском Дальнем Востоке (Kuzmin Y.V. (2006) Chronology of the earliest pottery in East Asia: progress and pitfalls. *Antiquity*, 80, 362–371).

Таким образом, удалось с той или иной степенью достоверности реконструировать миграции реальных людей, а не эволюцию керамики и крапивоотпечатков, с которыми обычно имеет дело археология. Представляется логичным связать эти данные с тем, что мы знаем о языках, на которых говорили эти люди. Если двигаться по тому же пути от Маньчжурии к Японии, то вначале идет регион, где говорят (или говорили в недавнем

прошлом) на тунгусо-маньчжурских языках, среди носителей которых преобладает гаплогруппа O3, затем следует корейский язык, а к носителям O3 добавляются O2b, и, наконец, у носителей японского и родственной ему группы рюкюских языков к этим двум гаплогруппам добавляется аборигенная D2. То есть внешне идет своего рода эстафета по передаче языков от пришельцев местному населению, с соответствующей трансформацией языка-предка.

Однако такая «диффузионная» схема оказывается чрезмерно упрощенной, если рассмотреть степень родства тунгусо-маньчжурских, корейского и японского языков. Они слишком далеки друг от друга, и распад их общего языка-предка (если такой существовал) должен был произойти намного раньше тех 3 тыс. лет назад, что получаются при реконструкции миграций. Существует гипотеза, что все эти языки входят в алтайскую семью, время образования которой оценивается как около 7 тыс. лет назад (<http://starling.rinet.ru/images/globet.png>). Ее поддерживают не все лингвисты, и противники такого объединения приводят не менее весомые доводы в пользу того, что японский и корейский — языки-изоляты с неизвестными связями. В пользу «изоляционистов» работает то, что гаплогруппы O2 и O3 разошлись около 22 тыс. лет назад, а гаплогруппа D имеет общего с ними предка, уходящего на 60 тыс. лет вглубь. Если тунгусо-маньчжурские языки развились из языков, на которых говорили носители O3, корейский — из языка носителей O2, а японский — из аборигенных языков D2, то за такое длительное время они должны были утратить любое сходство между собой.

Однако даже самые непримиримые противники алтайской гипотезы отмечают сходные черты в японском и корейском, но трактуют их как результат контактов, а не следствие общего происхождения. Сами по себе данные ДНК-генеалогии не могут разрешить этот давно зашедший в тупик спор, но позволяют взглянуть на проблему под другим углом и связать абстрактные лингвистические модели с реальными носителями языков. Относительно родства японцев, корейцев и айнов имеются следующие данные из смежных дисциплин:

1) как в Японии, так и в Корее широко представлены две ветви гаплогруппы O2b

примерно одного «возраста», а их общий предок датируется временем около 6,4 тыс. лет назад [данная работа];

2) одна из ветвей (z47 + ) имеет перевес среди японцев, другая (z47–) — среди корейцев [данная работа];

3) после распада раннекорейского государства Кочосон во II в. до н. э. образовались королевства Когурё (на севере), Пэкче (на юго-западе) и Силла (на юго-востоке), враждовавшие между собой в течение 700–800 лет, пока они все не были объединены королями Силла при активном участии китайской армии [Тихонов и Кан, 2011];

4) существуют веские доказательства, что во время периода междоусобиц на Корейском полуострове в ходу было несколько разных языков с неустановленной степенью родства — в каждом из королевств свой, а объединение страны на правах вассала империи Тан привело к быстрому замещению языков покоренных народов на язык победителей — средневековый корейский (Beckwith, C. I. (2004) «Koguryo, the language of Japan's continental relatives: an introduction to the historical-comparative study of the Japanese-Koguryoic languages with a preliminary description of Archaic northeastern Middle Chinese». Brill's Japanese studies library, 0925-6512, v. 21, Leiden, 274 pp.);

5) в японском языке крайне мало заимствований из языка айну, отсутствует и какой-либо явный субстрат айну в древнеяпонском (Старостин С. А. Алтайская проблема и происхождение японского языка. М.: Наука, 1991.);

6) язык айнов относится к языкам-изолятам, каких-либо связей с другими не выявлено ([http://www.ethnologue.com/show\\_language.asp?code=ain](http://www.ethnologue.com/show_language.asp?code=ain));

7) по своему краниотипу айны занимают особое положение среди народов Азии, сближаясь только с краниотипами носителей аборигенной японской культуры Дзёмон [Pietrusewsky, 2010].

Все эти факты приводят к предположению, что протояпонский язык был принесен на острова переселенцами с Корейского полуострова, среди которых преобладали носители гаплогруппы O2b.

Родственные им языки оставались на континенте в ходу еще в течение 1 тыс. — 1,2 тыс. лет, пока не были постепенно вытеснены корейским, также зародившимся в среде носителей O2b, но другой ее ветви. В свою очередь, носители языков, родственных корейскому, переселившиеся на Японский архипелаг, утратили их еще в дописьменную эпоху, перейдя на язык доминирующего клана Ямато. Разрозненные языки аборигенов, далеко разошедшиеся за тысячелетия изоляции, были быстро вытеснены протояпонским, очевидным *lingua franca* региона, и почти не оставили в нем следов. Возможно, в реальности все происходило по более сложному сценарию, но по состоянию на сегодняшний день такая модель описывает факты наименее противоречивым образом с минимальным числом допущений.

Поскольку в рамках этой модели у японцев и корейцев из гаплогруппы O2b был один общий предок, очевидно, говоривший на языке, предковом как для корейского, так и для японского, то имеет смысл сравнить датировки, что дают ДНК-генеалогия и лингвистика. Первая из них указана выше — это около 6,4 тыс. лет назад. Вторую можно получить из лексикостатистического анализа японского и корейского языков, сделанного в предположении, что они входят в алтайскую макросемью. Он дал для прааппонского и среднекорейского 25 % общей базовой лексики [Старостин, 1991, с. 169], что соответствует дистанции в 10,7 тыс. лет между ними (Старостин С. А. Сравнительно-историческое языкознание и лексикостатистика // «Лингвистическая реконструкция и древнейшая история Востока». М.: Наука, 1989. С. 3-38.) или, с учетом времени существования этих языков,  $(500 + 2200 + 10\,700)/2 = 6700$  лет до распада их языка-предка. Обе датировки совпали в пределах погрешности, что может считаться косвенным аргументом как в пользу предложенной выше модели этногенеза японцев и корейцев, так и гипотезы о существовавшей в прошлом протоалтайской диалектной общности, при распаде которой образовались тюркские, монгольские, тунгусо-маньчжурские, корейский и японский языки.

Однако ДНК-генеалогия, в свою очередь, может внести коррективы в простую лингвистическую схему с расхождением языка по мере географического размежевания некоего народа-

предка. Дело в том, что времена расхождения языков в каждой из ветвей алтайской макросемьи коррелирует с ДНК-генеалогическими датировками разных гаплогрупп, представленных среди соответствующих этносов. Для японского и корейского — это O2b, для монгольских — C3, для тюркских — целый набор ветвей, включающий C3, N1b, N1c, Q1a2, Q1a3, R1a1, R1b1a1, для тунгусо-маньчжурских пока недостаточно данных. Очевидно, распад протоалтайской диалектной общности происходил не только и не столько за счет потери языкового контакта между носителями языков, но и за счет языковых переходов этносов, говоривших на других, не родственных алтайским языках. В случае японского и корейского, видимо, имел место как языковый переход (с неизвестного языка аустрической ? макросемьи на протоалтайский), так и потеря контакта (миграция на Корейский полуостров). Формирование других ветвей макросемьи требует отдельного рассмотрения.

Существует несколько конкурирующих гипотез, где, когда и как долго существовала гипотетическая протоалтайская общность. Пока нет критерия, какая из них более адекватна. С позиций ДНК-генеалогии, возможно, имеет смысл обратить внимание на гаплогруппу N — одну из самых старых в Восточной Азии, датировки и география которой во многом коррелируют с тем, что мы знаем об истории алтайских языков. Эту же гаплогруппу не без оснований связывают и с другой языковой макросемьей, зародившейся в том же самом регионе, — уральской. Если принять во внимание время до общего предка носителей гаплогруппы N в Японии и Корее (скорее всего, и во всем дальневосточном регионе) — не менее 8,6 тыс. лет назад, то она, видимо, указывает на существование в прошлом еще более древней языковой общности — урало-алтайской. Так это или нет, может решить дальнейшая работа.

Одним из основных результатов данного исследования можно считать то, что в своей основе японский и корейский этносы сформировались на Корейском полуострове в период времени с 6 тыс. до примерно 2,5 тыс. лет назад. В процессе этногенеза на ранней стадии доминировали носители гаплогруппы O2b, в дальнейшем к ним добавились двигавшиеся из Маньчжурии предста-



вители гаплогрупп ОЗ, СЗ и N. В Y-хромосомных линиях японцев также значителен вклад аборигенной гаплогруппы D2, которая показывает быстрый рост численности, начавшийся с появлением переселенцев с Корейского полуострова. Это может быть истолковано как то, что (как минимум) в начальной стадии контактов отношения двух этносов были мирными и представители коренного населения рано влились в состав народа, давшего начало современным японцам. Анализ двух ветвей гаплогруппы O2b дал дополнительные аргументы в пользу гипотезы, что в древней и раннесредневековой Корее существовал язык, родственник древнеяпонскому, но вышедший из обращения после объединения Кореи в VII в. н. э. Анализ датировок этих же ветвей также можно рассматривать как косвенное свидетельство в пользу алтайской гипотезы, хотя и в модифицированном, в сравнении с «классическим», вариантом. В заключение хотелось бы добавить, что за скобками осталось рассмотрение минорных ветвей, которое могло бы дать дополнительную информацию о других, менее многочисленных волнах миграции. Например, из Приморья через Сахалин или по островной дуге со стороны о. Тайвань. Они слишком малочисленны, и для большинства из них не хватает данных вне Японии.

## 141. НГАНАСАНЫ

По данным Всероссийской переписи населения, количество нганасанов, коренного самодийского народа Сибири, составляет 862 человека. Из них 94 % проживают в Красноярском крае (93 % из них — в Таймырском Долгано-Ненецком районе), 5 % — в Волгоградской области.

Состав нганасанов по гаплогруппам приведен в табл. 126.

Следует отметить, что столь высокое содержание гаплогруппы N наблюдается только у сибирских народов, а именно у якутов (87–92 %), хакасов-качинцев (90 %), ненцев (98 %) и сибирских заболотных тоболо-иртышских татар (89,5 %), данные приведены в соответствующих разделах выше. Но у якутов это почти исключительно N1a1-M46, у ненцев отношение субкладов P43 и M46 составляет примерно 60:40, и только у заболотных тоболо-иртышских татар и хакасов-качинцев структура гаплогруппы N близка к той,

которая характерна для нганасан, — содержание гаплогруппы N-P43 у первых составляет 80 %, у вторых — 88 %, у нганасан — 92 %. Это является хорошим указанием на то, что у всех трех родов мог быть один и тот же общий предок. Чтобы это дополнительно проверить, надо определить более глубокие сипы у мужчин во всех трех народностях.

**Таблица 126.** Состав гаплогрупп нганасанов по данным статьи\*

Гаплогруппа	Статья* 38 чел., %
N-M231	94,7
N1a2b-P43	92,1
N1a1-M46	2,6
C2-M217	5,3
Q	0
O-M175	0

\* Tambets K., et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. V. 19. №1. P. 139. Эти же данные приведены в работе Karafet и др. (2002) и воспроизводились в ряде источников за последние годы.

## 142. ТАТАРЫ-МИШАРИ

ДНК-генеалогия татар была достаточно подробно рассмотрена в главе 2 настоящей книги, мишари были упомянуты. Но поскольку в Переписи населения 2010 г. мишари отмечены отдельной строкой с указанием, что их численность составляет 786 человек, то в дополнение к главе 2 рассмотрим состав их гаплогрупп. В сетевой литературе есть сведения, что в 2012 г. под руководством М. Акчурина из Казани было проведено ДНК-тестирование 50 человек из известных мишарских мурзинских и княжеских фамилий Пензенской губернии и определены их гаплогруппы. Надо отметить, что упомянутая губерния прошла сложный путь к сегодняшней Пензенской области (в частности, через Тамбовскую область), поэтому сосредоточимся на мишарях, а не на географии. Состав их гаплогрупп приведен в табл. 127.

Ценность данных в табл. 127 является условной и не только потому, что не опубликована



в научном издании. Субклады не приведены, да и показатели типа 2 % и 4 % означают, что среди 50 человек таких было соответственно 1 и 2 человека. Но как условная подборка данных, до их верификации, пока условно же подходит.

**Таблица 127.** Состав гаплогрупп мишарей в выборке, описанной в тексте

Гаплогруппа	50 чел., %	Гаплогруппа	50 чел., %
J2b	38	N1a1	2
R1a	14	I1	2
Q1b	12	I2a	2
L	6	J1	2
R1b	4	O	2
J2a	4	T	2
E1b	4		

### 143. ГОРСКИЕ ЕВРЕИ (ДАГЕСТАНСКИЕ ЕВРЕИ, ТАТЫ-ИУДАИСТЫ)

По данным Всероссийской переписи населения, 762 человека назвали себя горскими евреями. Это — субэтническая группа евреев Восточного Закавказья. Сами себя они называют джуур (от перс. *juhud* — «иудей, еврей»), а именование «горские» получили в XIX в., когда в официальных русских документах все кавказские народы именовались «горскими». Горских евреев часто путают с татами (кавказскими персами).

Гаплотипов и гаплогрупп/субкладов горских евреев в литературе почти нет. Исключение — статья Tofanelli S., et al. J1-M267 Y lineage marks climate-driven pre-historical human displacements // *European Journal of Human Genetics*. 2009. V. 17. №11. P. 1520–1524. В этой статье приведен список из свыше 200 гаплотипов гаплогруппы J1 в 20-маркерном формате, собранных в разных регионах мира, в том числе 87 гаплотипов из Дагестана. Помимо двух горских евреев из Дербента, в дагестанской выборке были представлены 13 татов, 16 аварцев, 12 кубачинцев, 9 лакцев, 12 чеченцев и 23 табасарана. Все они относились к гаплогруппе J1, следовательно, предположительно имели одинаковое происхождение. Дерево всех этих гаплотипов было построено и проанализировано в статье А. А. Алиева и А. А. Клёсова «Часть

горских евреев — потомки Авраама по мужской линии» (Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2010. Т. 3. №3. С. 379–384, 2010), показано, что носители гаплогруппы J1 в Дагестане образуют весьма сложный конгломерат генеалогических ветвей, многие из которых относительно недавние, «возрастом» всего несколько сотен лет (плоские ветви), но некоторые — весьма древние, те, что далеко отходят от основания дерева. В целом время жизни общего предка каждой ветви без труда определяется по картине мутаций в гаплотипах ветви. Например, общий предок чеченцев гаплогруппы J1 жил всего  $600 \pm 180$  лет назад, аварцев —  $1600 \pm 360$  лет назад, табасаранов (в основном, хотя на их ветви есть гаплотипы татов, кубачинцев и некоторых других) —  $2475 \pm 320$  лет назад. Все дерево в целом имеет общего предка, который жил  $3850 \pm 650$  лет назад, и это соответствует «возрасту» как ветви татов и горских евреев (3 гаплотипа), так и остальной части дерева, потомков древних носителей гаплогруппы J1. Более того, этот возраст согласуется с датировкой общего предка гаплотипов евреев и арабов, о чем говорилось выше в настоящей книге.

Гаплотипы 1 горского еврея и 2 татов в указанной статье имеют следующий вид (в устаревшем 20-маркерном формате, используемом в статье):

14 13 16 **23** 10 11 12 12 18 16 14 10 12 20 15 17 21 11 19 22,

14 12 17 **23** 10 11 12 15 17 15 14 11 12 20 14 20 20 12 17 22,

14 13 17 **23** 10 11 12 13 17 16 14 10 11 20 15 19 20 11 22 22.

Видно, что это фактически один и тот же гаплотип, только несколько мутированный, что неудивительно после 4 тысячелетий, прошедших от библейского Авраама, точнее, от общего предка евреев и арабов в гаплогруппе J1. Приведенные 3 гаплотипа имеют 18 мутаций, что помещает их общего предка примерно на  $18/3/0,04115 = 227 \rightarrow 146 \rightarrow 170$  условных поколений, или примерно 4250 лет, назад. Калькулятор Килина – Клёсова дает  $4283 \pm 1097$  лет назад (без округления), что практически то же самое в пределах погрешности расчетов.

В гаплотипах выше выделены аллели гаплотипа «библейского Авраама», которые обсуждались в главе о евреях в настоящей книге. Это маркеры DYS19, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393,

DYS388 в приведенных гаплотипах. Как мы видим, только в одной аллели произошел сбой (15 вместо 16 в DYS388), что вполне объяснимо в ходе 4 тыс. лет.

Таким образом, эти 2 тата и 1 горский еврей — явно из «сынов Израилевых». Но другие 11 татов уже прямого отношения к Аврааму не имеют, у них гаплотипы другие. Доминирует гаплотип 14-13-23-11-11-12. Это уже нееврейский гаплотип, да и ветвь этих татов расположена в противоположной стороне дерева, в ветви, которой  $2475 \pm 320$  лет (Алиев и Клёсов, ссылка выше). Это — середина I тыс. до н. э. В 6-маркерном формате:

Tats01	14	13	23	11	11	12
Tats02	14	13	23	11	11	12
Tats03	14	13	23	11	11	12
Tats04	14	13	23	11	11	12
Tats05	15	13	24	10	11	12
Tats07	14	13	23	10	12	12
Tats08	14	13	23	11	11	12
Tats10	14	13	23	11	11	13
Tats11	14	13	23	11	11	12
Tats12	14	13	23	10	12	12
Tats13	14	13	23	11	11	12

Это же относится к другому горскому еврею в данной выборке. Его гаплотип: 14 13 22 10 11 12, из той же нееврейской категории, хотя и находится в ветви дерева, которой  $4075 \pm 570$  лет. Но он там один среди 14 других гаплотипов, к которым относятся 7 лакцев, 2 кубачинца, 2 табасарана, 2 аварца, 1 тат. Они все, скорее всего, имеют древние бедуинские или древние кавказские корни.

Таким образом, часть горских евреев и часть татов действительно «потомки библейского Авраама». Вполне может быть, что пропавшие «колена Израилевы», или хотя бы их часть, никуда не пропали, а живут в Закавказье.

Но далеко не факт, что все горские евреи имеют гаплогруппу J1. К автору этой книги обратился горский еврей, который сейчас живет в Израиле и который имеет гаплогруппу Q2, субклад L275. Этот субклад малоинформативен, поскольку образовался 235 снип-мутаций, или примерно 34 тыс. лет, назад, и за эти десятки тысяч лет разошелся по Евразии.

Q-M242 > Q2-L275.

Он обнаружен среди армян, чехов, в Индии, среди крымских караимов. Часто это ашкеназийские евреи, и, видимо, через них этот снип попал к горским евреям.

## 144. ТОФАЛАРЫ

По данным Всероссийской переписи населения, число тофаларов, коренного малочисленного народа Восточной Сибири, составило 762 человека. Из этого числа 89 % тофаларов проживают в Иркутской области, еще 3 % — в Красноярском крае, 2,5 % — в Томской области, 1 % — в Якутии.

