

Ultima ratio

**Вестник Российской
Академии
ДНК-генеалогии**

**Том 2, № 2
2009 февраль**

Российская Академия ДНК-генеалогии

ISSN 1942-7484

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Научно-публицистическое издание Российской Академии ДНК-генеалогии. Издательство Lulu inc., 2009.

Авторские права защищены. Ни одна из частей данного издания не может быть воспроизведена, переделана в любой форме и любыми средствами: механическими, электронными, с помощью фотокопирования и т. п. без предварительного письменного разрешения авторов статей. При цитировании ссылка на данное издание обязательна.

Составитель
Российская Академия ДНК-генеалогии

Оформление издания
Михаил Темош

© Авторские права статей принадлежат их авторам, 2009.

© РА-ДНК, 2009.

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление	186
Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть III. Примеры «линейных» и «квадратичных» моделей с учетом степени асимметрии мутаций. <i>Д.С. Адамов и А. Клёсов.</i>	187
Как сочетается информация в славянских ведах с последними изысканиями в области ДНК-генеалогии? «Велесова книга» - веда славян. <i>Г. Максименко</i>	200
Гаплотипы восточных славян: девять племен? <i>А. Клёсов</i>	232
Имитационное моделирование особенностей изменения гаплотипного состава и генома популяции в процессе эволюции. <i>С. Каржавин.</i>	252
ДИСКУССИИ	
ДНК-генеалогия и «Велесова книга»	353
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК - генеалогии. Часть 6. <i>А. Клёсов</i>	362

Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть III. Примеры «линейных» и «квадратичных» моделей с учетом степени асимметрии мутаций.

Дмитрий С. Адамов и Анатолий А. Клёсов

nimissin@mail.ru

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

Положения «общей» модели определения возраста популяций, разработанной в двух предыдущих частях и учитывающей степень асимметрии мутаций в STR гаплотипах Y-хромосомы, демонстрируются на трех выборках: 65 12-маркерных гаплотипах R1a1 постсоветского региона, 44 12-маркерных гаплотипах басков (гаплогруппа R1b1b2) и 170 9-маркерных гаплотипах якутов (гаплогруппа N1c1). Показано, что в ряде случаев «линейная» модель (с поправкой на возвратные мутации) дает меньшую ошибку в определении времени жизни общего предка по сравнению с «квадратичными» моделями. Единственное неудобство «линейной» модели – введение поправки на возвратные мутации, что, впрочем, легко делается по простым таблицам.

Введение

В предыдущих работах (части I и II данной серии) авторы разработали «общую» модель расчета мутаций в гаплотипах Y-хромосомы, учитывающую степень асимметрии мутаций (Адамов и Клёсов, 2009а и 2009б). В данной, заключительной части работы показана методика применения модели на конкретных выборках. В качестве примеров взяты 65 12-маркерных гаплотипов R1a1 постсоветского региона, 44 12-маркерных гаплотипов басков (гаплогруппа R1b1b2) и 170 9-маркерных гаплотипов якутов (гаплогруппа N1c1), анализ которых был проведен в работе (Адамов и Клёсов, 2008а).

Шестьдесят пять 12-маркерных гаплотипов R1a1 постсоветского региона

В таблице 1 приведены данные по наблюдаемым частотам мутаций в выборке из 65 12-маркерных гаплотипов R1a1 постсоветского региона (Клёсов, 2008а; Адамов и Клёсов, 2008а).

Таблица 1.

	Отклонение от предкового гаплотипа									Всего
	-4	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	+4	
n	1	2	2	87	592	90	3	2	1	780
P _{набл}	0.001	0.003	0.003	0.112	0.759	0.115	0.004	0.003	0.001	1

Наблюдаемое распределение симметрично относительно предковых аллелей, при учете только единичных мутаций:

$$\varepsilon = \frac{90}{90 + 87} \approx 0.51$$

Собственно, оно будет столь же симметрично и при учете многошаговых мутаций

$$\varepsilon = \frac{106}{106 + 101} \approx 0.51$$

Вычислим средние величины, наиболее подходящие для оценки возраста выборки, в соответствии с общей моделью.

Сначала рассчитаем наблюдаемое среднее число мутаций на маркер, используя «линейный» подход:

$$\lambda_{\text{набл}} = \frac{1}{65 \cdot 12} (90 + 87 + 2(3 + 2) + 3(2 + 2) + 4(1 + 1)) = \frac{207}{780} = 0.265.$$

Здесь не учитываются возвратные мутации, так как при расчетах приняты во внимание только наблюдаемые мутации.

Для симметричного дерева мутаций ($\varepsilon = 0.5$) определяем истинное среднее число мутаций на маркер:

$$\lambda = \frac{0.265}{2} (1 + \exp(0.265)) = 0.305.$$

Это – для «линейной» модели, уже с учетом возвратных мутаций.

Теперь рассчитаем среднее квадратичное отклонение *ASD*:

$$\bar{m} = \frac{1}{780} (90 - 87 + 2(3 - 2) + 3(2 - 2) + 4(1 - 1)) = \frac{5}{780} = 0.0064$$

$$\begin{aligned} ASD &= \frac{1}{780} (0.0064^2 592 + (1 - 0.0064)^2 90 + (-1 - 0.0064)^2 87 + (2 - 0.0064)^2 3 + \\ &(-2 - 0.0064)^2 2 + (3 - 0.0064)^2 2 + (-3 - 0.0064)^2 2 + (4 - 0.0064)^2 1 + \\ &(-4 - 0.0064)^2 1) = \frac{265.0}{780} = 0.340 \end{aligned}$$

Значения среднего числа мутаций на маркер, полученные линейным и квадратичным методами, различаются на 11 % (0.305 против 0.340). Из таблицы 1 видно, что различие образуется из-за влияния "хвостов" наблюдаемого распределения. По общей модели мутаций отклонений от

предковой аллели на 3 и 4 не должно быть, точнее, их вероятность чрезвычайно мала. Во второй части работы было показано, что заметные отклонения от предковой аллели влияют на определение возраста общего предка меньше при использовании линейного метода, и больше – при использовании квадратичного (Адамов и Клёсов, 2009b).

Наличие мутаций с отклонением на 3 и 4 от предковой аллели в нашей выборке не обязательно означает ошибку в подборе гаплотипов. Это могут быть разовые мутации, сразу меняющие число tandemных повторов в локусе на 3 или 4 повтора, как наблюдалось напрямую при изучении пар отец-сын (Gusmão et al, 2005). Общая модель, являясь одношаговой, такие мутации не учитывает. Исходя из этого, можно утверждать, что значение среднего числа мутаций на маркер 0.305 более верное, чем 0.340. Проверим это утверждение.

Наблюдаемое (нормированное на единицу) распределение маркеров относительно предковой аллели будем аппроксимировать теоретическим распределением, полученным из общей модели (Адамов и Клёсов, 2009a). Наилучшей аппроксимацией будем считать ту, которая будет показывать минимум по сумме квадратов разностей между наблюдаемым и теоретическим распределением, т.е. по методу наименьших квадратов. В таблице 2 приведены данные для трех средних величин мутаций на маркер, в непосредственной близости от оптимальной величины.

Таблица 2.

	Отклонение от предкового гаплотипа									Всего
	-4	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	+4	
$R_{\text{набл}}$	0.001	0.003	0.003	0.112	0.759	0.115	0.004	0.003	0.001	1
$\lambda=0.296$	0.000	0.000	0.008	0.111	0.760	0.111	0.008	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	1.6 10^{-6}	4.7 10^{-6}	31.8 10^{-6}	6 10^{-8}	1.4 10^{-6}	16.8 10^{-6}	19.0 10^{-6}	4.7 10^{-6}	1.6 10^{-6}	$8.16 \cdot 10^{-5}$
$\lambda=0.298$	0.000	0.000	0.008	0.112	0.759	0.112	0.008	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	1.6 10^{-6}	4.6 10^{-6}	32.9 10^{-6}	9 10^{-8}	1 10^{-8}	12.6 10^{-6}	19.8 10^{-6}	4.6 10^{-6}	1.6 10^{-6}	$7.79 \cdot 10^{-5}$
$\lambda=0.300$	0.000	0.000	0.008	0.112	0.758	0.112	0.008	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	1.6 10^{-6}	4.6 10^{-6}	34.0 10^{-6}	0.7 10^{-6}	1.9 10^{-6}	9.0 10^{-6}	20.7 10^{-6}	4.6 10^{-6}	1.6 10^{-6}	$7.88 \cdot 10^{-5}$

Из таблицы 2 видно, что наилучшая аппроксимация наблюдаемого распределения достигается при $\lambda=0.298$. Полученное значение отличается

от результата линейного метода (0.305) всего на 2 %. Это подтверждает справедливость сделанного нами утверждения.

Рассчитаем погрешности в соответствии с формулами из второй части работы (Адамов и Клёсов, 2009b).

Для линейного метода

$$\frac{\sigma(\lambda)}{\lambda} \approx \frac{1}{\sqrt{N\lambda}} \left(1 + \frac{a_1\lambda}{2}\right) = \frac{1}{\sqrt{780 \cdot 0.305}} \left(1 + 1 \cdot \frac{0.305}{2}\right) = 0.075, \text{ или } 7.5 \%$$

Соответственно,

$$\lambda = 0.305 \pm 0.023.$$

Для квадратичного метода

$$\frac{\sigma(ASD)}{ASD} = \sqrt{\frac{1+2\lambda}{N\lambda}} = \sqrt{\frac{1+2 \cdot 0.34}{780 \cdot 0.34}} = 0.080, \text{ или } 8.0 \%$$

Погрешности близки, так как $\lambda \ll 1$.

При расчете возраста популяции относительная ошибка увеличивается за счет неопределенности в средней скорости мутаций. В настоящее время знаний об этих неопределенностях очень мало. Например, Chandler (Chandler, 2006) принял эту ошибку за 15%, никак не мотивируя. Более того, эта же ошибка у него фигурирует в величине средней скорости мутации для 12-, 25- и 37-маркерных гаплотипов, хотя в последних она должна быть значительно выше. В нашей серии из 12-маркерных гаплотипов она может быть равна и 5% с тем же основанием, что и 15% для 37-маркерных гаплотипов.

Для 15%-ной ошибки в определении средних скоростей мутаций общая относительная погрешность равна

$$\sqrt{15^2 + 7.5^2} = 17 \%$$

Для 5%-ной ошибки общая относительная погрешность равна

$$\sqrt{5^2 + 7.5^2} = 9 \%$$

Применяя среднюю скорость на маркер 0.00183 (Клёсов, 2008b) получаем возраст выборки из 65 12-маркерных гаплотипов R1a1 постсоветского пространства

4200 ± 700 лет

или

4200 ± 400 лет.

Сорок четыре 12-маркерных гаплотипов басков, гаплогруппа R1b1b2

В таблице 3 приведены данные по наблюдаемым частотам мутаций в выборке из 44 12-маркерных гаплотипов басков R1b1b2 (Клёсов, 2008с; Адамов и Клёсов, 2008а).

Таблица 3

	Отклонение от предкового гаплотипа									Всего
	-4	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	+4	
n	0	5	0	36	419	65	3	0	0	528
$P_{\text{набл}}$	0.000	0.009	0.000	0.068	0.794	0.123	0.006	0.000	0.000	1

Степень асимметрии наблюдаемого распределения определим по соотношению мутаций +1 и -1:

$$\varepsilon = \frac{65}{65 + 36} \approx 0.64$$

Это - заметная степень асимметрии.

Рассчитаем наблюдаемое среднее число мутаций на маркер:

$$\lambda_{\text{набл}} = \frac{1}{528} (65 + 36 + 2 \cdot 3 + 3 \cdot 5) = \frac{122}{528} = 0.231$$

С учетом степени асимметрии мутаций $\varepsilon = 0.64$ определяем истинное среднее число мутаций на маркер:

$$a = (2 \cdot 0.64 - 1)^2 = 0.0784,$$

$$a_1 = 1 - 0.0784^{0.8} = 0.869,$$

$$\lambda = \frac{0.231}{2}(1 + \exp(0.869 \cdot 0.231)) = 0.257.$$

Для симметричного дерева мутаций у нас было бы 0.261, разница в 1 %.

Заметим, что если бы мы не рассчитывали столь точно (и нереалистично), и приняли бы степень асимметрии не 0.64, а 0.6, то получили бы в конце расчетов не 0.257, а 0.258, то есть разницу в десятых долях процента. Иначе говоря, эти расчеты мало чувствительны к небольшим различиям в степени асимметрии мутаций.

Рассчитаем среднее квадратичное отклонение *ASD*:

$$\bar{m} = \frac{1}{528}(65 - 36 + 2(3 - 0) + 3(0 - 5)) = \frac{20}{528} = 0.038$$

$$ASD = \frac{1}{528}(0.038^2 419 + (1 - 0.038)^2 65 + (-1 - 0.038)^2 36 + (2 - 0.038)^2 3 + (-3 - 0.038)^2 5) = \frac{157.2}{528} = 0.298$$

Значения среднего числа мутаций на маркер, полученные линейным и квадратичным методами, различаются на 14 % (0.257 против 0.298). Как и в первом примере, различие образуется из-за влияния "хвостов" наблюдаемого распределения. Для такого объема выборки отклонений от предковой аллели на три мутации не должно быть. Как уже указывалось, общая модель разовые многократные мутации не учитывает.

Проведем аппроксимацию наблюдаемого нормированного распределения мутаций теоретическим распределением, полученным из общей модели (Адамов и Клёсов, 2009а), методом наименьших квадратов.

Таблица 4

	Отклонение от предкового гаплотипа									Всего
	-4	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	+4	
$R_{\text{набл}}$	0.000	0.009	0.000	0.068	0.794	0.123	0.006	0.000	0.000	1
$\lambda=0.244$	0.000	0.000	0.004	0.077	0.795	0.116	0.008	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	9 10^{-12}	8.7 10^{-5}	1.4 10^{-5}	7.8 10^{-5}	1.4 10^{-6}	5.8 10^{-5}	7.6 10^{-6}	2 10^{-7}	2 10^{-10}	$2.46 \cdot 10^{-4}$
$\lambda=0.246$	0.000	0.000	0.004	0.078	0.793	0.116	0.009	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	9 10^{-12}	8.7 10^{-5}	1.5 10^{-5}	8.7 10^{-5}	6 10^{-8}	4.7 10^{-5}	8.3 10^{-6}	2 10^{-7}	2 10^{-10}	$2.44 \cdot 10^{-4}$
$\lambda=0.248$	0.000	0.000	0.004	0.078	0.791	0.117	0.009	0.000	0.000	1
Квадрат Разницы	1 10^{-11}	8.7 10^{-5}	1.5 10^{-5}	9.6 10^{-5}	2.7 10^{-6}	3.8 10^{-5}	9.0 10^{-6}	2 10^{-7}	3 10^{-10}	$2.48 \cdot 10^{-4}$

Из таблицы 4 видно, что наилучшая аппроксимация наблюдаемого распределения достигается при $\lambda=0.246$. Полученное значение отличается от результата линейного метода (0.257) на 4 %, а от результата квадратичного метода (0.298) – на 17 %. Следовательно, имеем дополнительный аргумент в пользу линейного метода.

Рассчитаем погрешность для линейного метода:

$$\frac{\sigma(\lambda)}{\lambda} \approx \frac{1}{\sqrt{528 \cdot 0.257}} \left(1 + 0.869 \frac{0.257}{2}\right) = 0.095, \text{ или } 9.5 \%$$

Соответственно,

$$\lambda = 0.257 \pm 0.024.$$

Оценка возраста выборки:

$$T = \frac{0.257}{0.00183} = 140 \text{ поколение, или } 3500 \text{ лет.}$$

Общая относительная погрешность равна

$$\sqrt{5^2 + 9.5^2} = 11 \%$$

В итоге получаем возраст выборки из 44 12-маркерных гаплотипов басков, равный 3500 ± 400 лет.

Сто семьдесят 9-маркерных гаплотипов якутов, гаплогруппа N1c1

В таблице 5 приведены данные по наблюдаемым частотам мутаций в выборке из 170 9-маркерных гаплотипов якутов (Адамов и Клёсов, 2008а).

Таблица 5

	Отклонение от предкового гаплотипа									Всего
	-4	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	+4	
N	0	0	5	127	1378	20	0	0	0	1530
$P_{\text{набл}}$	0.000	0.000	0.003	0.083	0.901	0.013	0.000	0.000	0.000	1

Из таблицы 5 видно, что степень асимметрии наблюдаемого распределения высока:

$$\varepsilon = \frac{127}{127 + 20} \approx 0.86.$$

Рассчитаем наблюдаемое среднее число мутаций на маркер:

$$\lambda_{\text{набл}} = \frac{1}{1530} (20 + 127 + 2 \cdot 5) = \frac{157}{1530} = 0.103.$$

С учетом степени асимметрии мутаций $\varepsilon = 0.86$ определяем истинное среднее число мутаций на маркер:

$$a = (2 \cdot 0.86 - 1)^2 = 0.52,$$

$$a_1 = 1 - 0.52^{0.8} = 0.41,$$

$$\lambda = \frac{0.103}{2} (1 + \exp(0.41 \cdot 0.103)) = 0.105.$$

Для симметричного дерева мутаций у нас было бы 0.109, разница в 4 %.

Рассчитаем среднее квадратичное отклонение ASD:

$$\bar{m} = \frac{1}{1530} (20 - 127 - 2 \cdot 5) = \frac{-117}{1530} = -0.0765$$

$$ASD = \frac{1}{1530} (0.0765^2 1378 + (1 + 0.0765)^2 20 + (-1 + 0.0765)^2 127 + (-2 + 0.0765)^2 5) = \frac{158}{1530} = 0.103$$

Значения среднего числа мутаций на маркер, полученные линейным и квадратичным методами, практически равны (0.105 против 0.103). Что и должно быть, если в наблюдаемом распределении нет "хвостов".

Проведем аппроксимацию наблюдаемого нормированного распределения мутаций теоретическим распределением для $\varepsilon = 0.85$, полученным из общей модели (Адамов и Клёсов, 2009а), методом наименьших квадратов

Таблица 6

	Отклонение от предкового гаплотипа									Всего
	-4	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	+4	
$P_{\text{набл}}$	0.000	0.000	0.003	0.083	0.901	0.013	0.000	0.000	0.000	1
$\lambda=0.104$	0.000	0.000	0.004	0.080	0.902	0.014	0.000	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	5 10^{-12}	1 10^{-8}	7 10^{-8}	10.8 10^{-6}	3.3 10^{-6}	1.0 10^{-6}	1 10^{-8}	3 10^{-13}	5 10^{-18}	$1.52 \cdot 10^{-5}$
$\lambda=0.106$	0.000	0.000	0.004	0.081	0.901	0.014	0.000	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	6 10^{-12}	1 10^{-8}	2 10^{-7}	3.7 10^{-6}	4 10^{-9}	1.5 10^{-6}	1 10^{-8}	4 10^{-13}	6 10^{-18}	$5.36 \cdot 10^{-6}$
$\lambda=0.108$	0.000	0.000	0.004	0.082	0.899	0.015	0.000	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	7 10^{-12}	1 10^{-8}	3 10^{-7}	3 10^{-7}	2.9 10^{-6}	2.2 10^{-6}	1 10^{-8}	4 10^{-13}	7 10^{-18}	$5.64 \cdot 10^{-6}$
$\lambda=0.110$	0.000	0.000	0.004	0.084	0.897	0.015	0.000	0.000	0.000	1
Квадрат разницы	8 10^{-12}	1 10^{-8}	4 10^{-7}	7 10^{-7}	11.8 10^{-6}	3.0 10^{-6}	1 10^{-8}	5 10^{-13}	8 10^{-18}	$1.59 \cdot 10^{-5}$

Из таблицы 5 видно, что наилучшая аппроксимация наблюдаемого распределения достигается при $\lambda=0.106$. Полученное значение отличается от результата линейного метода (0.105) всего на 1 %, а от результата

квадратичного метода (0.103) – на 3 %. Все методы согласуются друг с другом.

Рассчитаем относительную погрешность для линейного метода:

$$\frac{\sigma(\lambda)}{\lambda} \approx \frac{1}{\sqrt{1530 \cdot 0.105}} \left(1 + 0.41 \frac{0.105}{2}\right) = 0.081, \text{ или } 8.1 \%$$

Соответственно,

$$\lambda = 0.105 \pm 0.008.$$

Оценка возраста выборки:

$$T = \frac{0.105}{0.00189} = 56 \text{ поколений, или } 1400 \text{ лет.}$$

Общая относительная погрешность равна

$$\sqrt{5^2 + 8.1^2} = 9.5 \%$$

В итоге получаем возраст выборки из 170 9-маркерных гаплотипов якутов: 1400 ± 130 лет.

Обсуждение полученных результатов и выводы

Нами разработаны подходы к анализу довольно сложных выборок гаплотипов, сложность которых состоит в асимметричности их мутаций от базового гаплотипа. Асимметричность может быть вызвана случайностями в составлении выборок, или в особенности самих мутаций. Эта асимметричность может быть количественно охарактеризована соответствующим коэффициентом, и учтена в расчетах.

Было выявлено, что поправка на возвратные мутации должна зависеть от степени асимметричности мутаций в серии гаплотипов. Поправка минимальна, когда мутации асимметричны. При симметричных мутациях поправка максимальна.

Это было показано на трех принципиально разных выборках – славян гаплогруппы R1a1 (мутации симметричны, степень симметричности 0.5), басков гаплогруппы R1b1b2 (мутации заметно асимметричны, степень асимметричности 0.64) , и якутов гаплогруппы N1c1 (мутации сильно асимметричны, степень асимметричности 0.86).

Для выборки славян линейная модель показала 0.265 мутаций на маркер, и после поправки на возвратные мутации 0.305. Проверка аппроксимацией дала величину 0.298.

Для басков соответствующие цифры равны 0.231 и 0.257, проверка аппроксимаций показала 0.246.

Для якутов, с максимальной степенью асимметричности, 0.103 и 0.105, проверка аппроксимацией показала 0.106.

С учетом рассчитанных ошибок (принимая 5% как погрешность в определении средних скоростей мутаций для 12-маркерных гаплотипов) общие предки славян, басков и якутов (по 12-маркерным гаплотипам) жили 4200 ± 400 , 3500 ± 400 и 1400 ± 130 лет назад.

Однако квадратичные методы, которые почти всеми в имеющейся литературе рассматриваются как наиболее достоверные, дали заметные отклонения в первых двух случаях: у славян 0.340 вместо проверенных 0.298-0.305, у басков 0.298 вместо проверенных 0.246-0.257. Только у якутов квадратичный метод дал 0.103 вместо проверенных 0.105-0.106, и линейных 0.103. Как было показано, главная причина отклонений квадратичного метода – наличие двойных, тройных (и выше) мутаций в гаплотипах. Такие мутации имеют место, и не только последовательным накоплением, но и скачком. В этих случаях квадратичный метод дает заметно искаженные, завышенные величины времен до общего предка.

Основной практический вывод из этого – целесообразно применять как линейные, так и квадратичные методы расчетов времени жизни общего предка, и если результаты заметно различаются, и в гаплотипах имеются трех- и четырехшаговые мутации при умеренных временах до общего предка (менее тысячи или несколько тысяч лет), то предпочтение следует отдавать линейному методу с поправкой на возвратные мутации.

Литература

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2009а) Определение возраста популяции по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть I. Общая модель. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, №1, 81-92.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2009b) Определение возраста популяции по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть II. Погрешности расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, №1, 93-103.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008а) Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, № 5, 855-907.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008b) Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, № 4, 632-647.

Клёсов, А.А. (2008а) Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, № 5: 947-957.

Клёсов, А.А. (2008b) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, № 5, 812-835.

Клёсов, А.А. (2008с) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, № 4: 568-629.

Chandler, J.F. (2006) Estimating Per-Locus Mutation Rates. J. Genet. Genealogy, 2006, 2, 27-33.

Gusmão, L., Sanchez-Diz, P., Calafell, F., Martin, P., Alonso, C.A. et al. (2005) Mutation Rates at Y Chromosome Specific Microsatellites. Human Mutation, 2005, 26(6), 520-528.

*Как сочетается информация в славянских ведах
с последними изысканиями в области
днк-генеалогии?
«Велесова книга» - веды славян.*

Георгий Максименко



В сентябре 2008 г. вышел в свет материал Анатолия Клёсова «Откуда появились славяне и «индоевропейцы»? Ответ даёт ДНК-генеалогия», проливающая свет на происхождение и прародину славян. Изучая проблематику культуры, быта и веры древних славян, описанных в славянских ведах, известных под сводом именуемым «Велесовой книгой», я решил сопоставить данные славянских вед «Велесовой книги» (ВК) и изыскания учёных в области ДНК-генеалогии.

Предыстория вопроса

Анатолий Клёсов свои изыскания по славяно-арийской гаплогруппе R1a1 в области ДНК генеалогии описывает следующим образом:

«ДНК наших современников показывают, что самые древние корни ариев, рода R1a1, давностью 12 тысяч лет, находятся на Балканах – в Сербии, Косово, Боснии, Македонии. Через 6 тысяч лет этот род расширится на северо-восток, на Северные Карпаты, образовав праславянскую, трипольскую культуру и положив начало великому переселению народов в четвертом-третьем тысячелетии до нашей эры. В те же времена род R1a1 продвинулся и по южной дуге, и 5300 лет назад – по записям в наших ДНК – появился в Ливане. Прямые потомки тех первых переселенцев живут в Ливане и в наши дни.

Среди них, потомков рода ариев – шииты-мусульмане с юга Ливана, сунниты-мусульмане с севера страны и из долины Бекаа, христиане-марониты с ливанского севера, друзья, живущие в ливанских горах.

Как часть этого переселения, вызванного, видимо, развитием сельского хозяйства и переходом к его экстенсивным формам, этот же род R1a1 продвинулся 5200-4500 лет назад на запад, до Атлантики и Британских островов, и 4300 лет назад на север, в Скандинавию. Этот же род пришел на ближний север и восток – на земли современных Польши, Чехии, Словакии, Украины, Литвы, Белоруссии, России, с общим праславянским предком, жившим 4500 лет назад. Этот же предок дал выжившее потомство, живущее в настоящее время по всей Европе, от Исландии до Греции и Кипра, и распространившееся до юга Аравийского полуострова и Оманского залива.

Потомки того же предка, с тем же гаплотипом в ДНК, прошли до южного Урала, построили там городища 4000-3800 лет назад, одно из них (открытое в конце 1980-х годов) получило известность как Аркаим, и под именем ариев ушли в Индию, принеся туда 3500 лет назад свои праславянские гаплотипы. В том же 2-м тысячелетии до нашей эры довольно многочисленная группа рода R1a1, тоже называемая себя ариями, перешла из Средней Азии в Иран. Это – единственная, но значимая связка, позволяющая назвать весь род R1a1 родом ариев. Эта же связка приводит к тождеству «индоевропейцев», ариев, и рода R1a1 в рамках ДНК-генеалогии. Она же, эта связка, помещает прародину «индоевропейцев», ариев, праславян на Балканы. Эта же связка приводит в соответствие место балканской прародины, поток миграции ариев-праславян, динамическую цепь археологических культур и соответствующий поток индоевропейских языков, и показывает место и время появления там частицы «индо». Наконец, она же, эта связка, убедительно показывает, что не праславяне говорили на «индоиранских» языках, а наоборот, потомки праславян принесли свои арийские языки в Индию и Иран, причем времена появления этих языков в Индии и Иране, установленные лингвистами, полностью согласуются со временем прихода туда потомков праславян, временем, записанным в виде мутаций в ДНК наших современников рода R1a1.»