В отношении состава их гаплогрупп, то есть родовой структуры (мужчин) в терминах ДНК-генеалогии, литература порой ведет к заблуждениям. Например, В. Г. Волков, в статье «Древние миграции самодийцев и енисейцев в свете генетических данных» (Томский журнал ЛИНГ и АНТР. 2013. Т. 1 №1. С. 79–96) сообщает — «*Тофалары обитают в восточной части Тывы, именно там, где генетиками зафиксирована наибольшая частота гаплогруппы Q1a3 на данной территории*». Не имея данных, В. Г. Волков рассуждает «по понятиям», что для него характерно и в отношении «норманнской теории», активным апологетом которой он является. На самом деле, имеющиеся в наличии данные показывают (см. ниже), что у тофаларов гаплогруппа Q1a3, и Q в целом, обнаружена лишь в малых количествах.

Некоторые данные, хотя и с пропусками, по гаплогруппам тофаларов приведены в статье Е. В. Балановской и др. «Генофонд охотников-оленоводо Южной Сибири: тофалары и тоджинцы» (Вестник Московского Университета. Серия 23: Антропология. 2019. №4. С. 67–80). Согласно этим авторам, при исследовании выборки из 45 тофаларов доля гаплогруппы N составила 82 %, из этого количества 45 % приходится на субклад L666 и 31 % — на субклад «N3a5a». Последний взят в кавычки, потому что такого нет и не было в номенклатуре субкладов. Последний раз, когда в официальной номенклатуре ISOGG использовали обозначение N3, было в 2007 г., сейчас это N1a1-M46. N3a в 2007 г. — был субклад снипа M178, сейчас это N1a1a. На этом номенклатура ряда N3 в 2007 г. заканчивалась, а в следующем, 2008 г., эта серия была переименована в серию N1a1 и нижестоящие субклады и снипы. Что кроется под обозначением N3a5a — догадаться

невозможно, тем более что попогнетики во главе с Е. В. Балановской индекс снипа не дали, при их обычной неряшливости, которая не раз была отмечена в настоящей книге. И это в статье 2019 (!) г. Поэтому, к сожалению, эти данные для науки фактически потеряны, и к чему относится 31 % у тофаларов — остается неизвестным. Снип L666 завершает следующую цепочку снипов:

N-M231 > Z4762 > L729 > N1a2-L666, и следующим за ним идет «северный» снип N1a2b-P43, который довольно часто встречается в Сибири и на севере Русской равнины. Отсюда можно сделать вывод, что у тофаларов гаплогруппа N еще в глубокой древности расходится на две ветви, приведенные сразу выше и ниже,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46, от снипа L729, который образовался 119 снип-мутаций, или примерно 17,1 тыс. лет, назад.

Итак, в статье Е. В. Балановской обозначено, что у тофаларов 82 % гаплогруппы N (видимо, подразумевается верхний снип M231), но сумма субкладов L666 и мифического N3a5a составляет 76 %. Остальные составляющие субклады-снипы утеряны, видимо, это были минорные по численности субклады. В цитированной статье они не приведены. Авторами цитируемой статьи была также найдена у тофаларов гаплогруппа R1a, ее доля в статье не приведена, но из иллюстраций можно угадать, что примерно 2–3 % от всех. Наконец, остальные 15 % гаплогрупп в статье не идентифицированы, просто указаны как «прочие». К сожалению, такой стиль характерен для статей Е. В. Балановской с соавторами.

Состав гаплогрупп тофаларов приведен в ранней статье Деренко М. В. и др. Разнообразие линий Y-хромосомы у коренного населения Южной Сибири // Доклады Академии наук. 2006. Т. 411. №2. С. 273–277, и воспроизведен в табл. 128.

**Таблица 128.** Состав гаплогрупп тофаларов в выборке из 32 человек в статье Деренко и др., ссылка дана в тексте выше.

Гаплогруппа	32 чел., %	Гаплогруппа	32 чел., %
N1a	59,4	C	6,3
N1a1	25	O	3,1
R1a	12,5	I	3,1
R1b	12,5	Q	3,1

## 145. КУБИНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, 676 человек записали себя как кубинцы. Поскольку на Кубе население чрезвычайно смешанное, проводить его специальное исследование по гаплогруппам, тем более для целей настоящей книги, большого смысла не имеет. Однако мы проведем его в очень кратком виде, для сохранения цельности концепции данной книги.

В сети есть «Кубинский проект» FTDNA, в котором находится 330 гаплотипов (<https://www.familytreedna.com/public/CubaDNAProject?iframe=yresults>). Подавляющее их большинство — некубинского происхождения, как и следовало ожидать, при этом в качестве стран происхождения указаны Испания, Португалия, Италия, США, Англия, Ирландия, Шотландия, Швеция, Дания, Франция, Греция, Румыния, Германия, Белоруссия, Китай, Палестина, Марокко, Бразилия, Мексика, Эль-Сальвадор, Доминиканская Республика, Ямайка, Пуэрто-Рико, а также обозначение «происхождение неизвестно». После удаления всех перечисленных выше стран происхождения и «неизвестных» осталось всего 34 гаплотипа. Из них максимальное количество гаплогруппы R1b (25 человек, то есть 74 %), по 3 человека гаплогрупп E и T и по одному — гаплогрупп J1, J2 и Q.

## 146–150. ТИНДАЛЫ, ХВАРШИНЫ, ГОДОБЕРИНЦЫ, АРЧИНЦЫ, БАГУЛАЛЫ

Перечисленные народности относятся к аварцам, уже рассмотренным выше в этой книге. Поскольку эти народности числятся во Всероссийской переписи населения в количествах 635 человек (тиндалы), 527 человек (хваршины), 427 человек (годоберинцы), 12 человек (арчинцы) и 5 человек (багулалы), они включены в настоящую книгу. Но, к сожалению, найти данных ДНК-тестирования их представителей, кроме багулалов, в литературе не удалось. Состав гаплогрупп багулалов приведен в табл. 129.

Понятно, что количество багулалов в Переписи населения никак не может быть ограничено пятью человеками. Загадка решается просто — багулалы в Переписи назвались аварцами и не стали вдаваться в этнографические детали. Но в любом

случае интересно то, что две трети их гаплогрупп приходится на R1b. К сожалению, субклады этой гаплогруппы у багулалов не определены, и любой из трех наиболее вероятных вариантов — M73, Z2103 или L51 — даст свою картину древних миграций и этногенеза этого субэтноса.

**Таблица 129.** Состав гаплогрупп багулалов в выборке из 28 человек в диссертации Юнусбаева Б. Б. Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y-хромосомы и A1U-инсерций: дисс. канд. биол. наук: 03.00.15. Уфа, 2006. 107 с.

Гаплогруппа	28 чел., %
R1b	68
J1	21
I1	7
R1a	4

151. МЕГРЕЛЫ (СУБЭТНОС ГРУЗИН)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 600 мегрелов. Поскольку в грузинских переписях населения (последние — 2002 и 2014 гг.) мегрелов причисляют к грузинам, то в настоящей книге мегрелы упо-

минаются в главе «Грузины». Но в данной главе мы приведем более детальные сведения о гаплогруппах мегрелов.

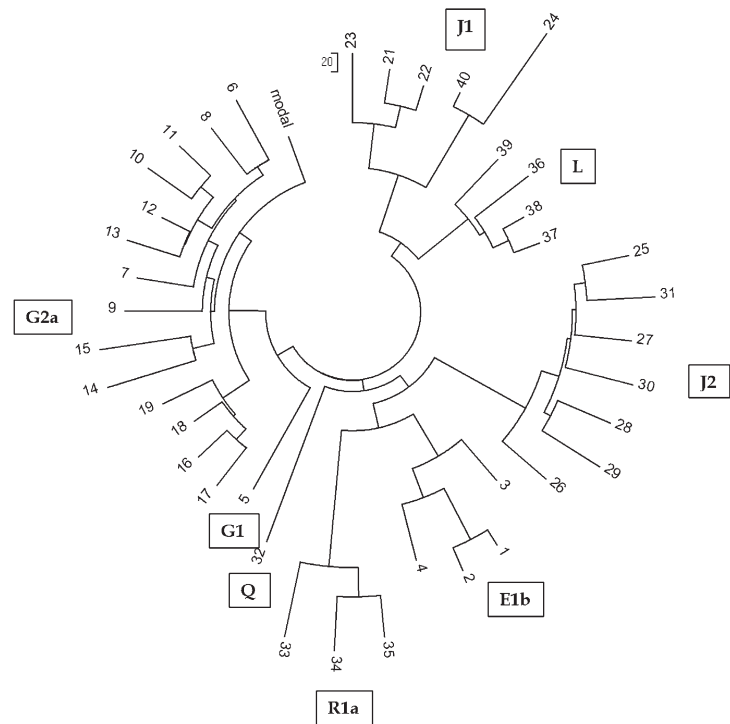
В сети есть проект «Кавказ» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>, в нем приведен 41 гаплотип мегрелов, в дополнение еще 4 гаплотипа приведены в «Черкесском проекте» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/UbykhSochi?iframe=yresults>.

В табл. 130 эти данные сведены с разделением по гаплогруппам.

**Таблица 130.** Состав гаплогрупп мегрелов в двух Проектах FTDNA, описанных в тексте выше

Гаплогруппа	45 чел., %	Гаплогруппа	45 чел., %
G	41	E	11
G1	2	L	11
G2a	39	R1a	7
J2	18	Q	2
J1	11		

На рис. 242 приведено дерево гаплотипов мегрелов, построенное с использованием гаплотипов гаплогрупп, приведенных в табл. 130.



**Рис. 242.** Дерево из 40 гаплотипов в 37-маркерном формате мегрелов из базы данных «Кавказ» и «Черкесский проект» (оба FTDNA), ссылки приведены в тексте. Показаны основные ветви дерева. Почти всю левую часть дерева занимают гаплотипы гаплогруппы G2a

## Гаплогруппа G2a

Из табл. 130 и рис. 242 видно, что основной по численности гаплогруппой у мегрелов, по результатам Проекта «Кавказ», является G2a. Базовый гаплотип в 37-маркерном формате для группы из 14 мегрелов имеет вид, типичный для Кавказа:

14 22 15 10 15 16 11 12 12 12 10 29 **18** 9 9 11 11  
24 16 21 29 13 13 14 14 10 11 20 21 15 15 **16** 18  
36 **38** 11 10,

с датировкой общего предка  $5200 \pm 630$  лет назад. Этот гаплотип близок по виду к базовому гаплотипу осетин группы G2a (с датировкой общего предка  $4300 \pm 470$  лет назад), рассмотренного в соответствующей главе настоящей книги:

14 22 15 10 15 16 11 12 12 12 10 29 17 9 9 11 11  
24 16 21 29 13 13 14 14 10 10 20 21 15 15 15 18  
36 37 12 10,

и отличается всего на 3 мутации (выделены в базовом гаплотипе мегрелов). Обе датировки согласуются в пределах погрешности расчетов. Довольно близок он и к базовому гаплотипу чеченцев гаплогруппы J2a.

## Гаплогруппа J2a

Гаплотипы этой гаплогруппы у мегрелов образуют довольно компактную ветвь на правой стороне дерева на рис. 242. Базовый гаплотип ветви имеет вид:

12 23 14 10 12 15 11 15 12 14 11 30 17 9 9 11 12  
25 15 20 29 12 14 15 16 9 8 19 22 17 14 19 15  
33 37 11 9,

условный общий предок которого жил  $5865 \pm 593$  года назад (без округления) с датировкой общего предка  $3420 \pm 525$  лет назад. Это — весьма недавнее время для общего предка группы гаплотипов J2a, так что мегрелы в этом отношении отличаются от других. Так, у испанцев в рассматриваемой ранее выборке датировка группы из 69 гаплотипов J2a была  $8610 \pm 890$  лет назад, у венгров —  $7240 \pm 820$  лет назад, у итальянцев (две ветви)  $7230 \pm 740$  и  $8760 \pm 940$  лет назад, у поляков —  $7000 \pm 800$  лет назад. Число мутаций по сравнению с соответствующими базовыми гаплотипами в 37-маркерном формате у мегрелов равно 18, 24, 20, 22 и 20 мутаций соответственно. Таким образом, базовый гаплотип гаплогруппы J2a мегрелов далеко удален от та-

ковых у испанцев, венгров, итальянцев, поляков. Но у кавказских базовых гаплотипов мутационное расстояние меньше: 16 мутаций с армянским и 15 мутаций с чеченским базовым гаплотипом (общие предки жили  $8580 \pm 870$  и  $5865 \pm 593$  года назад без округления).

12 23 14 10 13 16 11 15 11 13 11 30 17 9 9 11  
11 24 15 20 30 12 14 15 16 9 9 19 21 16 14 18  
15 31 37 13 9 (чеченский базовый гаплотип гаплогруппы J2a).

## Гаплогруппы J1, R1a, E1b и L

Ветвь гаплогруппы J1 у мегрелов неоднородна и состоит из трех подветвей; в каждой подветви мало данных, чтобы их серьезно рассматривать (рис. 242).

В гаплогруппе R1a у мегрелов всего 3 гаплотипа, которые типированы совершенно поверхностно, на уровне R1a-M512. Кроме того, что их мало, никакой другой полезной информации они не предоставляют.

Ветвь гаплогруппы E1b неоднородная, в ней всего 4 гаплотипа. То же самое относится и к ветви гаплогруппы L (рис. 242).

## 152–153. ОРОЧИ И НЕГИДАЛЬЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, число орочей и негидальцев в РФ составляет соответственно 596 и 513 человек. Подавляющее большинство тех и других живут в Хабаровском крае, 74 и 94 % соответственно. 18 % орочей живут в Магаданской области, 6 % — в Сахалинской области, 2 % — в Приморском крае.

Сведений по ДНК-тестированию негидальцев в литературе не найдено, но по орочам было проведено исследование их гаплогрупп в выборке из 30 человек (Tambets, et al., 2018). Численно преобладающей гаплогруппой была C2-M217, ее показали 26 человек (87 % от всех). Авторы указали число 86,7 %, что при выборке из 30 человек не имеет математического и даже арифметического смысла. Для использования десятых долей процента в подобных случаях выборка должна быть не менее тысячи человек и желательно более многочисленной. На втором месте по численности была гаплогруппа N1a1, ее имели 3 человека (10 %), и 1 человек имел гаплогруппу O-M175 (3 % от всех).



## 154. ПАКИСТАНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 507 пакистанцев, что составляет десятитысячные доли процента от общего числа пакистанцев в мире. Тем не менее рассмотрим состав пакистанцев по гаплогруппам из Проекта «Афганистан и Пакистан» FTDNA: [https://www.familytreedna.com/public/dna\\_afghan\\_pak?iframe=yresults](https://www.familytreedna.com/public/dna_afghan_pak?iframe=yresults), в котором числится всего 54 пакистанца, из них 36 — с гаплотипами в 37-маркерном формате. Соответствующие данные приведены в табл. 131.

**Таблица 131.** Состав гаплогрупп пакистанцев в Проекте «Афганистан и Пакистан» FTDNA, ссылка на который дана в тексте выше, а также согласно сайту YFull: <https://www.yfull.com/tree/>. Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	54 чел., %	Число снийов в списке YFull
R1a	35	32
Z93	н/п	2
Z94	н/п	4
L657	н/п	21
Z2124	н/п	0
Z2123	н/п	2
Z2125	н/п	2
Z282	н/п	1
Q	13	7
L	13	5
H	7	14
J2	7	16
G	7	7
G2-P287		2
G2a-P15		5
R1b	6	0
R2	4	14
O	4	3
J1	4	2
C	0	4
E1b	0	1
I1	0	0
I2	0	1
T	0	0
N	0	0

Мы видим, что среди пакистанцев в данной выборке преобладает гаплогруппа R1a, за ней следуют гаплогруппы Q и L, и это уже составляет почти две трети пакистанцев из выборки. Разумеется, то же самое следует из дерева гаплотипов (рис. 243), но дерево показывает неоднородности ветвей гаплотипов и их возможные подразделения на субклады.

Например, в ветви гаплогруппы Q (справа внизу на дереве) гаплотип 16 резко отстраивается от остальных, и ясно, что он относится к другому субкладу, чем остальные на ветви, и не должен включаться в расчеты наряду с остальными. Ситуацию осложняет то, что для 3 гаплотипов под номерами 11, 12 и 14 в Проекте нет никакой дополнительной информации, кроме того, что они относятся к гаплогруппе Q. Поэтому если бы не дерево, было бы неизвестно, как группировать гаплотипы по «похожести», и потому неизвестно, как рассчитывать время жизни общих предков. Действительно, оказалось, что гаплотип 16 относится к линии Q1b-M346, а все гаплотипы остальной части ветви — к линии Q2b-L68.2.

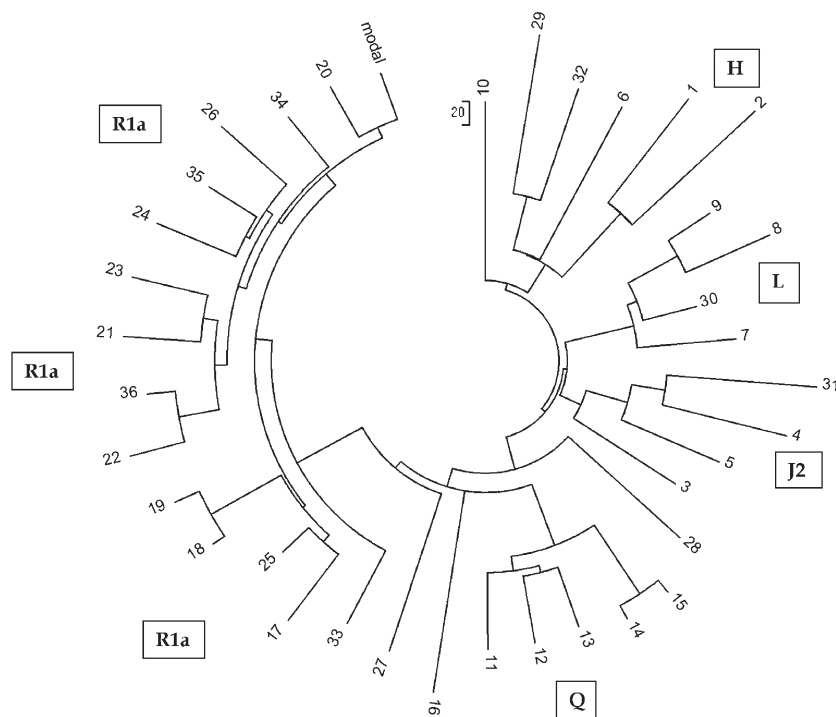
Расчет датировки общего предка для ветви Q2b из 5 гаплотипов (11–15) показал  $3060 \pm 540$  лет назад, а если бы мы не видели конфигурации ветви и провели расчет по всем гаплотипам группы Q (включая гаплотип 16), то получили бы датировку почти в два раза выше (древнее). Базовый гаплотип для ветви Q2b имел следующий вид:

13 22 13 10 12 16 12 12 12 13 15 30 17 9 10 11  
11 26 15 19 30 13 15 15 16 10 9 19 19 15 14 17  
18 35 38 11 11.

Отчасти похожий был базовый гаплотип у евреев с датировкой общего предка  $1280 \pm 160$  лет назад и отличающийся от пакистанского гаплотипа на 12 мутаций:

13 22 13 10 14 16 12 12 12 13 15 29 17 9 9 11 11  
25 14 19 29 14 15 15 16 10 9 19 19 15 14 17 16  
33 38 12 11.

Такое различие разводит датировки общих предков на  $12/0,09 = 133 \rightarrow 158$  условных поколений, или 3950 лет, и общий предок обеих ветвей жил  $(3060 + 1280 + 3950)/2 = 4100$  лет назад, несколько ранее, чем пакистанского гаплотипа, но в разумных пределах погрешности расчетов.



**Рис. 243.** Дерево из 36 гаплотипов в 37-маркерном формате пакистанцев из базы данных «Афганистан и Пакистан» (FTDNA: [https://www.familytreedna.com/public/dna\\_afghan\\_pak?iframe=yresults](https://www.familytreedna.com/public/dna_afghan_pak?iframe=yresults)). Показаны основные ветви дерева. Всю левую часть дерева занимают гаплотипы гаплогруппы R1a

В ветви гаплотипов гаплогруппы R1a (вся левая половина дерева) все снипы, которые были определены, относятся к субкладу R1a-Z93 и нижестоящим субкладам. Базовый гаплотип ветви следующий:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11  
11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 15 16  
18 19 34 40 14 11,

с датировкой общего предка  $4580 \pm 600$  лет назад. Это — ожидаемый субклад в Пакистане, потому что именно такие наблюдаются в Индии.

Последняя гаплогруппа, которую мы здесь рассмотрим, это L, и то в рассматриваемой выборке в ней всего 4 гаплотипа. Это — типичная для Индостана гаплогруппа, и все 4 гаплотипа показывают следующий базовый гаплотип:

12 23 15 10 9 17 11 12 13 13 14 30 — 18 9 9 11  
12 25 16 19 30 15 16 16 16 — 11 10 19 21 15 14  
16 16 33 35 11 10,

с датировкой общего предка  $4170 \pm 720$  лет назад.

Остальные гаплогруппы — O, G, H, J1, J2, R2 — состоят из одиночных гаплотипов или имеют разнородные (и бедные) ветви.

Данные в списке YFull подтверждают, что максимальное представительство пакистанцев

находится в гаплогруппе R1a, причем из 32 пакистанцев в списке YFull 31 относятся к субкладу R1a-Z93 и нижестоящим (в том же субкладе), и только один имеет снип линии Z282. Максимальное число пакистанцев относятся к линии снипа L657.

Взглянем на цепочку снипов, относящихся к линии Z282 у пакистанца, это линия необычна для Азии:

R1a-L645 > Z283 > Z282 > Y17491 > YP4858 > Y59524 > **Y50543**.

Она не проходит через линии субкладов M458 или Z280, характерных для славян (но не только), и «уходит в сторону», оказываясь в итоге у пакистанца.

Ряд линий характерны для Индостана, как линии гаплогрупп Q, L, H, J2, G, R2, в них нет ничего необычного для этого региона.

В целом данные по проекту «Афганистан и Пакистан» (в этой главе рассмотрены только пакистанцы) по ряду гаплогрупп различаются, видимо, из-за малой статистики Проекта, всего 54 гаплотипа. Но в целом данные показывают вполне согласующуюся систему в ряду уменьшения доли гаплогрупп.

## 155. АЛЕУТЫ

По данным Всероссийской переписи населения, численность алеутов, коренного малочисленного народа РФ, в России составляет 482 человека, из которых 83 % проживают в Камчатском крае. Их состав по гаплогруппам представлен в статье М. Н. Crawford, K. Beatty «DNA fingerprinting in anthropological genetics: Past, present, future» (Investigative Genetics. 2013. V. 4. №23. DOI: 10.1186/2041-2223-4-23) и отражен на рис. 244.

Как обсуждают авторы указанной статьи, только 15 % алеутов имеют гаплогруппу Q\* или Q1b1a1a-M3 (авторы статьи использовали устаревшее название последнего субклада, как Q3, удаленное из номенклатуры еще в 2007 г.), которые могут рассматриваться как «местные». Остальные 85 % гаплогрупп в наши времена больше присущи европейцам (I, J, E3b, R1a, R1b, I1a) и сибирякам и европейцам (N) и, скорее всего, были «занесены со стороны».

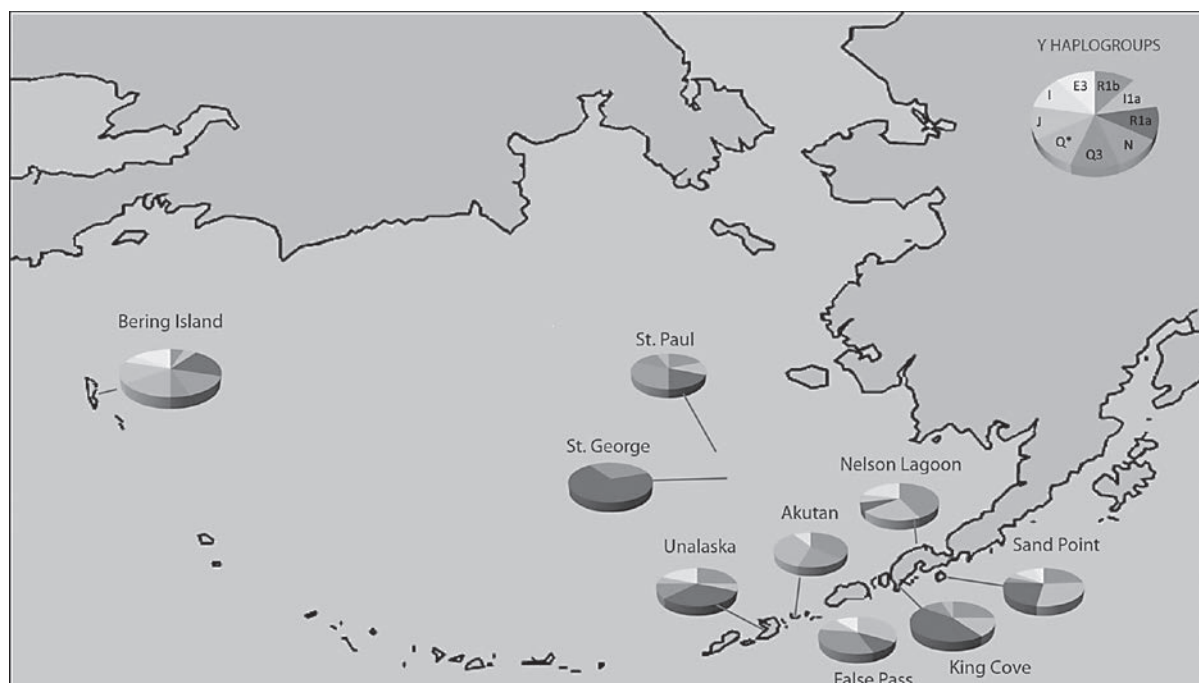
## 156. ФИННЫ-ИНГЕРМАНЛАНДЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживает 441 человек, считающие себя ингерманландцами или ингерманландскими финнами. В России проживают в основном в Карелии, Санкт-Петербурге, Ленинградской области, в Западной Сибири. Не достигнут консенсус (включая самих ингерманландцев) в отношении того, являются ли они финским субэтносом или самостоятельным этносом, с диалектом финского языка.

Состава гаплогрупп, присущих именно ингерманландцам, в литературе найти не удалось.

## 157. ПАМИРЦЫ (ПОМИРИ, ПАМИРСКИЕ ТАДЖИКИ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 363 человека, которые записали себя памирцами. Памирцы населяют в основном высокогорные районы Памира и Гиндукуша в Центральной Азии. Состава гаплогрупп памирцев в литературе найти не удалось.



**Рис. 244.** Доля гаплогрупп алеутов на Алеутских островах, из статьи, ссылка на которую дана в тексте

## 158. ЧУЛЫМЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 355 чулымцев, из которых 57 % проживают в Томской области, и 41 % — в Красноярском крае. Чулымцы — коренной малочисленный народ Российской Федерации. Данных по ДНК-тестированию чулымцев в литературе найти не удалось.

## 159. МАКЕДОНЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 325 македонцев, представителей южных славян, что соответствует крайне малой доле от общего числа македонцев в 2–2,5 млн человек. Состав македонцев по гаплогруппам приведен в табл. 132.

Картина по данным табл. 132 складывается довольно типичная для Балкан — две наиболее характерные гаплогруппы для македонцев это I2a (определенно южнославянский субклад Y3120)

и E1b (определенно субклад V13). Далее следуют гаплогруппы J2, R1a и R1b и затем минорные по численности гаплогруппы. Это также типично для народностей бывшей Югославии.

В Проекте «Балканы» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/balkangenetics?iframe=yresults>) среди сотен гаплотипов есть всего 7 гаплотипов македонцев. Поэтому в табл. 132 приведено только число их гаплотипов в Проекте, а не процентное содержание. В списке YFull найдено тоже только 7 представителей Македонии. Но в целом данные табл. 132 не противоречат по всем трем сериям данных. Все 3 представителя Македонии в списке YFull относятся к южнославянскому субкладу I2a-Y3120, конечные снипы (по одному) из ветвей Y18331, Z17855 и S17250. Оба снипа гаплогруппы E1b относятся к линии V13, что характерно для Балканских Y-хромосом. Гаплогруппа J2 относится к линии J2b, гаплогруппа G2a — к линии P303.

**Таблица 132.** Состав гаплогрупп македонцев по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml); численность выборки в 500–1000 человек — по сведениям сайта), Проекта «Балканы» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/balkangenetics?iframe=yresults>) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Сайт Eupedia, (500–1000 чел.), %	Проект FTDNA, число человек	Список YFull, число снипов
I2a	23	1	3
Y3120	н/п	1	3
E1b	21,5	2	2
V13	н/п	1	2
J2	14	н/п	1
R1a	13,5	2	0
Z280		1	
R1b	12,5	2	0
Z2103	н/п	1	
G2a	4	н/п	1
I1	3	н/п	0
J1	2	н/п	0
I2b	1,5	н/п	0
T	1,5	н/п	0
Q	1,5	н/п	0
N	0,5	н/п	0

**Таблица 133.** Состав гаплогрупп хорватов, по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), Проекта «Балканы» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/balkangenetics?iframe=yresults>) и сайта YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). На сайте Eupedia — численность выборки более чем в 1000 человек — по сведениям сайта

Гаплогруппа	Сайт Eupedia, (> 1000 чел.), %	Проект «Балканы», 27 чел.	Число снипов по списку сайта YFull
I2a	37	6	13
L460	н/п	1	4
Y3120	н/п	5	9
M223	1	0	0
R1a	24	3	11
M458-L260	н/п	0	6
Z280	н/п	3	5
E1b	10	2	6
V13	н/п	1	6
R1b	8,5	2	2
Z2103	н/п	1	1
P312	н/п	0	1
U106	н/п	0	0
J2	6	9	0
I1	5,5	2	2
G2a	2,5	2	1
J1	1	0	1
Q	1	0	0
T	0,5	0	1
N	0,5	1	2

## 160. ХОРВАТЫ

По данным Всероссийской переписи населения, 304 человека идентифицировали себя как хорватов, представителей южнославянского народа. Состав хорватов по гаплогруппам приведен в табл. 133.

В Проекте «Балканы» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/balkangenetics?iframe=yresults>) среди сотен гаплотипов есть всего 27 гаплотипов хорватов. Поэтому в табл. 133 приведено только число их гаплотипов в Проекте, а не процентное содержание.

В целом табл. 133 показывает достаточно хорошее согласование между тремя независимыми источниками — сайтом Eupedia, Проектом FTDNA и списком YFull.

Как и в большинстве стран бывшей Югославии, Хорватия представлена в значительной

степени гаплогруппой I2a, причем на две трети и выше южнославянским субкладом Y3120. Типичного западноевропейского субклада M223 в списке YFull и в Проекте FTDNA нет. Среди 6 гаплотипов в Проекте FTDNA четыре относятся к ветви Y3120-S17250, 1 гаплотип недотипирован (CTS10228), но с максимальной вероятностью относится к линии Y3120, и один относится к линии I2 > L460 > M436 > L38 > PH2591 (в сокращенном виде).

На втором месте по численности гаплогруппа R1a, почти поровну представлена субкладами M458-L260 (западнославянский) и Z280 (восточнославянский). В Проекте FTDNA все 3 гаплотипа группы R1a — субклада Z280-CTS3402 (балто-карпатская ветвь).

Гаплогруппа E1b в списке YFull представлена исключительно субкладом V13, как это часто



бывает в Европе, как и один из двух гаплотипов в Проекте FTDNA. Это — один из древнейших европейских субкладов, носители которого были почти полностью уничтожены в ходе заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, субклад возродился только примерно 3450 лет назад, как описывалось выше в этой книге.

Гаплогруппа R1b в Хорватии — минорная по численности, в списке YFull представлена только двумя представителями, один субклада Z2103 (субклад ямной культуры), другой — субклада R312, западноевропейского, потомка археологической культуры колоколовидных кубков. В Проекте FTDNA тоже имеются оба гаплотипа хорватов группы R1b, один явно недотипирован (L51), другой — тот же субклад ямной культуры R1b-Z2103.

Остальные гаплогруппы еще более минорные по численности (табл. 133).

Поскольку все эти субклады многократно обсуждались выше в данной книге и общая картина их распределения достаточно ясна, не будем вдаваться в малозначительные детали. Взглянем только на сніпы гаплогруппы N, поскольку они необычны для Балкан. Обе цепочки сніпов из списка YFull в Хорватии следующие:

N-M231 > Y6503 > R189.2 > Y6516 > Y7310 > Y7313 > **FGC28435**,

N-M231 > Z4762 > L729 > Z1956 > N1a1-M46 > F1419 > L708 > M2126 > M2019 > M2058 > A9408 > RН1612 > **A9416**.

Последний (выделен) числится также в Проекте FTDNA. Оба конечных сніпа имеют характерную особенность — они были найдены также в Турции, первый (выделенный) сніп — кроме Турции, еще в Сербии и Черногории. Он был назван выше в данной книге сніпом «южной линии», его миграции проходили не через Урал и Русскую равнину, а шли южнее и прибыли в Закавказье/Месопотамию, в итоге их сніпы отличаются от сніпов Русской равнины. Сніп A9416, в отличие от первого, продолжает линию N1a1-M46, но опять проходит южнее, проходя через Турцию.

## 161. УЛЬТА (УЙЛЬТА, ОРОКИ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 295 ороков (ульта), из которых 88 % проживают в Сахалинской области, и остальные в небольших количествах, на уровне единиц и долей процентов от всех ороков, проживают в Хабаровском крае (2,4 %), Москве и Петербурге (2,4 % и 1,7 % соответственно), в Бурятии (1,4 %), в Приморском крае (0,7 %). Ороки — коренной малочисленный народ Российской Федерации. Данных по ДНК-тестированию ороков в литературе найти не удалось.

## 162. ТАЗЫ (УДЭ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 274 представителя народа тазов, из которых 93 % живут в Приморском крае. Тазы — коренной малочисленный народ Российской Федерации. Данных по ДНК-тестированию тазов в литературе найти не удалось.

## 163. ИЖОРЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 266 ижорцев, из которых 64 % проживают в Ленинградской области, 20 % — в Санкт-Петербурге, 9 % — в Карелии, по 2–3 % — в Московской области, Новгородской области, Мурманской области. Ижорцы — коренной малочисленный народ Российской Федерации. Данных по ДНК-тестированию ижорцев в литературе найти не удалось.

## 164. БОСНИЙЦЫ (БОСАНЦЫ, БОШНЯКИ)

По данным Всероссийской переписи населения, 256 человек записали себя в опросные листы как боснийцев. Сами боснийцы признают себя смешанным этносом, название — собирательным, объединяющим бошняков, сербов и хорватов, основное количество боснийцев проживает

**Таблица 134.** Состав гаплогрупп боснийцев, по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Поскольку боснийцы имеют смешанный состав, приведены данные по гаплогруппам и некоторым субкладам по боснийским бошнякам, боснийским сербам и боснийским хорватам, а также суммарно по Боснии-Герцеговине — по данным сайта Eupedia и списку YFull

Гаплогруппа	Босния-Герцеговина, сайт Eupedia, 500–1000 чел., %	Боснийские бошняки, сайт Eupedia, 500–1000 чел., %	Боснийские хорваты, сайт Eupedia, менее 100 чел., %	Боснийские сербы, сайт Eupedia, 100–250 чел., %	Босния-Герцеговина, число сніпов по списку YFull
I2a	50,5	53,5	71	33	21
I2a-Y3120	н/п	н/п	н/п	н/п	21
I2a-L460	н/п	н/п	н/п	н/п	0
I2a-M223	н/п	н/п	н/п	0,5	0
R1a	18	18	12	20	5
Z280	н/п	н/п	н/п	н/п	5
M458	н/п	н/п	н/п	н/п	0
Z93	н/п	н/п	н/п	н/п	0
Z284	н/п	н/п	н/п	н/п	0
L664	н/п	н/п	н/п	н/п	0
E1b	11,5	9	9	17,5	5
V13	н/п	н/п	н/п	н/п	5
J2	5,5	5	1	8,5	4
I1	4,5	4	0	7,5	4
R1b	3,5	3,5	2	3,5	2
P312	н/п	н/п	н/п	н/п	0
U106	н/п	н/п	н/п	н/п	0
Z2103	н/п	н/п	н/п	н/п	2
G2a	1,5	1,5	1	1	1
J1	1	0,5	0	3,5	2
N	1	1	0	1	1
T	0,5	0	0	1	0
Q	0,5	0,5	0	0	1

в Боснии-Герцеговине в количестве примерно 3,5 млн человек.

Состав боснийцев по гаплогруппам приведен в табл. 134 и 135.

Несмотря на то что в табл. 135 представлено только 29 образцов, она хорошо согласуется с данными табл. 134. Эти данные показывают, что среди боснийцев по всем группам — бошнякам, хорватам, сербам и боснийцам — в целом наиболее представлена южнославянская ветвь

Y3120 гаплогруппы I2a. Как описано выше в данной книге, в этой ветви есть четыре субклада — S17250, Y18331, Y4460 и Z17855, которые образовались соответственно 16, 16, 15 и 12 сніп-мутаций, или примерно 2,3 тыс., 2,3 тыс., 2,2 тыс. и 1,7 тыс. лет назад, в конце прошлой и начале нашей эры. У боснийцев в данной выборке (YFull) присутствуют только S17250 (19 представителей) и Z17855 (2 представителя). Это тот довольно редкий случай (из выявленных), когда определен-

ные субклады (в данном случае S17250) довольно четко ассоциируются с определенным регионом или этносом. То же в табл. 135 — из 15 образцов группы I2a-Y3120 тринадцать относятся к ветви S17250 и 2 гаплотипа недотипированы (показано только CTS10228).