Процитированную выше цепочку: Балканы – Карпаты – Украина – Южный Урал – Индия – Иран и предлагаю рассмотреть сегодня,

сопоставив данную информацию со славянскими ведами «Велесовой книги», и посмотреть, имеются между ними схожести, либо разногласия. Под славянами, придерживаясь данных ДНК-генеалогии, я буду подразумевать три родовые гаплогруппы R1a (R1a1), N и I1b, объединённые между собой единой верой, общностью быта и языка.

При этом примем во внимание некоторые обстоятельства. Понятие «индоевропейская группа языков» было достаточно аргументированно раскрыто и относится исключительно к лингвистической терминологии. А встречающиеся в смежных науках термины: «индоевропейские народы», «индоевропейский этнос», «индоевропейские племена» являются не достаточно обоснованными при употреблении. Под термином «арии» будет подразумеваться родовая гаплогруппа R1a (R1a1), как это на сегодня и представлено А. Клёсовым в своих изысканиях в области ДНК-генеалогии. Это поможет нам избежать путаницы в терминологии.

Несколько слов о «Велесовой книге»

Споры о её подлинности, либо фальсификации ведутся годами и пока ни одной из сторон не удалось аргументировано доказать ни то, ни другое. Но тема нашего разговора сегодня не об этом. Будем исходить из того что мы имеем на сегодня, а имеем мы информацию, из которой видно, что «Велесова книга» (ВК) - многовековой труд разных времён, в котором обнаруживается не только широта лексического разнорядя, но также исторические повторения описаний одного и того же события с разных точек зрения. Многолетние исследования ВК позволяют предполагать наличие в ней свода состоящего из 26 славянских вед, разбитых две части: веды старых и новых времён. Веды эти переписаны слово в слово на языке своих времён и отражают историю западных, южных и восточных Славян. Это позволяет называть их славянскими ведами, а сам свод этих вед называть «Велесовой книгой», т.к. в самих ведах об этом сказано следующее: **«Велеса книгу сию пишем Богу нашему, который есть прибежище скрытых сил»** .

Веды эти отражают веру, культуру, быт и историю наших далёких предков - славян. Мы рассмотрим преимущественно ту часть ВК, которая

отражает **историю** славян и попытаемся взглянуть на эту историю сквозь призму изысканий современной науки: ДНК – генеалогии.

Несколько слов о том, что мы знаем об образовании слова «славяне» из вед ВК: - «Славены племена и роды потому, что Славим Богов, никогда ничего не прося, лишь Славим силу их». Сказанное даёт представление, по какой причине был образован термин «славяне». Остаётся выяснить, как это понятие соотносится с этнической общностью:

«Течете, братья наши, племенами, в племенах роды, в родах и заботитесь о себе на землях наших, которые укрывают нас и никогда не бывает иначе, потому что сами - русичи. Славятся ею боги наши. Спевы наши об этом и пляска играющая. Зрелища ославляют их потому, что сидим на землях своих и имеемся просто от рани своей. Толчем дно её» (ВК)

В таком контексте славяне – это и есть «этнокультурные сообщества», включающие в себя как общность языков, так и общность веры, культуры, быта.

Завершая вступительную часть, хочу отметить, на каждом этапе исследования изучались данные не только «Велесовой книги» и ДНК – генеалогии, но и труды учёных по истории, археологии и других смежных наук, таких как: лингвистика, картография, гидрография.

Когда образовались славяне?

По летописным первоисточникам, например, «Повести временных лет» (ПВЛ) славяне как общность появились после всемирного потопа, по разрушении столпа и разделении народов, когда сыновья Иафетовы взяли под свой контроль запад и северные страны, от народов которых произошёл язык и народ славянский. По данным ПВЛ от племени Иафета произошли так называемые норики, которые и есть славяне. Дата образования и появления славян не указывается, а лишь говорится о том, что произошло это после потопа, и спустя много времени сели славяне по Дунаю, где теперь земля Венгерская и Болгарская. Далее говорится о том, что славяне разошлись по земле и прозвались именами своими от мест, на которых сели: морава, чехи, белые хорваты, сербы,

хорутане, ляхи - лутичи, мазовшане, поморяне и ободриты. Также, по данным ПВЛ, эти славяне пришли и сели по Днепру, назвавшись полянами, а другие - древлянами, потому что сидели в лесах. Те кто сели между Припятью и Двиною - назвались дреговичами, те кто сели по Двине - назвались полочанами, по речке, впадающей в Двину, именуемой Полота, от нее и назвались полочане. Те же славяне, которые сели около озера Ильменя, назывались своим именем - славянами, и возвели Новгород. Те, кто сели по Десне, Сейму и Суле - назвались северянами. Так представлено в ПВЛ расселение славянского народа, по имени которого и письменность стала назваться славянской.

Из других первоисточников, одним из первых о славянах, выделившихся из венедов, написал готский историк Иордан. Он сообщил о том, что в Скифии первыми с запада пребывает народ гепидов, который окружён великими и славнейшими реками: Тисия (совр. Тиса), Данувий (Дунай), Флутавсий, впадающий в Истр. По сведениям Иордана племена, населявшие этот регион, именовали себя преимущественно славянами и антами. Антов он описывает и в районе Понтийского (Чёрного) моря, вплоть до Данапра (Днепра). Из этих изысканий появление славян можно отнести к 4 в. н.э.

Изучая греческие первоисточники, относящиеся к экономической тематике, присутствие славян можно отнести намного раньше, уже к 4 в. до н.э. По ним не составляет труда проследить развитие земледелия и растениеводства на чернозёмных землях в районе Западного Причерноморья. Анализируя изложенную древними греками информацию, становится ясно, что именно славяне выращивали зерно в 4 веке до н.э., в период греческой колонизации Черноморского побережья. То самое зерно, которое вывозилось в Афины греками. Объём этот, по греческим первоисточникам, был равен 400 000 медимн (1 медимн = около 52 литров), или 20 800 000 литров, половине всего зерна завозимого в Средиземноморье.

По данным лингвистики, древнегреческий язык — (аттическое ἡ Ἑλληνική γλῶσσα) принадлежит к индоевропейской языковой семье, и является предком греческого языка, распространённого на территории греческой ойкумены в эпоху с конца II тыс. до н. э. Это тоже следует взять на заметку, памятуя о теме нашего исследования, основанного на затронутой ранее теме о «индоевропейской» группе языков и достаточно

убедительном обосновании причастности этой группы к термину «арийская группа языков».

Археология в изысканиях следов славянской бытности, на мой взгляд, сегодня выглядит двусмысленно. С одной стороны - у неё сосредоточено достаточное количество археологических свидетельств влияния славян - ариев на развитие быта и культуры многих народов нашего континента. С другой стороны - выражается поразительная готовность стоять до последнего, дабы доказать самим себе обратное. Иначе трудно объяснить, как можно пользуясь сегодня изысканиями в области других наук, утверждать простые и парадоксальные вещи: «Арии были на Южном Урале 3800 лет назад, а вот славяне там появились только спустя пару тысячелетий». Причем дело вовсе не в том, что славяне - относительно недавнее этнокультурное образование. Отрицается вообще связь ариев с праславянами.

По данным ДНК - генеалогии, ДНК наших современников показывают, что самому древнему корню славян - ариев сегодня 12 тысяч лет и следы зарождения этого рода ведут на Балканы: в Сербию, Косово, Боснию, Македонию. На сегодня это единственная наука, которой удалось продвинуть предков славян в глубь истории до 12 000 лет назад, и при этом аргументировано показать их роль в истории. Показать пути миграций славян - ариев, и убедительно показать роль не только в истории миграции наших предков, но и их влияние на распространение языков многих народов мира. Убедительно обосновав необходимость пересмотра таких понятий как «индоевропейская группа языков», «иранская группа языков» и «иранизмы».

Как образовались славяне по ведам самих славян хорошо описано в «Велесовой книге». Будучи разными племенами и родами, пребывая на своей исторической прародине - Балканах, рода эти славили богов своих и от того славянами себя именовали. «Велесова книга» была написана самими славянами. Давайте дальше и рассмотрим славян - ариев с точки зрения этого первоисточника и сопоставим описанную в них информацию с данными современной науки ДНК - генеалогии. Это является основной целью представленного материала.

Прародина славян – ариев: Балканы



*«Реки Ро и По свои также, идут птицею,
конницей становясь. Враги теми крыльями
закрываются. Головой бив, из них часть была той
конницей. Ум исторгнув, обрезай рядами сеча. То
ведешь кругом пару, умеем также делать потому,
что хочется, добьемся победы нашей в унижение
вновь, так как Сва имеем.» ВК, веда 14*

Карпатская птица Сва «Алконост»

Самые древние корни славян - ариев, рода R1a1, о давности которых мы можем судить по данным ДНК-генеалогии и по славянским ведам, насчитывают 12 тысяч лет и просматриваются в районе Балкан. Из ВК мы видим продвижение от Балкан на запад, до предгорья Альп, к реке Рона. Пребывание славян - ариев в данной местности сомнений не вызывает, т.к. детально описана в ведах территория от Ро (Роны) до реки По и несколько далее. На снимке представлена славяно-арийская птица Сва (балканская), являющаяся священным символом древних славян и символом их прародины. Этот символ у славян сохранился до настоящих дней и отражён во многих славянских рисунках, былинах, сказках, песнях отражающих древность культуры славян - ариев.

Если говорить о древнейшем периоде пребывания ариев на Балканах, сведений в ведах оставлено мало. Ограничиваются они топонимикой данной местности, укладом жизни того периода, враждебностью чужеродных племён и описанием некоторых природных катаклизмов, в первую очередь длительного похолодания. Более подробно в ведах описаны последующие миграционные процессы от Балкан. По некоторым данным они были вызваны приручением лошади и освоением земледелия.

Описать в одной статье все миграционные процессы славян - ариев, изложенные в «Велесовой книге», затруднительно. Давайте остановимся на той цепочке, что прослежена уже ДНК - генеалогией и посмотрим, что

из этого получится. Я имею в виду цепочку: Балканы – Южный Урал – Индия – Иран. По данным ВК эта цепочка выглядит несколько шире: Балканы – Карпаты – Днепр – Б.Кавказ – Южный Урал – Индия – Иран. Если внимательно изучить не только ВК, но и картографию этой цепи, то трудно себе представить эту связь (Балканы – Ю.Урал) без пролегающей на этом пути Кумо-Маньчской впадины. А именно, территории, по тем временам в отношении продвижения на Южный Урал ключевой по многим признакам. Давайте посмотрим, что мы имеем по данной цепочке на период появления ариев на Южном Урале, т.е. более 4000 лет назад.

Продвижение ариев от Балкан на Карпаты и к Днепру.

«Себь погодьсте порие опорощетесе. Русколаниу опъоуцете до кие тецещете. Сендетесе до земе о тые таможде и жьдехъция до пори стенпоу върияжскоу и себе браницесе од Дона и такъва бя щесе се од лиеты тысенц трисент о Кыиве оце трисенты о Карпанъсте животие и тысенце о Кие градие и нащасте иде до Голуне. Тамо и стате. Ина о Кие граде и перьва есе Ренсколане и друга Кые и якожде Сурень цтяе по скотоу ходяеща.» ВК

(На нас непогода обрушилась. Русколанью обрушилась, до которой течет.

Уселась к земле в той, там же и осталась к поре степной варяжской и себе бранится от Дона и таково было время это от лета тысяча триста в Кыиве отцов, триста в Карпатской жизни и тысяча в Кие-граде и начало идет к Голуни. Там и стало. Иная в Кие-граде и первая есть Ренсколань и другая Кые и когда Сурень чтили со скотиной ходя.»)

«Коня разводили и древнелунно исходу к Карпатской горе, то была она в годы перед одна тысяча трехсотыми ...» (ВК)

При исследовании фрагментов этих двух частей ВК прослеживается несколько исторически значимых событий:

1. Пребывая на территории Балкан, славяне – арии именовали свою территорию Голунью.
2. С Балкан славяне – арии продвинулись на Карпаты, после приручения лошади, и назвали данную территорию Русколанью,

прожили на Карпатах почти тысячелетие и образовали там град Кие.

3. С Карпат в 1300-е годы по старому летоисчислению происходит передвижение к Днепру и на Днестре основывается Киев-град.

На этом фрагменте следует остановиться подробнее и попробовать вычленить эту дату.

Исследуя старое летоисчисление славян - ариев вычислить современную дату труда не составляет, если обратиться к данным археологии и истории Тамани. В 1792 году, при княжении Екатерины Великой, атаманом Головатым был найден отражающий историческую истину о царстве Тмутараканском так называемый «тмутароканский камень», о котором Екатерине Великой и сообщил граф Пушкин. Сам камень был извлечён из земли в 1803 г. Львовом Никольским, под наблюдением Маифа Васюренцева и пастыря - протоирея Павла Демешко.

При извлечении каменной плиты стала доступна высеченная на нём надпись, свидетельствующая об историческом факте: **«В лето 6576 индика (1068 г.н.э.) Глеб князь мерил море по льду (льду, авт.) от Тмутараканя до Корчева (Керчи, авт.) 14000 сажен».**

Таким образом можно вычислить дату образования Киева на Днестре. Он был основан 6217 лет назад. Исход с Карпат на Днестр совершил князь Кий со своими племенами и основал своё городище, получившее название в честь князя. Это неоднократно просматривается в ведах разных времён. Дальнейшее продвижение славян-ариев в сторону Южного Урала состоялось спустя тысячелетие, как свидетельствуют о том веды ВК, то есть примерно 5 тысяч лет назад. Прежде чем продвинуться до Южного Урала, им понадобилось около тысячелетия. По данным ДНК-генеалогии осели они на Южном Урале 4000-3800 лет назад, спустя это самое тысячелетие. Этот промежуток времени по ходу их маршрута вполне логично вписывается в историю Большого Кавказа. На это и нужно исследователям обратить внимание, попытаться найти следы славян - ариев на этом отрезке пути. Я же выскажу свою гипотезу продвижения ариев Западного Причерноморья к Южному Уралу.

Большой Кавказ на пути ариев к Ю.Уралу.



Если предположить, что арии (славяне) появились на Б.Кавказе в промежутке 5000 – 4000 лет назад, в период продвижения на Ю.Урал, то должны быть отмечены следы пребывания их на данной территории. Давайте попробуем эти следы поискать и поднять имеющиеся данные по теме Большого Кавказа и прикавказских степей.

Кавказская птица Матерь Сва «Лебедь»

Обратимся к археологии. На Б.Кавказе археологами найдены останки поселений и курганы, которые получили название «**Майкопская культура**», относящиеся к археологической культуре Кубани эпохи Бронзового века, существовавшей 5000 лет назад. Основа деятельности – скотоводство. Знали колесо, гончарный круг, знакомы были с бронзой, обработкой камня для хозяйственных и строительных нужд и хоронили своих предков в курганах. Гамкрелидзе и Иванов видят в Майкопской культуре ступень развития протоиндоевропейского общества.

Давайте обратимся к ведам и посмотрим, что в них написано в отношении этого периода: «**Так жили мы же сами, им помощь даем. Таково бывое. Зеле знали, творили сосуды и запекали в печах. Ведь были гончары доблестные, землепашцы. Тоже скотину водили, понимая и это.**» (ВК-5). Известны им были и курганные захоронения: «**До смерти и сложат нас, многие сложили кости свои в курганах**» (ВК-2). Из сказанного видно, что гончарами они были отменными, и захоронения арии применяли именно курганного типа. Ареал

распространения «Майкопской культуры» просматривается как на территории Кубани и Ставропольского края, так и вдоль Черноморского побережья Кавказа.

По некоторым данным преемницей Майкопской культуры стала **северокавказская культура**, хотя существуют факты миграции «майкопцев» на север к берегам реки Дон и в степи Калмыкии (Ю.Урала), где они якобы растворились в среде степняков «ямной культуры». Последняя также является археологической культурой эпохи позднего медного века – раннего бронзового века (3600–2300 до н. э.). Распространена ямная культура в Восточной Европе от Урала до низовья Дуная, в основном в степях Причерноморья. Представители ямной культуры занимались скотоводством и земледелием. Характерной чертой ямной культуры является захоронение умерших в погребениях, сверху которых насыпаны курганы. Тела умерших посыпались охрой. Отмечена характерность подобных захоронений для «прото-индоевропейцев». В кавычки «прото-индоевропейцы» взяты по причине исследованности данного вопроса ДНК – генеалогией, которая хорошо доказала устарелость применения подобных выражений применительно к истории, археологии и лингвистике. Речь на самом деле идёт о форме захоронений ариев.

Обратимся к лингвистике. Данные по исследованиям Большого Кавказа, при правильном подходе, расхождения с ДНК – генеалогией либо не имеют, либо сведены к минимуму. Лингвистами выявлено движение протохеттов 5 тысяч лет назад вдоль Черноморского побережья Кавказа на восток. За ними просматривается народ, отделившийся от Баденской культуры. Язык этих племён стал основой для иранской и индийской групп языков. В 28 в. до н.э. они уже освоили Черноморское побережье. А мы знаем о принадлежности иранской и индоевропейской группы языков, кому на самом деле она принадлежала - ариям. Это и есть на сегодня арийская группа языков, которая к тому времени, 4800 лет назад, ещё не добралась до Индии и Ирана, но уже появилась на Большом Кавказе. Это ещё раз подтверждает гипотезу о прохождении ариев к Ю.Уралу через степную зону Б.Кавказа.

Теперь давайте вернёмся к археологии Большого Кавказа и заглянем в её сакральные тайны, ответ на которые археологи не могут найти с XVIII века. Речь идёт о так называемой дольменной культуре.



Дольменная культура Б.Кавказа имеет преимущественное распространение на современной территории Краснодарского, Ставропольского краёв и Абхазии (вдоль Черноморского побережья Кавказа, от Тамани до Очамчира). Зарождение её приходится, по данным археологии, на период нашего

Дольмен. Культурное святилище, расположенное в ущелье Жанэ, Геленджикского района, Краснодарского края, Западный Кавказ. Снимок сделан в 2007 г., во время проведения обряда.

исследования в пределах 6000-4000 лет назад. Б.Кавказ является эпицентром этой культуры, распространившейся с Б.Кавказа как в сторону Индии, так и в западном направлении, до Британских островов, по нисходящей. Период расцвета и распространения этой культуры совпадает с периодом массового расселения ариев по многим направлениям Евразийского континента.

Многолетние исследования данной культуры позволили сделать вывод, что это культовые мегалитические сооружения, предназначенные для проведения в них обрядов, которые по природе своей могли относиться к трём видам религий: буддизму, зороастризму и раннему славянству. К какому именно, ответ пока не найден, но арии этого периода оказались территориально причастными именно к этим трём религиозным основам. **«Сами ставим на место его. Прячем Зур. Будем поднимать Славу» (ВК); «Буду также за время зелено славили.» (ВК); «Славены племена и роды потому, что Славим Богов, никогда ничего не прося, лишь Славим силу их.» (ВК).**

Дольмены являются одним из наиболее масштабных археологических памятников периода того времени на Большом Кавказе. Дольмены представляют рукотворные каменные строения нескольких типов. У каждого из них просматриваются древние племенные стоянки и курганы

с захоронениями. Самых дольменов археологами открыто более 2000 единиц, как расположенных компактно, от нескольких единиц до десятков, так и одиночных.

В связи с тем, что эта культура распространилась по многим регионам Евразийского континента, от Британии до Индии, по затухающей от эпицентра, и единого мнения в учёном мире по её возникновению не имеется, выскажу свою гипотезу. Дольмены следует отнести к культовым сооружениям древних ариев, у которых проводились обряды и иные, значимые в племенной жизни, совместные мероприятия. В пользу этой гипотезы говорит то обстоятельство, что неподалёку от каждого дольмена просматриваются в обязательном порядке племенные стоянки. Образовалась дольменная культура Б.Кавказа по данным археологии в промежутке от 6000 до 4000 лет назад. Это вполне вписывается в период продвижения ариев к Южному Уралу, на котором они появились по данным ДНК-генеалогии и археологии Ю.Урала 4000-3800 лет тому назад.

В пользу причастности ариев к дольменной культуре свидетельствует и то обстоятельство, что дольмены начинают просматриваться и в других регионах Евразийского континента в период его активного освоения ариями. Это также свидетельствует и о непрекращающихся связях между ариями. Нас же сейчас интересует Б.Кавказ, лежащий на пути предполагаемого нами маршрута от Балкан на Ю.Урал и далее в Индию.

Большой Кавказ – «остров» славян - русов.

Обратимся к историческим первоисточникам по Б.Кавказу. Кавказ окружён со всех сторон водным пространством - тремя морями, Чёрным, Азовским и Каспийским, и водоразделом Кумо-Маньчской впадиной. По природе своей это напоминает «остров», имеющий сухопутную связь между Большим и Малым Кавказом на очень малом расстоянии, не более 70-100 км. Что нам известно об этом «острове» и ариях из исторических первоисточников?

Сведения о русах и славянах, живущих на «острове», имеются в арабо-персидской литературе. Несмотря на их разрозненность и повторения

авторов, они, по описаниям, говорят об одном и том же «острове руссов». Вот эти сведения от Ибн Русте:

«Что же касается ар-Русийи, то она находится на острове, окружённом озером. Остров, на котором они живут, протяжённостью в три дня пути (около 600 км. По Кумо-Маньчской впадине, от Каспия до Дона, авт.), покрыт лесами и болотами, нездоров и сыр до того, что стоит только человеку ступить ногой на землю, как последняя трясётся из-за обилия на ней влаги.

Есть у них знахари, из которых иные повеливают царём как будто бы они их начальники ...» (BGA. Т.VII. Р. 145-147; Новосельцев. 1965. С. 397-399)

По словам Ибн Русте они разделены на несколько племён, но по отношению к внешним врагам поступают единодушно. Между собой же они мало доверяют друг другу и не расстаются с оружием. Мы же из самых подробных описаний, знаем, что это был союз не нескольких, а десяти княжеств, объединившихся воедино на «острове» (на Кавказе). Славяне же составляли большую часть от этих княжеств. Но об этом мы поговорим ниже.

Следующий рассказ об «острове руссов» - в сочинениях персидского историка XI века Гардизи «Зайн ал-ахбар», составленном в Афганистане в начале 50-х годов XI века. Его ценность в том, что он представляет собой географический и этнографический обзор, посвящённый тюркским народам. Его рассказ несколько видоизменено совпадает с рассказом Ибн Русте. Цитаты:

«Что же касается руссов, то есть остров, расположенный в море, и остров этот протяжённостью в три дня пути в длину и ширину и весь покрыт лесом. Почва его такая влажная, что если поставить ногу, то она погрузится в землю по причине её влажности. И есть у них царь (князь, авт.), называемых хакан-е рус. ...

И одежда людей руссов и славян из льна ...

(Гардизи/Бартольд. С. 39; Новосельцев. 1965. С. 399-400).

Разница в рассказах лишь в том, что у одного - остров окружён озером, а у другого - морем. Речь идёт о Каспийском море и Кумо-Маньчской впадине, расположенных с азиатской стороны «острова».

Из более поздних писателей интересные сведения об этом добавляет египетский историк и географ Ибн Ийса (1448-1524 г.г.) в своем труде «Аромат цветов из диковинок округов»:

«... Это большая и обширная земля и в ней много городов. Между одним городом и другим большое расстояние. В ней большой народ из язычников...

В их страну не входит никто из чужестранцев, так как его убивают. Земля их окружена горами, и выходят из этих гор источники проточной воды (целебные Минеральные источники в районе Минвод и всего Пятигорья) впадающие в большое озеро (Каспий). В середине большая гора (Эльбрус, авт.), с Юга её выходит белая река (Риони, авт.), пробивающая себе путь через луга к конечному морю Мрака (Чёрному морю), затем текущая на север Русийи, затем поворачивающая в сторону запада и больше никуда не поворачивающая (Кубань, авт.).»
(Новосельцев. 1965. С. 402.)



Теперь давайте обратимся к греческим первоисточникам. Им тоже было известно об этом «острове». Историю «острова» ариев подробно описал Платон. История этого описания такова. Об «острове» – государстве, как можно заметить по древнегреческим первоисточникам,

Географическая граница Большого Кавказа, «остров руссов»

человечество впервые узнало от древнегреческого ученого Аристокла, известного под именем «Платон Афинский». Он описал этот остров 2366 лет назад в диалогах «Тимей», «Критий» и «Государство». Тут следует пояснить, что прадедом Аристокла по линии матери был законодатель Солон (640-559 г. до н.э.). Солон 2583 года назад провел десять лет в Египте, среди жрецов, хранителей древних тайн. Там, в г. Саисе, он и познакомился с документами, относящимися к древнейшей истории Греции, Египта и некоего острова. Аристокл получил письменные свидетельства по наследству. Отсюда подробное описание «острова»,

столицы, размеры, быт государства. Платон пересказал их в том виде, в котором они были засвидетельствованы Солоном.

Следует отметить следующие строки Платон в диалоге «Критий»:

«Рассказу моему нужно предпослать еще одно краткое пояснение, чтобы Вам не пришлось удивляться, часто слыша эллинские имена в приложении к варварам. Причина этому такова. Как только Солону явилась мысль воспользоваться этим рассказом, для своей поэмы, он полюбопытствовал о значении имен и услышал в ответ, что египтяне, записывая имена родоначальников этого рода, переводили их на свой язык, потому и сам Солон, выясняя значение имени, записывал его уже на нашем языке (Афинян, авт.).

Записи эти находились у моего деда, и до сей поры находятся у меня, и я прилежно прочитал их еще ребенком. А потому, когда вы услышите от меня имена, похожие на наши, пусть для вас не будет в этом ничего странного – вы знаете в чем дело».

Столь подробно я описал историю появления информации об этом острове потому, что древнегреческий автор наиболее подробно описал Б.Кавказ, также обозначив его как «остров» с оговоркой о наличии сухопутной связи с Малым Кавказом (Закавказьем), и дав ему не только чёткие привязки, но и размеры. А также указал культуру, быт этого народа, и описал подробно его центральную часть - столицу.

Ряд лингвистов склонны считать, что на Кавказе арии появились около 4500 лет назад, относятся к Кубано-терской культуре и оставили след в картвельских языках.

Теперь давайте посмотрим, что мы имеем по теме Б.Кавказа как острова, да и вообще по Б.Кавказу в «Велесовой книге».

«Так род Славень передвигался к земле иной, где солнце в ночи спит. Коню травы много. Луга тучные. Речки рыбой полны. Конь никогда и не умрет. Годь была еще на зеленом крае. Немного упредили отцов, идущих вдоль Ра реки (Кумо-Манычской впадины), река эта велика и отделяет нас от иных людей. Течет к морю Фасисте (Каспийскому морю).

Ум свой напрягите, надежно укрепившись этим. Та река Ра идет по направлению солнца восходящего, но в обе стороны реку смотрите, там, где садится солнце смотрите эту реку тоже. Матери Сва слава на

ней зарождается. Та обоими своими крыльями увязана, она также берется землею той.»

Как видим, Ра река, по описаниям, течёт по направлению движения солнца, и течёт в двух направлениях, т.е. соединяет Каспийское море с Азовским. Если быть точнее - низовья Дона. Это и есть Кумо-Маньчская впадина, являющаяся северной границей Северного Кавказа, который славяне называли то птицею Сва, то Птицею Матерь Сва, за свою форму напоминающую летящего лебедя.

А вот и упоминание в ведах о Б.Кавказе, как об острове, правда уже в другую эпоху:

«Тут муж роду Белояру идет по ту сторону Рая - реки. Упредил там гостей - синьцев идущих - до фряженцев, так как иегуны ведь на ОСТРОВЕ свои. Поджидают гостя да обирают его ...»

Посмотрим ещё один фрагмент о Большом Кавказе, который трудно перепутать с любым другим регионом:

«Это бьет крыльями Матерь Сва птица, боры новые идут на ней, те расходятся по щелям, по ним текут, не лезут по хребтам. Эта течь туга, велика в краях наших, как дымка степная повязаны те, стелется это и к Сварге также. Жаля плачется в нас, кличет Матерь Сва до Вышнего, зачем ей давал лес он для огнищ наших, и те взывают о помощи. Эта мощь ворожит на врагов, Гематьрех уступится. Годь отойдет на Калицу Малую и течет до берегов морских. Таково землю одержат до Дона, по тому Дону реке и есть Калка Великая, его граница между нами и первейшими племенами, там годь была четьреста лет, о своем говорим врагам, тому врагу имеем мы землю нашу, Ра имеем, добротные земли и эллинам.

Торгуем обменом скота, шкур и многим, на серебряные и золотые кольца, питье, еду, вескера. Жизнь наша была той порой ладная и мирная, это годь налезла на нас еще раз, была пора десять лет, это удержим в памяти своей, земли наши также умеем оборонять от врагов, так как идут отреченно святы, покуда святы, идут до нас, то и есть свято первено - Колядь и другие Арь: Красна-Гура, Овсиена Великая и Малая, идут те святы, когда муж идет оградю до сел огнищанских, Киём земле мир грядет от нас к иным и от иных к нам идёт.»

Опять видим подробное описание пребывания славян на Б.Кавказе, уже в античный период. Почему я так подробно остановился именно на Большом Кавказе? Потому, что на сегодня этот вопрос менее всего обследован ДНК – генеалогией по причине совсем малой базы данных тестируемых жителей данного региона. Таким образом, вразумительного ответа по пребыванию ариев в данном регионе, по данным ДНК – генеалогии, мы пока получить не можем, но арии как-то ведь продвинулись с Балкан на Ю.Урал. Славянские веды показывают нам, как это было. Они показывают тесную взаимосвязь ариев Ю.Урала и Большого Кавказа. В чём была эта взаимосвязь, мы увидим ниже, при исследовании пребывания ариев на Южном Урале.

Пребывание ариев на Южном Урале.

По косвенным данным ДНК – генеалогии, арии на территории Южного Урала появились в период раннего бронзового века 4000 -3800 лет назад. Они построили там городища Синташта, Аркаим (названия современные), и ряд других комплексов, названных «страной городов». Археологам за последние десятилетия на Южном Урале удалось обнаружить около 20 таких сооружений.

Датировки ДНК-генеалогии и археологии не противоречат друг другу. Например, время жизни общего предка индусов гаплогруппы R1a1 – 3675 лет назад (по данным А.А. Клёсова). Мне удалось в прошлом году посетить данный регион и собрать по нему ряд дополнительных сведений. В большей степени меня привлекли археологические объекты под названием «Аркаим» и «Синташта». Давайте рассмотрим их более подробно.

Существует множество версий о назначении объекта «Аркаим», основными из них являются:

древняя обсерватория;

городище;

укреплённое оборонительное сооружение;

Я выскажу свою версию данного сооружения – это объект древнего металлургического производства.

Давайте по порядку рассмотрим все эти гипотезы.

Аркаим- древняя обсерватория.

Как обсерватория Аркаим не нашёл подтверждения. Нет ничего подтверждающего этот факт, за исключением того, с чем соглашаются сами археологи, отмечающие в лучшем случае возможность ведения пригоризонтальных исследований. Но для подобных исследований не было никакой надобности строить целое городище в данном месте. Достаточно было использовать для этого природный ландшафт на том же месте, где стоит городище или рядом, достаточно было просто вкопать камень для подобных изысканий. По большому счёту и этого не требовалось, т.к. в районе горы Шаманки имеются вершины вулканического происхождения, сопки, с которых вести подобные измерения было бы много легче. Достаточно использовать любую из них с привязкой к горе Шаманке, или, наоборот с самой Шаманки вести астрономические наблюдения. Городить городище для этого не было никакого смысла. Миф о древней обсерватории не выдерживает критики.

Аркаим - городище.

Тут всё гораздо сложнее, запутаннее, и требует ответов на поставленные вопросы. Размер данного «городища» в диаметре составляет примерно 140 м, чуть больше футбольного поля. По данным одного из археологов, принимавшего участие в раскопках и выразившего общее мнение археологов, в данном городище могло пребывать около 2000 человек.

Чтобы разместить такое количество людей на столь ограниченном пространстве, требуется как минимум «коммунальный» образ жизни. При этом развитой цивилизации требуется не только технологическое развитие, наблюдаемое в Аркаиме, но и развитие общечеловеческое, для продолжения рода. Трудно представить, как люди могли жить на нарах в несколько ярусов (по сведению специалистов из Аркаима), общаться между собой, и иметь потомство. В каждом из отсеков, а по современным понятиям - барачков, имелась плавильня доменная печь, и колодец с водой, связанный с печью, для поддува (тяги). Как можно совместить барачное жилище с выплавкой металла, для которого требуется завоз руды, её выплавка, вывоз шлаковых отходов, плавка и складирование готовых изделий с бытовой жизнедеятельностью человека, на площади в несколько десятков кв. м. барака? Это представить сложно.

Аркаим - укреплённое оборонительное сооружение.

Внешний водяной ров Аркаима, в глубину, по имеющемуся разрезу, оставленному после палеопочвенных исследований, по колено. Как можно было его идентифицировать оборонительным рвом, остаётся загадкой. По окружности городище имеет четыре входа, на которых водяные рвы прерываются.

Внутренний «оборонительный» ров по глубине соответствует ливневому либо канализационному отводу, который человек в состоянии просто переступить, не обращая особого внимания на данное препятствие. О каких оборонительных ухищрениях и лабиринтах на одном из входов может идти речь, если на трёх других имеется прямой выход в центр «городища»? На оборонительное сооружение данный объект тоже не тянет.



Аркаим - объект древнего металлургического производства.

Это один из древнейших производственных центров на Ю.Урале, наряду с другими, в котором арии занимались литейным, ковальным, гончарным и другими видами производства для собственных нужд и торговли избытками этого производства по

Макет- реконструкция Аркаима (Воронженца) сделанный в археологическом музее «Аркаим»

всему миру. С учётом объёмов производства, его мощностей, имеющихся других подобных производственных центров на Ю.Урале, выпускаемой продукции было достаточно для обеспечения данного региона одним таким центром. Из этого можно сделать вывод - данная продукция пользовалась большим спросом и экспортировалась в другие регионы.

Таково общее впечатление с учётом общеизвестных подробностей об археологическом почвоведении, костных останках, минерально-сырьевой базе, рудниках, освоении пищевых ресурсов, деталей литейного,

чеканного, гончарного, и текстильного производства. Сколько времени понадобится археологам для поиска жилищных стоянок ариев вокруг производственного комплекса Аркаим, сказать трудно, но следы таких стоянок просматриваются, и в основе своей не отличаются от племенных стоянок на Большом Кавказе. Подобные стоянки выглядят так: жилище, костровище, яма для бытовых отходов и близлежащий проточный водный источник. Часто это бывает река.

Пребывание ариев в данном регионе в этот период археологи признают, а следы праславян отрицают, датируя их появление в данном месте (по сведениям из музея «Аркаим») 19 веком. На мой вопрос, могли ли арии основать Аркаим, был получен положительный ответ – да, могли! Следы этой культуры прослеживаются в южном направлении, в сторону Индии. На вопрос, могли ли ариями быть праславяне, получил от археологов категоричный ответ – нет, не могли! На вопрос «почему» – ответ был стандартный. Оказывается, по их мнению, славяне появились на этой земле только в 19 в. Из сказанного видно, археологи на сегодня не склонны ассоциировать ариев со славянами. Сам памятник несомненно имеет большое историческое значение, и его гибель в результате пожара сомнений не вызывает.

Несколько слов об археологическом объекте «Синташта».

Моё внимание привлекли «колесницы», остатки которых найдены в пяти захоронениях Синташтского некрополя. Гипотез по ним много. Так, например, Константин Быструшкин сопоставил размер колёс с размерами Аркаима и Синташты, выдвинув свою гипотезу - «колесниц» для замеров. Рассматривалась и гипотеза боевых «колесниц», не имеющая под собой достаточных обоснований.

Объясню, почему. Размер «колесницы» в виде короба имеющий примерно площадь 70 см на 100 см, с высотой бортов около 40 см составляет общий объём в одну треть куба. Длина тяги от ближнего края короба до места применения тягового усилия составляет примерно 120 см. и рассчитана на двух тянущих. При этом приспособления для применения тягового усилия находятся с внутренней стороны поперечины, а не с наружной её стороны. Колесницу не толкали, как утверждает К. Быструшкин, а тянули. Запрячь в такую повозку ни двух волов, ни двух лошадей не возможно по причине нехватки места между

коробом и поперечиной. В лучшем случае можно запрячь мелкое вьючное животное. Но и тут возникнут проблемы. Расстояние между так называемыми «уключинами» всего около 80 см. Поэтому вариант «боевой колесницы» не проходит по параметрам самой «колесницы».

Использование столь громоздкого «агрегата» в качестве землемерного устройства тоже не выдерживает критики. Для подобных измерений достаточно одного колеса с так называемым «шипом», а для точного замера окружности не требуется столь сложный агрегат с разноосевыми размерами колёс. Как не загружай её грузом, чтобы обосновать наличие в ней («колеснице») короба, ошибка будет накапливаться неизбежно и в значительных размерах, т.к. земная поверхность имеет естественные неровности.

Вывод простой. С учётом имеющихся в коробе отверстий для перекрытия короба на период транспортировки груза, а так же выемки перекрытия в момент выгрузки этого груза, можно смело сказать, что это обыкновенные тачки для перевозки руды с общей вместимостью около 0,3 куба. Они рассчитаны на тягу двумя людьми на небольшие расстояния, а также для перевозки любых других сопутствующих в литейном производстве грузов. Но основное их назначение всё же перевозка руды. Днище и сами края короба являются сплошными, что позволяет перевозить сыпучие породы. Полагаю, что в захоронения они попали при погребении самих перевозчиков этих грузов.

Это предположение имеет больше оснований, чем все остальные и свидетельствует в пользу гипотезы металлургического производства как в Аркаиме, так и в Синташте. Эта гипотеза должна рассматриваться как одна из основных.

Всё вышесказанное по южноуральской теме позволяет выдвинуть свою гипотезу - Южно-Уральский комплекс того периода 4000 – 3800 лет назад, известный под названием «страна городов», является комплексом строений, предназначенных для переработки руды и плавильного производства металлов. Об этом же свидетельствуют и расположенные неподалёку от них карьеры по добычи руды.

Теперь, когда известен период образования данного комплекса из данных ДНК – генеалогии и археологии, посмотрим, найдём мы эти сведения в «Велесовой книге», или их там нет. Если предположение генеалогов и

археологов точны, то они не могут быть пропущены в славянских ведах. Найти эти следы труда не составило.

"Тот раз оды старше не было, то имеем. Когда имеем - зазнаёмся. Ныне дела творите и себя имейте в Теверце. Для себя степные курганы с захоронениями имеем, как и отцы наши. Прятали тела хороня, горб (курганы) ищите умеючи в своей степи, там и травы найдёте свои. С цветами хоронили умерших, когда кровь свою проливали все. Либо Колунь нашу оставили врагам, та Колунь кругами была поставлена, о та врагам тяжелейшей просто стала. ЭТО ОГРАДЫ НАШИ КРУГАМИ ПОСТАВЛЕННЫЕ ИМЕЕМ, отцы наши осторожно прятали в земле, от всяких отроков. Донизу припадите. Любите ее. Там земля рождение имеет. На спор не идите, выждите, конём грядём всюду в тот день, даже не смогут они никуда притулиться. Это говорим о том так, как говорили отцы наши. Это борьба.» (ВК)

Это и есть разговор о «стране городов». Согнал и повёл ариев с этих земель Перун, бог стихий природы, следовательно, природные катаклизмы. **«Коли была порождена былым, это Перунец придет к нам. Тот поведет нас ...»** К такому же выводу в своих изысканиях пришёл и Анатолий Клёсов в работе «Откуда появились славяне и «индоевропейцы»? Ответ даёт ДНК – генеалогия», отметивший в своей статье причину ухода ариев из Аркаима в Индию примерно 3600 лет назад. Расставание с Аркаимом было вызвано природными катаклизмами. Ниже приведу цитату из данного материала, зачем они это сделали и какая в этом была нужда:

«Ответ на это становится ясен, если посмотреть на историю глобальных катастроф. 3600 лет назад произошло одно из самых больших в истории человечества извержение вулкана Санторин, он же Тера, в Эгейском море. Этот взрыв стер с лица земли минойскую цивилизацию на о. Крит. Вулканический взрыв выбросил в атмосферу 60 кубических километров (!) пепла, что привело к резкому и долгому понижению температуры по всей Земле. Свидетельства этому – кольца деревьев в Европе и Северной Америке. Это – в четыре раза больше пепла, чем при чудовищном взрыве вулкана Кракатау в 1883 году.

В течении долгого времени Солнца практически не было видно. Этот взрыв сопровождался сильными тектоническими подвижками, которые заметно ощущались по всей планете.

Максимально точная датировка извержения, определенная радиоуглеродным методом, дала срок 3615 ± 15 лет назад, по кольцам деревьев - $3628-3629$ лет назад, по кернам льда - 3644 ± 20 лет назад. Если все это усреднить, получается 3630 лет назад.

Это, скорее всего, и есть то время, когда арии покинули Аркаим.»

Приведенные выдержки из «Велесовой книги» также показывают причастность наших предков к строительству «страны городов». Многие название городищ со временем были утрачены и сказать точно которое из них имело например название Колядь, а которое иное название, уже невозможно. Исключение составляет Аркаим, имеющий археологическую привязку к пожару. В ведах об этом сказано следующее:

«страха не имеем, поскольку древние, тогда как новые, они песок той древности, рядом с ним, когда хочет, этого ожидаем своим днём, живём тем днём, как умеем. Воронзенец был местом, в котором усиливались годы. Русов это место были, то городище было малое. Также по поре той сторело, прах и пеплы того ветрами развеяны во все стороны. Место данное было оставлено, небесной земли тайна русская его и это, не печальтесь о ней. Не забудете ее. Там кровь отцов наших всем лилась, поэтому мы о Прави гремим повсюду. О Воронзенце слава течет по русям и по той Свароге ему, то и ищите всеми силами, имея наконечники свои, одержите знание о Руси, о «гои» одержите с Оренгои и «руг». Умеют дать оконечности стрел ясность о своих, а обжиг и слузы о тех. Умеем, держа, распознать Ругу, особую так же имеют еду и питье в то время. По смерти нашей и сложат нас, это либо многие сложили кости свои в курганах, когда защищались.» (ВК)

Вот как описывают другие славянские веды это городище до его пожара:

«Воронженец был древний, за многие века устроен. И окремлен от налезания по кругу рекой. Та Воряжина идет до Воронженца, поя той, и так усиливалась Русь, огражденная от запада солнца.» (ВК)



«это была Воронзенец река и городища, там отцы наши раскололи годь, так сами расколем врагов новых, это себе ставы свои возвращаем и рассказываем, когда будет иное время на них, там Матерь Сва Слава пишет нам идет, когда огонь дойдет пращурам нашим» (ВК)

Фотоснимок одного из «бараков» на археологическом объекте «Аркаим».

"Так ВСЕМИ его Арецко пришли от земли Арийской к краю Иньскому (к Индии). (ВК-25)

Сопоставив факты ДНК – генеалогии, археологии и славянских вед мы видим, что «страну городов» на Южном Урале отстроили славяне-арии и активно развивали там металлургическое производство, экспортируя результаты своего труда в другие региона. Появились они на Ю.Урале в пределах 4000-3800 лет назад, а покинули данную территорию спустя два столетия по причине природных катаклизмов и двинулись по направлению к Индии.

Исследуя «Велесову книгу» становится очевидным, что за этот период арии смогли наладить литейное производство, выплавку орудий защиты, производства и распространить по многим регионам Азии и Европы. Просматривается в ведах и один из самых распространённых маршрутов с Южного Урала в Средиземноморье, который проходил по реке Урал (Воряжине) в Каспий и далее через Кумо-Маньчскую впадину (реку Ра) в Дон – Азов – Чёрное море – пролив Босфор (Боспор) – Средиземное море. Это и есть тот самый ранний бронзовый век. Эпоха, в период которой на черепках посуды найдены знаки традиционной для ариев свастики. В андроновском регионе найдены захоронения, останки которых показали гаплогруппу и гаплотипы род ариев (R1a1), т.е. произошедших от единого предка некогда рождённого на Балканах и давшего своё многочисленное потомство, которое совершило многовековой проход от Балкан на Карпаты и далее через Днепр, основав там 6200 лет назад г.Киев, продвинулось на Большой Кавказ и от него на Южный Урал. А

спустя 200 лет, примерно 3600 лет назад, из-за природных катаклизмов покинуло Ю.Урал и ушли по направлению в Индию.

Пребывание Ариев в долине Инда и в Индии.

Темой нашего разговора, является «Велесова книга» и попытка идентификации находящейся в ней информации с имеющимися данными в области ДНК – генеалогии и некоторых других наук. Данный раздел темы начну с цитирования славянских вед, в которых отражена информация касающаяся перехода ариев от Южного Урала в Индию. В славянских ведах топоним «Индия» отражён своими древними названиями: Инь, Инея, Ида, Идеен, Инд. Встречая все эти топонимы следует понимать, речь в них идёт об Долине Инда, Индии и прилегающих к ним территорий, в разные годы. Названия менялись на протяжении веков. Это видно из 22 веды: **«истинно значение то, любо Перуну. То молвим всем как нес, не сократим северной гряды, Ида, Инда, то Иден, как хочется той. Забылось имя в переназвании.»**

Из славянских вед известно об исходе от Южного Урала в Индию. Связь наших балканских предков с Индией описывается во многих славянских ведах. Есть среди них и 25-я веда, посвящённая исходу ариев из земли арийской к краю Иньскому, т.е. к Индии. Давайте посмотрим, что в ней об этом пишется:

«Ида (Инда, авт.) дом и Сва (Б.Кавказ и Ю.Урал, авт.) антами существовали, да Сватитася имя его Индра, как либо то нес нас Бог. Мосше Боги. Веды знали, так вспомним бывшее и оставим его.

Имеем мы и стада скота, который бережем от зла его - Бога Висята, стада убережены будут. Так всеми его Арецко пришли от земли Арийской к краю Иньскому. Тулуц имеем до перехода да Ра и травный скот зелени злачной».

Попробую пересказать сказанное в «Велесовой книге» об Индии своими словами. Наши предки, имеющие ряд своих поименований в разные годы, таких как венды, рушты, русы, русичи, арии, русколане, волыняне (в период пребывания на Волыне), карпене (в период пребывания на Карпатах), скуфе (скифы, будучи на Днестре и вдоль западного Причерноморья), серенжецы (пребывая в граде Суроже), анты, боть,

борусень, бореане, бореицы (в период пребывания на Б.Кавказе), продвинулись в конечном итоге с Ю.Урала в долину Инда где и закрепились. Эта гаплогруппа ариев R1a1 и оставила свой след закрепившись на полуострове Индостан, принеся туда свою речь, культуру и быт, ставшую неотъемлемой частью этого полуострова. О чём сказано в 6-й веде ВК: «Тут была Инь ведь. Инда тварга».

Вторит ей и 7-я веда, свидетельствующая о бренной жизни каждого из нас. Но благодаря имеющемуся потомству, есть жизнь вечная, а значит и дебаты наши об истории носят характер вечности и не утихнут никогда. Но дебаты наши могут быть пустыми, а могут быть вещими, всё зависит от нас. Мы же на этой земле против вечности ничто, просто искра всполохнувшая и погасшая. Мы должны знать и чтить свою историю, чтобы не сгинуть во тьме, как будто не были истинно никогда на ней. А пока так получается, вроде потомки, а признаться в этом боимся. Боимся ученого совета - не поймёт, лишения авторитета тоже боимся. Замолвить слово за предков своих не можем - не вписывается в общегосударственную концепцию развития. Кто степень боится потерять, кто кафедру, кто просто свой кусок хлеба. Но при этом почему-то не боимся потерять историю своего рода, а вместе с историей и весь свой древний род.

Веды и речи наши славянские - защита наша во все времена. А как мы относимся к ведам? Просто делаем вид, что мы к ним не относимся. И веды нам свидетельствуют о том, не имеем мы нынче края своего на землях наших, потеряли не только историю свою, но и предков своих найти не можем. Вот и рассказывают нам сегодня, что не имеем никакого отношения к своей собственной истории, а предки наши появились на Ю.Урале в 9-10 в. н.э., и к истории Индии никакого отношения иметь не могут.

Удастся или не удастся ДНК - генеалогии помочь учёным других дисциплин посмотреть на историю новым взглядом, сквозь призму новой науки, покажет время. Связь Индии со славянами - ариями просматривается по многим научным изысканиям. Свою нишу начал занимать и Интернет по данному вопросу. Интересующая людей информация становится общедоступной. Перейдём к следующему этапу пути ариев, из Индии в Иран. Давайте посмотрим, что по этому поводу нам поведают славянские веды и ДК - генеалогия.

Из данных ДНК – генеалогии мы сегодня знаем, что на севере Индии около ста миллионов мужчин имеют гаплогруппу R1a1, что в свою очередь составляет 16% всех жителей Индии. Половина высших каст Индии составляют – R1a1. По самым свежим данным имеется информация не в половину, а в три четверти, 75%. При этом ДНК – генеалогия отмечает, что предковая гаплогруппа индусов – та же самая, как у восточных славян. Возраст предка этой гаплогруппы в Индии – 3650 лет. Аркаим был покинут в пределах датировок, связанных с появлением первых ариев в Индии. Связь эта очевидна. Осевшие на севере Индии арии и ушедшие позднее в глубь Индии (по данным из вед), по данным ДНК – генеалогии показывают потерю возраста пребывания на юге, по отношению к той же R1a1 расположенной на севере. Это говорит о том, что продвижение R1a1 по Индии осуществлялось от долины Инда на юг, а не наоборот. О том же свидетельствуют и славянские веды, показывающие, как князь Иден повёл своих людей с северной части на юг Индостана.

Продвижение ариев от Индии в Иран.

«Изойдя из края Иньска перед очами идущих коня видели шедше мимо земли Фарсийской. Шли далеко, так как не удобна овцам земля, тайно шли горами и видели камни. Там просо не сеется, также мимо пошли. Видим степи цветущие. Зеленые там, стояли лета два. По ним мимо пошли потому, что хищники по кошам.» (ВК-26)

Часть Ариев прибыв в долину Инда, продвинулась далее, в западном направлении, где задержались на два года. После чего часть вероятно осталась и осела на востоке Ирана, а часть пошла дальше. Из 10-й веды видно, что прежде чем начать своё продвижение на запад, от долины Инда в сторону заходящего солнца, была сделана разведка, после чего свершился очередной переход на запад. При этом часть осталась в Индии, продвигаясь на юг Индостана, а другая совершила переход, встретив на своём пути сушь с песками и гористую местность, где осели на пол века.

Та часть ариев, что осела в Иране, в результате двухсотлетней стоянки, вероятно и наложила свой отпечаток на восточно-иранские языки, более близкие к «индоевропейским». Данные ДНК – генеалогии

свидетельствуют: в Восточном Иране R1a1 составляет примерно 20% от населения Ирана, которое в подавляющем большинстве имеет ближневосточную гаплогруппу J2.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В славянских ведах упоминаются предки наши, совершившие переход по золотой цепи и кругу. Одну из таких цепей мы рассмотрели сегодня: Балканы – Карпаты – Днепр – Б.Кавказ – Ю.Урал – Индия – Иран. Цепь на этом не прерывается, но мы вынужденно, на некоторое время прервём её по причине ограниченных возможностей публикуемого в журнале объёма информации. Давайте осмыслим, насколько мы правильно понимаем, откуда происходит «индоевропейская группа языков», «иранизмы», какую пользу сегодня несёт смежным наукам ДНК – генеалогия и насколько можно доверять той информации, что изложена славянами о самих себе в «Велесовой книге».

На мой взгляд, ДНК – генеалогия демонстрирует свою значимость в археологических, исторических и лингвистических изысканиях. Помогает сверить и уточнить те первоисточники, которые сегодня отвергаются учёными, без достаточных на то оснований, как это, например, произошло с «Велесовой книгой». Одной из многочисленных гаплогрупп, обладатели которых населяют наш континент, и предки которых внесли свой неизгладимый отпечаток в истории многих народов под названием – арии, является, говоря языком ДНК – генеалогии, гаплогруппа R1a1 .

Арии разнесли свою культуру, быт, язык по всей Европе. Потомки тех же ариев принесли этот язык на Б.Кавказ, Ю.Урал, Индию и Иран. Это можно проследить как по данным лингвистов, изучающих этот путь под названием «индоевропейская группа языков» и «иранизмы», так и по прослеженным путям «Велесовой книги» при поддержке ДНК – генеалогии по ряду особенностей этой истории.

Благодаря ДНК – генеалогии, её датировкам, удалось восстановить казалось бы потерянные навсегда топонимы. Изучая веда «Велесовой книги», приходится сталкиваться с топонимикой, гидронимами, именами князей, не имеющими аналогов современной литературе и

научном обороте, они просто на сегодня являются неизвестными фрагментами общечеловеческой истории.

Сопоставление данных ДНК – генеалогии и других научных дисциплин, при исследовании «Велесовой книги» вселило надежду. Надежду на восстановление исторической справедливости в отношении подлинности изложенной в ВК информации и датировок исторических событий, которые оказались гораздо ближе к показателям ДНК-генеалогии, чем некоторые другие научные дисциплины.

Литература

Археологический источник и моделирование древних технологий. Сб. научных статей (Труды музея-заповедника Аркаим). Ред. Г.Б. Зданович, С.Я. Зданович, Челябинск, 2000.