**Таблица 135.** Состав гаплогрупп боснийцев по данным Проекта «Балканы» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/balkangenetics?iframe=yresults>). Поскольку гаплотипов мало, показано только число их в соответствующей гаплогруппе, без расчетов процентного содержания

Гаплогруппа	Проект «Балканы» FTDNA, 29 чел.
I2a	15
Y3120	15
J2	6
J2a	1
J2b	5
R1a	4
M458	1
Z280-CTS3402	2
E1b	1
V13	1
R1b	1
J1	1
N-M231	1

В гаплогруппе R1a в списке YFull представлен только субклад Z280, при отсутствии M458, Z93, Z284 и L664. Более того, среди них представлены только северные и карпатские ветви — Z92 (северо-евразийская ветвь, в которую входит условная венедская ветвь), CTS1211 (карпатская ветвь), Y2902 (восточнокарпатская ветвь), CTS3402 (балто-карпатская ветвь). Близкая картина в Проекте FTDNA — оба гаплотипа ветви Z280 относятся к балто-карпатской ветви CTS3402, один гаплотип — к субкладу M458, еще один недотипирован, указано просто R1a. Осталось подтвердить гипотезу, что балканские R1a в значительной степени принесены мигрантами из фатьяновской археологической культуры 4 тыс. — 3 тыс. лет назад (восточные славяне), и только 2 тыс. лет назад к ним присоединились носители гаплогруппы I2a-Y3120, образовав славянское единство.

Гаплогруппа E1b у боснийцев, как у большинства балканцев, представлена субкладом V13, одним из древнейших субкладов Европы, носители которого были почти полностью уничтожены в ходе «гибели старой Европы», а именно геноцида, осуществленного в ходе заселения Европы носителями культуры колоколовидных кубков, в основном субклада R1b-P312. Носители V13 вышли из «бутылочного горлышка» выживания примерно 3450 лет назад и являются наиболее распространенными в Европе вообще и на Балканах в особенности.

Показательно, что среди боснийцев, как и славян вообще, почти отсутствует гаплогруппа R1b. В изучаемой выборке нет западноевропейских субкладов P312 и U106, и есть только следы субклада ямной культуры Z2103. В (малой) выборке Проекта FTDNA из 29 гаплотипов только один относится к гаплогруппе R1b, субклад недотипирован (M269).

Остальные гаплогруппы являются минорными по численности, присутствуют в выборках в единицах процентов, кроме боснийских сербов, у которых имеется 8,5 % гаплогруппы J2 и 7,5 % гаплогруппы I1. Первая — типичная средиземноморская и ближневосточная гаплогруппа, могла быть занесена на Балканы во времена Римской империи, вторая — типичная «общеевропейская» гаплогруппа, которая была практически уничтожена в ходе «гибели старой Европы» наряду с E1b-V13 и вышла из «бутылочного горлышка» выживания примерно 3,7 тыс. лет назад, тогда же, когда и гаплогруппа E1b-V13.

Как мы делали ранее, взглянем на гаплогруппу N у боснийцев, которая крайне редкая на Балканах. Ранее мы показали, что эта гаплогруппа попадала на Балканы вместе с турками. Данный единичный пример у боснийцев (найденный в Республике Србска) имеет следующую цепочку снийпов:

N-M231 > Y6503 > P189.2 > Y6516 > Y7310 > Y7313 > FT182494 > FGC28435 > **Y89317**.

С ним та же типичная картина — он найден в Турции, а также в Сербии, Черногории и Хорватии, и последний снийп (выделен) образовался 5 снийп-мутаций, или примерно 720 лет, назад.

## 165. ЭНЦЫ (ЕНИСЕЙСКИЕ САМОЕДЫ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 227 энцев, из которых 97 % живут в Красноярском крае, из последних — 89 % в Таймырском Долгано-Ненецком районе. Еще 2 % энцев живут в Вологодской области. Энцы — коренной малочисленный самодийский народ Российской Федерации. Данных по ДНК-тестированию энцев в литературе найти не удалось, за исключением косвенных данных компании Гентис, что 78 % энцев относятся к гаплогруппе N1a2b-P43. Прямой ссылки на это найти не удалось, при том, что компания Гентис давно не существует и веб-сайт давно ликвидирован.

## 166. РУСИНЫ (КАРПАТСКИЕ РУСИНЫ, ЗАКАРПАТСКИЕ РУСИНЫ, ГУЦУЛЫ, БУКОВИНЦЫ)

Количество русин, по данным Всероссийской переписи населения, в РФ составляет 225 человек. Максимальное количество русин числится в Словакии и составляет свыше 20 тыс. человек, в Сербии — более 14 тыс. человек, на Украине — более 10 тыс. человек. Сведения по составу гаплогрупп

у русин являются довольно устаревшими (2009–2010 гг.), «Карпато-Русинский проект» FTDNA является закрытым, и имеющиеся у нас сведения по нему тоже довольно устаревшие (2010 г.), в табл. 136 приведена доступная информация по всем источникам, имеющимся в нашем распоряжении.

Таблица 136 показывает, что несмотря на имеющийся разноречивый в данных, что неудивительно, когда они получены в разных регионах, в целом тенденция ясна — первые три места по численности занимают гаплогруппы R1a, E1b и I2a. Это — типичная картина для Карпат и Балкан, которая не раз была показана выше в этой книге.

## 167. СЕТУ (ПРАВОСЛАВНЫЕ ЭСТОНЦЫ)

По данным Всероссийской переписи населения, 214 человек записали себя как «сету». Из них 57 % проживают в Псковской области (в основном в Печорском районе и в городе Печоры), 35 % — в Красноярском крае, остальные — единицы и меньше процентов — в Ленинградской области, Санкт-Петербурге, Москве, в Хакасии. Данных по ДНК-тестированию сетов в литературе найти не удалось.

**Таблица 136.** Состав гаплогрупп русинов, по данным статьи\* (по воеводинским русинам Сербии, г. Нови Сад), сведений С. Кравченко и др. (карпатские русины, г. Ужгород, Украина), представленных в базу данных YHRD (2009 г.) и «Карпатско-Русинского проекта» (<https://www.familytreedna.com/groups/carpatho-rusyn/dna-results>). Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Русины*, Нови Сад, 200 чел., %	Русины**, Ужгород, 81 чел., %	Русины***, Проект FTDNA, 60 чел., %
R1a	43,5	30	35
E1b	26,1	25	35
I2a	н/п	20	13,3
R1b	н/п	15	6,7
G2a	13	н/п	н/п
N1a	8,7	н/п	1,7
J2b	н/п	н/п	3,3
I1	8,7	н/п	н/п
T	н/п	5	н/п
R2	н/п	н/п	1,7

\* Veselinovic I. S. et al. Allele frequencies and population data for 17 Y-chromosome STR loci in a Serbian population sample from Vojvodina province // *Forensic Science International*. 2008. V. 170. №1.

## 168. АДЖАРЦЫ (СУБЭТНОС ГРУЗИН)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 211 аджарцев. Поскольку в грузинских переписях населения аджарцев причисляют к грузинам, то в настоящей книге аджарцы упоминаются в главе «Грузины». К сожалению, данных по ДНК-тестированию аджарцев почти нет. В сети есть проект «Кавказ» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>, в нем приведены всего 2 гаплотипа аджарцев, оба E1b-M35, субклада V13. Для сравнения, в том же Проекте имеются 41 гаплотип мегрелов и 25 гаплотипов лазов.

## 169. КАРАИМЫ

По данным Всероссийской переписи населения, 205 человек записали себя как «караимы». Общая численность караимов в мире начитывает, по оценкам, около 2 тыс. человек, проживают по несколько сотен человек в России (в основном Крым), Польше, Литве, Белоруссии, Казахстане, в США и других странах. На Западе принима-

ется, что караимы — приверженцы караимского иудаизма и что они имеют в основном еврейское (иудейское) происхождение, сами караимы по политическим причинам и стремлениям к выживанию в 40-х гг. XX в. всё в большей степени дистанцируются от своего еврейского происхождения.

Наиболее обстоятельно (с точки зрения недавнего времени) состав гаплогрупп караимов изучали в работе «The Genetic Signatures of East European Karaites» (Brook K. A., Kull L. и Levin A. J., 2013–2015: [Электронный ресурс]. URL: <http://www.khazaria.com/genetics/karaites.html>, режим доступа свободный), и этот материал повторен в книге К. А. Brook «The Genetics of Crimean Karaites» (Karadeniz Araştırmaları. 2014. №42. С. 69–84), а также в кандидатской диссертации А. Т. Агджоян «Генофонд коренных народов Крыма по маркерам Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей аутосомных SNP» (дисс. канд. биол. наук: 03.02.07. Москва, 2018. 129 с.).

Состав гаплогрупп караимов по данным указанных выше авторов приведен в табл. 137.

**Таблица 137.** Состав гаплогрупп караимов, по данным диссертации\* (процитирована в тексте) и статьи\*\* (процитирована в тексте). Обозначение «н/п» — данные не представлены. Устаревшая номенклатура исправлена

Гаплогруппа	Диссертация*, 61 чел., %	Статья**, 21 чел., %
J1	26	19
G2a	17	19
R1a	16	н/п
J2a	14	28
C2-M217	7	н/п
E1b	6	19
T	6	н/п
L	5	5
Q1b-L245	н/п	5
R1b-M269	н/п	5
Прочие	3	0

\* Оценочные показатели по рис. 245, приведенному в диссертации А. Т. Агджоян. *Караимы Крыма*.

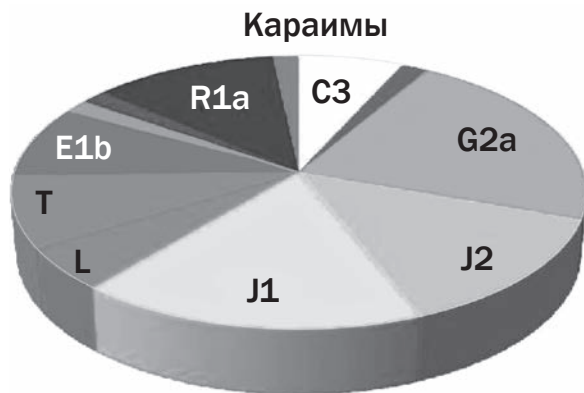
\*\* Данные приведены для караимов в основном крымского происхождения, проживающих в США, Канаде, Израиле и Крыму. Исключения описаны в тексте.



Данные в табл. 137 показывают определенный разнород, что неудивительно для столь малой статистики в обоих случаях, особенно в статье Brook et al. Но в целом видно, что сумма гаплогрупп J1 и J2 составляет 40 и 47 %, и такая относительно высокая величина не противоречит гипотезе о ближневосточном происхождении караимов. К сожалению, в диссертации А. Т. Агджоян субклады гаплогрупп не определяли, но в статье Brook et al. данные в этом отношении более детальные. Ниже — список цепочек снупов тех гаплогрупп, для которых определяли субклады. Начнем с единственного «глубокого» снупа группы J1.

J1-M267 > Z2215 > Z2217 > L620 > PF4816 > L136 > P58 > Z643 > Z1865 > Z1853 > Z2331 > Z2324 > **Z2317** (= CTS11741).

Эта цепочка проходит через снуп P58, который образовался 79 снуп-мутаций, или примерно 11,4 тыс. лет, назад, и последующая серия снупов вплоть до CTS11741 образовалась между 8,4 тыс. и 4750 лет назад (от 58 до 33 снуп-мутаций). Типичные снупы евреев гаплогруппы J1 образовались значительно позже. Видимо, этот снуп значительно недотипирован. В данном случае это — коэн, по фамилии и по самоидентификации. Более того, его гаплотип в значительной степени, по данным авторов, близок по аллелям с гаплотипами евреев-ашкенази и евреев-сефардов. Остальные 3 гаплотипа гаплогруппы J1, для которых «глубокие» субклады не определяли, все близки по аллелям к гаплотипам евреев-ашкенази и/или евреев-сефардов.



**Рис. 245.** Состав гаплогрупп крымских караимов, по данным А. Т. Агджоян, ссылка в тексте. См. цветную вклейку.

Здесь надо подчеркнуть, что почти все гаплотипы караимов в данной выборке (Brook et al.) почти или полностью совпадают (по описаниям авторов) с гаплотипами евреев-ашкенази и/или евреев-сефардов из независимых источников. Это относится и к следующей цепочке снупов, гаплотип которой совпадал с гаплотипами как ашкенази, так и сефардов:

J2-M172 > J2a-M410 > PF4610 > L26 > PF5087 > PF5116 > PF5119 > L558 > **M67**,

G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > G2a2-L1259 > L30 > CTS574 > CTS2488 > **P303**,  
L-M20 > L1-M22 > L1b-M317 > **L1b1-M349**.

Последний снуп (выделен) принадлежит левиту, и его гаплотип тоже совпадает по аллелям с гаплотипами ашкенази и сефардов гаплогруппы L1b.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > **M35 (= L117)** > L539 > **M78** > Z1919 > **V22**.

E-M96 > M5479 > E1-P147 > E1b-P177 > M215 > M35 > Z827 > Z830 > PF1962 > M123 > **M34**.

Последние две цепочки объединяют четверых крымских караимов (конечные снупы выделены).

Q-M242 > Q2-L275 > Q2a-F1213 > M378 > **L245**.

Последняя цепочка относится к караиму из Восточного Туркестана с предками из крымских караимов.

## 170. ЧЕРНОГОРЦЫ

По данным Всероссийской переписи населения, количество черногорцев в РФ составляет 181 человек. Это — южнославянский народ, общее количество в мире составляет примерно 433 тыс. человек. Состав гаплогрупп черногорцев по нескольким источникам приведен в табл. 138.

Поскольку число гаплотипов черногорцев в Проекте «Балканы» составляет всего 11, то в табл. 138 показано число гаплотипов, а не их доля в процентах. Иначе один гаплотип давал бы 9 % в таблице, и числа неоправданно прыгали. Единственный гаплотип группы I2a был южнославянского субклада I2a-Y3120-S17250. Один из двух гаплотипов группы E1b относится к снупу V13. Оба гаплотипа группы R1b относились к снупу ямной культуры Z2103.

**Таблица 138.** Состав гаплогрупп черногорцев, по данным сайта Eupedia ([https://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)), Проекта «Балканы» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/balkangenetics?iframe=yresults>) и списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>). Обозначение «н/п» — данные не представлены

Гаплогруппа	Сайт Eupedia, 250–500 чел., %	Проект «Балканы» FTDNA, 11 чел., число гаплогрупп	Число снийов в списке YFull
I2a	31	1	11
Y3120	н/п	1	10
M223	1,5	0	1
E1b	27	2	14
V13		1	14
R1b	9,5	2	9
Z2103	н/п	2	9
J2a	9	4	0
R1a	7,5	0	2
Z93	н/п	н/п	1
Z280	н/п	н/п	1
I1	6	2	3
G2a	2,5	0	0
Q	2	0	1
N1a	1,5	0	1
J1	0,5	0	0

Наиболее представлены у черногорцев гаплогруппы I2a (почти полностью южнославянская ветвь Y3120) и E1b (полностью субклад V13). Это, как уже отмечалось выше, характерно для Балкан. В ветви Y3120 есть 4 субклада — S17250, Y18331, Y4460 и Z17855, которые образовались примерно 2,3 тыс., 2,3 тыс., 2,2 тыс. и 1,7 тыс. лет назад соответственно. У черногорцев в данной выборке (YFull) присутствуют только S17250 (6 представителей), Z17855 (3 представителя) и Y4460 (1 представитель), близко к тому, что описано выше у боснийцев. Опять, это тот довольно редкий случай (из выявленных), когда определенные субклады (в данном случае S17250) довольно четко ассоциируются с определенным регионом или этносом. Отсутствующий (по выборкам YFull) в Боснии и Черногории субклад Y18331 наблюдается в основном в Греции, также в единичных количествах рассыпан в Албании, Болгарии, Польше, России, Украине, Литве.

Совершенно необычную картину представляет состав гаплогруппы R1b в Черногории — в списке YFull там есть 9 образцов этой группы,

и все 9 имеют линию снипа ямной культуры. При этом все 9 конечных снийов образовались относительно недавно, все в нашей эре — 1,5 тыс., 1,1 тыс., 1050 (3 образца), 800 (2 образца) и 700 (2 образца) лет назад. Более того, все носители этих снийов — в определенной степени родственники, все относятся к линии:

Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110,

с последующим выходом этой линии на сний Z2705, который образовался 18 сний-мутаций, или примерно 2,6 тыс. лет, назад, и он является предковым для всех 9 черногорских конечных снийов (выделены ниже). Их «ДНК-родословная» выглядит следующим образом:

Z2705 > **FT48939** > **FT49714** (2 человека),

Z2705 > BY218801 > FT62850 > **FT140430** (3 человека),

Z2705 > Y32147 > Y126039 > Y82919 > **BY53973** (2 человека),

Z2705 > Y32147 > **Y133365**.

Таким образом, понятно, что общий предок всех 9 человек оказался на территории будущей Черногории после середины I тыс. до н. э., спустя

2 тыс. лет после завершения ямной культуры, и все эти 9 человек — его прямые потомки. Если бы ямники пришли на территории Черногории хоть в каких-то количествах, у современных носителей Z2103 в Черногории было бы много общих предков, уходящих на 4–5 тыс. лет назад как минимум.

В гаплогруппе R1a выборки по списку YFull есть только 2 черногорца: один с субкладом Z645 и один с Z280, северная ветвь Z92-Y4459. Гадать, откуда на Балканах северные ветви, уже не приходится — они преобладают в южнославянских группах, частях бывшей Югославии.

Остальные гаплогруппы Черногории (табл. 138) — минорные по численности, менее 10 % от всех, и мы их здесь анализировать не будем. Сделаем только исключение для единственной гаплогруппы N1a1 у черногорцев по списку YFull:

N-M231 > Y6503 > P189.2 > Y6516 > Y7310 > Y7313 > FT182494 > **FGC28435**.

Этот снип (выделен) образовался всего 4 снип-мутации, или примерно 600 лет, назад, и, как и все практически снипы гаплогруппы N1a на Балканах, был занесен из Турции.

Все особенности набора гаплогрупп у черногорцев практически идентичны таковому у сербов. Это неудивительно — черногорцы входили в Государственный союз Сербии и Черногории и получили независимость только в 2006 г.

## 171. ЛАЗЫ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 160 лазов. Поскольку в грузинских переписях населения лазов причисляют к грузинам, то в настоящей книге лазы упоминаются в главе 37 «Грузины». К сожалению, данных по ДНК-тестированию лазов мало. В сети есть проект «Кавказ» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>, в нем приведены всего 25 гаплотипов лазов. Для сравнения, в том же Проекте имеется 41 гаплотип мегрелов, что тоже, конечно, мало.

Таблица 139, при всей малочисленности данных, показывает у лазов типичный кавказский состав гаплогрупп — преобладание гаплогрупп L, G2a, J2a, в меньшей степени J1, E1b и R1b. Харак-

терно, что одна из двух R1b имеет субклад ямной культуры Z2103-L584, второй недотипирован, скорее всего, окажется тоже Z2103, которые преобладают на Кавказе.

**Таблица 139.** Состав гаплогрупп лазов по данным Проекта «Кавказ» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>). Поскольку гаплотипов мало, показано только число их в соответствующей гаплогруппе, без расчетов процентного содержания

Гаплогруппа	Проект «Кавказ» FTDNA, 25 чел.
L-M20	6
G2a-G15	6
J2a	6
J1	2
E1b	2
R1b	2
M269	1
Z2103-L584	1
I2a-M223	1

## 172. КУБАЧИНЦЫ

Согласно данным Всероссийской переписи населения, число кубачинцев, одного из дагестанских народов, относящегося к даргинцам, насчитывает 120 человек. В статье 2011 г. (Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920.) определяли гаплогруппы и гаплотипы (в 17-маркерном формате) в выборке из 65 кубачинцев и нашли, что 64 из них (98,5 %) имеют гаплогруппу J1 (xP58), и один — гаплогруппу I. Фактически это означает, что гаплогруппа J1 у кубачинцев не имеет отношения к еврейской линии той же гаплогруппы, поскольку у евреев там обычно наблюдается снип P58, а гаплогруппа I не имеет отношения к южнославянской линии гаплогруппы I2a.