Археология СССР, под общей ред. Акад. Рыбакова Б.А. Древнейшие государства Кавказа и Средней Азии. «Наука», М., 1985

Богданов В.В., Этническая и революционная история. М., 2001

Валганов С.В., Дольмены Кавказа. М., 2004

Всемирная история в 24 т., т.1,2 «каменный век», «бронзовый век». А.Н. Бадюк, И.Е. Войич, Н.М. Вочёк и др. Минск, 1999.

Гладкий Б.Д., Древний мир. Т. 1,2, М.,1998

Гумелёв Л., Древние тюрки. М., 2005

Демосфен, «Речь против Лептина о беспощинности» 355-354 г. до н.э., 31-33; цит. По: СС. Т.І.С. 364-365).

Древняя Русь в свете зарубежных источников. Ред. Мельниковой Е.А., М., 2000

Иванов В.В., Топоров В.Н., Исследования в области славянских древностей. М., 1974

Клёсов, А.А.. Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Т. 1, № 2, стр. 252-348.

Клёсов, А.А. Се – Человек. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 1, № 2, стр. 237-251; Бостонский Альманах «Лебедь», № 477, 28 мая 2006 г.

Клёсов, А.А. Хинди-Руси Бхай Бхай с точки зрения ДНК-генеалогии, или откуда есть пошла славяне. Бостонский Альманах «Лебедь», № 531, 10 июня 2007 г.

Клёсов, А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, No. 3, Август 2008

Клёсов, А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, No. 4, Сентябрь 2008

Махабхарата. Заключительные книги XV-XVIII. Российская АН, Серия «Литературные памятники», Санкт-Петербург, «Наука», 2005.

Максименко Г.З., Велесова книга. Веды об укладе жизни и истоке веры славян, НОУ «Академия управления», М., 2008 .

Миролубов Ю., Сакральное Руси. Т. 1,2, М. 1988

Нидерле Л., Славянские древности, пер. с чешского. М. 2001

Новосельцев, Ибн Руте, ВГА. Т.VII. Р. 145-147; 1965. С. 397-399

Новосельцев, Гардизи/Бартольд. С. 39; 1965. С. 399-400, с. 402.

Петухов Ю.Д. , История руссов 40-5 тыс. лет до н.э., т.1, «Метагалатика», 2000

Платон., Филеб, государство, Тимей, Критий, М. 1994

Платон, Диалоги, М. 1998

Сафронов, В.А., Индоевропейские прародины. Горький. 1989.

Шахматов А.А., Разыскания о русских летописях, академический проект.

Шахматов А.А. 1908,1938, Кучково поле 2001

Шилов Ю.А., Прародина ариев, Киев, Синто, 1995

Чайлд, Г. Арийцы. Основатели европейской цивилизации. Москва, Центрполиграф, 2005.

Гаплотипы восточных славян: девять племен?

Анатолий А. Клёсов

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

Недавно была опубликована статья Roewer и др. (2008), в которой были приведены 545 17-маркерных гаплотипов по двенадцати областям Российской Федерации – Архангельской, Брянской, Ивановской, Липецкой, Новгородской, Орловской, Пензенской, Рязанской, Смоленской, Тамбовской, Тверской и Вологодской. Как принято у популяционных генетиков, внимание в статье было в первую очередь обращено на формальные факторы. Основное заключение статьи было в том, что гаплотипы показывают «высокое разнообразие, но небольшое генетическое различие между популяциями», что показали расчеты «молекулярных вариаций». Отмечен «градиент различий в Y-хромосоме между Россией и славяноязычными популяциями к западу», и «заметные разрывы между соседними популяциями к востоку, северу и югу».

К сожалению, потенциально богатый материал был использован буквально на долю процента. В настоящей работе мы покажем, что на самом деле можно извлечь из представленного материала по гаплотипам и гаплогруппам. Мы проведем анализ 257 гаплотипов гаплогруппы R1a1, что составляет почти половину (47%) от всех гаплотипов в общей выборке.

Для начала – несколько общих, скорее интуитивных соображений. Ясно, что проводить анализ гаплотипов по областям не имеет большого смысла. Трудно ожидать того, что кривичи, дреговичи или радимичи так и продолжают компактно жить на своих территориях, как показано на карте ниже. Войны, переселения, ссылки, раскулачивания, служба в армии, гигантские передвижения масс не могли не привести к перемешиванию племен и их потомков. Одна вторая мировая война сдвинула с места миллионы людей, миллионы погибли, миллионы оказались в плену, миллионы в ссылках и лагерях.



Но если отойти от территориальных распределений гаплотипов, то сами гаплотипы у выживших людей никуда не делись. Остались потомки и кривичей, и радимичей, и полян, и северян. И при правильном анализе гаплотипов они непременно должны проявиться в тех же кластерах гаплотипах, ветвей на деревьях гаплотипах, генеалогических линиях.

Напомним некоторые из славянских племен, относимых к 10-13 векам нашей эры:

- вятичи,
- кривичи,
- радимичи,
- дреговичи,
- тиверцы,
- уличи,
- волыняне,
- словене новгородские,
- поляне,
- северяне,
- древляне.

Можно полагать, что если эти племена жили отдельно друг от друга, что естественно, иначе не было бы подразделения на племена, то они могли бы различаться по тонкой структуре гаплотипов. Род – один (скажем,

R1a1), хотя не все из перечисленных племен непременно принадлежали к роду R1a1, а племена разные. Попытаемся проверить эту гипотезу.

Гаплотипы R1a1 по областям

Для начала, приведем рассчитанные времена жизни общих предков гаплогрупп R1a1 по областям. В каждом случае общий предок был один, что показывало дерево гаплотипов. В качестве примера приведем дерево из 40 гаплотипов для Новгородской области (рис. 1). Как видно, ветвь гаплотипов гаплогруппы R1a1 (как и гаплогруппы N3) «сидит» на одной «ножке», что указывает на одного общего предка ветви.

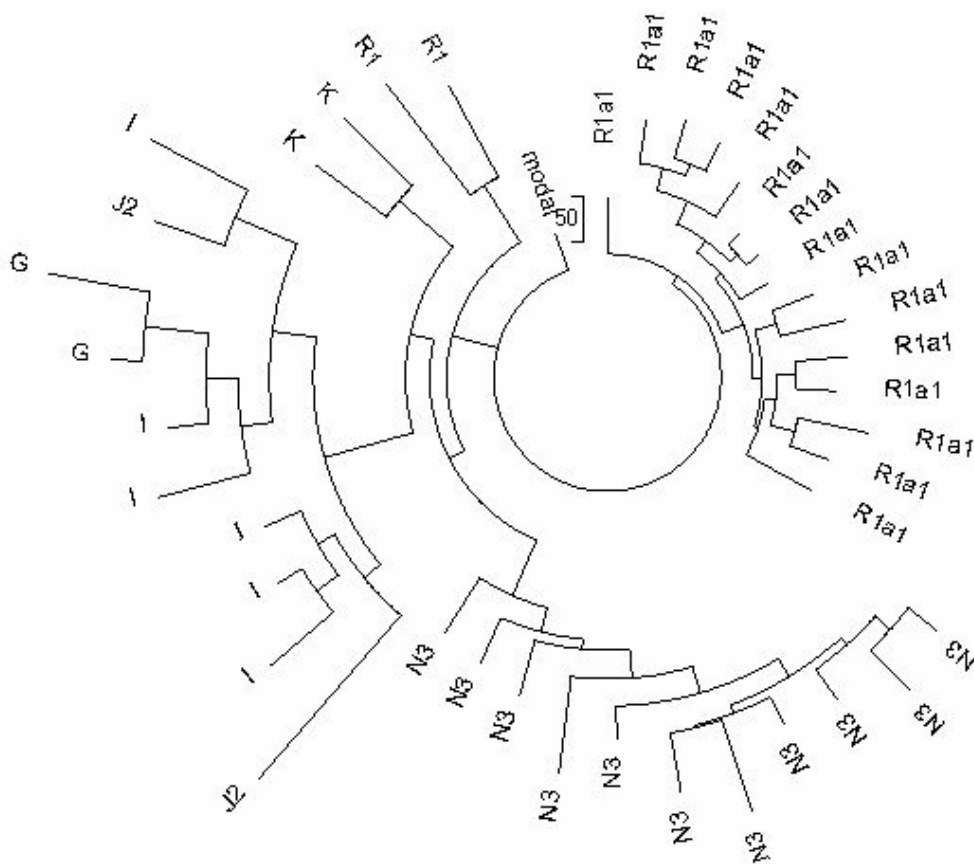


Рис. 1. Дерево из 40 гаплотипов гаплогрупп R1a1, N3, I, J2, G, K, R1 Новгородской области, по данным (Roewer et al., 2008).

Как и ожидалось, времена жизни общих предков по областям показали неупорядоченный набор цифр, из которых можно вынести только то, что общие предки гаплогруппы R1a1 по областям жили в интервале примерно 3300-5300 лет назад:

Пензенская - 4100 лет назад

Липецкая - 4650

Тамбовская - 3225

Орловская - 3725

Брянская - 5300

Рязанская - 4875

Смоленская - 4100

Тверская - 5450

Ивановская - 3950

Новгородская - 3850

Вологодская - 4175

Архангельская - 5150

Эта информация вред ли имеет особую ценность по причинам, указанным выше. Если формально усреднить времена до общих предков по областям, если это имеет какой-то смысл, то получим 4400 ± 700 лет. Это в пределах ошибки расчетов соответствует времени жизни общего предка восточных славян R1a1, равному 4825 лет назад (Клёсов, 2008). Так что ничего особенно нового мы пока не получили.

Перейдем к новому.

Гаплотипы R1a1 по ветвям дерева гаплотипов

Если нанести все 257 гаплотипов на одно дерево, то на взгляд оно разделяется на семь ветвей – три справа и четыре слева (рис. 2). На самом деле там, как показало последовательный анализ, 11 ветвей, из которых две ветви являются дочерними. Итого – девять принципиальных ветвей. Рассмотрим их по порядку.

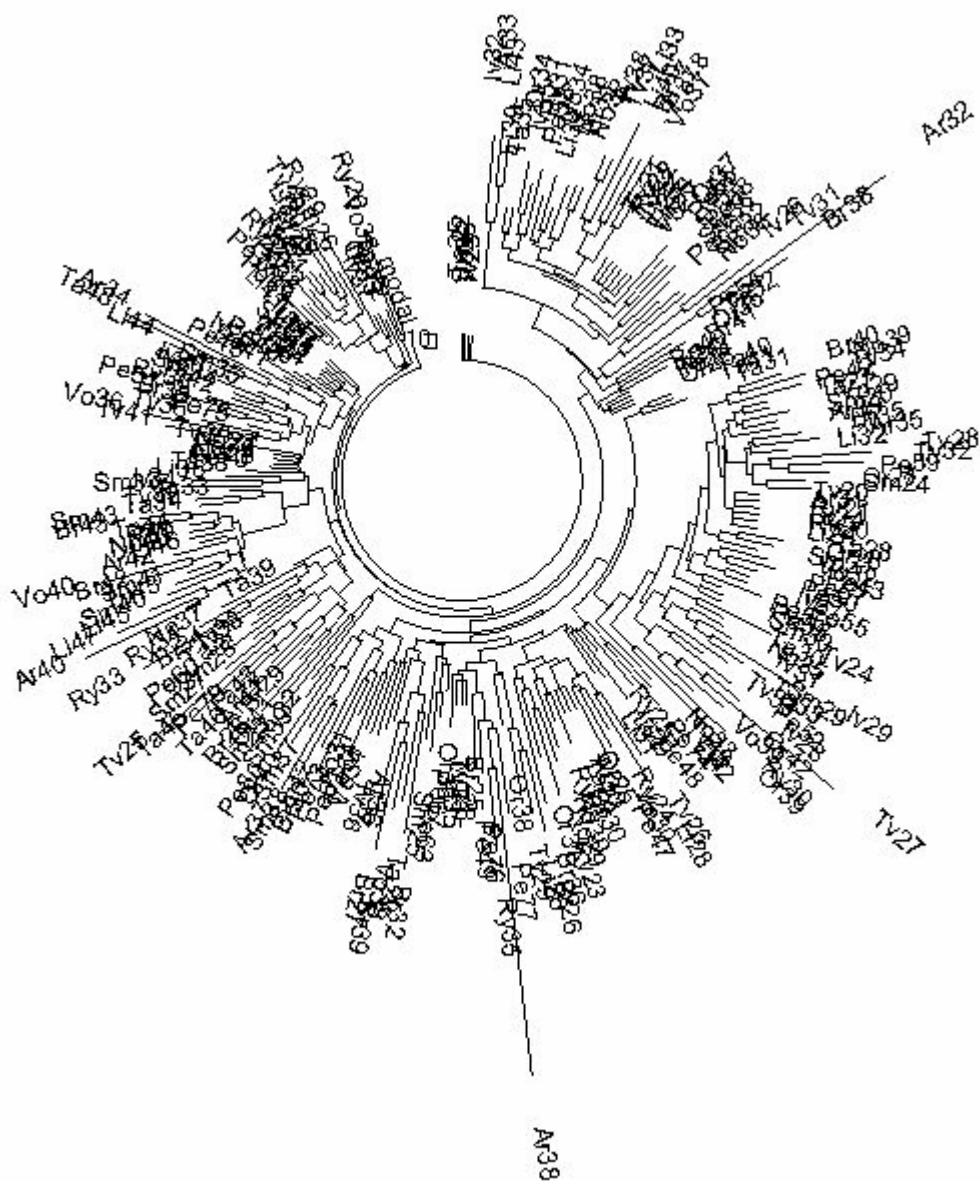


Рис. 2. Дерево из 257 гаплотипов гаплогруппы R1a1 по двенадцати областям Российской Федерации, по данным (Roewer et al., 2008). Резко выделяющиеся гаплотипы Ar32 и Ar38 (Архангельской области) были неверно типированы в цитируемой работе, и относятся соответственно к гаплогруппе N3 и I, как показало дерево гаплотипов Архангельской области.

Но перед этим отметим, что все ветви на дереве на рис. 2 исходят от одной «ножки», соединяющей ветви со «стволом». Это и есть свидетельство в пользу одного общего предка. Отдельно на дереве сидят только четыре базовых гаплотипа (на самой вершине), которые в ветви не входят. Это и есть предковый (базовый) гаплотип:

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-12

Он здесь записан в формате 17-маркерных гаплотипов, так называемого Y-файлера, в последовательности 19-385a-385b-389¹-389²-390-391-392-393-437-438-439-448-456-458-635-GATAN4. Расчеты времен до общих предков проводились с использованием средней скорости мутации, равной 0.002 мутаций на маркер на поколение (Klyosov, 2009).

Все 257 гаплотипов содержат 1395 мутаций от данного предкового гаплотипа, что дает в среднем 0.319 мутаций на маркер, и соответствует 4750 лет до общего предка. Это очень близко к величине 4825 лет, полученной при рассмотрении сорока четырех 25-маркерных гаплотипов на пост-советском пространстве, в основном России и Украины, с единичными гаплотипами R1a1 гаплотипов Таджикистана и Казахстана (Клэсов, 2008a). Более того, предковый гаплотип был тот же самый, в той степени, в которой пересекаются 25-маркерный и 17-маркерный гаплотипы. Это – один и тот же общий предок. Сейчас мы увидим, что этот предок, живший в раннем бронзовом веке, дал начало целой серии славянских племен.

Ветвь первая

Ветвь включает 46 гаплотипов, и расположена в верхней правой части на рис. 2.

Из рис. 3 видно, что сама ветвь состоит из двух частей, 22 гаплотипов слева, происходящих от более недавнего общего предка, и 24 гаплотипов справа. Также видно, что левая ветвь более молодая, то есть происходит от более недавнего общего предка. Проверим это.

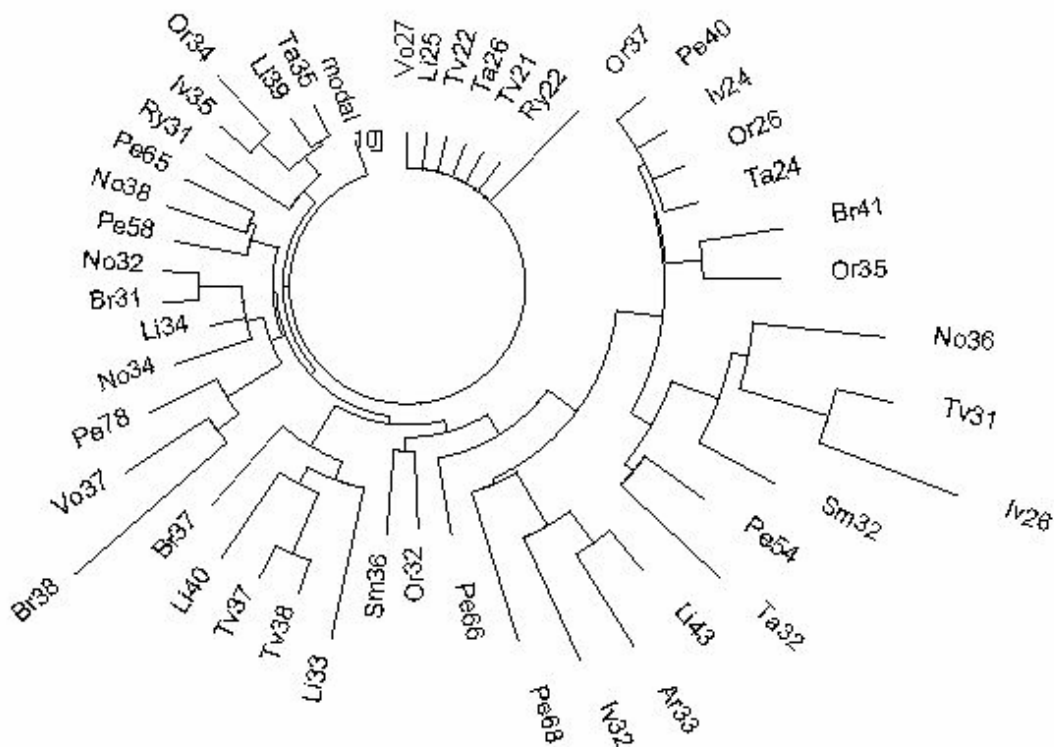


Рис. 3. Дерево первой ветви из 46 гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Как известно, мерилем расстояния до общего предка является среднее количество мутаций на маркер в гаплотипе, причем мутации отсчитываются от базового, или предкового гаплотипа. У левой ветви он определяется без труда. Чем «моложе» общий предок, тем меньше мутаций в гаплотипах его потомков, и тем безошибочнее определяется предковый гаплотип. Базовый гаплотип левой ветви следующий:

16-11-15-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-15-15-24-13

Жирным шрифтом выделены мутации по сравнению с гаплотипом первопредка (см. выше). Они определяются очень надежно. Например, во всех 22 гаплотипах левой ветви в третьем маркере (DYS385b) всего три мутации (во всех 15→16). В остальных 19 гаплотипах третья аллель = 15. Аналогично в четвертой от конца аллели, где всего две мутации на 22

гаплотипа (одна 15→14 и одна 15→16). В двух последних маркерах всего по одной мутации (24→23 и 13→11), хотя последняя считалась за две мутации.

Всего на 22 гаплотипа было 35 мутаций, что соответствует 1250 лет до общего предка. 8-й век нашей эры, становление славянского этнокультурного сообщества, как повествуют учебники.

Правая, более старая ветвь дает следующий базовый гаплотип:

16-11-14-13-30-24-11-11-13-14-11-10-20-15-15-23-12

Он всего на две мутации отличается от гаплотипа первопредка. И то мутация в DYS390 (25→24) на самом деле половинная (усредненная аллель равна 24.42). На все 24 гаплотипа приходится 105 мутаций, что дает 3700 лет до общего предка. Это время близко ко времени перехода ариев (R1a1) с Южного Урала в Индию, следуя развиваемой нами концепции (Клёсов, 2008b). Два наблюдения, которые могут быть сопоставлены с этой концепцией. Одно – что мой собственный гаплотип

16-11-15-13-30-24-11-11-13-14-11-10-20-15-16-X-11

находится в этой же, первой ветви. Второе – что мой гаплотип сидит на дереве 67-маркерных гаплотипов в окружении индийских R1a1 гаплотипов. Иначе говоря, они, индийские, тоже попадают в эту же, первую ветвь. И время подходит – для этой ветви 3700 лет до общего предка. Общий предок индийцев гаплогруппы R1a1 жил 3750 лет назад (Клёсов, 2008).

Предварительное заключение - эта ветвь является связкой между славянскими и индийскими гаплотипами гаплогруппы R1a1.

У этого племени, племени первой ветви, пока нет названия. Назовем его аричи. К настоящему времени аричи, как и все остальные племена, разошлись по разным регионам страны. В этой старой ветви – гаплотипы из областей Брянской, Тверской, Липецкой, Архангельской, Ивановской, Пензенской, Вологодской, Орловской, Смоленской, Новгородской, Тамбовской. Мои предки, начиная с 16-го века, из Курской, которая в данное исследование не входила. Так что все племена нынче перемешаны, и искать их корни по регионам бесполезно. А вот по

гаплотипам – правильно. Гаплотипы и гаплогруппы со временем не ассимилируются, не перемешиваются.

Следующий вопрос – а каково происхождение молодой подветви первой ветви? Как показали расчеты – непосредственно от старой подветви, в результате небольшого гаплотипного дрейфа. Так бывает, например, когда потомок переезжает на новую территорию, и становится основателем новой выжившей генеалогической линии. А поскольку гаплотип этого потомка порой со «сдвигом», содержит мутации по отношению к первопредку, то он становится новым, «вторичным» базовым гаплотипом.

Разница в базовых гаплотипах молодой и старой подветви (с учетом дробных средних мутаций) – 3 мутации. Это дает разницу в 2425 лет между их общими предками. Точнее, это сумма временных разниц между их общим предком и общими предками молодой и старой ветви. Значит, ИХ общий предок жил $(2425+3700+1250)/2 = 3700$ лет назад. Это и есть общий предок старой подветви. Обе это подветви – одно племя, в котором древняя линия (R1a1) ведется уже около 5000 лет, 3700 лет назад возникло ответвление линии на новой территории, и в 8-м веке нашей эры возникло следующее ответвление. При каждом ответвлении гаплотип немного сдвигался, «дрейфовал», давая начало новому базовому гаплотипу. В итоге вполне возможно, что обе подветви рассматривались как разные племена, хотя у них был один первопредок (5000 лет назад), один «вторичный» предок (3700 лет назад), и они разошлись по линиям в 8-м веке нашей эры.

Ветвь вторая

Ветвь включает 53 гаплотипов, и расположена справа на рис. 2. Как и первая ветвь, она состоит из многих подветвей, но это обычное дело. Любая популяция состоит из многих подветвей.

Как и в первой ветви, на рис. 4 выделяются две подветви. Одна, заметно более старая, то есть с более удаленными от ствола гаплотипами, находится справа, от гаплотипа Re52 до Re55. В ней – 19 гаплотипов. В более молодой ветви слева 34 гаплотипа. Она более «прижата» к стволу, что и отражает «молодость» общего предка всей ветви.

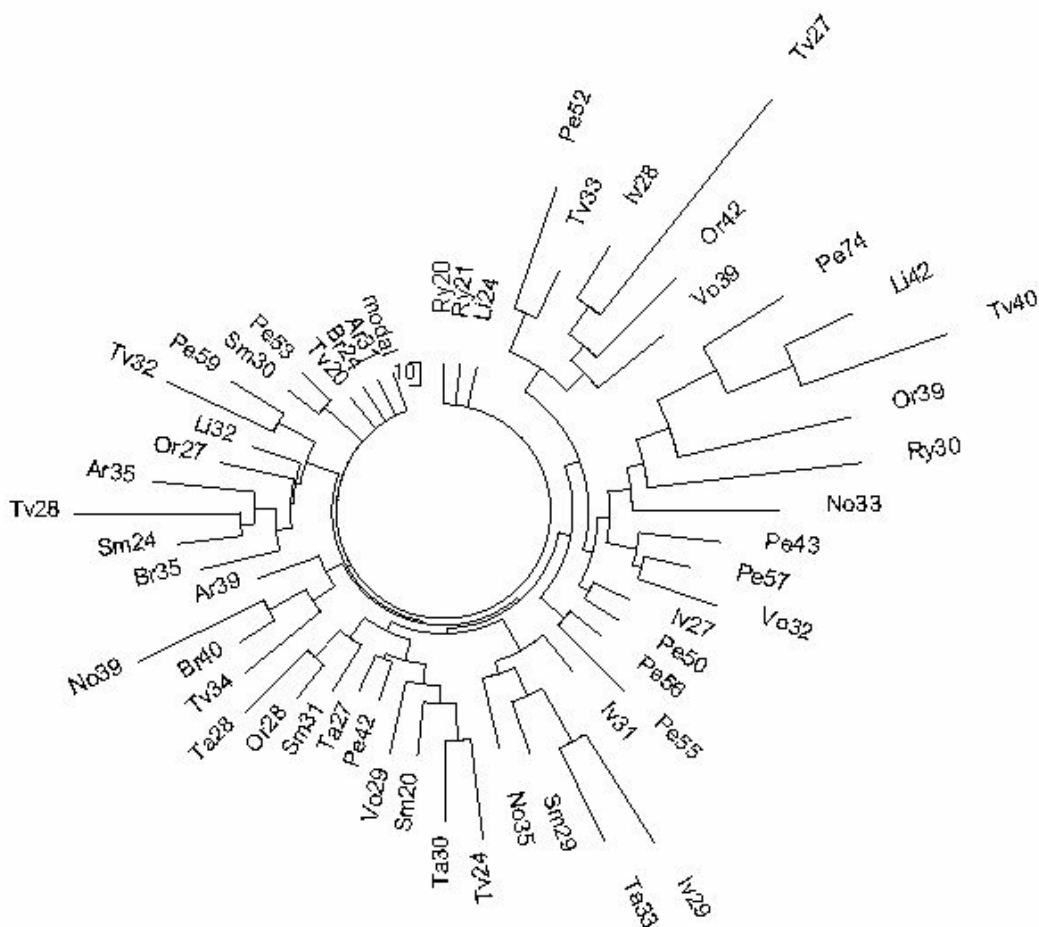


Рис. 4. Дерево второй ветви из 53 гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Эти соображения подтвердились при количественном анализе подветвей. Молодая (слева) имеет следующий базовый гаплотип:

16-11-14-13-29-25-10-11-13-14-11-11-20-17-16-23-12

Она опять заметно оклоняется от гаплотипа первопретка, на пять мутаций (выделены). Мутаций в подветви опять мало, но сами аллели порой имеют характерные значения. Это и есть признак отдельной генеалогической линии. Например, в пятом слева маркере (DYS389-2) все до одного 34 гаплотипа имеют аллель 29. В первой ветви (рис. 3) как молодая, так и старая подветвь имели аллель преобладающе 30 (пять мутаций в 22 гаплотипах молодой ветви) . Это же относится и к

остальным аллелям. Вторая выделенная аллель (DYS391 = 10) имеет всего две мутации из 34, третья выделенная (DYS439 = 11) тоже имеет всего две мутации из 34, и так далее. Иначе говоря, эти линии молодые, и продолжают держаться своих базовых гаплотипов. Все 34 гаплотипа содержат всего 73 мутации, что дает 1675 лет до общего предка. Это – 4-й век нашей эры.