Базовый гаплотип кубачинцев, рассчитанный по всем 64 гаплотипам группы J1, имел следующий вид:

12 23 14 10 12 17 12 13 11 17 20 14 21 11 15  
10 21,

с датировкой общего предка  $4700 \pm 530$  лет назад. Этот гаплотип почти такой же, какой и у аварцев, приведенный в соответствующей главе выше в данной книге:

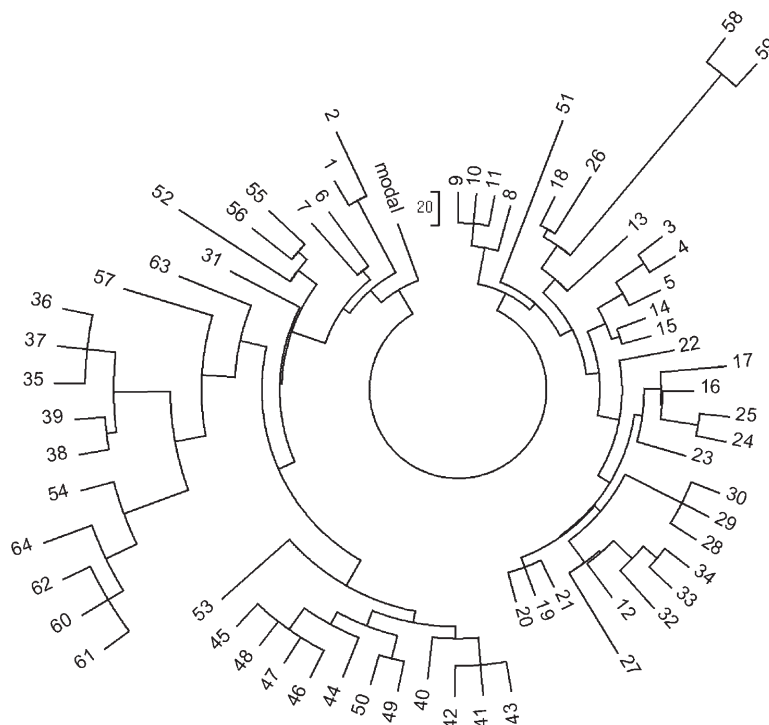
12 23 14 10 12 17 12 **14** 11 **16** 20 14 21 11 15  
10 21,

с датировкой общего предка  $4260 \pm 480$  лет назад, и отличается от него всего на 2 мутации (выделены). Как мы видим, датировки общих предков согласуются в пределах погрешности расчетов. Две мутации разводят общих предков этих гаплотипов на  $2/0,0365 = 55 \rightarrow 58$  условных поколений, или 1450 лет, то есть общий предок кубачинцев и аварцев гаплогруппы J1 этих выборок жил примерно  $(1450 + 4700 + 4260)/2 = 5200 \pm 500$  лет назад, что согласуется с датировками общих предков кубачинцев и аварцев этой гаплогруппы.

Но подобные расчеты являются достаточно обоснованными в том случае, если серии

гаплотипов являются довольно однородными, то есть происходят от одного общего предка. В случае кубачинцев это оказалось далеко не так, поэтому проведенные выше расчеты являются довольно «фантомными» и они приведены только для того, чтобы проиллюстрировать, как не надо вести расчеты. В данном случае мы применим два основных критерия на однородность серии гаплотипов кубачинцев. Первый — это логарифмический метод. Посмотрим, сколько 17-маркерных гаплотипов соответствуют в серии гаплотипов кубачинцев базовому гаплотипу. Оказалось, что ни одного. Уже на четвертом по счету маркере (DYS391 = 10) серия расходится на аллели 10 и 11 почти в равных количествах.

Чтобы убедиться в том, что серия неоднородна, построим дерево гаплотипов кубачинцев гаплогруппы J1. Оно приведено на рис. 246.



**Рис. 246.** Дерево из 64 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы J1 кубачинцев. Гаплотипы взяты из статьи Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920

Мы видим, что дерево гаплотипов расходится на несколько разнородных ветвей, каждая со своим общим предком, рассчитать датировку которых в нескольких случаях довольно сложно. Самая простая и недавняя ветвь — внизу дерева, из 12 гаплотипов. Их общий предок жил всего  $510 \pm 190$  лет назад (без учета гаплотипа 53) или  $710 \pm 220$  лет назад (с учетом гаплотипа 53), но базовый гаплотип для обоих случаев будет одним и тем же:

12 23 14 11 12 16 11 14 11 16 21 14 21 10 15  
10 21.

Остальные ветви на дереве более древние, и суммарный базовый гаплотип и датировка дерева приведены выше, но с известной долей «фантомности».

### 173. КРЫМЧАКИ (КРЫМСКИЕ ЕВРЕИ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 90 крымчаков. Общая оценка численности крымчаков в мире составляет около 1,2 тыс. человек, из них в Израиле живут около 600 человек. Данные по крымчакам в России противоречивы, и, например, в 2014 г. по Крымскому федеральному округу количество крымчаков составляло 228 человек.

В любом случае, данных по составу гаплогрупп по крымчакам в литературе не обнаружено.

### 174. ГРУЗИНСКИЕ ЕВРЕИ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 78 грузинских евреев. Данных по составу их гаплогрупп в литературе не обнаружено, в Проекте «Кавказ» (<https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>) грузинских евреев нет. Впрочем, нет оснований считать, что их гаплогруппы отличаются от других евреев, описанных в главах выше в настоящей книге.

### 175. ЧЕЧЕНЦЫ-АККИНЦЫ

Наименование данной субэтнической группы чеченцев происходит от названия горной области Акка. Исторически проживают на территории Дагестана. По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 76 чечен-

цев-аккинцев, из них только 15 живут в Дагестане. Коренной малочисленный народ Республики Дагестан. Данных по составу их гаплогрупп в литературе не обнаружено, в Проекте «Кавказ» (<https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>) чеченцев-аккинцев нет.

### 176. ВОДЬ

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 64 человека, записавшихся в опросных листах как относящиеся к народности «вось», из них 52 % живут в Ленинградской области, 41 % — в Санкт-Петербурге, 7 % — в Москве.

Коренной малочисленный народ России. Данных по составу их гаплогрупп в литературе не обнаружено.

### 177. СРЕДНЕАЗИАТСКИЕ ЦЫГАНЕ (ЛЮЛИ)

Среднеазиатские цыгане — условное сводное наименование не менее десятка этнических групп, живущих в основном в Узбекистане и Таджикистане в общем количестве около 10 тыс. человек. Из них в России проживают 49 человек, согласно данным Всероссийской переписи населения. Данных по составу их гаплогрупп в литературе не обнаружено.

### 178. СВАНЫ (СУБЭТНОС ГРУЗИН)

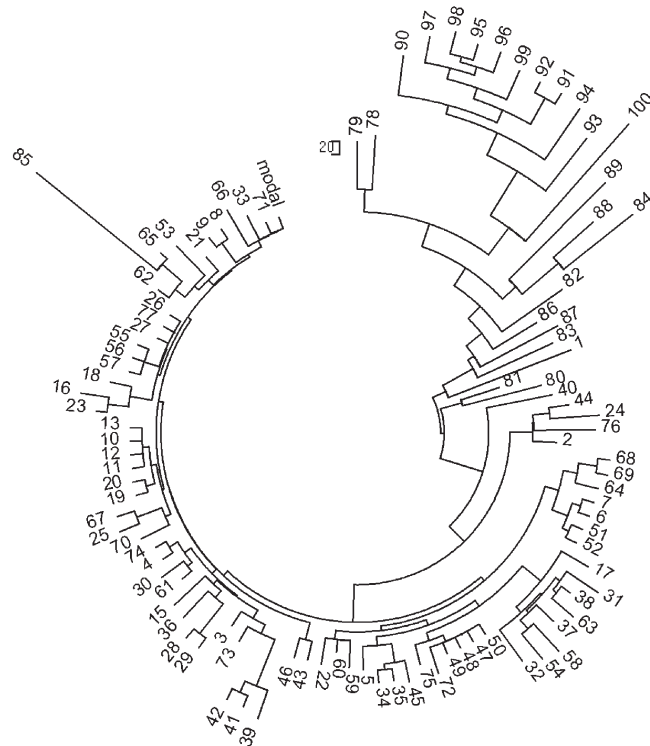
По данным Всероссийской переписи населения, в опросные листы сванами себя записали 45 человек. Поскольку сваны являются грузинами, то в настоящей книге сваны упоминаются в главе «Грузины». К сожалению, данных по ДНК-тестированию сванов явно недостаточно. В сети есть проект «Кавказ» FTDNA: <https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>, в нем приведены всего 45 гаплотипов сванов. Помимо того, 11 представителей сванов упомянуты в списке YFull. Наконец, список 17-маркерных гаплотипов сванов (90 человек) был в личном порядке предоставлен автору этой книги академиком Р. Шенгелия из Национальной АН Грузии, Тбилиси. Рассмотрим эти данные.



Сваны показывают довольно типичный набор гаплогрупп для Кавказа — преобладание гаплогруппы G2a, далее идут гаплогруппы J2a и R1a, причем все последние — субклада Z93. Остальные — относительно минорные по численности гаплогруппы.

**Таблица 140.** Состав гаплогрупп сванов, по данным Проекта «Кавказ» FTDNA (<https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>), списка YFull (<https://www.yfull.com/tree/>) и частного списка гаплотипов сванов

Гаплогруппа	Проект «Кавказ» FTDNA, 63 чел., %	Частный список сванов (Р. Шенгелия), 90 чел., %	Число снийов в списке YFull
G2a	73	77	8
J2a	10	7	3
R1a	8	11	0
Z93	Все	н/п	0
I2a	4,5	4	0
L1b	1,5	н/п	0
Q1a	1,5	н/п	0
R1b-M269	1,5	н/п	0
N		1	0



**Рис. 247.** Дерево из 99 гаплотипов в 17-маркерном формате сванов. Гаплотипы представлены из Национальной АН Грузии. Семь гаплотипов в списке отмечены как «не сваны», но тоже грузины — гаплогруппы E1b (гаплотип под номером 1), гаплогруппы G2a (2–5), J2a (88), R1b-M269 (100), остальные — гаплотипы сванов, гаплогруппы G2a (6–77), I2 (78–81), J2a (82–87), N (89), R1a (90–99)

Дерево гаплотипов сванов, наряду с несколькими гаплотипами не сванов, но тоже грузин, которые добавлены для сопоставления (см. подпись к рис. 247), показано на следующем рисунке.

Верхняя ветвь справа — гаплотипы гаплогруппы R1a, предположительно (судя по данным Проекта FTDNA) субклада Z93. Базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 16 14 19 13 17 11 23, датировка общего предка  $2570 \pm 525$  лет назад, это — скифские времена. Ветвь R1a представляет на дереве единственную относительно компактную группу. Гаплотипы единичных гаплогрупп разбросаны по дереву, отражая случайность, статистичность их попадания в среду сванов. Вся левая и нижняя часть дерева занята основной по численности гаплогруппой G2a.

Чтобы оценить степени неоднородности серии гаплотипов группы G2a у сванов, построим дерево только из этих гаплотипов (рис. 248).

Видно, насколько серия гаплотипов группы G2a неоднородна. Это означает, что она составлена из различных групп носителей данной гаплогруппы,

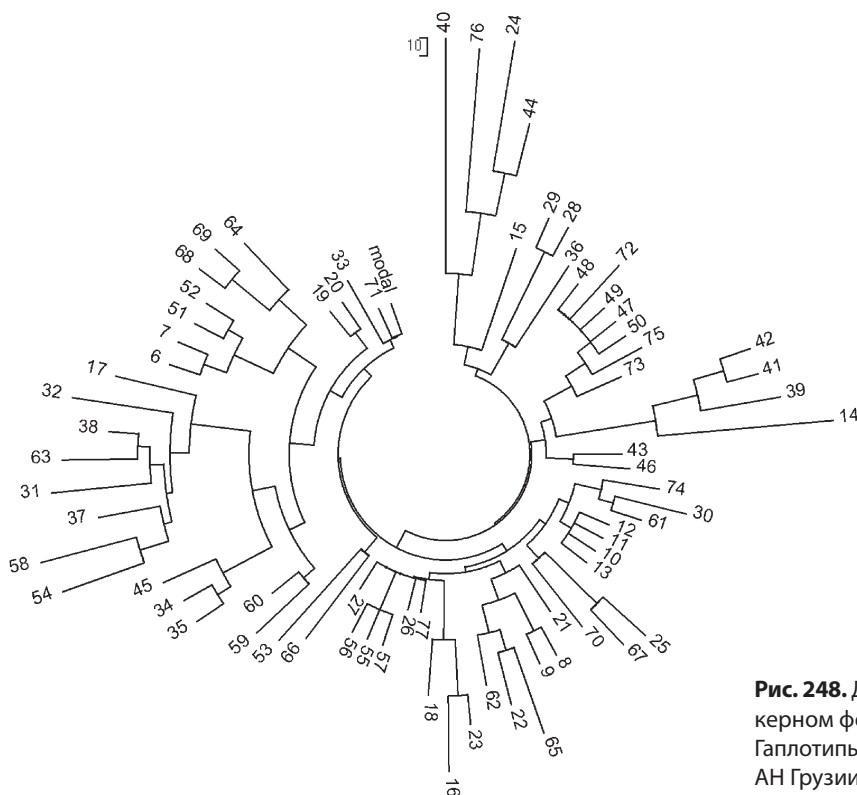
которые формировались и объединялись на протяжении довольно длительного времени. Можно оценить, когда жил общий предок этих групп. К этому можно приложить два расчетных пути — или анализировать каждую ветвь и подветвь дерева и затем анализировать каждый базовый гаплотип и датировку его образования, или, как показывает опыт, можно в один ход провести расчет всего дерева, получив некоторую «фантомность» расчета, но результаты будут довольно неплохо отражать реалии. Все дерево на рис. 248 имеет базовый гаплотип:

14 22 15 10 15 16 11 12 10 29 17 16 21 11 16 10 21,

с датировкой общего предка  $3540 \pm 400$  лет назад.

Этот базовый гаплотип широко распространен на Кавказе и, например для чеченцев, имеет вид: 14 22 15 10 15 16 11 12 10 29 **18** 16 21 11 **15** 10 21,

(отличается всего на 2 мутации, выделены), с датировкой общего предка  $3035 \pm 570$  лет назад, что практически одно и то же в пределах погрешности расчетов. Аналогично, от базового гаплотипа



**Рис. 248.** Дерево из 72 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы G2a сванов. Гаплотипы представлены из Национальной АН Грузии

гаплогруппы G2a черкесов и осетин (как дигорцев, так и иронцев) субклада G2a-Z6653 возрастом  $2500 \pm 490$  лет он отличается также на 2 мутации:

14 22 15 10 15 16 **12** 12 10 29 17 16 21 11 **15**  
10 21.

### 179. КУРМАНЧ (КУРМАНДЖ)

Эта этническая группа — часть курдов, рассмотренных выше в главе 73. По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают всего 42 человека этой группы. Данных по их гаплогруппам в литературе не обнаружено.

### 180. БУХАРСКИЕ ЕВРЕИ (СРЕДНЕАЗИАТСКИЕ ЕВРЕИ, ЯХУДИ)

По данным Всероссийской переписи населения, в РФ проживают 32 человека, записавших себя в переписных листах как «бухарские евреи». Данных по гаплогруппам бухарских евреев в литературе не обнаружено.

### 181. ЧАМАЛИНЦЫ (ЧАМАЛАЛЫ)

Чамалинцы — представители многочисленных субэтнотипов аварцев, которым (аварцам) была посвящена отдельная глава настоящей книги. По данным Всероссийской переписи населения, свою принадлежность к чамалинцам указали 24 человека.

**Таблица 141.** Состав чамалинцев по гаплогруппам, согласно данным диссертации Б. Б. Юнусбаева\*

Гаплогруппа	27 чел., %
J1	67
G2a	19
R1a	7
L	4
J2	4

\* Юнусбаев Б. Б. Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y-хромосомы и AITU-инсерций: дисс. канд. биол. наук: 03.00.15. Уфа, 2006. 107 с.

Данные показывают, что состав гаплогрупп у чамалинцев близок к таковому в среднем у аварцев, что, впрочем, можно было ожидать. Например, в главе 8 приведены данные по аварцам, согласно которым у них содержание J1 составляет те же 67 %, G2a у аварцев в таблице нет, R1a — 2 % (против 7 % у чамалинцев), L — 10 % (против 4 % у чамалинцев), и содержание J2 по обеим выборкам близко друг к другу, практически одинаково (5 % и 4 %).

### 182. КАРАГАШИ (КАРАГАШИ-НОГАЙЛАРЫ)

Карагаши — субэтнотип ногайцев, которые (ногайцы) были рассмотрены в отношении их гаплогрупп в отдельной главе настоящей книги. По данным Всероссийской переписи населения, в опросных листах только 16 человек обозначили, что они карагаши. Данных по гаплогруппам карагашей в литературе не обнаружено.

### 183. КАЙТАГЦЫ

Согласно данным Всероссийской переписи населения, число кайтагцев, одного из дагестанских народов, относящегося к даргинцам, насчитывает 7 человек. Это, конечно, не так, на самом деле просто 7 человек отметили в опросных листах, что они кайтагцы. Остальные, видимо, написали, что они даргинцы, которых по данным Переписи насчитывается около 600 тыс. человек. Самых же кайтагцев насчитывают по независимым данным свыше 25 тыс. человек.

В статье 2011 г. (Balanovsky O. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920) определяли гаплогруппы и гаплотипы (в 17-маркерном формате) в выборке из 33 кайтагцев и нашли, что 28 из них имеют гаплогруппу J1 (xP58), что составляет 85 % от всех (табл. 142). Фактически это означает, что гаплогруппа J1 у кайтагцев не имеет отношения к еврейской линии той же гаплогруппы, поскольку у евреев там обычно наблюдается снип P58.

**Таблица 142.** Состав кайтагцев по гаплогруппам, согласно данным статьи\*

Гаплогруппа	33 чел., %
J1-M267 (xP58)	85
R1b-M269	6
J2	3
Q	3
R1a-M17 (xM458)	3

\* Balanovsky O. et al. *Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region* // *Molecular Biology and Evolution*. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920.

Для того чтобы проверить, насколько однородна или гетерогенна гаплогруппа J1 у кайтагцев, построим дерево гаплотипов этих 28 человек (рис. 249).