Старая ветвь имеет базовый гаплотип:

16-11-14-13-29-25-10-11-13-14-11-11-20-16-17-23-12

Выделенные аллели стабильны, как и в молодой подветви. В DYS389-2 (первая выделенная аллель) только три мутации на 19 гаплотипов, в следующем выделенном маркере (DYS391) – две мутации. Всего в 19 гаплотипах – 73 мутации, что дает 3200 лет до общего предка.

Между молодой и старой ветвью – два мутационных различия, то есть 1575 лет дистанции между их общими предками. Это дает $(1575+3200+1675)/2 = 3225$ лет до IX общего предка. Таким образом, более молодая ветвь происходит от того же общего предка, что и старая ветвь.

Ветвь третья

Ветвь включает 31 гаплотип, и расположена в нижней правой части на рис. 2. В отличие от первой и второй ветвей, она однородна (рис. 5), то есть не состоит из выраженных ветвей.

Базовый гаплотип третьей ветви – следующий:

15-11-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-16-23-12

Он на три мутации отстоит от первопредкового гаплотипа. Необычно то, что первый маркер (DYS19) здесь имеет аллель 15. Это – не «чистая» величина, а смешанная. Из 31 гаплотипа аллель 15 наблюдается только у чуть больше, чем у половины гаплотипов, у остальных аллель или 16, или 14. В целом у всех 31 гаплотипа наблюдается 124 мутации, что дает 3325 лет до общего предка.

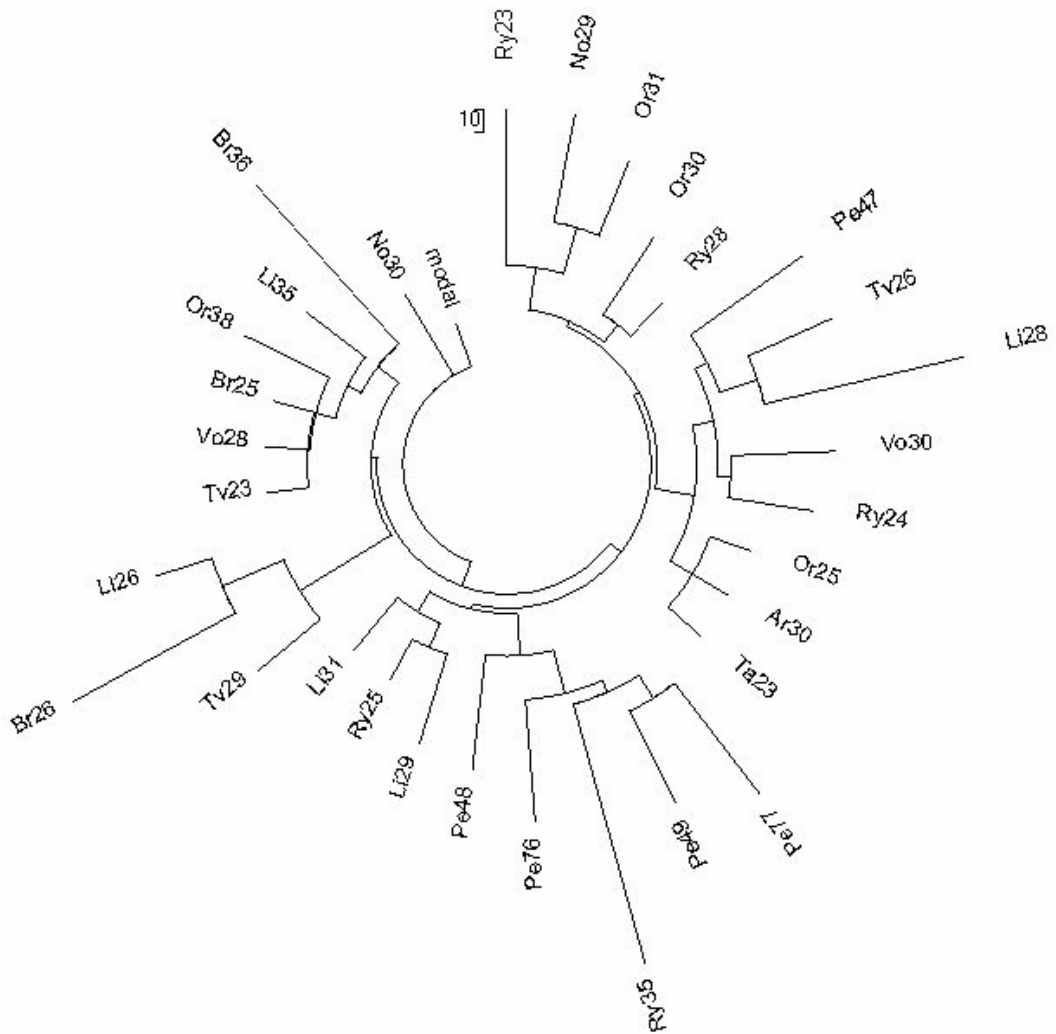


Рис. 5. Дерево третьей ветви из 31 гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Интересно, что только первая ветвь имеет общего предка времен Аркаима и перехода ариев в Индию, а именно 3700 лет назад. Большинство остальных ветвей повели начало в период 3200-3500 лет назад. Видимо, именно тогда начался распад исходного арийского общества, и расхождение будущих славян по разным территориям. Это и привело к зарождению будущих племен, у истоков каждого фактически стоял один человек, со своим базовым гаплотипом. Все девять базовых гаплотипов – разные, что вовсе не удивительно.

Ветвь четвертая и пятая

Эта двойная ветвь небольшая, включает 28 гаплотипов, и расположена в нижней левой части на рис. 2. Видно, что она состоит из двух параллельных ветвей, одна из которых не является предковой другой.

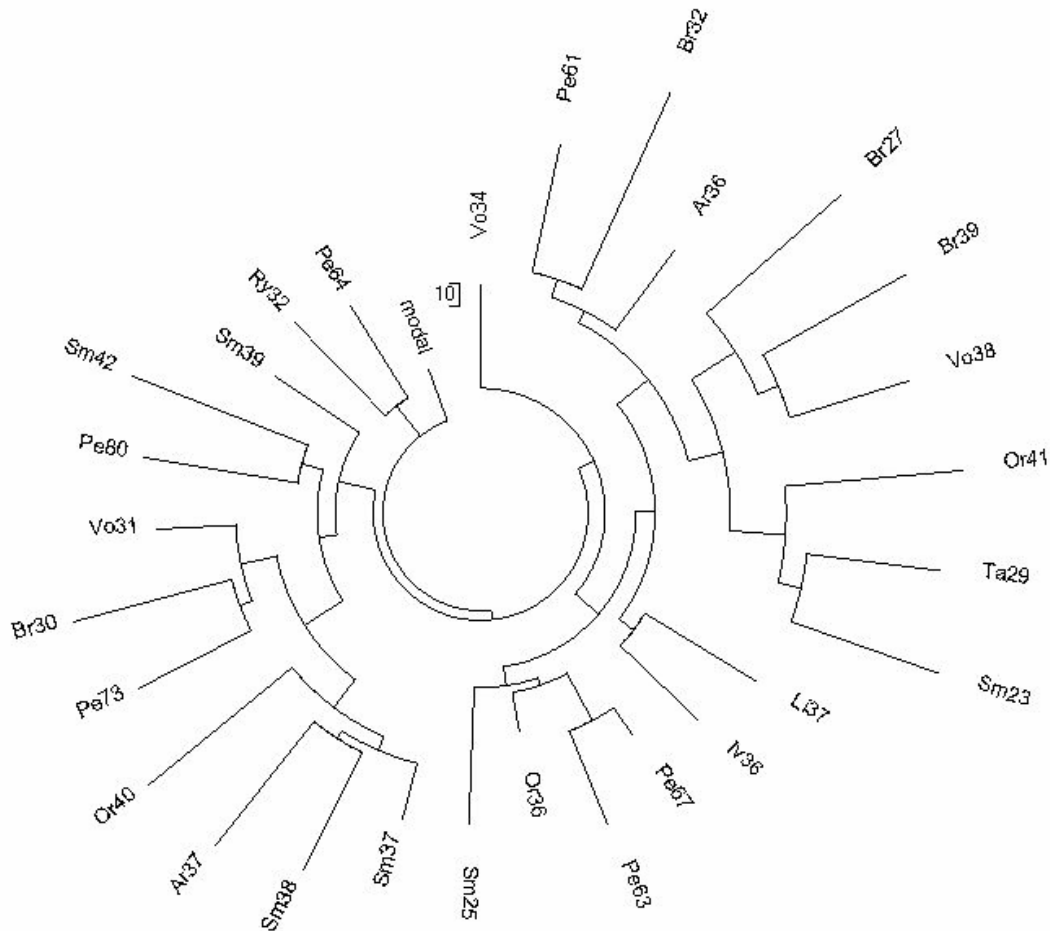


Рис. 6. Дерево четвертой и пятой ветви из 28 гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Действительно, на рис. 6 видно, что это две ветви практически независимы одна от другой. Их базовые гаплотипы:

16-11-15-13-31-25-11-11-13-14-11-10-20-15-15-23-12

(левая ветвь), и

16-11-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-15-23-13

(правая ветвь).

Левая ветвь из 12 гаплотипов содержит 59 мутаций, правая ветвь из 16 гаплотипов содержит 65 мутаций. Это дает 3525 и 3375 лет до общего предка, соответственно. Мутационная разница между ними – 3.65 мутаций, то есть 3000 лет. Таким образом, ИХ общий предок жил $(3000+3525+3375)/2 = 4950$ лет назад. Это и был общий предок всех девяти ветвей, всех девяти славянских племен.

Ветвь шестая и седьмая

Эта двойная ветвь находится слева на рис. 2. Ее построение как дерева (рис. 7) действительно показывает две независимые ветви, которые даже не пересекаются. Обе имеют свою независимую «ножку», что указывает на двух разных предков. Естественно, обе ветви сводятся к одному общему предку, как видно из рис. 2 выше.

Левая ветвь имеет базовый гаплотип

17-10-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-16-23-12

правая –

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-11-20-16-16-23-12

Интересно, что все 15 гаплотипов левой, более молодой ветви, имеют аллель 17, которая относительно редка у других ветвей (встречается в среднем в 9% случаев). Все 15 гаплотипов имеют аллель 10 во втором маркере слева (DYS385a), и все они имеют аллель 10 в третьей выделенной аллели (DYS391). Во всех гаплотипах 38 мутаций. Что дает 2025 лет до общего предка, который жил при переходе старой эры в новую.

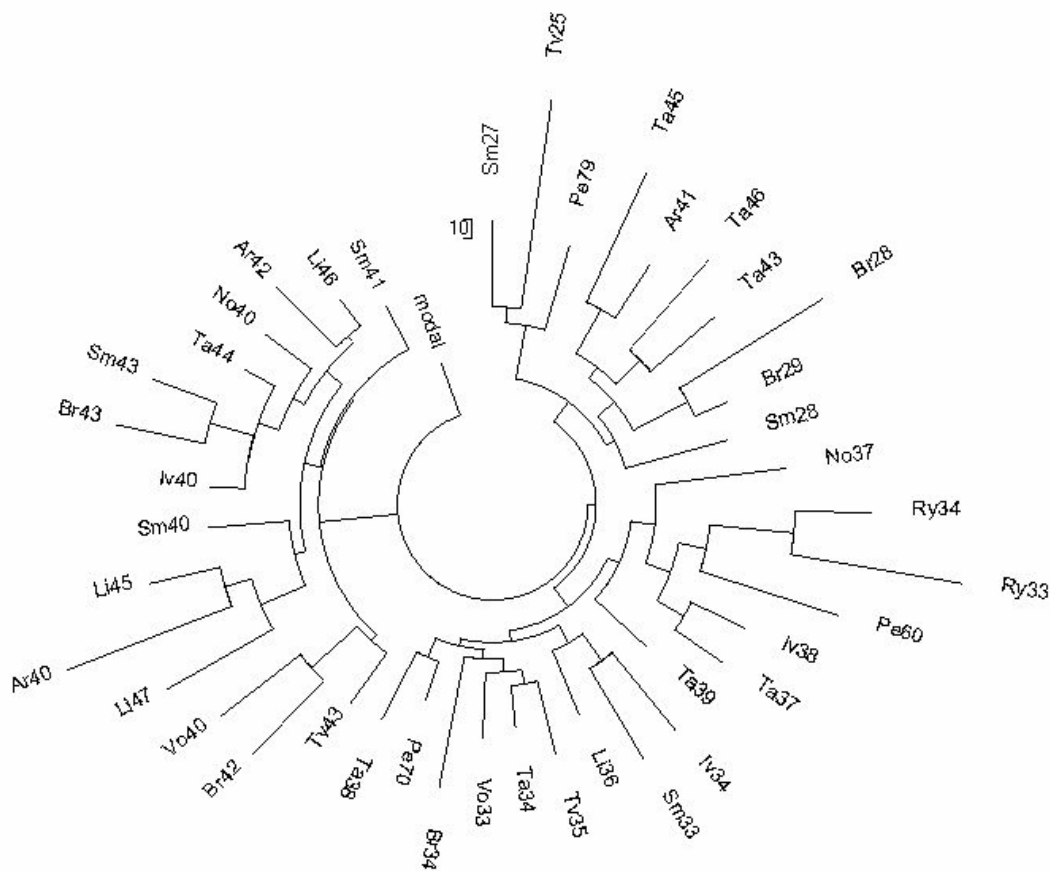


Рис. 7. Дерево шестой и седьмой ветви из 15 (слева) и 26 (справа) гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Все 26 гаплотипов более старой, правой ветви имеют 105 мутаций, что дает 3375 лет до общего предка.

Ветвь восьмая

Это – предпоследняя ветвь на дереве, слева вверху. В ней – 29 гаплотипов, ветвь относительно молодая и имеет одного общего предка (рис. 8), который жил примерно 2300 лет назад. 3-й век до нашей эры. Базовый гаплотип ветви следующий:

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-13

От первопредка его отличает только мутация в последнем маркере (GATAN4), где из 29 гаплотипов только восемь имеют мутации до 12 и 11.

Все 29 гаплотипов имеют 83 мутации, что и дает 2300 лет до общего предка.

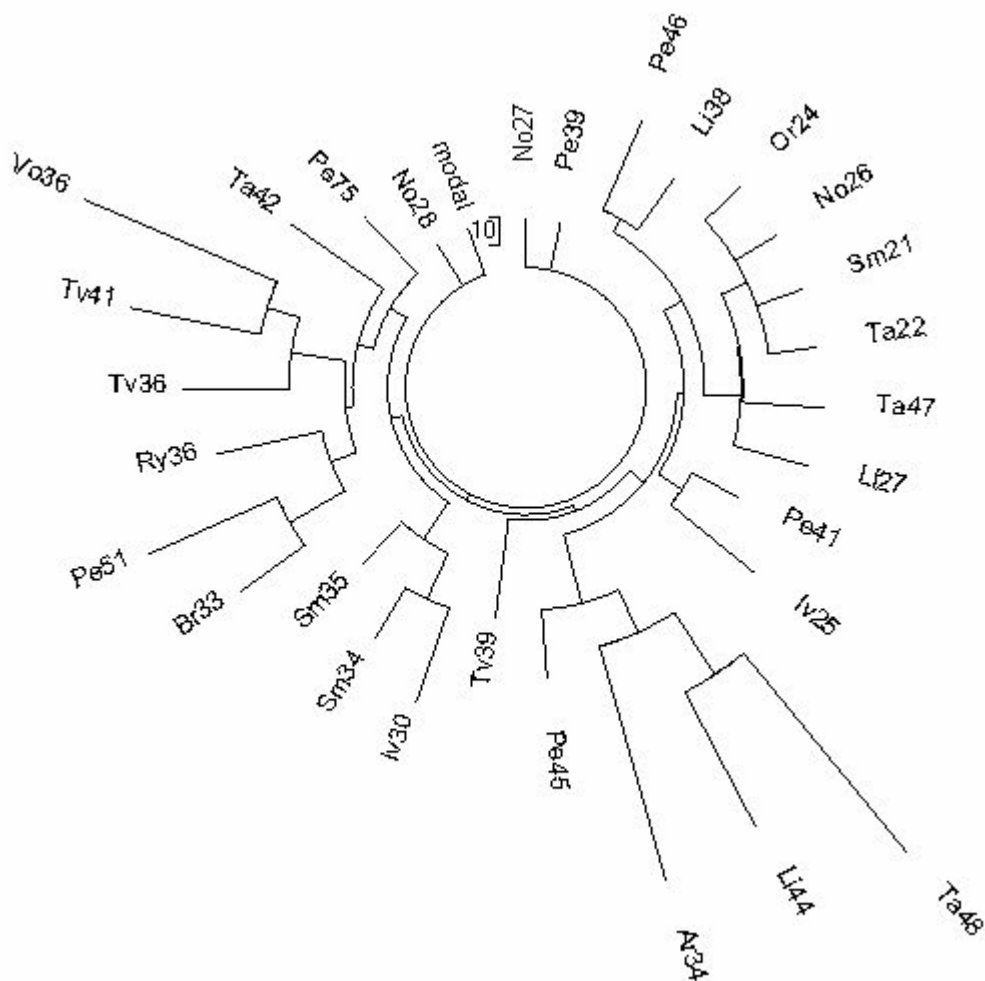


Рис. 8. Дерево восьмой ветви из 29 гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Ветвь девятая

Это – завершающая ветвь на общем дереве гаплотипов группы R1a1 из 257 восточных славян. Она показывает одного общего предка, хотя и расходится по двум более молодым ветвям (рис. 9).

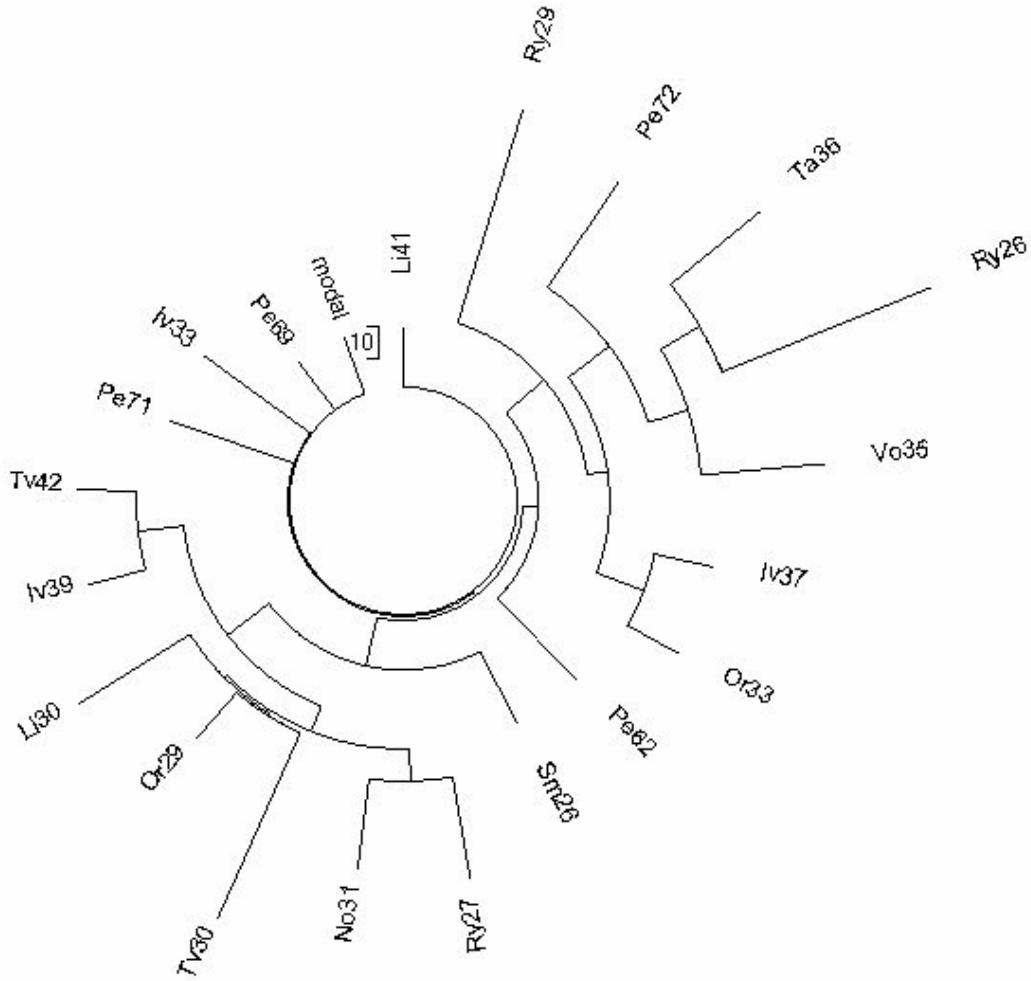


Рис. 9. Дерево девятой ветви из 20 гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Базовый гаплотип ветви следующий:

16-11-15-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-15-15-24-12

Здесь встречается необычная ситуация – из 20 гаплотипов предпоследний маркер имеет аллель 24 в 16 случаях. Остальные четыре аллели имеют значение 23. В целом ветвь относительно молода, и ее общий предок жил 2225 лет назад. На это указывают 55 мутаций во всех 20 гаплотипах.

Общий предок девяти славянских племен

Выше мы отмечали, что если рассматривать все 257 гаплотипов без подразделения их на ветви, то базовый гаплотип для всего дерева (рис. 2) будет следующий:

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-12

Все 257 гаплотипов содержат 1395 мутаций от данного предкового гаплотипа, что соответствует 4750 лет до общего предка. Это близко к величине 4825 лет, полученной при анализе 25-маркерных гаплотипов из совершенно независимой и случайной выборки.

И теперь, после рассмотрения девяти ветвей дерева, после выявления базовых гаплотипов для каждой ветви и определения времени жизни общего предка для каждой ветви, у нас есть все необходимое, чтобы рассчитать время жизни общего предка по базовым гаплотипам его потомков. Это метод принципиально более правильный, так как устраняет неопределенность с представительство разных ветвей на дереве гаплотипов. Ясно, что если на дереве число гаплотипов в ветвях разное, то большие ветви смещают время до общего предка на себя, искажая тем самым результаты. Именно поэтому важно разделять дерево на ветви, каждая из которых имеет одного общего предка, и анализировать ветви отдельно, так, как мы и делали.

Но когда ветвей несколько, встает задача определения времени жизни общего предка для всех ветвей. Для этого мы предлагаем новый метод – определения базового гаплотипа общего предка всех ветвей путем обычной минимизации мутаций, и расчет времени до общего предка используя обычные формулы. Но в этом случае время до общего предка будет отсчитываться от усредненных времен до «промежуточных» предков, носителей базовых гаплотипов ветвей. Поэтому к полученному времени следует добавлять это усредненное время.

Продемонстрируем этот новый подход. Выписываем все девять базовых гаплотипов ветвей, определенные в настоящей работе:

16-11-14-13-30-24-11-11-13-14-11-10-20-15-15-23-12
16-11-14-13-29-25-10-11-13-14-11-11-20-16-17-23-12
15-11-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-16-23-12
16-11-15-13-31-25-11-11-13-14-11-10-20-15-15-23-12
16-11-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-15-23-13
17-10-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-16-23-12
16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-11-20-16-16-23-12
16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-13
16-11-15-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-15-15-24-12

Гаплотип первопредка следующий:

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-12

Все девять базовых гаплотипов имеют суммарно 24 мутации (выделены на матрице гаплотипов выше), что дает 2125 лет в древность от базовых гаплотипов. В этом отличие этого подхода от обычного, при котором в матрице находятся гаплотипы современников. Здесь – уже древние гаплотипы. Усредненный возраст девяти базовых гаплотипов, приведенных выше – 3700, 3200, 3325, 3375, 3525, 2025, 3375, 2300 и 2225 лет, – примерно 3000 лет. Итого получаем, что первопредок жил $2125+3000 = 5125$ лет назад. Эта величина близка к 4825 лет, полученной при изучении 25-маркерных гаплотипов, и 4750 лет, полученной при рассмотрении всех 257 гаплотипов 17-маркерный выборки.

Итак, примерно 5000 ± 200 лет назад жил общий предок славянских носителей R1a1 гаплотипов. От него пошли девять генеалогических линий, базовые гаплотипы которых приведены выше. Все они разные, и каждый мог соответствовать патриарху отдельного славянского племени. Какие у тех племен были названия, и были ли они – мы пока не знаем. Но то, что эти племена реально существовали – это вполне вероятно. Не исключено, что приведенные в начале статьи названия славянских родов могут быть поставлены в соответствие найденным базовым гаплотипам. Пока у нас нет к этому данных, но могут помочь изучения ископаемых гаплотипов, или специальные и направленные популяционные исследования.

Литература

Клёсов, А.А. (2008a) Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, № 5, 947-957.

Клёсов А.А. (2008b). Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Ответ дает ДНК-генеалогия. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 3, стр. 400-477.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. I. Basic Principles and the Method. J. Genet. Geneal. , Vol. 5 (in the press)

Roewer, L., Willuweit, S., Krüger, C., Nagy, M., Rychkov, S., Morozowa, I., Naumova, O., Schneider, Y., Zhukova, O. Stoneking, M., Nasidze, I. (2008) Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high diversities but non-significant genetic distances between populations. Int. J. Legal Medicine, 122(3), 219-23.

Имитационное моделирование особенностей изменения гаплотипного состава и генома популяции в процессе эволюции

Каржавин С.П.

karzhavin@inbox.ru

Резюме

Выявлены основные механизмы изменения (в основном, экспоненциального убывания) количественного состава мужских гаплотипов и перераспределения генофонда в моноэтнических и двухэтнических популяциях.

Проанализировано влияние различных дестабилизирующих факторов, а именно: количественного соотношения межэтнических и внутриэтнических браков, постепенного проникновения в исходную популяцию представителей чуждого этноса, войн, периодических неблагоприятных условий выживаемости.

В качестве метода исследования использовалось статистическое моделирование эволюции популяций начального размера в 2000 особей и на протяжении 100 поколений и более.

Введение

В данной работе с помощью имитационного статистического моделирования анализируются процессы перераспределения мужских гаплотипов (набора маркеров половой Y-хромосомы) и генофонда (набора генов всех 46 соматических хромосом) в ограниченной популяции начального размера в 2000 человек на интервале времени от 100 поколений и более. Размеры исследуемых популяций вполне соответствуют древним племенам, поскольку нас интересует период с

раннего Средневековья и глубже в древность, когда никакой документальной генеалогии заведомо не существовало, поэтому провести соответствующий анализ, используя письменные документы, невозможно. Вместе с тем, отдельные попытки моделирования более многочисленных популяций привели к таким же численным результатам. Единственное отличие – несколько повышенная статистическая достоверность.

Описание модели

Моделируемая популяция на начальной стадии («нулевое» поколение) состоит из равного количества мужчин и женщин. В дальнейшем их число становится неравным, поскольку состав каждого поколения моделируется с помощью датчика случайных чисел, и, несмотря на равную вероятность рождения сыновей и дочерей, конкретное количество родившихся дочерей в каком-либо поколении, несколько отличается от количества сыновей.