Видно, что дерево не слишком однородное, но все ветви связаны между собой и, следовательно, имеют одного общего предка. Определение его датировки по всем гаплотипам даст смещение во времени вследствие неоднородности дерева и при этом даст довольно большую погрешность расчетов, в пределах которой датировку общего предка все-таки можно оценить. Базовый гаплотип

кайтагцев, рассчитанный по всем 28 гаплотипам группы J1, имел следующий вид:

12 23 14 10 12 17 12 14 11 16 20 14 21 11 15 10 21,

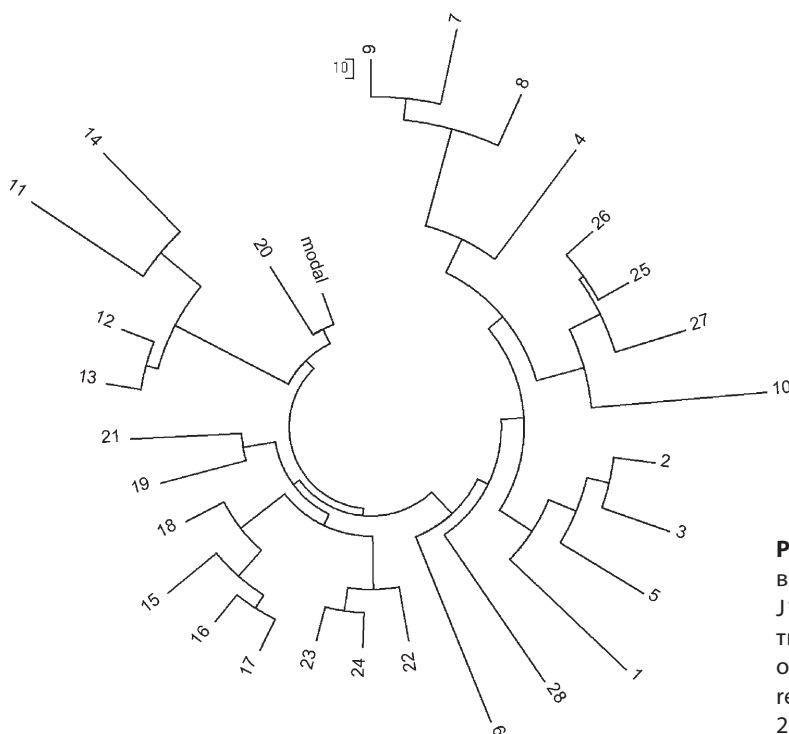
с датировкой общего предка  $4350 \pm 560$  лет назад. Этот гаплотип похож на базовый гаплотип кубачинцев, у которых наблюдается преобладание той же гаплогруппы J1 (xP58), отличие составляет 2 мутации (выделены):

12 23 14 10 12 17 12 13 11 17 20 14 21 11 15 10 21,

с датировкой общего предка  $4700 \pm 530$  лет назад, то есть в пределах погрешности расчетов с датировкой у кайтагцев. Более того, базовый гаплотип кайтагцев в точности соответствует аварцам, их гаплотип приведен в соответствующей главе выше в данной книге:

12 23 14 10 12 17 12 14 11 16 20 14 21 11 15 10 21,

с датировкой общего предка  $4260 \pm 480$  лет назад, то есть опять практически такой же, как у кайтагцев. Как мы видим, датировки общих предков согласуются в пределах погрешности расчетов и все они фактически относятся не только к одному роду (J1), но происходят, по всей вероятности, от одних общих предков.



**Рис. 249.** Дерево из 28 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы J1 кайтагцев. Гаплотипы взяты из статьи Balanovsky O. et al. *Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region* // *Molecular Biology and Evolution*. 2011. V. 28. №10. P. 2905–2920

## 184. АСТРАХАНСКИЕ ТАТАРЫ

Это территориальное образование татар, которые ведут свое происхождение от средневекового Астраханского ханства. Согласно Всероссийской переписи населения, число людей, которые записали в опросные листы «астраханские татары», насчитывает всего 7 человек. Это, конечно, не имеет ничего общего с количеством астраханских татар, которых на тот же год насчитывали более 60,5 тыс. человек. Данных по их гаплогруппам в литературе не обнаружено.

## 185. ЧЕРКЕСОГАН (ЗАКУБАНСКИЕ АРМЯНЕ)

Закубанские армяне рассматриваются как этническая группа армян, проживающих в основном в Краснодарском крае, Адыгее и в Москве. По данным Всероссийской переписи населения, в опросных листах записалось под таким названием всего 6 человек. На самом деле число закубанских армян по независимым переписям составляет более 100 тыс. человек. Видимо, в переписи они шли по категории армян. Данных по их гаплогруппам в литературе не обнаружено.

## 186. КЕРЕКИ

По данным Всероссийской переписи населения, к народности «кереки» отнесли себя всего 4 человека. Проживают они в Беринговском районе Чукотской автономной области. Данных по их гаплогруппам в литературе не обнаружено.

## 187. МЕННОНИТЫ (НЕМЦЫ-МЕННОНИТЫ)

Немцы-меннониты появились в России в XVIII в. сначала в Новороссии, затем в Поволжье. По данным Всероссийской переписи населения, к меннонитам отнесли себя всего 4 человека. Данных по их гаплогруппам в литературе не обнаружено.

## 188. ГРЕКИ-УРУМЫ (ГРЕКО-ТАТАРЫ)

Проживают в Крыму и Северном Приазовье. По данным Всероссийской переписи населения,

к грекам-урумам отнес себя всего 1 человек. Данных по их гаплогруппам в литературе не обнаружено.

## 189. ЮГИ (УСТАР. ОСТЯКИ)

Юги входят в состав кетов (остяков), которые были описаны в отдельном разделе настоящей книги. Остяки — это устаревшее название как кетов, так и югов. По данным Всероссийской переписи населения, к югам отнес себя всего 1 человек. Данных по их гаплогруппам в литературе не обнаружено.

## 190. АЙНЫ

По некой причине, айны привлекают особое внимание в России. Возможно, благодаря легендам об их славянском или праславянском происхождении, или во всяком случае европеоидном, основным (или единственным) аргументом якобы подтверждающим это служат выщипанные волосы, глубоко посаженные глаза и окладистая, густая борода айнов. Но в Японии, в отличие от известного стереотипа, таких немало.

По данным Всероссийской переписи населения, в России не числится ни одного айна, хотя по другим источникам небольшое их количество живет на Камчатке, Курильских островах и в Хабаровском крае. Жили и на о. Сахалин, но после 1945 г. их выселили в Японию.

Есть основания считать, что айны являются прямыми потомками древних жителей Японских островов, возможно, уходящих корнями в культуру Дзёмон, которая занимала длительный период в истории, начиная с 15 тыс. лет назад и до I тыс. до н. э., захватывая мезолит и неолит. Но айны в этом отношении не уникальны, такое же происхождение имеет значительная часть современных японцев. Легенды, что язык айнов является индоевропейским или даже славянским, не находят никаких обоснований и являются фантазийными.

Японские исследователи в 2004 г. провели ДНК-анализ 13 айнов с Хоккайдо, которые показали гаплогруппу D1a, субклад M64.1 (xM125), если перевести их результаты на современную номенклатуру. Это соответствует цепочке снипов:



D-CTS3946 > D1-M174 > D1a-CTS11577 > Z3660 > **M64.1**.

В 2017 г. в ходе экспедиции на Камчатку V. Krassa, Б. Муратов и Т. Krahn среди 47 человек, тестированных на ДНК, обнаружили одного испытуемого, который назвался айном. Действительно, у него нашли снип Z30649 из продолжения той же цепочки гаплогруппы D, показанной выше:

M64.1 > Z1622 > CTS6609 > Z1574 > **Z30649**.

Среди современных японцев эта линия проходит через снип Z1574 следующим образом:

M64.1 > Z1622 > CTS6609 > Z1574 > Y12546 > Y11739 > Z1527,

(сообщение И. Л. Рожанского, Академия ДНК-генеалогии, Москва – Тсукуба, Япония).

Снип Z1574, от которого происходит расхождение по линии айнов (Z30649) и Z1527, образовался 115 снип-мутаций, или примерно 16,6 тыс. лет, назад, снип Z1527 образовался 60 снип-мутаций, или примерно 8,6 тыс. лет, назад.

Если эти линии будут подтверждены по максимально возможной выборке айнов и японцев, это может означать, что линии современных айнов и современных японцев разошлись более 16 тыс. лет назад.

# Заключение

---

В этой книге описана родовая структура мужской части 190 народов, народностей, этносов и субэтносов, проживающих в Российской Федерации, по перечню Всероссийской переписи населения 2010 г. Год переписи, собственно, не имеет здесь особого значения, как и численность каждой народности, поскольку ни то ни другое не влияет на родовую структуру населения. Иной спросит — а какое значение имеет родовая структура? Жили раньше без этого, проживем и дальше. Да, жили без этого, но не совсем — очень многие народности чтили и продолжают чтить свои родовые принципы как часть культурного и исторического наследия. Но это было основано на исторической памяти и передавалось по наследству, как правило, по мужской, отцовской и дедовской предковой линии. Всем знакомы обороты, находящиеся в ходу в русских деревнях, — род Федоровых, род Кузнецовых, род Сергеевых. Не имело бы это значения — не было бы таких оборотов.

Сейчас, с появлением новой науки, ДНК-генеалогии, которая оперирует объективными методами анализа мужской Y-хромосомы, и с применением соответствующего расчетного аппарата, появились новые возможности детального анализа родовой структуры общества с использованием таких понятий, как гаплогруппы, субклады, сніпы, гаплотипы. Они быстро и массово распространились в обществе, во всяком случае в его любознательной части, а это миллионы и миллионы людей. Более того, это новое знание и соответствующий расчетный аппарат привнесли совершенно новое «измерение» в исторические науки, включая археологию, лингвистику, антропологию, этнографию. Появилась возможность новых принципов изучения древних археологических культур, времен и направлений древних

миграций, выявления генетических связей между древними племенами, племенными объединениями, народностями.

В этой книге на материале изучения родовой структуры многих народностей Сибири и Дальнего Востока, Русского Севера, среднеазиатских, кавказских и европейских народов, народов Ближнего Востока, Индостана и многих других показана связь многих народов и народностей друг с другом, связь, порой уходящая в далекие времена, тысячелетия назад. Показана практическая идентичность целого ряда народов, которые оказались разделенными в основном религией или политическими соображениями правителей. Без преувеличения можно сказать, что полученная новая информация бесценна. Она объединяет народы, а не разделяет. Она дает позитивные сведения в области геополитики. Все мы понимаем, например, что Россия, Украина и Белоруссия — это фактически единый по происхождению народ, хотя тон порой задают крикливые и лживые националисты, особенно это касается современной Украины. И только ДНК-генеалогия неопровержимо доказывает, что перечисленные народы действительно едины по происхождению и должны быть едины по духу, несмотря на политиканов и ярых националистов.

Важно и то, что ДНК-генеалогия разрушает старые мифы, направленные на принижение национального достоинства и искажение истории народов. Печальным примером является «норманская теория», искажающая историю славян, в первую очередь русских, украинцев, белорусов. ДНК-генеалогия буквально в «один ход» показала, что не жили скандинавы в сколь-нибудь заметных количествах в этих славянских странах,

несмотря на заявления норманистов, что скандинавов жило на этих землях «видимо-невидимо», десятки и сотни тысяч человек. С войнами приходили, с позором уходили те, кто выжил.

ДНК-генеалогия совершенно определенно показала, что прямые предки русских, украинцев, белорусов были одними и теми же людьми и жили на Русской равнине еще около 5 тыс. лет назад. ДНК-генеалогия показала, что утверждения типа того, что «славяне образовались всего 1,5 тыс. лет назад, в середине I тыс. н. э.» или что это произошло даже позже, «во времена Рюрика», то есть в конце I тыс. н. э., не имеют никакой научной основы и не имеют отношения к происхождению славян. Это некие «лингвистические» положения, основанные на искаженных интерпретациях неких словесных конструкций. Даже лингвисты показывали, что такие утверждения не имеют научной основы и что структурная лингвистика (в части лексикостатистики) ясно показывает, что базовая лексика современного русского языка, как и других славянских народов, более чем на 50 % совпадает с древнеиндийской, о чем также говорится в настоящей книге с цитированием соответствующих источников. Все это по сути игнорировалось «академической» наукой, но ДНК-генеалогия не только полностью подтвердила древние генетические связи между Русской равниной и ее древнерусским населением, с одной стороны, и древней Индией, Ираном, Ближним Востоком, Малой Азией, Европой — с другой, но и привнесла исторические датировки и до-

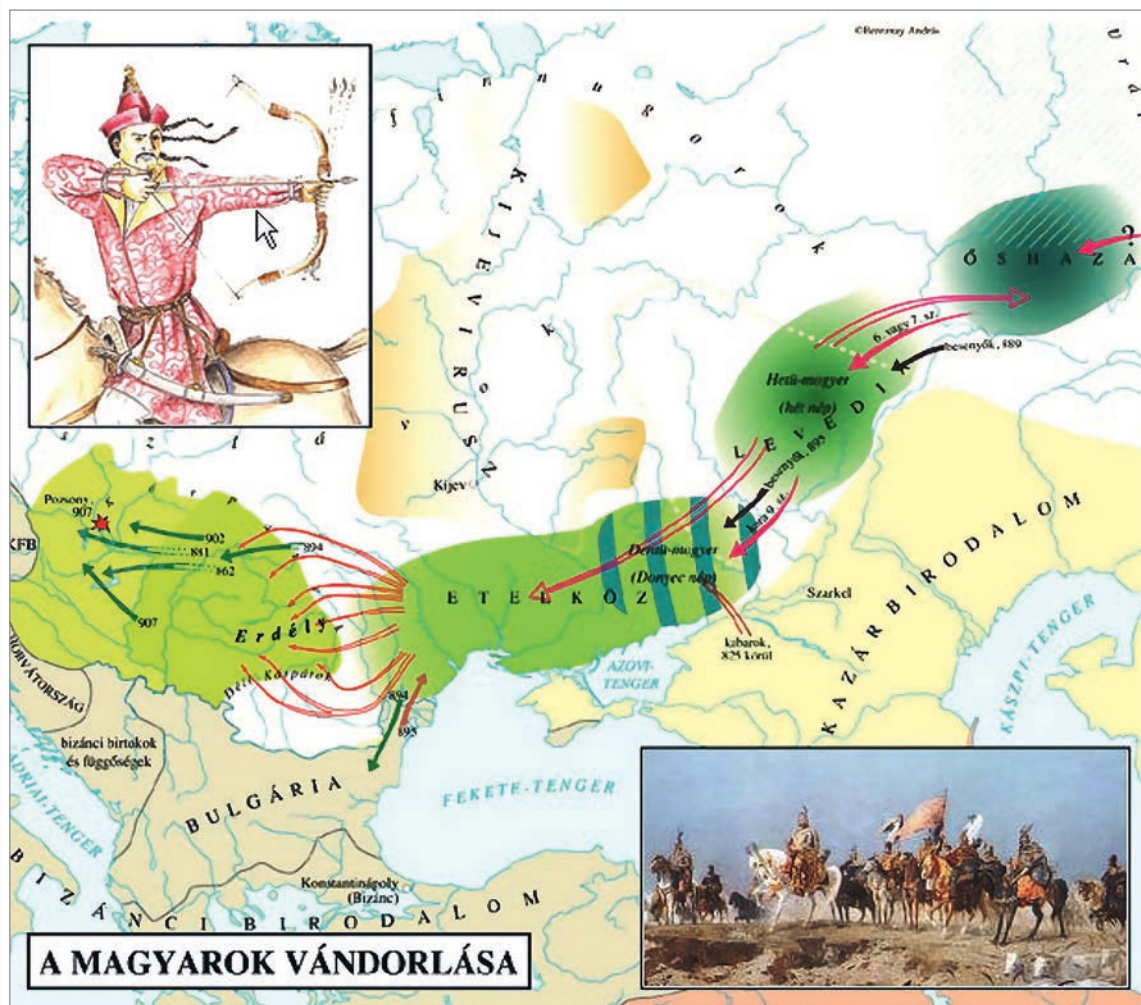
полнительные неопровержимые обоснования древности русов, если обозначить этим именем древнее население Русской равнины, начиная не позднее чем 5 тыс. лет назад.

Множество соответствующих материалов представлено в этой книге в ходе изучения родовой структуры народов Российской Федерации. Это позволило провести сопоставления народов как «по горизонтали», то есть выявлением родového сходства современных народов, так и «по вертикали», в отношении их истории, происхождения, древних миграций. Как уже отмечалось, задача автора была в выявлении общности происхождения народов в отношении их родовой структуры, а не их разделения. Поскольку задача была предположительно сложной для восприятия неподготовленным читателем (неподготовленным в отношении методологии ДНК-генеалогии), то материал излагался многослойно — в первой части было дано развернутое резюме выводов книги, объемом более ста страниц, далее излагались основные принципы ДНК-генеалогии, чтобы была понятна методология исследования, далее давались сведения об основных гаплогруппах, что суть рода мужской половины человечества, и, наконец, рассматривались все 190 народов, составляющие Российскую Федерацию. Не для всех народностей и субэтнотетов проводились исследования их Y-хромосомного состава, но таких было явное меньшинство. Будущие исследования принесут новые данные и новое знание, но по сути не изменят основные выводы книги.