В данном исследовании рассматриваются только патриархальные общества, в которых ведущую роль играли мужчины. По этой причине дифференцируются по типам только мужские особи. Выделим следующие три типа:

- основные особи (рядовые члены племени мужского пола);
- доминанты в 1-м поколении (князья, вожди и пр.);
- доминанты во 2-м поколении (мужское потомство доминантов 1-го поколения).

Очевидно, что количество основных (рядовых) особей значительно превышает количество доминантов обеих уровней.

Нас интересуют только особенности количественного изменения в популяции состава геномов (совокупности 46 соматических хромосом) у отдельных особей и особенности распределения мужских гаплотипов (формируемых на основе маркеров половой Y-хромосомы). Поскольку все три группы мужских особей не имеют каких-то особенностей ни в геномах, ни в гаплотипах (все они принадлежат единому племени), следовательно, все три группы мужских особей будем различать только количеством производимого ими потомства. Сразу оговоримся, что это соответствует вариантам моноэтнической популяции. В вариантах

моделирования двухэтнических популяций вышесказанное верно для каждой составляющей популяции отдельно.

Наибольшее количество производимого потомства, естественно, у доминантов 1-го поколения (гистограмма рождаемости на рис.2), затем, у доминантов 2-го поколения (рис.3), и, наконец, значительно меньшая рождаемость у основных особей (рис.1).

Кроме высокой плодовитости доминантов от основных особей отличает и то, что их потомство всегда выживает. Вместе с тем, представители второго поколения после доминантов 2-го типа становятся «обычными» особями.

Основные особи в основном порождают таких же рядовых (основных) особей, но с некоторой малой вероятностью порождают и будущих доминантов. Кроме того, с некоторой вероятностью они не дают потомства вообще (например, погибли до рождения собственных детей).

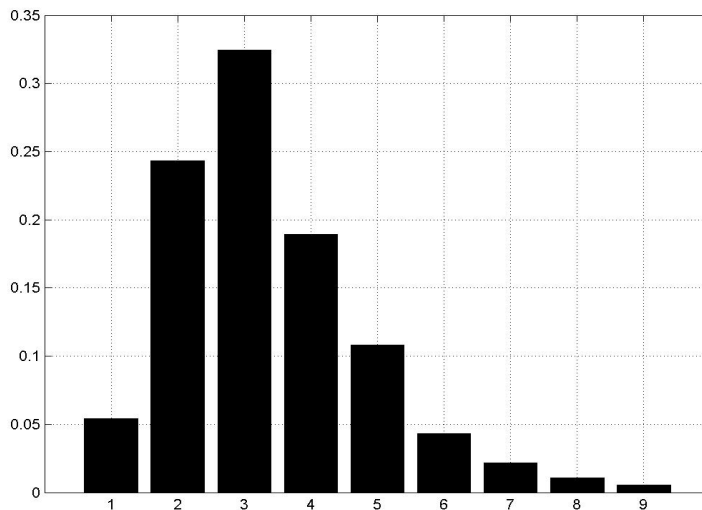


Рис. 1. Вероятностное распределение количества детей (девочек и мальчиков) основных особей (при условии, что конкретная основная особь дает потомство, вероятность этого события в большинстве моделируемых вариантов – 85%).

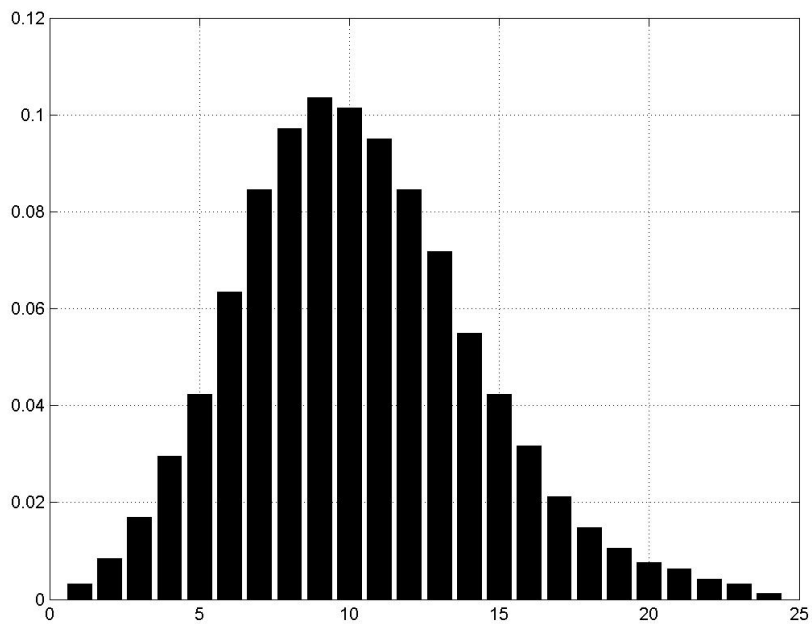


Рис. 2. Вероятностное распределение количества детей (девочек и мальчиков) у доминантов 1-го поколения

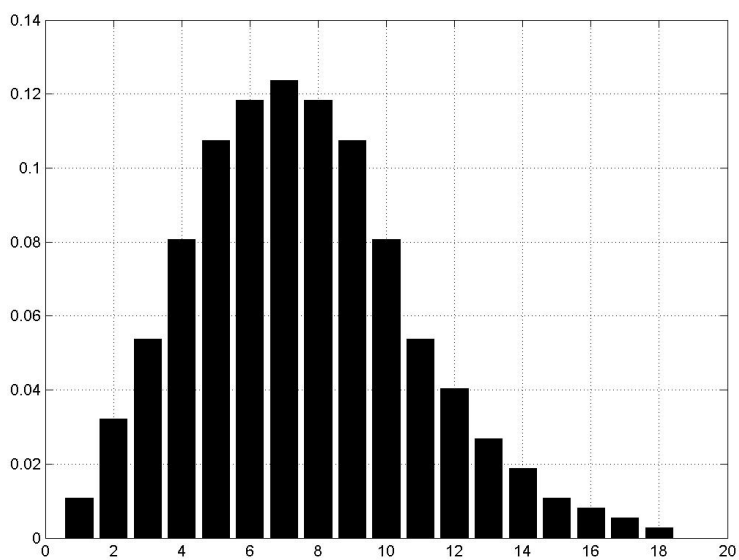


Рис. 3. Вероятностное распределение количества детей (девочек и мальчиков) у доминантов 2-го поколения

Поскольку нас интересует период с раннего Средневековья и глубже в древность, то длительные династии, состоящие из доминантов, не моделируются. Следует заметить, что и в более поздние времена в ряде стран Европы и Азии существовала так называемая лестничная система наследования, которая приводила к тому, что «доминантные» возможности передавались не от отца к сыну, а к более дальним родственникам. Если потребуется смоделировать влияние на геном популяции и состав гаплотипов наличие совокупности длительных династий доминантов различного уровня (цари, князья, бояре, дворяне), то модель легко может быть доработана.

Женские особи в модели выполняют особую роль хранительниц и передатчиц той части генома, которую они унаследовали от своих отцов.

Если моделируется моноэтническая популяция, то гаплотип у каждого начального предка свой собственный. Если моделируется популяция, состоящая из двух и более этносов, то гаплотипы начальных предков каждого этноса одинаковы, т.е., типов гаплотипов в этом случае столько, сколько этносов входит в начальную популяцию (т.е., различие фиксируем только на уровне гаплогрупп, считая при этом для удобства, что каждый этнос имеет собственную гаплогруппу).

Мужские потомки каждого нового поколения получают гаплотипы у своих отцов, причем, считается, что гаплотипы на протяжении жизни популяции не мутируют, чтобы было проще следить за «миграциями» гаплотипов по популяции.

Геномы и мужчин и женщин каждого последующего поколения формируются одинаково и только на основе генофонда предыдущего поколения (из 46 соматических хромосом отца и 46 хромосом матери).

Формирование семейной пары муж-жена осуществляется случайным выбором жены для каждого мужчины из состава данной популяции.

Для каждого родителя из группы основных особей с помощью датчика случайных чисел определяется, имеет ли он потомство вообще (вероятность не иметь потомства в большинстве моделируемых вариантов — 0,15). Для доминантов такого отбора не производится, поскольку от них потомство всегда производится и выживает.

С помощью датчика случайных чисел по гистограммам (рис.1, 2, 3) в соответствии с типом особи (основной или доминант) для каждого родителя формируется конкретное количество детей.

Затем, вне зависимости от статуса (основной или доминант) с помощью датчика случайных чисел (с вероятностью 0,5) по каждому ребенку принимается решение о его поле. Если пол женский, то для данного потомка (дочь) формируется только геном, а если пол мужской, то этому потомку еще приписывается гаплотип отца.

И, наконец, с помощью датчика случайных чисел мужской потомок основного типа может стать доминантом, т.е., с малой вероятностью, но допускаем рождение будущего князя от рядового общинника.

Правила формирования геномов у потомков

Женщины в нулевом поколении (начальные матери) генома не имеют, поскольку в данной задаче рассматриваются только миграции генов (и гаплотипов) отцов. Дочери от начальных матерей и отцов уже имеют «непустые» геномы, состоящие из долей геномов своих отцов.

Под геномом какой-либо особи будем понимать генный набор из совокупности 46 соматических хромосом отца (геном матери не учитывается). Генами в Y- и в X-хромосомах пренебрегаем в силу малого их количества.

Нас будет интересовать не конкретный набор генов, переданный от родителя потомку, а их количество. Для простоты будем считать, что количество генов у каждого начального предка и у любого их потомка в любом поколении одно и то же. В этом случае удобнее в дальнейшем анализировать не абсолютное количество генов отдельных начальных предков в геноме какой-либо особи в популяции, а относительное их количество в процентах.

Если популяция изолированная, то геном какого-либо потомка всегда будет состоять только из различных долей геномов начальных предков, поскольку новым геномам просто неоткуда взяться.

Геном потомка равными долями складывается из генома отца и генома матери. Равные доли применяются по той причине, что при нескольких десятках тысяч генов, из которых состоит весь набор 46-ти соматических хромосом, случайное «выхватывание» их от отца и матери хоть и подчиняется биномиальному закону распределения, но дисперсия его по отношению к матожиданию становится очень малой, и поэтому можно считать, что количество генов, получаемое ребенком от отца и матери, одинаковое.

От поколения к поколению гены начальных предков разными долями дублируются в геномах разных потомков. Чтобы детально проследить за этим процессом, геном каждого потомка (неважно, мужчина это или женщина) представим в виде совокупности чисел, количество которых равно количеству начальных предков-мужчин, а каждое число в совокупности соответствует доле генома соответствующего начального предка, который «поучаствовал» в формировании генома данного потомка. То есть, под геномом каждой особи будем понимать на самом деле *числовой образ генома*, представляющий собой совокупность долей исходных геномов начальных предков.

Совокупность числовых образов геномов всех мужчин (или всех женщин) какого-либо поколения удобно представить в виде матрицы, количество столбцов которой - это количество мужчин (или женщин) в популяции для данного текущего поколения, а количество строк всегда равно количеству исходных начальных предков-мужчин.

Рассмотрим подробно механизм формирования матрицы геномов. Начнем с исходных матриц, составленных из геномов начальных мужчин и женщин. Для простоты считаем геномы каждого начального предка уникальными на 100%, т.е., полагаем, что популяция не имеет никакой предыстории, а все ее члены не имеют никаких взаимных родственных связей. Для определенности возьмем размер популяции в 1000 начальных мужчин и 1000 начальных женщин.

Матрица числовых образов геномов для начальных предков (мужчин) имеет следующий вид:

Таблица 1. Матрица числовых образов геномов для начальных предков

	1	2	3	4	1000
1	100	0	0	0	0
2	0	100	0	0	0
3	0	0	100	0	0
.						
.					
.						
1000	0	0	0	0	100

Особенность начальной матрицы заключается в том, что и предок и потомок — одно и то же лицо, иными словами, начальные предки — это потомки, не имеющие предков. Как уже говорилось, цифрами в верхней горизонтальной строке таблицы 1 даны порядковые номера потомков-начальных предков, а в левом вертикальном столбце даны их же порядковые номера как начальных предков.

Рассмотрим, например, геном 1-го начального предка (1-й столбец матрицы). Как видим, он состоит из единственного ненулевого (1-го) элемента, значение которого равно 100%. Это означает, что геном 1-го предка на 100% его собственный и никаких долей геномов иных предков в нем не содержится. Аналогичная картина имеет место, например, и для 3-го предка: все кроме третьего элемента столбца — нулевые, а третий элемент равен 100%.

Для начальных матерей формируется точно такая же матрица, но все ее значения нулевые, поскольку пока не содержат никаких частей геномов начальных предков (т.е., нас интересует только перенос женщинами мужских генов):

Таблица 2. Матрица числовых образов геномов для начальных матерей

	1	2	3	4	1000
1	0	0	0	0	0
2	0	0	0	0	0
3	0	0	0	0	0
.						
.					
.						
1000	0	0	0	0	0

Рассмотрим теперь матрицу геномов следующего поколения (сыновья начальных предков) на конкретном примере. Возьмем 11 начальных предков и положим, что:

- 1-й начальный предок имеет 2 сына и 1 дочь,
- 2-й предок — 3 сына и ни одной дочери,
- 3-й предок — нет детей,
- 4-й предок — 1 сын и 2 дочери,
- 5-й предок — нет детей,
- 6-й предок — 2 сына и 3 дочери.
- 7-й предок — 1 сына и 1 дочь.
- 8-й предок — 4 сына и 2 дочери.
- 9-й предок — нет детей.
- 10-й предок — 1 дочь.
- 11-й предок — 1 сына и нет дочерей.

Всего в первом поколении от 11 предков родилось 14 сыновей и 10 дочерей, и, таким образом, мужская составляющая популяции увеличилась с 11 до 14 человек. Соответствующий фрагмент матрицы геномов сыновей примет следующий вид (заметим, что порядковые номера сыновей уже напрямую не связаны с порядковыми номерами их отцов, а их геномы «укладываются» столбцами в матрицу в следующем порядке: сначала все сыновья 1-го предка, затем сыновья 2-го предка, затем 3-го предка и т.д.):

Таблица 3. Матрица числовых образов геномов для 14-ти сыновей от 11-ти начальных предков

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	50	50	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0	0	50	50	50	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	0	0	0	0	0	50	0	0	0	0	0	0	0	0
5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0	0	50	50	0	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0	50	0	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	50	50	50	50	0
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	50

Итак, сыновья с номерами 1 и 2 — потомки 1-го предка, сыновья 3,4,5 — потомки 2-го предка, сын 6 — потомок 4-го предка, сыновья 7,8 — потомки 6-го предка, сын 9 — потомок 7-го предка, сыновья 10,11,12,13 — потомки 8-го предка, и, наконец, сын 14 — потомок 11-го предка.

Доля геномов предков в геномах сыновей стала 50%, поскольку недостающие 50% должны были быть получены у матери, но пока геномы матерей пустые (напомним, что имеются в виду численные образы геномов).

Соответственно, матрица дочерей начальных предков имеет следующий вид:

Таблица 4. Матрица числовых образов геномов для 10-ти дочерей от 11-ти начальных предков (числа указывают доли мужских геномов отцов)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	50	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	0	50	50	0	0	0	0	0	0	0
5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0	0	0	50	50	50	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	50	0	0	0
8	0	0	0	0	0	0	0	50	50	0
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	50
11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Обратим внимание, что, например, числовой образ генома 1-го сына (1-й столбец таблицы 3) и числовой образ генома 1-й дочери (1-й столбец таблицы 4) совпадают. Здесь важно подчеркнуть, что совпадение геномов сына и дочери *только численное*, т.е., в общем числе мужских генов начального предка, полученных, от отца и матери, а не в конкретном их наборе, формирующем индивидуальный облик человека.

В качестве более сложного примера рассмотрим матрицу из 14-ти внуков начальных предков (внучек не рассматриваем). Пусть в процессе моделирования были сформированы следующие браки:

- 1-й сын и 2-я дочь (1-й столбец табл.3, 2-й столбец табл.4), родили 3 сына;
- 2-й сын и 4-я дочь (2-й столб. табл.3, 4-й столб. табл.4), родили 1 сына;
- 3-й сын и 5-я дочь (3-й столб. табл.3, 5-й столб. табл.4), нет сыновей;
- 4-й сын и 1-я дочь (4-й столб. табл.3, 1-й столб. табл.4), родили 3 сына;
- 5-й сын и 3-я дочь (5-й столб. табл.3, 3-й столб. табл.4), нет сыновей;
- 6-й сын и 7-я дочь (6-й столб. табл.3, 7-й столб. табл.4), родили 2 сына;
- 7-й сын и 6-я дочь (7-й столб. табл.3, 6-й столб. табл.4), родили 4 сына;
- 8-й сын и 8-я дочь (8-й столб. табл.3, 8-й столб. табл.4), родили 2 сына.

Таблица 5. Матрица числовых образов геномов для 14-и внуков от 8-и сыновей начальных предков

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	25	25	25	25	25	25	25	0	0	0	0	0	0	0
2	0	0	0	0	25	25	25	0	0	0	0	0	0	0
3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	25	25	25	0	0	0	0	25	25	0	0	0	0	0
5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0	0	0	25	0	0	0	0	0	50	50	50	50	25
7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0	0	0	25	25	0	0	0	0	25

Обратим внимание, как быстро размножились, например, геномы от 1-го начального предка (в семи внуках) и от 6-го начального предка (в шести внуках), образовав в матрице длинные горизонтальные полосы.

Также следует особое внимание обратить на четырех внуков с 10-го по 13-го. Они родились от брака родных брата (7-й сын в таблице 3) и сестры (6-я дочь в таблице 4), которые, в свою очередь, родились от 6-го начального предка. Именно по этой причине по 25% одного и того же генома 6-го начального предка в сумме опять дали 50% (такой вариант брака сделан специально, чтобы пояснить некоторые особенности формирования матрицы геномов).

Особенность алгоритма моделирования такова, что хоть и очень редко, но допускаются браки между родными братьями и сестрами. Поскольку в реальности такие браки у большинства народов Европы и Азии были под запретом, даже старались избегать браков в пределах одного селения, то реальные скорости перемешивания геномов в популяции должны быть, пусть и незначительно, но выше, чем полученные в процессе данных исследований.

Для больших размеров популяций исследовать матрицы геномов в виде числовых таблиц становится затруднительным, поэтому для качественного анализа имеет смысл визуализировать их в виде прямоугольного изображения, количество пикселей которого по вертикали соответствует количеству начальных предков, а количество

пикселей по горизонтали соответствует количеству мужских или женских особей в данной популяции. Градации серого цвета в пикселях изображения отражают процентное содержание генома начального предка (координата данного пикселя по вертикали) в геноме соответствующей мужской особи в данном поколении (координата пикселя по горизонтали). Вид начальной матрицы геномов (матрицы для начальных предков типа таблицы 1) представлен на рис.2.2.1а, а укрупнено для первых 80-ти начальных предков – на рис.2.2.1б. На следующих рисунках главы 2 проиллюстрирована эволюция матрицы геномов на различных поколениях.

От поколения к поколению в очередной матрице нули каждой горизонтальной полосы постепенно заполняются определенными значениями процентов геномов начальных предков. Детально проиллюстрирован этот процесс для некоторых поколений в параграфе 2.2.

Глава 1. Эволюция изолированной популяции, первоначально состоящей из двух этносов

Рассмотрим исходную популяцию, мужчины (начальные предки) которой делятся на две группы (например, соответствующих двум различным этносам), в каждой из которых все мужчины имеют одинаковый для этой части популяции гаплотип. Таким образом, у наугад взятого из популяции индивида может быть только один из двух гаплотипов.

Геном каждого начального предка состоит из уникального набора генов, сформированного путем случайного или иного выбора (неважно, каким именно образом) из некоего абстрактного более широкого набора генов, принадлежащего соответствующему этносу. Индивидуальные различия наборов генов у особей одного и того же этноса нас пока интересовать не будут. Геномы какой-либо пары индивидов считаются одинаковыми (точнее, неразличимыми), если наборы генов у каждого из них принадлежат одному и тому же этносу.

Таким образом, все мужчины одного этноса являются близнецами и неразличимыми в данной задаче.

Аналогично женщины в начальном поколении (начальные матери) также принадлежат в той же пропорции, как и начальные мужчины к одному из двух этносов.

В процессе межэтнических браков геномы детей будут состоять уже из двух наборов генов, принадлежащих как первому исходному этносу, так и второму. Нам в процессе исследования будет интересовать в геномах особей каждого поколения только изменение долей генов от 1-го и 2-го этносов в процессе эволюции, а не конкретный набор этих генов, определяющий в конечном итоге индивидуальный облик человека.

Матрица геномов начальных предков для рассматриваемого случая имеет уже не диагональный вид, как в таблице 1 во Введении, а содержит только две ненулевые строки, поскольку типов геномов всего два. Таким образом диагональные элементы матрицы разделились пополам и «легли» горизонтально в первых двух строках:

Таблица 1.1. Матрица геномов начальных предков в двухэтнической популяции (по 500 мужчин в каждой)

		1	2	3	4	...	500	501	502	503	...	1000

1		100	100	100	100	...	100	0	0	0	...	0
2		0	0	0	0	100	100	100	...	100	
3		0	0	0	0	0	0	0	...	0	
.											
1000		0	0	0	0	0	0	0	...	0	

Матрицы геномов с течением времени будут содержать более разнообразные значения, например, такие (но все равно заполнены будут только две верхние строки):

Таблица 1.2. Пример матрицы геномов на каком-либо поколении

		1	2	3	4	5...	1230

1		25	18	7	49	17...	12
2		25	32	43	1	33...	38
3		0	0	0	0	0....	0
.						
1000		0	0	0	0	0....	0

Естественной особенностью матрицы геномов, представленной в табл.1.1, является то, что сумма значений по вертикали всегда составляет 50%, т.е., равна доле отцовских генов, неважно, от какого этноса они сформировались ранее.

1.1. Равные доли двух этносов в исходной популяции

Рассмотрим сначала исходную популяцию, состоящую из двух равных групп, принадлежащих условно первому и второму этносам. Каждая группа, в свою очередь, состоит из равного количества женщин и мужчин, принадлежащих одному и тому же этносу.

Для простоты мужчины-доминанты (т.е., обладающие аномально высокой рождаемостью детей) не моделируются, и отсутствуют периодические неблагоприятные в смысле выживания популяции периоды времени.

Матрица геномов начальных предков соответствует таблице 1.1., а матрицы геномов для какого-либо поколения имеют примерно такой же вид, как в таблице 1.2.

Пусть имеет место случай неограниченных культурными условностями (в частности, этническими запретами) браков мужчин и женщин обеих этносов, т.е., с вероятностью 0,5 мужчина, скажем, с геномом 1-го типа может жениться на женщине, несущей в себе мужскую часть генома 2-го типа и с такой же вероятностью 0,5 – на женщине, несущей в себе мужскую часть генома 1-го типа. То есть, предполагаем полную дружбу и равноправие этносов, неограниченное никакими запретами. Для

уменьшения влияния несущественных факторов на общую картину параметры модели, отвечающие за изменение численности популяции в процессе смены поколений, были заданы таким образом, чтобы имел место баланс между численностью популяции и ресурсными возможностями вмещающего ландшафта, т.е., размер популяции примерно сохраняется с течением времени (начальная численность популяции – 1000 мужских особей, а конечная численность на 100-м поколении - 1240).

На рис.1.1.1 – 1.1.4 приведены результаты перемешивания исходных геномов начальных предков, полученные к 5-му, 10-му, 25-му и 100-му поколениям (для удобства графического анализа даны результаты только для 100 мужчин, поскольку аналогичная картина наблюдается для популяции в целом). По горизонтали отложены условные номера мужчин в популяции, а по вертикали – процентное содержание исходных (начальных предков) геномов 1-го (сплошная линия) и 2-го (пунктирная линия) типов. Для каждого индивида сумма значений пунктирной и сплошной кривых всегда равна 50%, что и понятно, поскольку учитываем только мужскую составляющую генома.

Следует подчеркнуть, что, например, на 20-м поколении доля генома 1-го типа у какого-либо индивида, равная, например, величине 35%, складывается от многих начальных предков, имеющих геном 1-го типа, в результате взаимных перекрещиваний.

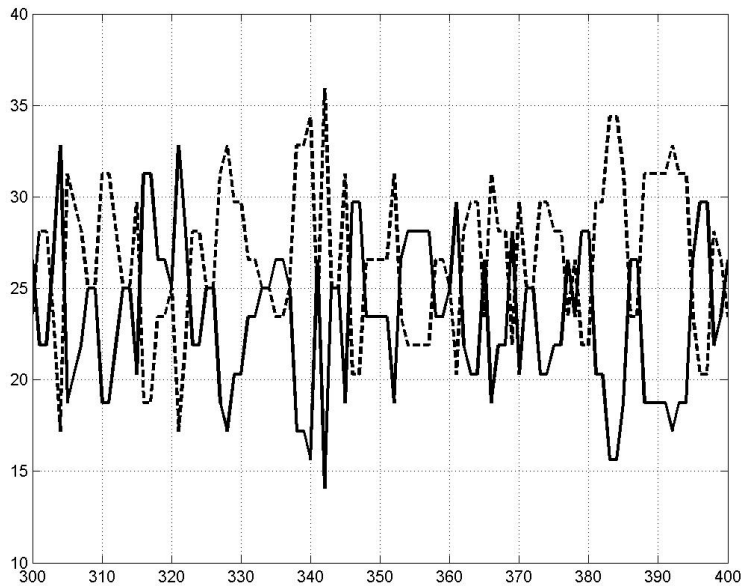


Рис.1.1.1. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 5-м поколении. Напоминаем, что здесь графически изображены только две верхние (ненулевые) строки матрицы геномов.

Как следует из рис.1.1.1, примерно через сто лет (5 поколений – по 20 лет на поколение) уже имеет место хорошее перемешивание геномов, поскольку полное (идеальное) перемешивание соответствует случаю в 25% по каждой из обеих составляющих (сумма обеих составляющих по каждому индивиду естественно должна дать 50%), а в данном случае обе кривые лежат в пределах от 18% до 32% от с редкими выбросами за эти пороги. Уровни этих порогов составляют четверть «вверх» и «вниз» от среднего значения в 25%.