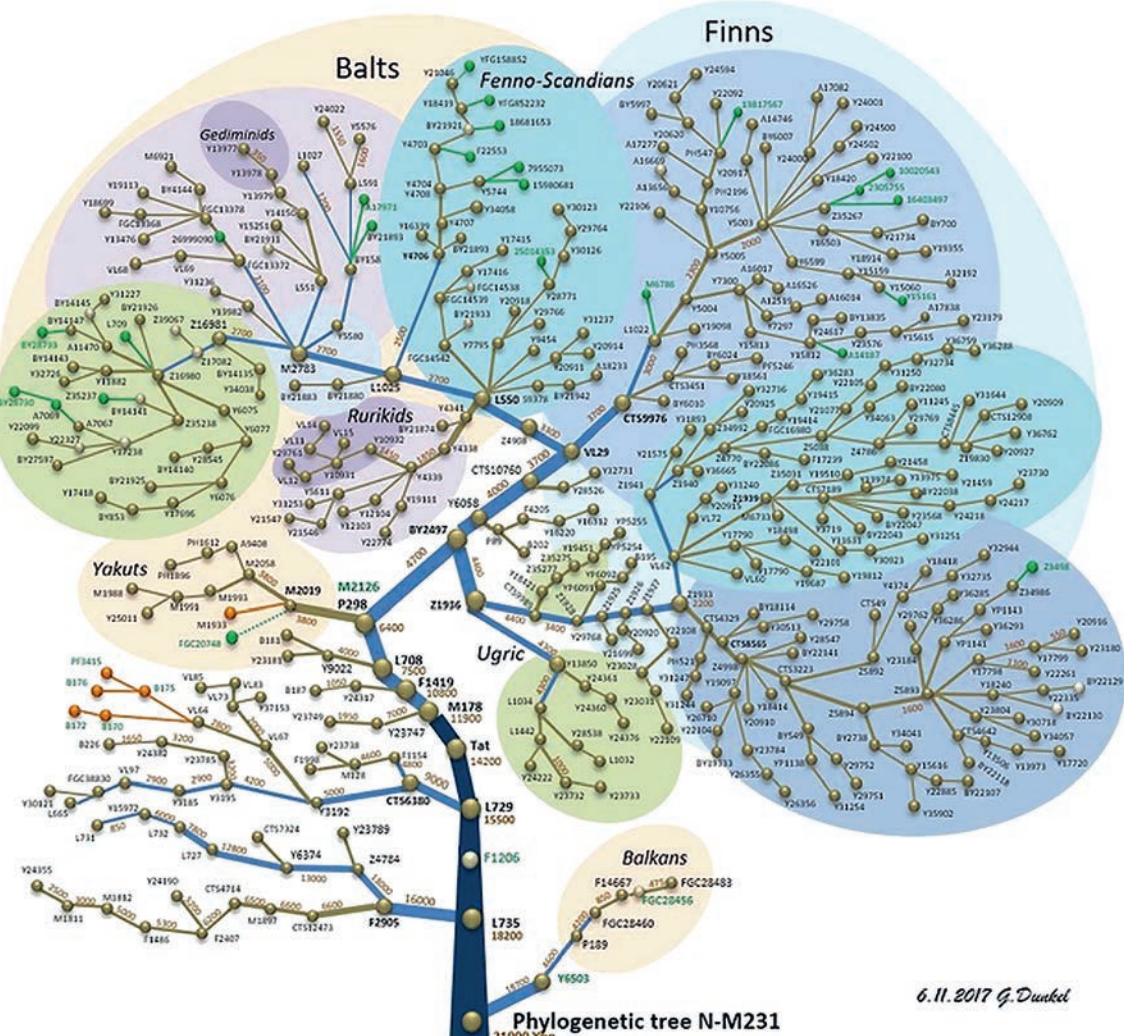
**Рис. 20.** Переход от монголоидов к европеоидам  
за три поколения

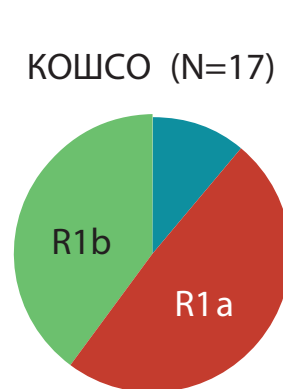
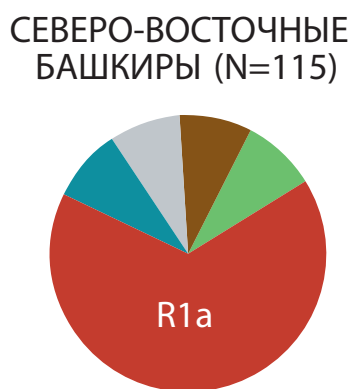
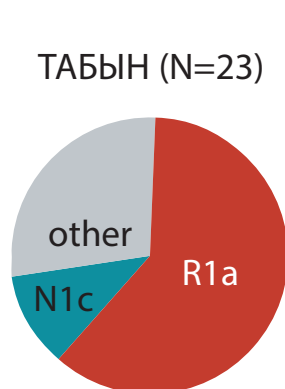
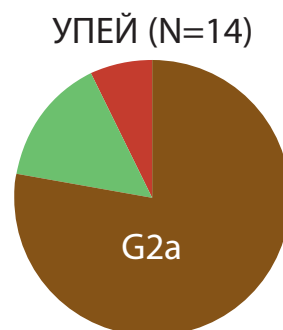
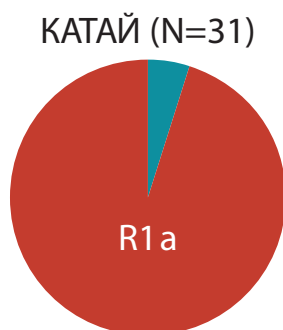
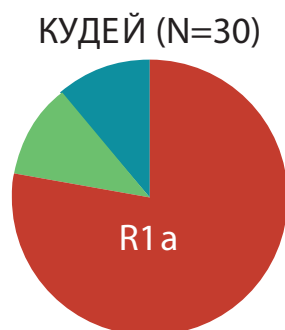




**Рис. 21.** Миграционный путь мадьяров со стороны Урала  
через Причерноморье на Среднедунайскую равнину в IX–X вв. н. э.  
Источник — Википедия

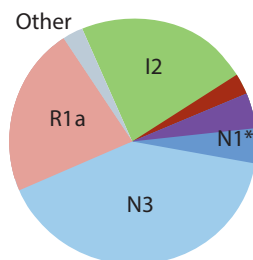




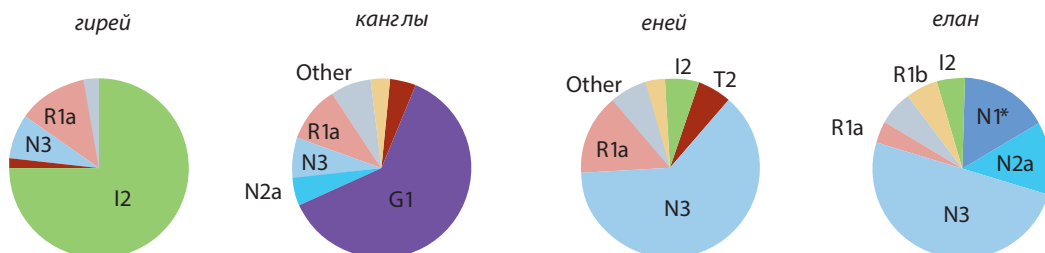


**Рис. 66.** Клань северо-восточных башкир  
([http://генофонд.рф/?page\\_id=15849](http://генофонд.рф/?page_id=15849))

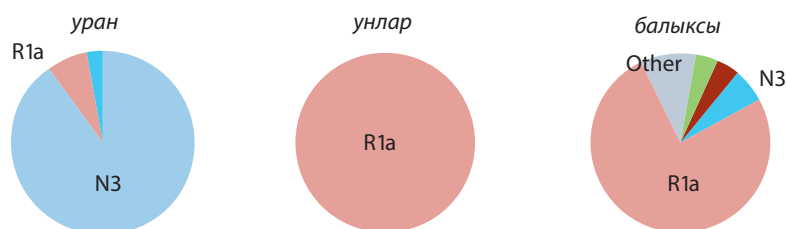
### Северо-западные башкиры



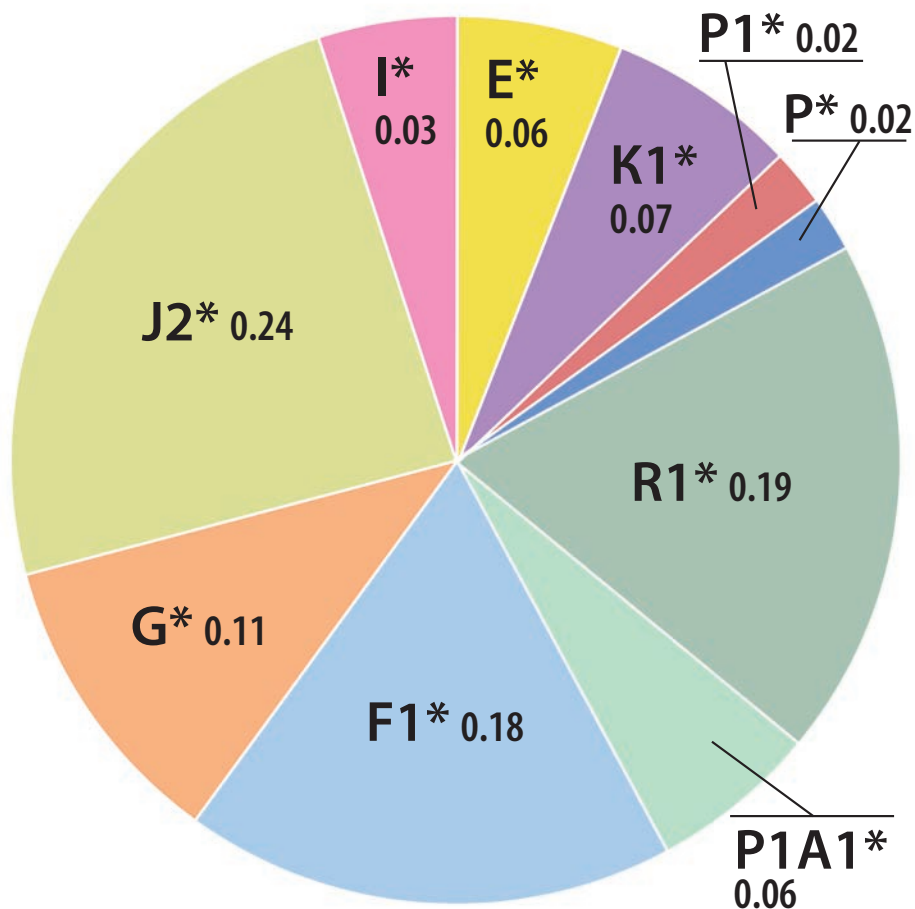
### Нижнебельская подгруппа



### Северная подгруппа



**Рис. 67.** Клань северо-западных башкир ([http://генофонд.рф/?page\\_id=30881](http://генофонд.рф/?page_id=30881)). Несмотря на то что публикация конца 2018 г., в ней использовалась давно устаревшая номенклатура, которая была изменена еще в 2008 г. Вместо N3 следует читать N1a1, вместо N3a — N1a1-P298, вместо N3a4 — N1a1-Z1936. Обозначения N3a1 и N3a2, которые используются в тексте цитируемой здесь статьи, отменили еще в 2012 г. К сожалению, использование давно устаревшей номенклатуры — типично для статей популяционных генетиков (они же «генеогеографы») Е. В. Балановской и О. П. Балановского



**Рис. 71.** Устаревшая и в основном ошибочная диаграмма (Насидзе, 2003), приведенная в разделах «Генетика армян» и «Данные генетических исследований современных армян» в Википедии (август 2019 г.). Приходится это упоминать, чтобы не вводить читателей и других специалистов, а именно «специалисты» готовили статью в Википедию, в заблуждение. К сожалению, это опять популяционные генетики, с отсутствием у них научной школы и склонностью к непроверенным и ошибочным данным

C M130, P255, V183

• C1 Z1426

• • C1a CTS11043

• • • C1a1 M8

• • • C1a2 V20

• • • • C1a2a V182

• • • • • C1a2a1 V222

• • C1b F1370

• • • C1b1 K281

• • • C1b2 Z31885

• • • • C1b2a M38

• • • • C1b2b M347

• C2 M217

• • C2a M93

• • C2b L1373

• • • C2b1 F1699

• • • C2b1b M48

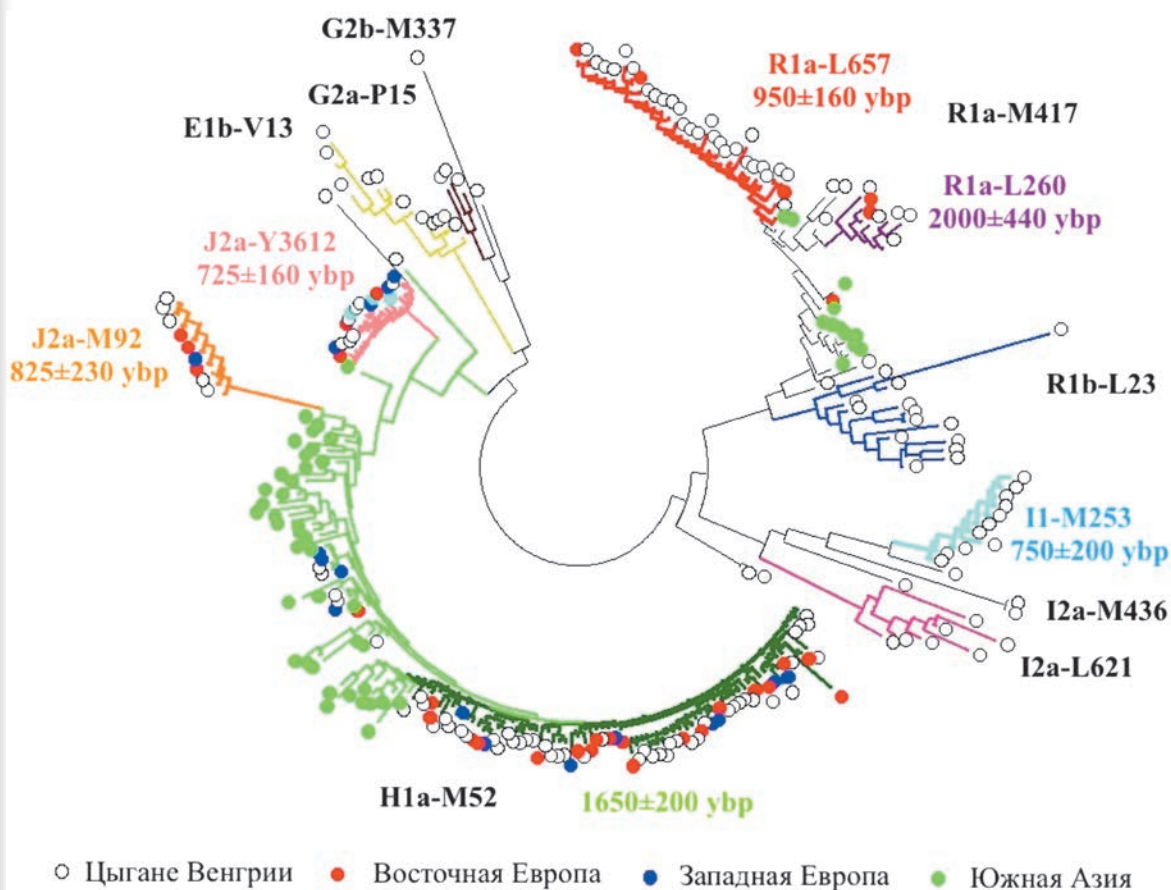
• • • C2b1c F1918

• • • • • C2b1c1 M401

• • C2c P53.1

**Рис. 79.** Сокращенная диаграмма субкладов гаплогруппы С по данным Международного общества генетической генеалогии (ISOGG). Сипы M130, P255, V183, V20, V222, M38 — те, которые найдены в древних ископаемых костных останках. Казахские сипы начинаются в основном (или исключительно) с субклада C2-M217. M347 — сип австралийских аборигенов

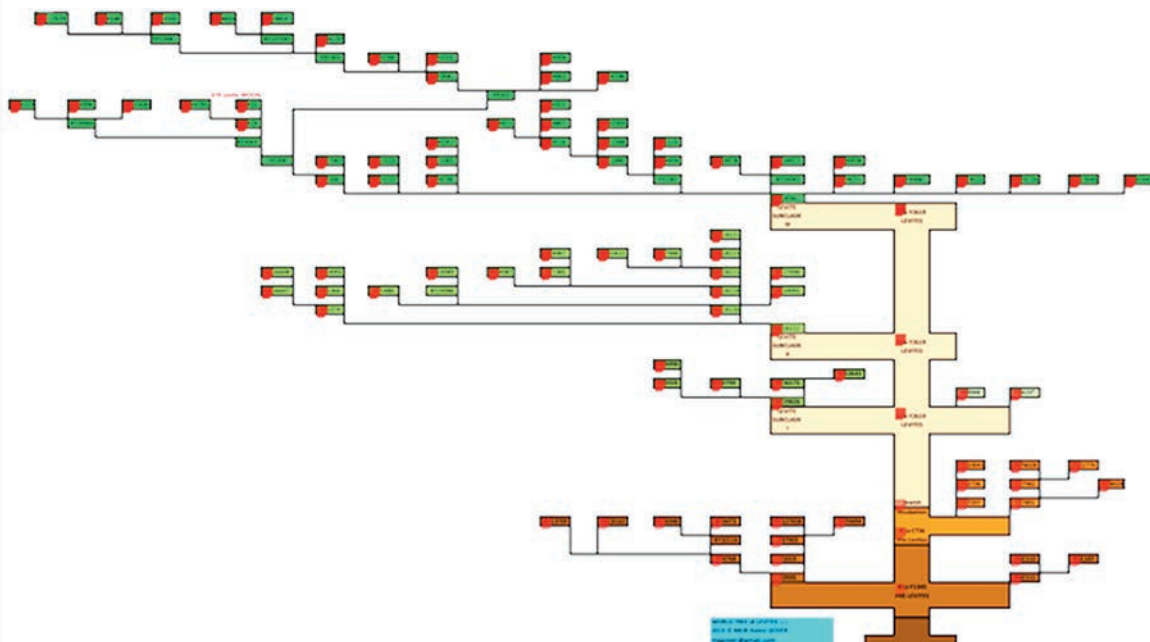




**Рис. 119.** Дерево гаплотипов в 23-маркерном формате цыган Европы и Южной Азии, построенное И. Л. Рожанским (Академия ДНК-генеалогии). Пустые кружки — 154 гаплотипа венгерских цыган, приведенные на рис. 118, заполненные кружки — гаплотипы цыган из других регионов, добавленные из списка почти в 20 тыс. гаплотипов, опубликованного в Forensic Science International: Genetics (2014)



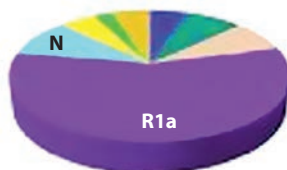
**Рис. 125.** Родоплеменные группы Калмыкии, в которых проводились сборы образцов ДНК для тестирования. Это дербеты, хошеуты, бузавы и торгоуты. Бузавы, по документальным источникам, формировались из донских калмыков. Численность выборок была соответственно 69, 28, 52 и 58 чел., суммарно 207 чел.



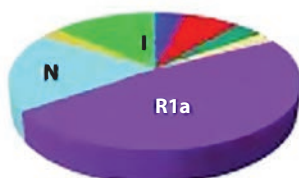
**Рис. 138.** Диаграмма сипов евреев гаплогруппы R1a, построенная Meir Halevi Gover. Персональное сообщение автора. Пояснения в тексте

## ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ

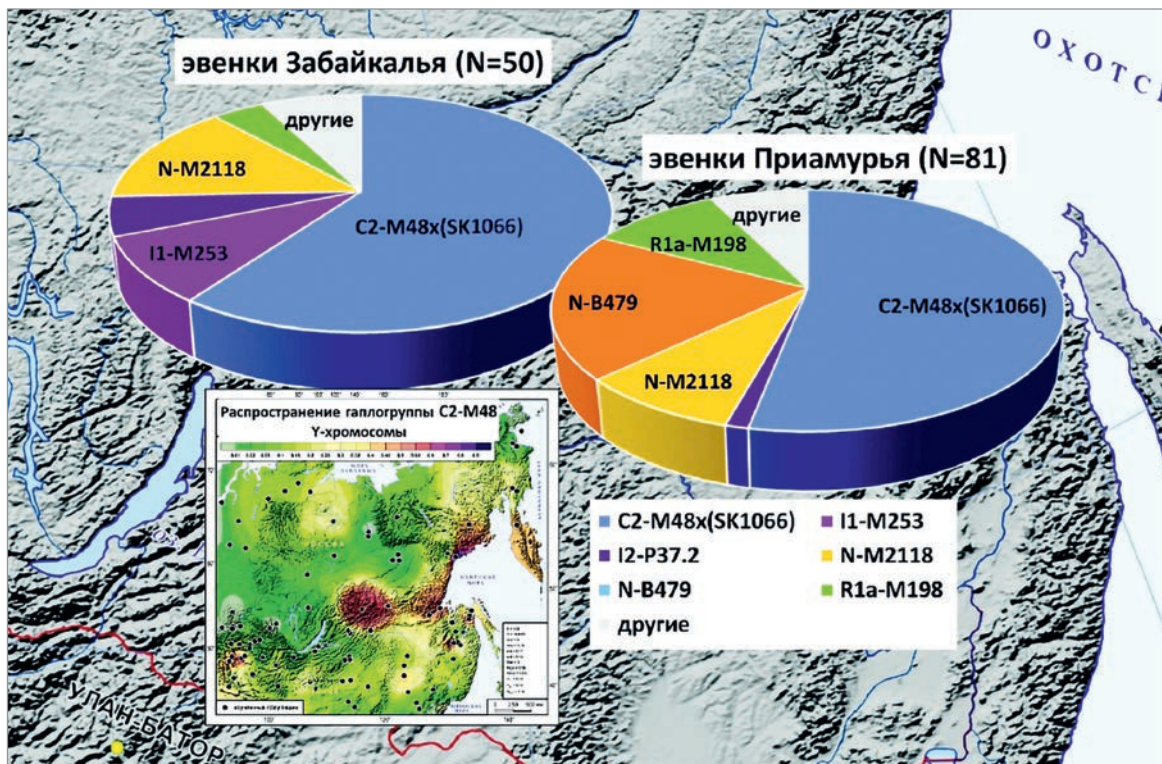
### Алтай-кижи



### Теленгиты

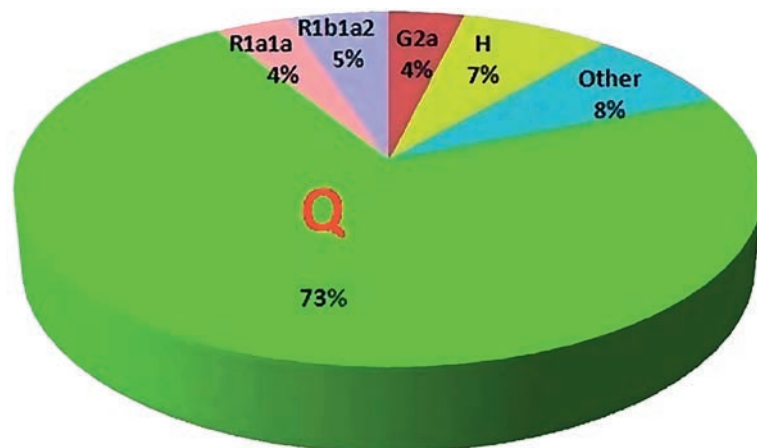


**Рис. 151.** Диаграмма состава теленгитов (и алтай-кижи для сравнения); по данным статьи, ссылка на которую приведена в тексте, гаплогруппы определяли у 130 теленгитов, хотя, возможно, не именно гаплогруппы, а проводили некоторый ДНК-анализ, помимо определения гаплогрупп

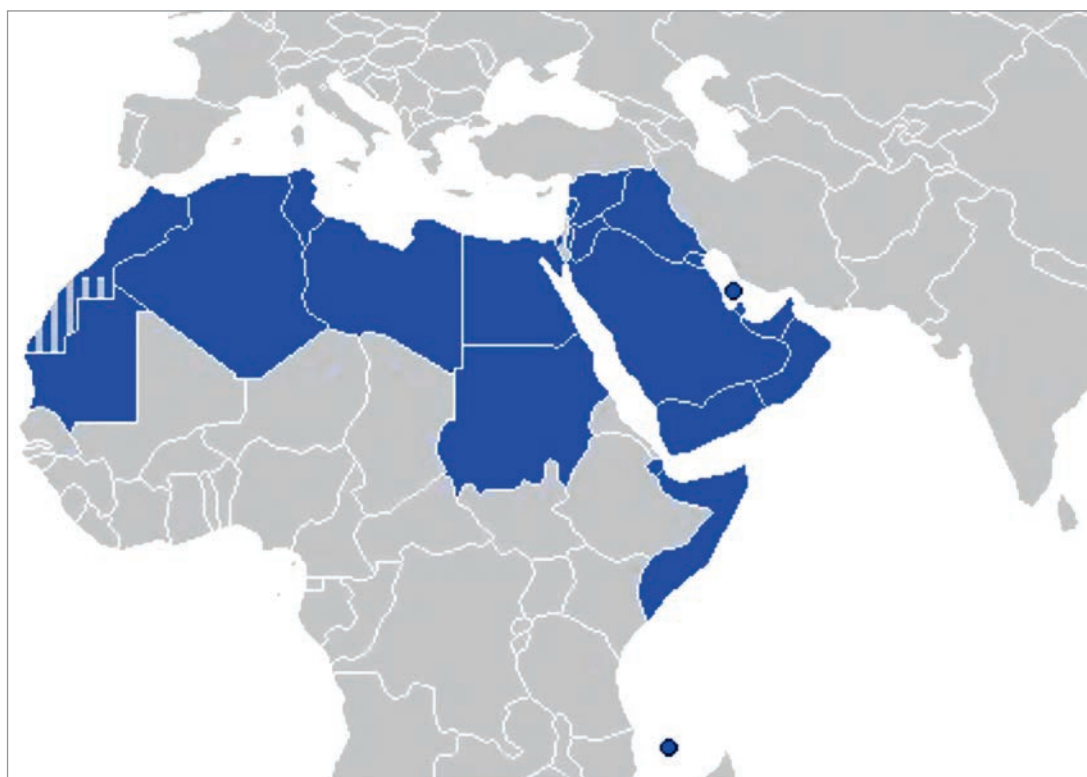


**Рис. 163.** Состав галлогрупп в двух популяциях эвенков (см. табл. 70).  
 Из статьи Агджоян А. Т. и др. Мозаика генофонда эвенков: забайкальский  
 и амурский сегменты // Вестник Московского университета.  
 Серия 23: Антропология. 2019. №3. С. 67–76. Субклада N-M2118  
 и N-B479 — нижестоящие от субклада N1a1-M46



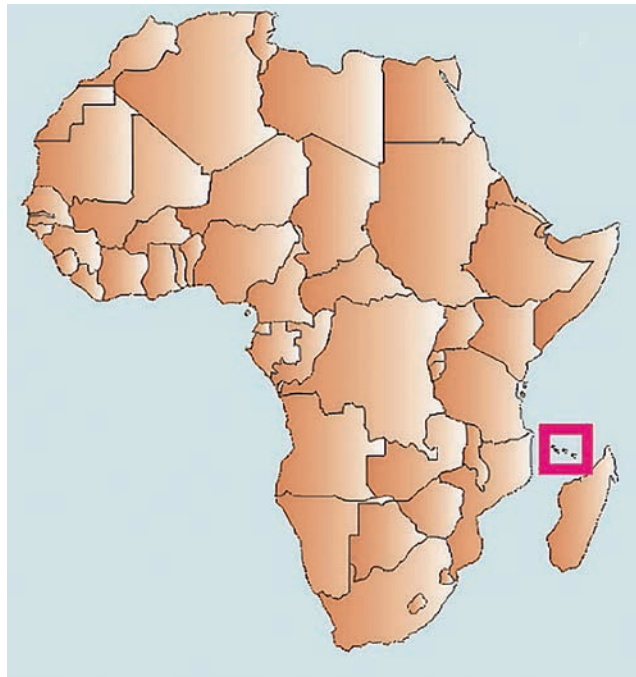


**Рис. 165.** Состав гаплогрупп в выборке туркменов Каракалпакстана (Узбекистан)



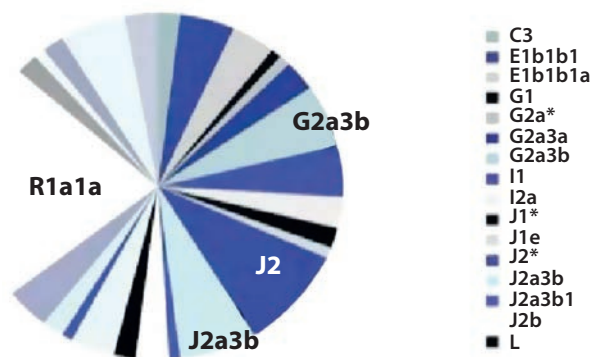
**Рис. 192.** Страны арабского мира



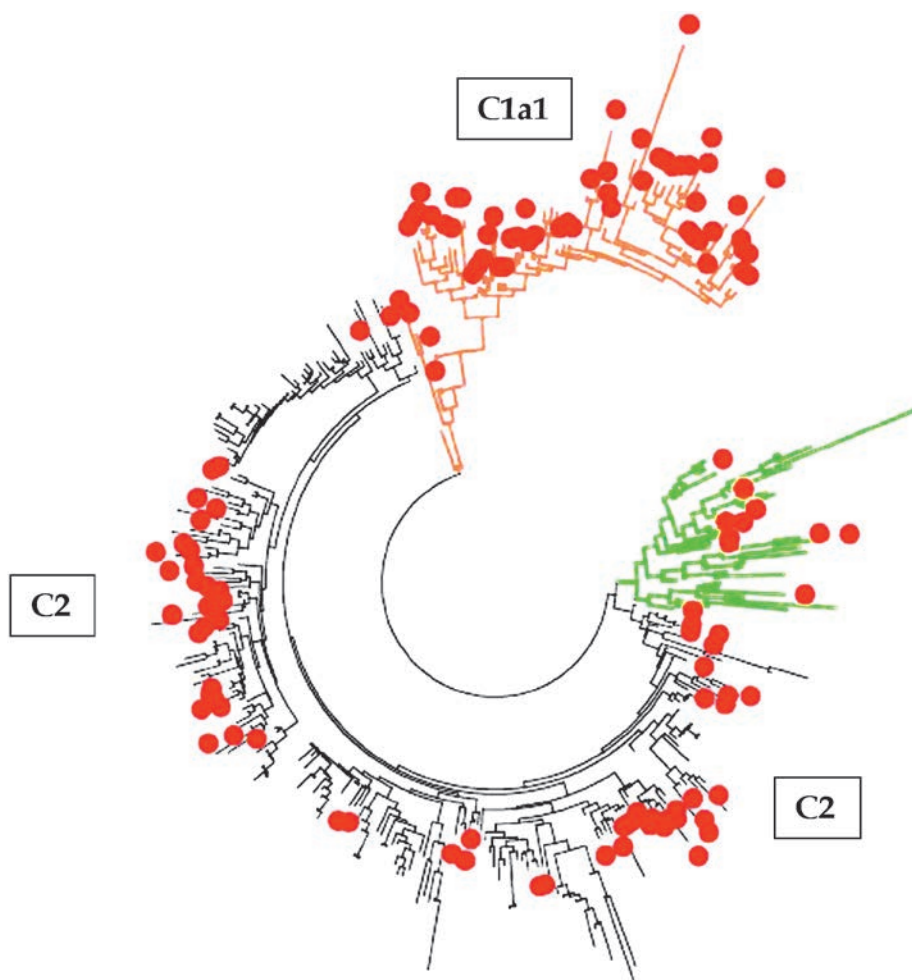


**Рис. 202.** Коморские острова у побережья Африки, выделены квадратиком

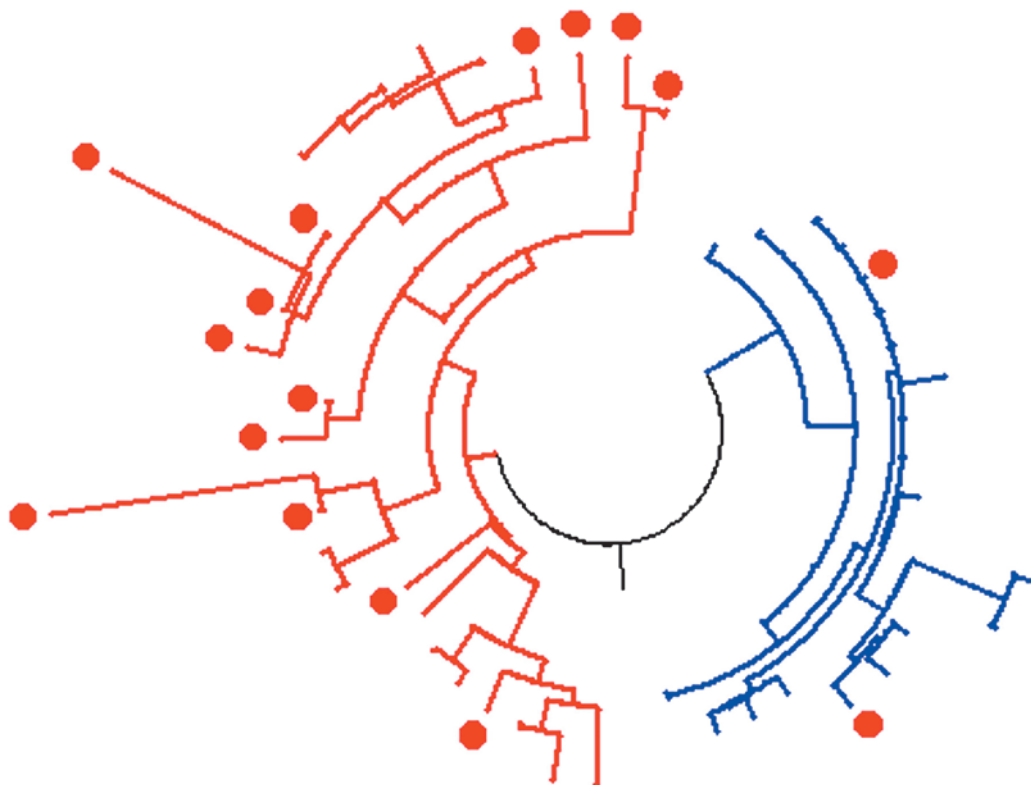
### КРЫМСКИЕ ТАТАРЫ



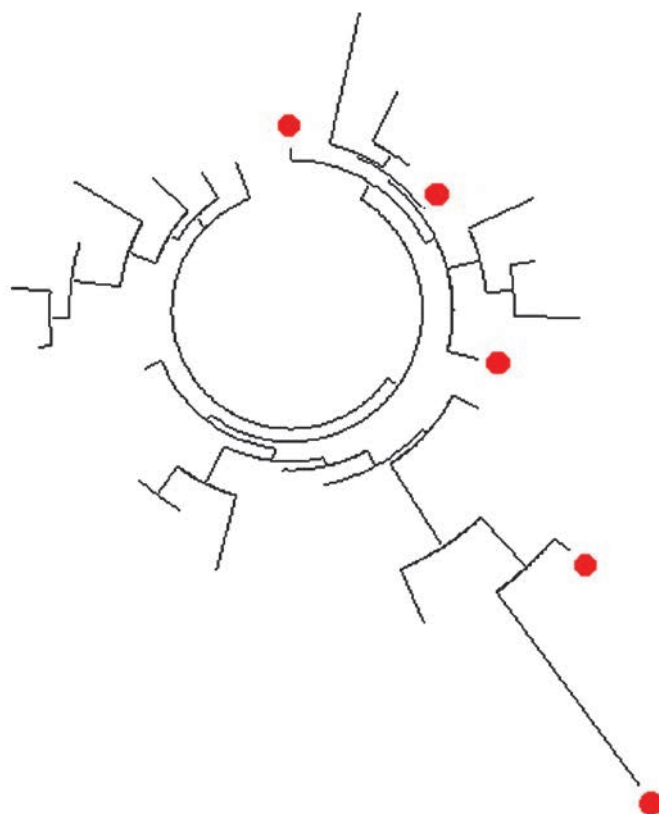
**Рис. 218.** Диаграмма соотношения гаплогрупп и субкладов среди крымских татар — мужчин



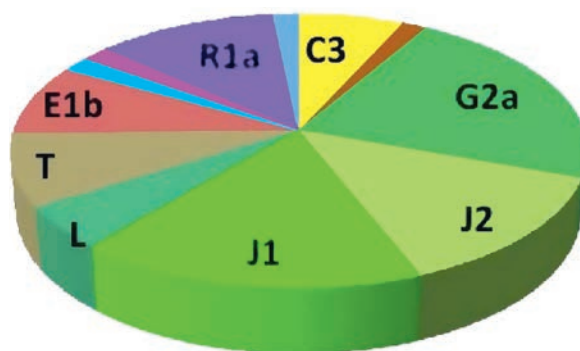
**Рис. 235.** Дерево 349 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогрупп C1a1-M8 и C2-M217 из Японии и Южной Кореи. 62 гаплотипа гаплогруппы C1a1 образуют одну ветвь в верхней части дерева, остальные ветви вокруг дерева — гаплотипы группы C2. Красными кружками помечены гаплотипы японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским



**Рис. 238.** Дерево из 48 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы O1a из Японии и Южной Кореи. Кругжками помечены гаплотипы японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским



**Рис. 241.** Дерево из 27 гаплотипов в 17-маркерном формате гаплогруппы Q-M242 из Японии и Южной Кореи. Кругами помечены гаплотипы японцев. Дерево построено И. Л. Рожанским



**Рис. 245.** Состав гаплогрупп крымских караимов, по данным А. Т. Агджоян

*Анатолий Клёсов*

**Народы России. ДНК-генеалогия**

Руководитель дивизиона	<i>А. Касаткина</i>
Заведующая редакцией	<i>А. Кузнецова</i>
Ведущий редактор	<i>Е. Власова</i>
Художественный редактор	<i>Р. Яцко</i>
Корректоры	<i>С. Беляева, П. Крачко</i>
Верстка	<i>Л. Соловьёва</i>

Изготовлено в России. Изготовитель: ООО «Питер Класс».  
Место нахождения и фактический адрес: 194044, Россия, г. Санкт-Петербург,  
Б. Сампсониевский пр., д. 29А. Тел.: +78127037373.

Дата изготовления: 05.2021.

Наименование: книжная продукция.

Срок годности: не ограничен.

Налоговая льгота — общероссийский классификатор продукции ОК 034-2014, 58.11.1 — Книги печатные.  
Импортер в Беларусь: ООО «ПИТЕР М», 220020, РБ, г. Минск, ул. Тимирязева, д. 121/3, к. 214, тел./факс: 208 80 01.  
Подписано в печать 29.04.21. Формат 84×108/16. Бумага офсетная. Усл. п. л. 82,320. Тираж 1000. Заказ 0000.





**ИЗДАТЕЛЬСКИЙ ДОМ «ПИТЕР»**  
предлагает профессиональную, популярную  
и детскую развивающую литературу

**Заказать книги оптом можно в наших представительствах:**

**РОССИЯ**

**Санкт-Петербург**

м. «Выборгская», Б. Сампсониевский пр., д. 29а;  
тел. (812) 703-73-73, доб. 6282; e-mail: dudina@piter.com

**Москва**

м. «Электrozаводская», Семеновская наб., д. 2/1, стр. 1, 6 этаж;  
тел./факс (495) 234-38-15; e-mail: reception@piter.com

**БЕЛАРУСЬ**

**Минск**

ул. Розы Люксембург, д. 163; тел./факс +37 517 348-60-01,  
374-43-25; e-mail: pugacheva@piter.com

**Издательский дом «Питер» приглашает к сотрудничеству авторов:**  
тел./факс (812) 703-73-72, (495) 234-38-15; e-mail: ivanovaa@piter.com  
Подробная информация здесь: <http://www.piter.com/page/avtoru>

**Издательский дом «Питер» приглашает к сотрудничеству зарубежных  
торговых партнеров или посредников, имеющих выход на зарубежный  
рынок:** тел./факс (812) 703-73-73, доб. 6282; e-mail: sales@piter.com

---

**Заказ книг для вузов и библиотек:**  
тел./факс (812) 703-73-73, доб. 6243; e-mail: uchebnik@piter.com

---

**Заказ книг в интернет-магазине:** на сайте [www.piter.com](http://www.piter.com);  
тел. (812) 703-73-74, доб. 6216; e-mail: books@piter.com

---

**Вопросы по продаже электронных книг:** тел. (812) 703-73-74, доб. 6217;  
e-mail: kuznetsov@piter.com