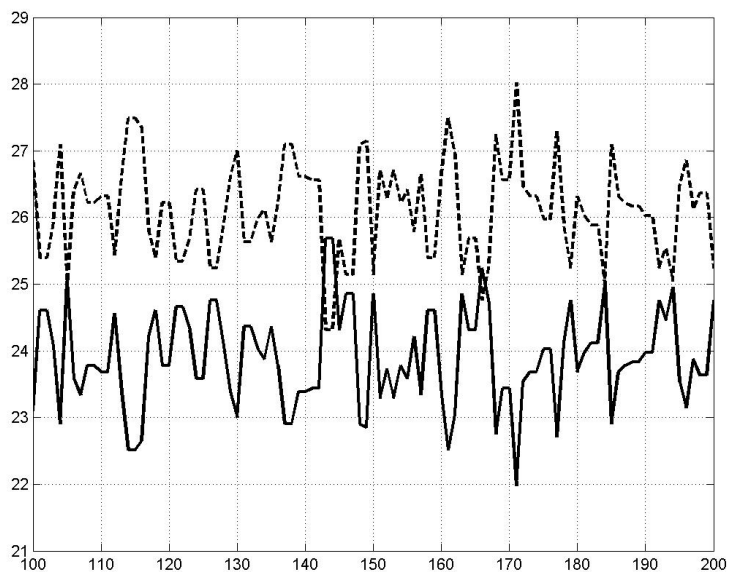


Рис.1.1.2. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 100-го по 200-го мужчину) на 10-м поколении

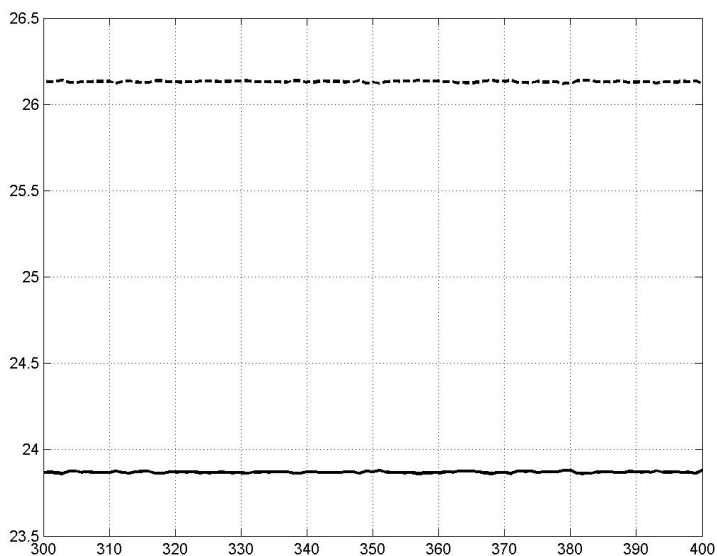


Рис.1.1.3. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении

Следует обратить особое внимание в рис.1.1.3 на очень высокую степень одинаковости долей обоих исходных геномов в геномах потомков, которые уже генетически не различаются. Популяция превратилась в этнически однородную, и фактически возник новый этнос на базе двух исходных этносов.

Поскольку разыгрывается случайный процесс, то очевидно, что, запуская процесс моделирования несколько раз, должны получить различные результаты. Ниже в таблице 1.3 приведены гистограммы встречаемости гаплотипов обоих видов в конечной популяции для двух циклов моделирования (или реализаций):

Таблица 1.3

1-я реализация (1-й цикл моделирования):

Гистограмма: Общее количество оставшихся гаплотипов в последнем поколении: 2

№1 66.3% №2 33.7%

2-я реализация (2-й цикл моделирования):

Гистограмма: Общее количество оставшихся гаплотипов в последнем поколении: 2

№1 38.4% №2 61.6%

Как видно из Таблицы 1.3, соотношение долей обоих гаплотипов (№1 и №2) в конечной популяции может сильно отличаться от реализации к реализации, т.е., имеет неустойчивый характер. Напротив, процентное соотношение геномов начальных предков у финальных потомков обладает очень высокой стабильностью (графики, представленные, например, на рис.1.1.3 практически не будут меняться от реализации к реализации).

1.2. Неравные доли «чистых» и межэтнических браков

Рассмотрим теперь случаи неравного количества «чистых» и межэтнических браков в популяции, состоящей вначале из равного количества представителей двух этносов, как и в случае, рассмотренном в п.1.1.

1.2.1. Соотношение «чистых» и межэтнических браков 1,5:1

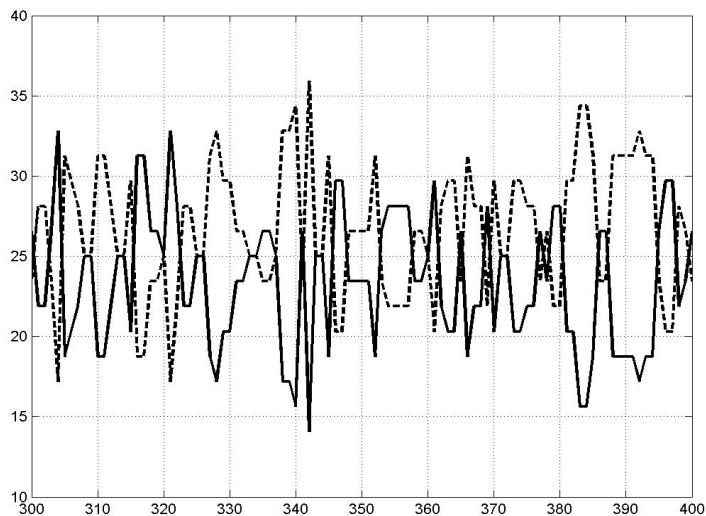


Рис.1.2.1. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1,5:1 соответственно

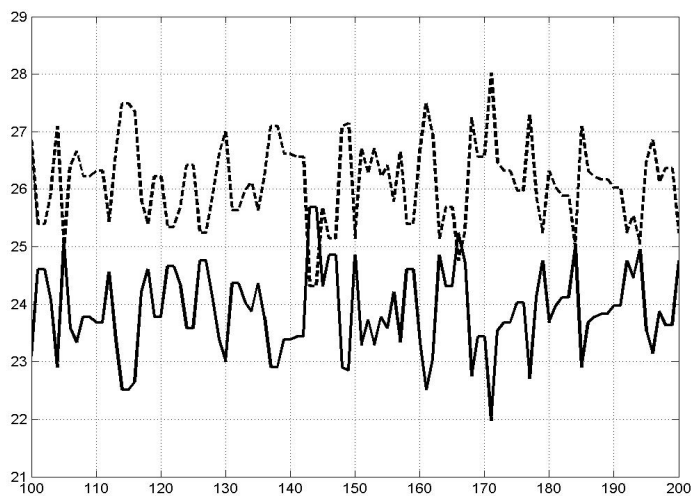


Рис.1.2.2. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 100-го по 200-го мужчину) на 10-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1,5:1 соответственно

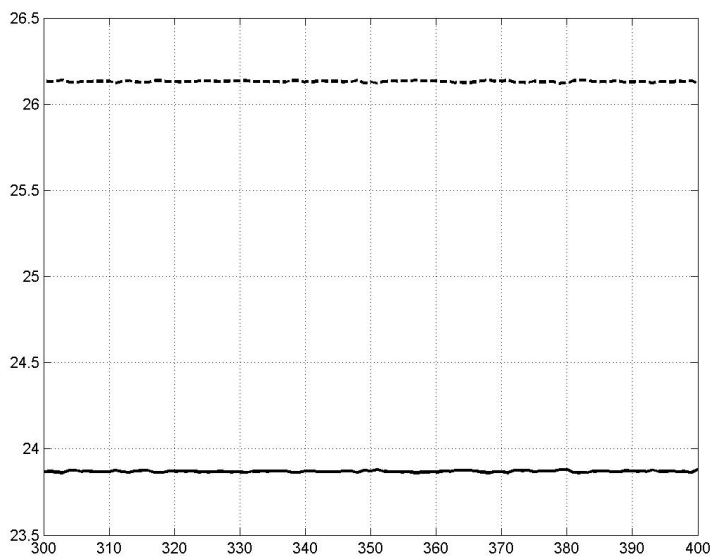


Рис.1.2.3. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1,5:1 соответственно.

Из рис.1.2.3 следует, что все потомки стали этнически однородными, а доли исходных этносов в геноме нового этноса примерно равны, несмотря на то, что соотношение «чистых» и межэтнических браков 1,5:1 (на три «чистых» в этническом отношении брака приходится два межэтнических), т.е. определенные запреты на межэтнические браки несколько замедлили процесс перемешивания, но конечный результат такой же, как и в предыдущем случае (см. рис. 1.2.1).

1.2.2. Соотношение «чистых» и межэтнических браков 3:1

Усилим запреты на межэтнические браки, приведя их долю к одной четверти, т.е., к соотношению 3:1.

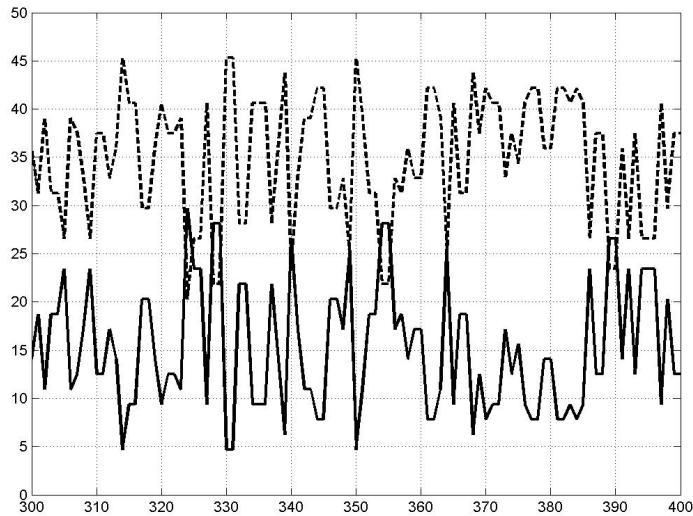


Рис.1.2.4. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 3:1 соответственно

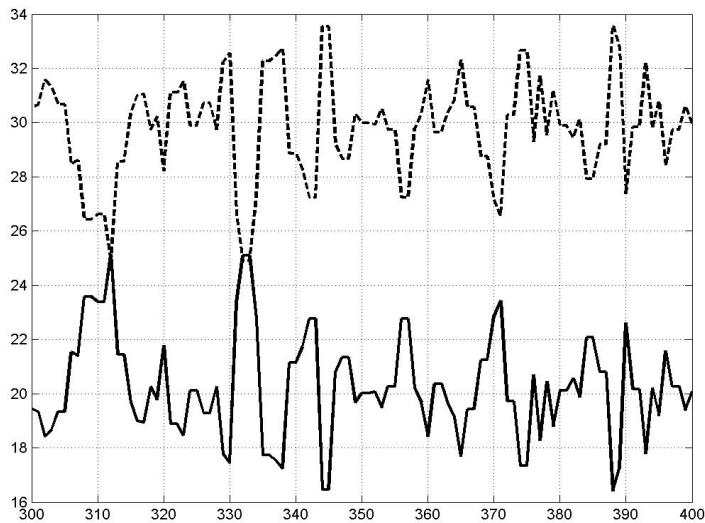


Рис.1.2.5. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 10-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 3:1 соответственно

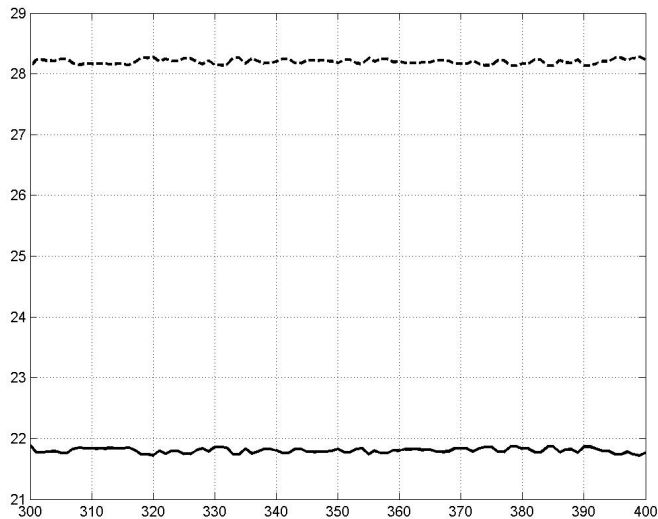


Рис.1.2.6. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 3:1 соответственно

1.2.3. Соотношение «чистых» и межэтнических браков 7:1

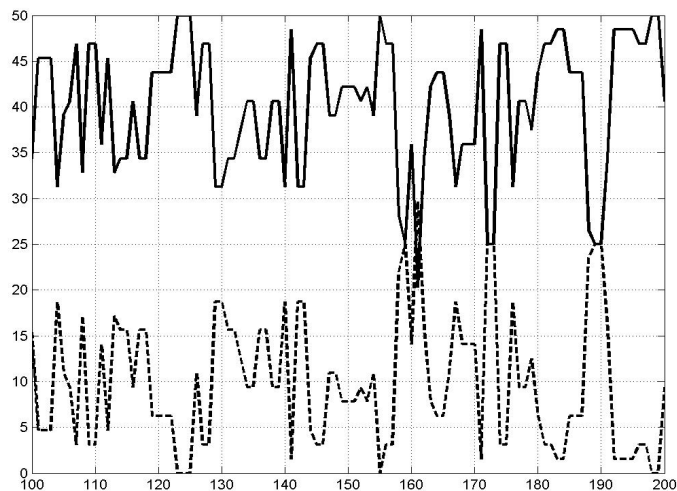


Рис.1.2.7. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 100-го по 200-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1 соответственно

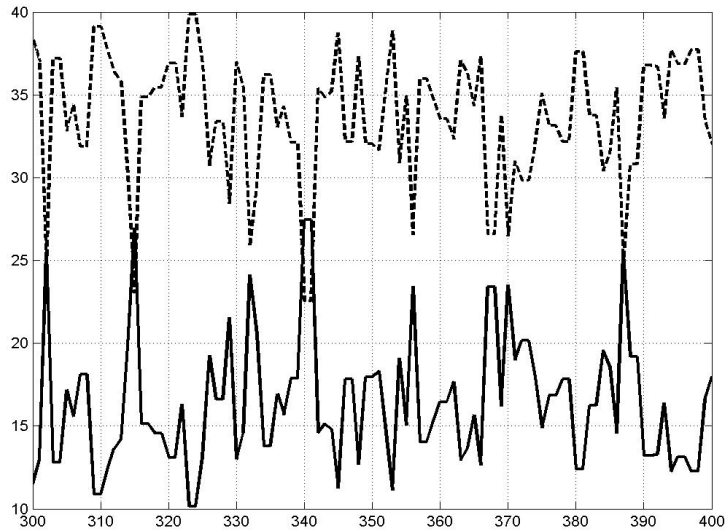


Рис.1.2.8. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 10-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1 соответственно

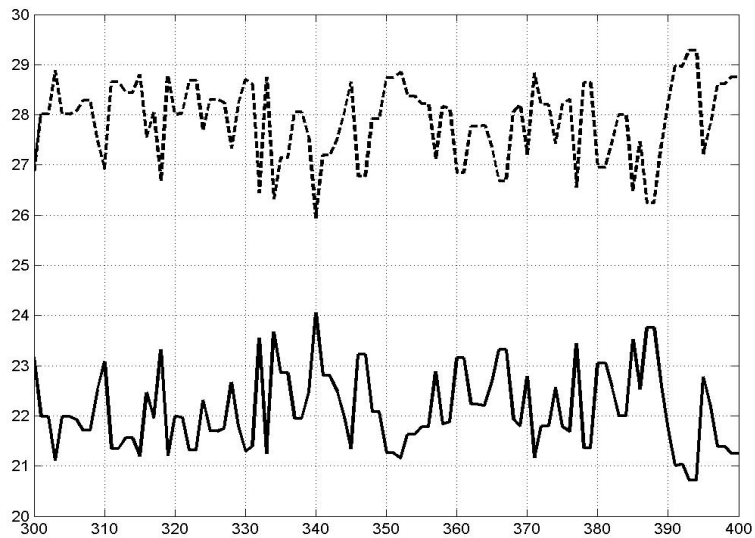


Рис.1.2.9. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1 соответственно

1.2.4. Сравнение итоговых распределений геномов при различных соотношениях «чистых» и межэтнических браков

Перегруппируем графики, рассмотренные в предыдущем параграфе таким образом, чтобы проанализировать итоговое распределение геномов отдельных особей в популяции на трех поколениях – 5-м, 10-м и 25-м, но при условии различной доли межэтнических браков.

На каждом поколении рассмотрим следующие соотношения «чистых» и межэтнических браков: 1:1 (нет предпочтения никакому типу браков, т.е., случай максимального перемешивания), 2:1, 3:1, и, наконец, 7:1 (случай наиболее высоких запретов на межэтнические браки, приводящих к тому, что только один из восьми браков межэтнический).

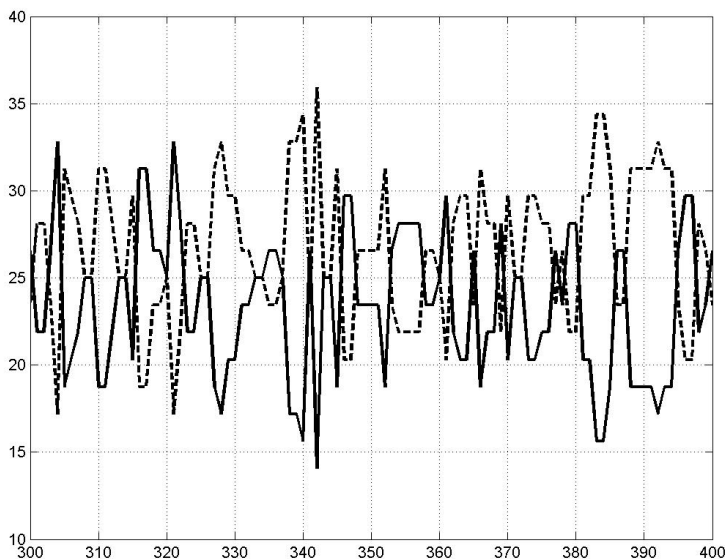


Рис.1.2.10. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1:1

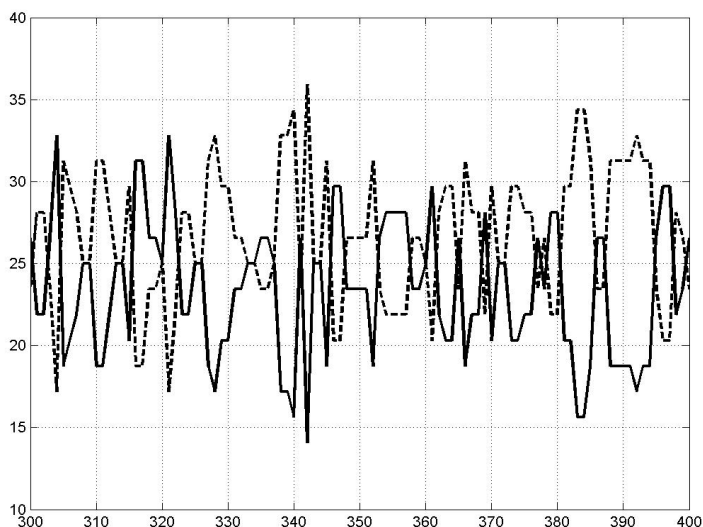


Рис.1.2.11. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1,5:1

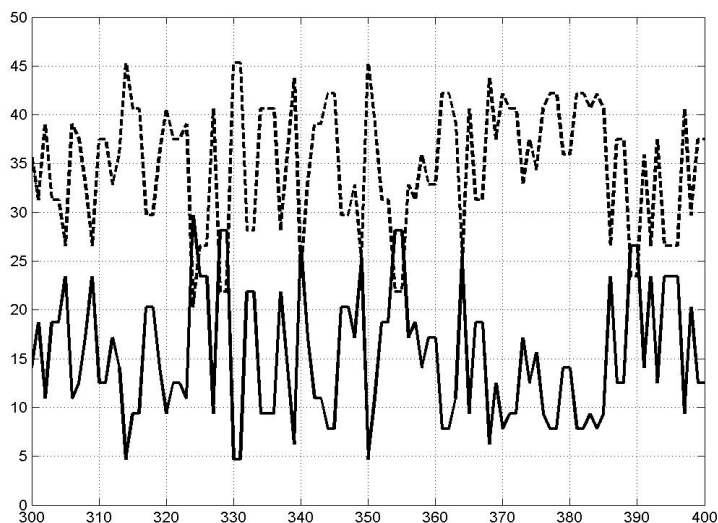


Рис.1.2.12. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 3:1

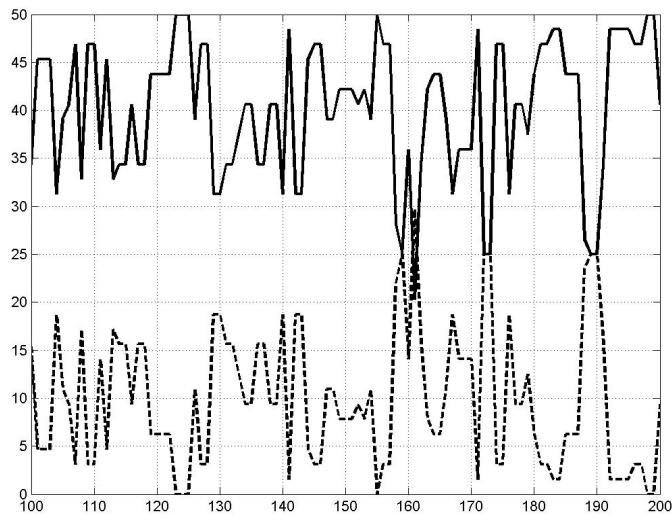


Рис.1.2.13. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1

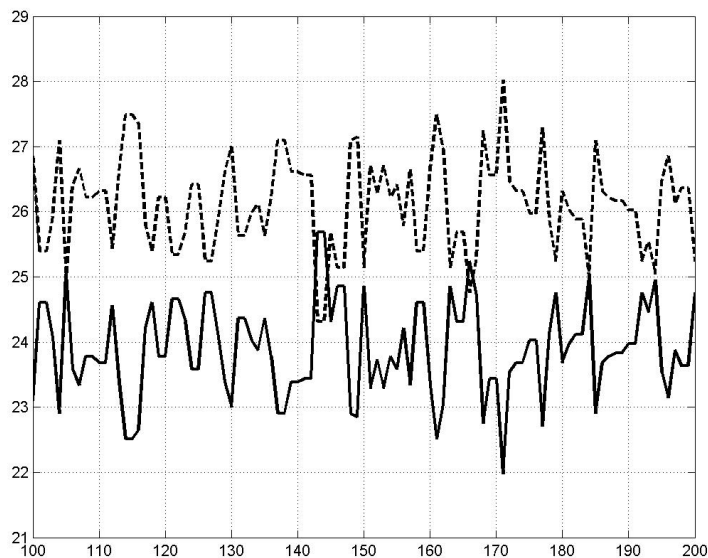


Рис.1.2.14. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 10-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1:1

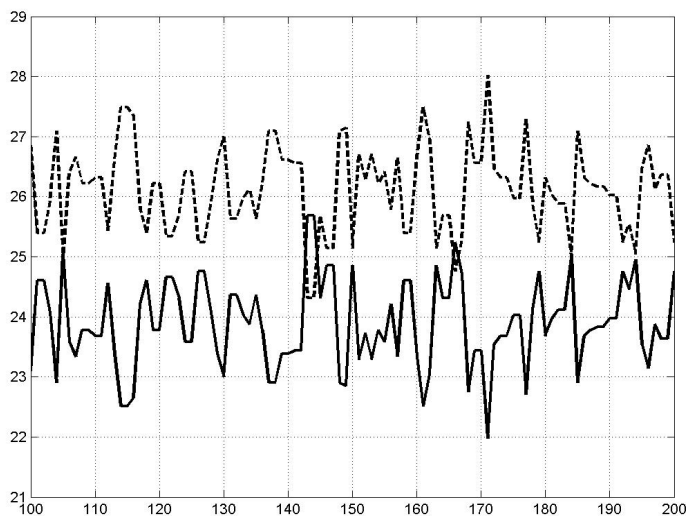


Рис.1.2.15. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го) на 10-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1,5:1

Вариант, представленный на рис.1.1.19, близок (хотя и несколько хуже) к варианту соотношения «чистых» (моноэтнических) и межэтнических браков 1:1 соответственно

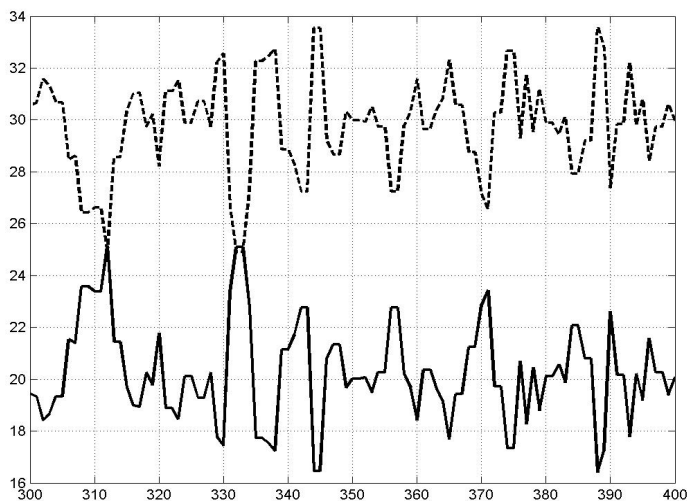


Рис.1.2.16. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 10-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 3:1

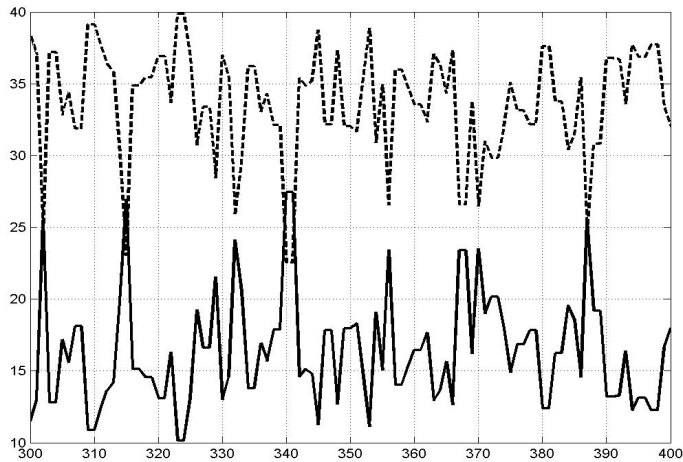


Рис.1.2.17. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 10-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1 соответственно.

Вариант, представленный на рис.1.2.17, соответствует варианту соотношении «чистых» и межэтнических браков 1:1 соответственно, но на 5-м поколении, а не на десятом, как для рассмотренного случая, т.е., имеет замедление темпа перемешивания примерно вдвое.

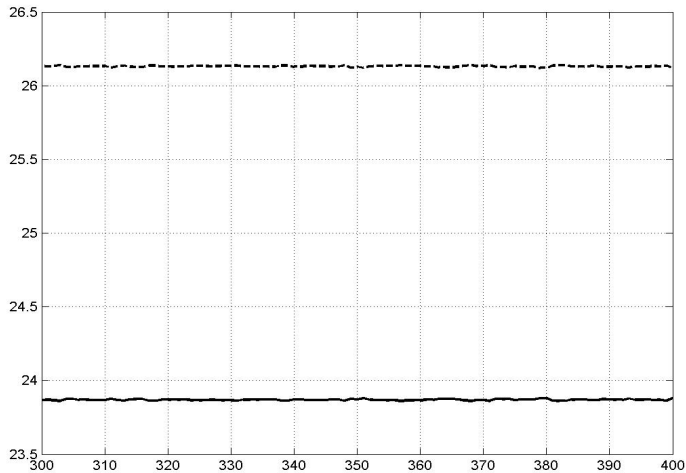


Рис.1.2.18. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1:1

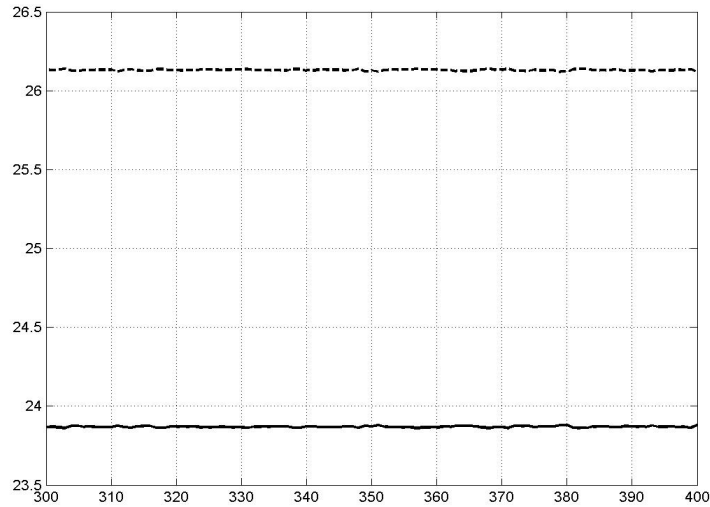


Рис.1.2.19. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1,5:1

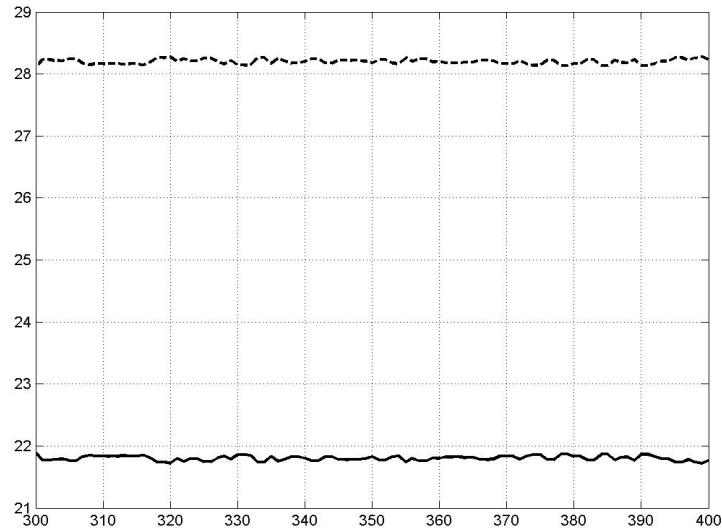


Рис.1.2.20. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и меж браков 3:1 соответственно

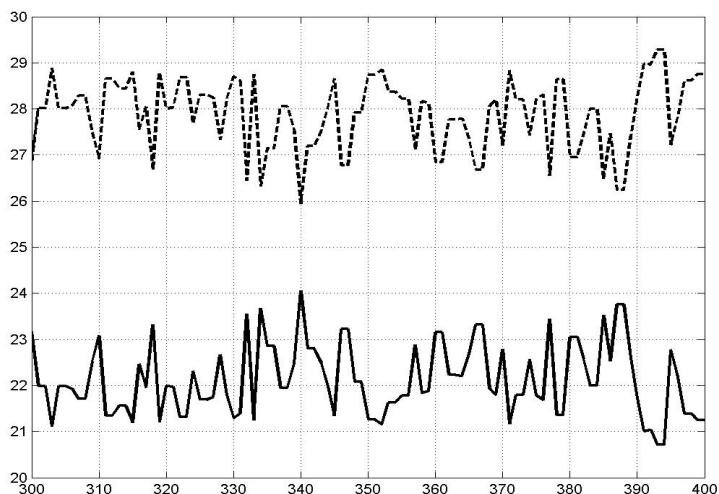


Рис.1.2.21. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1 соответственно

С уменьшением количества межэтнических браков к 25-му поколению несколько уменьшается степень однородности геномов.

1.3. Неравные доли двух этносов в исходной популяции

Пусть теперь популяция начальных предков состоит из неодинакового количества представителей обоих этносов. Для определенности зададим 33,3% популяции, принадлежащей условно 1-му этносу (мужчины имеют один и тот же гаплотип с условным номером 1), а остальные 66,6% - принадлежащей 2-му этносу (у всех мужчин гаплотип с номером 2). Для простоты в популяции отсутствуют доминантные мужчины с аномально высокой рождаемостью потомства и не происходит периодического «сжатия» популяции за счет неблагоприятных годов (войны, климатические катаклизмы, эпидемии).

Как и ранее в п.1.1, для уменьшения влияния несущественных факторов на общую картину, параметры модели, отвечающие за изменение численности популяции в процессе смены поколений, были заданы таким образом, чтобы имел место баланс между численностью популяции и ресурсными возможностями вмещающего ландшафта, т.е., размер популяции слабо увеличивается с течением времени (начальная

численность популяции — 600 мужских особей, а конечная численность на 200-м поколении — 1200, причем, женская составляющая популяции примерно такого же объема). Матрица геномов начального поколения имеет следующий вид:

Таблица 1.4. Матрица геномов начальных предков в двухэтнической популяции

	1	2	3	4	...	200	201	202	203	...	600
1	100	100	100	100	...	100	0	0	0	...	0
2	0	0	0	0	100	100	100	...	100	
3	0	0	0	0	0	0	0	...	0	
...										
600	0	0	0	0	0	0	0	...	0	

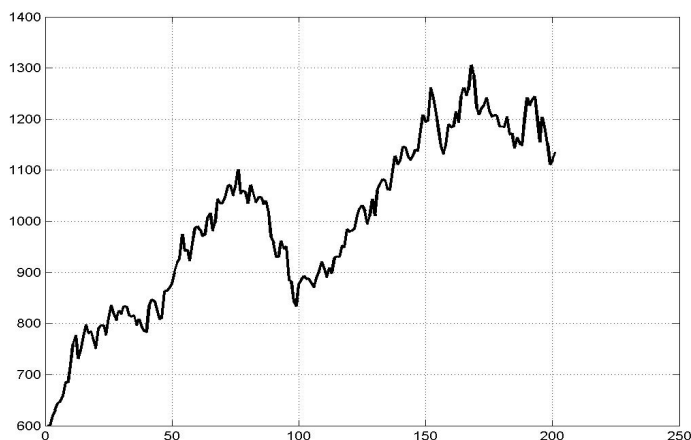


Рис.1.3.1. Рост популяции за 250 поколений, состоящей из двух этносов

Вначале разрешим совершаться межэтническим бракам наравне с «чистыми» (моноэтническими) браками. Как мы помним, это влечет за собой наибольшую скорость перемешивания генома.

Через 5 поколений доли генома 1-го и 2-го типов у ряда мужских (и женских) особей в популяции распределятся следующим образом (напомним, что сумма долей генома для каждой особи составляет 50%, поскольку женская часть генома не учитывается):

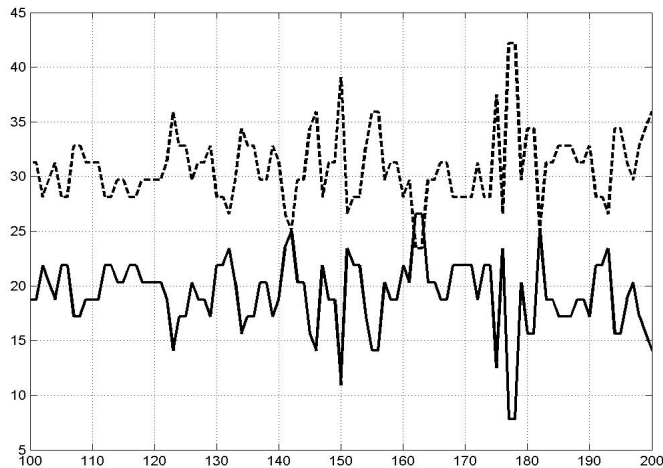


Рис.1.3.2. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 100-го по 200-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1:1 соответственно (напомним, что в начале было соотношение 33,3% и 66,6%)

Через 10 поколений картина станет менее хаотичной (выравнивание долей 1-го и 2-го геномов начальных предков в составе геномов потомков усилилось):

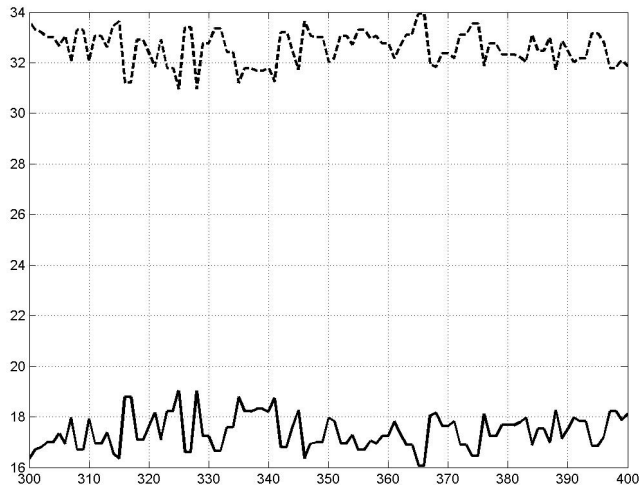


Рис.1.3.3. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 10-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1:1 соответственно (в начале 33,3% 66,6%)

Как видим на рис.1.3.3, соотношение 1:2 сохраняется (сплошная кривая в пределах от 16% до 18% (т.е., 32% до 36%, если считать как долю только мужской части генома), а пунктирная кривая – в пределах 32-33% (т.е., в пределах от 34 до 66%).

И, наконец, через 25 поколений (примерно 500 лет), перемешивание достигло максимума и доли 1-го и 2-го геномов начальных предков от особи к особи практически неизменны:

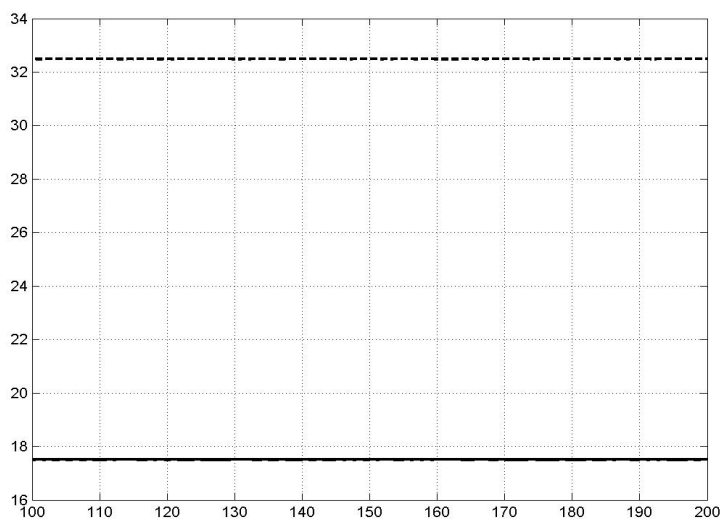


Рис.1.3.4. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 1100-го по 200-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 1:1 соответственно (в начале соотношение 33,3% 66,6%)

Запрет на массовые межэтнические браки несколько тормозит процесс перемешивания, но общая картина не изменяется. Ниже даны два графика, иллюстрирующие это:

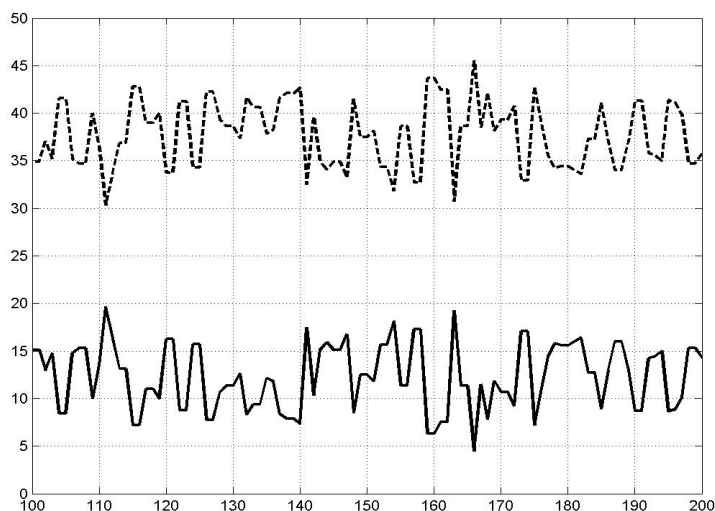


Рис.1.3.5. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 100-го по 200-го мужчину) на 5-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1 соответственно (в начале 33,3% 66,6%)



Рис.1.3.6. Распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1 соответственно (в начале 33,3% 66,6%)

Как видим, через 25 поколений имеют место некоторые колебания распределения долей обоих геномов по отдельным особям, но они настолько незначительны, что этим явлением можно пренебречь. Следует также заметить, что и через 10 поколений зависимость от интенсивности межэтнических браков также не очень сильная.

Сравнивая графики для популяции с одинаковыми долями исходных геномов и с неравными, видим, что процесс «выравнивания» колебаний долей от особи к особи значительно быстрее происходит для неравновесной популяции, что, в общем, понятно. В пределе, когда особей с геномом, скажем, 2-го типа изначально много меньше количества особей с геномом 1-го типа, процесс «выравнивания» закончится через два-три поколения.

Иная картина наблюдается с изменением от поколения к поколению процентного соотношения гаплотипов 1-го и 2-го типов:



Рис.1.3.7. Изменение от поколения к поколению процентного соотношения гаплотипа 1-го типа (сплошная линия) и 2-го типа (пунктирная линия) в мужской части единой изначально двухэтнической популяции.

Интересно, что соотношение размера частей популяции с разными гаплотипами колеблется в от поколения к поколению в довольно широких пределах. Напротив, доли геномов обоих этносов обладают большой инерцией и после практически полного перемешивания и «выравнивания» у всех особей уже не будут менять соотношения сколь угодно долго вне зависимости от поведения гаплотипов.

Таким образом, возник новый этнос с очень однородным геномом, а гаплотипы обоих типов у мужчин будут практически случайным образом распределены по особям.

1.4. Выводы по главе 1

1. К 100-му поколению из изначально двухэтнической популяции получается абсолютно однородная в генетическом смысле масса (некий новый весьма однородный этнос), гаплотипы в котором также остались двух типов, причем, примерно в равных (исходных) долях. Достаточно высокая степень генной однородности была получена при отсутствии предпочтений в браках по этническому признаку уже через 5 поколений (всего за 100 лет, если считать, что смена поколений происходит примерно через 20 лет, или за 125 лет, если считать по 25 лет за поколение). Резкое ограничение на межэтнические браки до 7:1 в пользу «чистых» браков процесс перемешивания замедляется примерно вдвое.

2. Если с точки зрения гаплотипов можно выявить родственные связи, то перемешанность геномов начальных предков обеих этносов уже через 10 поколений практически достигает максимальной величины (максимума энтропии). Следовательно, степень родства по гаплотипам носит в значительной степени субъективный характер, поскольку гаплотипы обоих типов у мужчин будут практически случайным образом распределены по особям, что создает лишь впечатление наличия в популяции двух этнических составляющих, значительно отличающихся генетически. Именно такая картина имеет место и для центрально-европейской части России, где группы населения с субкладами R1a1 и N3a1 (а также объединение R1a1 и N1c1) давно образовали неразъединимые субэтноты, а гаплотипы двух типов «случайным» образом рассыпаны по мужской части популяции.

Глава 2. Учет индивидуальных геномов каждого начального предка в процессе эволюции изолированной популяции

В данной главе рассмотрим популяцию, в которой будем различать индивидуальные геномы каждой особи, причем, неважно, принадлежат ли они к одному или к разным этносам (можно также сказать, что каждый индивид принадлежит своему собственному уникальному этносу, определяемому собственным уникальным геномом). В начальном поколении количество геномов, естественно, равно количеству начальных предков.

Женщины в начальном поколении генома (точнее, мужской составляющей) не имеют, как и ранее. То есть, женщины опять выполняют роль хранителей и переносчиков мужских геномов от своих отцов.

2.1. Особенности перемешивания геномов начальных предков у их потомков

Рассмотрим наиболее простой случай развития популяции, которая состоит из одного и того же типа мужских особей, имеющих одинаковые способности к рождению потомства. Выживание потомства в данном случае полностью определяется случайными факторами, и ни у кого и ни в каком поколении нет преимущества. Чтобы еще более упростить анализ, для всех поколений создадим одинаковые условия выживания, т.е., не будем организовывать для отдельных поколений ни эпидемий, ни войн и пр.

Размер исходной популяции – 600 мужчин и столько же женщин. Вероятность не иметь потомства у отдельного индивида подобрана так, что за 100 поколений (примерно 2000 лет), в течении которых мы разыгрываем процесс, популяция увеличилась всего на 50% (рис.2.1.1). Это сделано для того, чтобы не было логарифмического роста популяции, резко замедляющего процесс моделирования, поскольку внешние неблагоприятные факторы, «сжимающие» размер популяции, временно отключены.

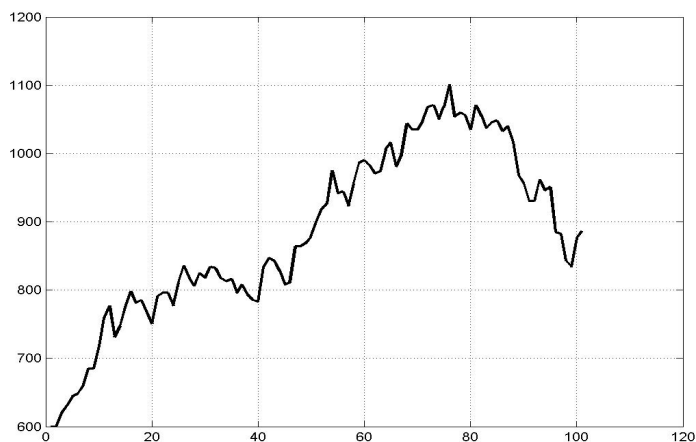


Рис.2.1.1. Пример изменения количества мужских особей в популяции с течением времени (при каждом запуске модели график будет иной, но характер его сохранится)

Поскольку популяция изолированная, и притока извне чужих гаплотипов не происходит, с течением времени некоторые гаплотипы будут исчезать, поскольку у отдельных особей может вообще никого не родиться, или рождаются только дочери. Изменение общего количества гаплотипов с течением времени представлено на рис.2.1.2:

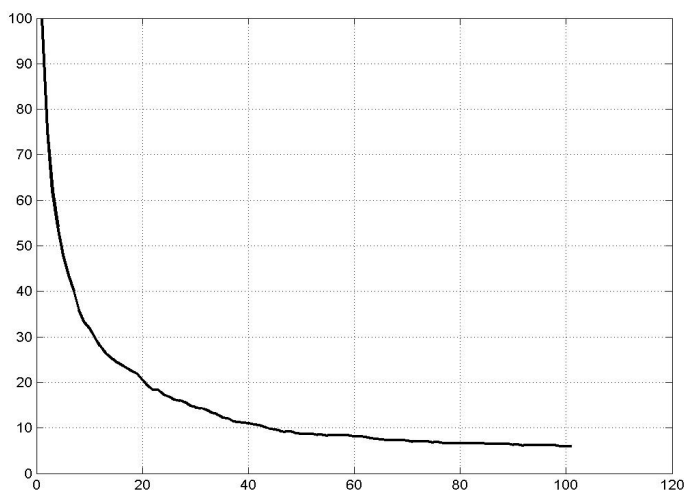


Рис.2.1.2. Доля (в процентах) оставшихся гаплотипов в популяции от поколения к поколению. Из начального количества 600 штук гаплотипов на 100-м поколении осталось только 36.

Гистограмма процентного соотношения особей в популяции, имеющих тот или иной гаплотип (из оставшихся 36 штук) в конце эксперимента (на 100-м поколении) представлена на рис.2.1.3:

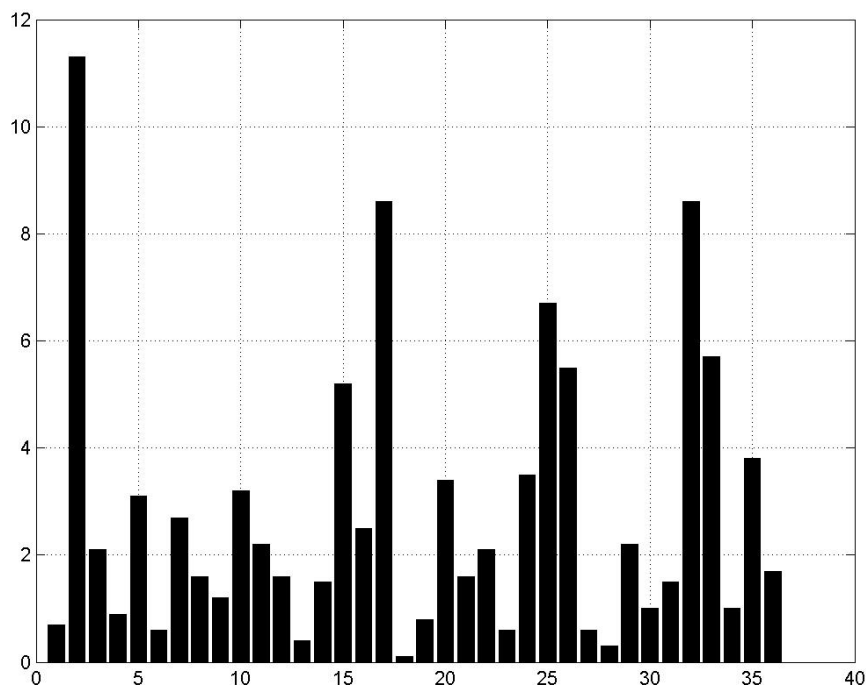


Рис.2.1.3. Гистограмма процентного соотношения особей в популяции на финальном 100-м поколении, имеющих тот или иной гаплотип.

Как видно из рис.2.1.3, наметились 3 фаворитных гаплотипа начальных предков-счастливчиков, и процентное содержание каждого из них более 8% (при шестистах начальных гаплотипах это очень высокое процентное содержание).

Если пронаблюдать еще 100 поколений, то картина развития численного состава популяции (рис.2.1.4) и финального распределения гаплотипов (2.1.5) несколько изменятся:



Рис.2.1.4. Изменение количества мужских особей в популяции с течением времени от 1-го до 200-го поколений (первая часть графика до 100-го поколения повторяет зависимость, представленную на рис.2.1.1). Волнообразное поведение объема популяции полностью определяется случайными факторами.

Среди популяции первых мужских потомков начальных предков будут отсутствовать гены тех, которые вообще не дали ни женского, ни мужского потомства. Вместе с тем, гены тех начальных предков, у которых родились только дочери, в дальнейшем будут постепенно размножаться по популяции за счет последующих замужеств (хотя и не в таких масштабах, естественно, как гены тех первопредков, которые уже в первых поколениях дали значительное потомство).

Интересно, что в случае потери значительной части мужской составляющей популяции, например, в войне, гены мужчин-предков сохранятся, но уже в потомстве завоевателей, в результате рождения детей от пленных женщин.

2.2. Связь родства по гаплотипам и родства по генам всего генома

Вначале следует определить, что такое «родство». Сложность этого понятия будет понятна из следующей обширной цитаты: «Отец и его братья обозначены одним и тем же термином; другой термин (также единый) обозначает мать и ее сестер. Тем не менее, если мы проводим различие между двумя группами, т.е. сестрами отца, с одной стороны, и братьями матери, с другой стороны, для обозначения каждой из этих групп используется свой термин, хотя генеалогическая связь на биологическом уровне совершенно одинакова в обоих случаях. Это различие порождает другое различие в следующем поколении, т.е. в поколении параллельных двоюродных братьев – детей единокровных братьев отца (двоюродный брат по отцовской линии) или сестер матери (двоюродный брат по материнской линии) и в поколении перекрестных двоюродных братьев – детей братьев матери или сестер отца. Мы вновь видим, что, хотя в плане биологическом эти двоюродные связи идентичны, родственные отношения, построенные на этих генеалогических связях, будут квалифицироваться по-разному. Параллельные двоюродные братья будут рассматриваться как единокровные и будут называться «братья» и «сестры», что будет препятствовать заключению между ними брачных союзов, которые будут считаться кровосмесительными. Перекрестные двоюродные братья и сестры будут рассматриваться как союзники, и брачные союзы между ними не только возможны, поскольку не считаются кровосмесительными, а даже очень часто желательны ... В большинстве обществ параллельное родство является препятствием к браку, тогда как перекрестное родство, наоборот, является стимулом к браку. Поскольку биологически эти родственные отношения идентичны, причины, обуславливающие это различие, могут носить только культурный характер ... Сообщества родственников состоят в основном из родни. Понятие «родня» объединяет всех лиц, с которыми данный индивидуум признает отношения родства. Содержание этого понятия может меняться: оно может либо включать всех кровных родственников до определенного колена, исключая свойственников; либо включать и тех и других; либо включать некоторых свойственников, исключая других. Члены родни, следовательно, всегда являются родственниками данного индивидуума, но в зависимости от выбранной формулы они не обязательно являются родственниками друг друга» [1].

Родство по гаплотипам - это прямой аналог генеалогического родства (по мужской или, реже, женской линии), которое позволяло в большинстве цивилизаций осуществлять наследование имущества и сословных привилегий. Такой способ родства легко фиксировался и передавался изустно в виде родословных (типа «шежире» у степных народов), а в Средневековье фиксировался и письменно в виде родословных книг. Во времена позднего Средневековья стали использоваться генеалогические древа, которые и легли в основу теории построения всевозможных филогенетических и прочих деревьев.

В ДНК-генеалогии в настоящее время центральное место занимает именно выявление родства по гаплотипам (и снипам) – численным образам наборов маркеров в половой Y-хромосоме.

Следует подчеркнуть, что у разных народов применяются различные системы родственных отношений, порой, весьма экзотические, но в соответствующих условиях оправданные (например, ирокезская, эскимосская).

«Европейская» система родства и одно из ее документальных воплощений - генеалогическое древо – лишь одна из многих систем (так называемая «однолинейная система родства»). Важнейшая особенность такого древа – наличие некоего «корневого» предка, фиксирующего наиболее ранний уровень, с которого начинают рассматриваться потомки и их родственные связи. Поскольку на этом уровне в популяции существовало множество таких корневых предков, то в процессе существования популяции и ее взаимодействия с иными популяциями, потомки какого-либо корневого предка несут уже в себе генный материал (имеется в виду совокупность генов 46-ти соматических хромосом) из других корневых предков. Тем не менее, принятие во внимание родства только по мужской линии позволяет осуществить вычленение из тесного переплетения взаимосвязей потомков от различных корневых предков отдельного генеалогического древа, причем, единственного для каждого корневого предка.

Понятие «гаплотип» оказалось весьма удобным для выстраивания генеалогических деревьев для огромного количества людей на длительном промежутке времени (до 100 поколений и более). С точки зрения ДНК прямые потомки по мужской линии все имеют один и тот же

гаплотип (без учета мутаций, конечно), поскольку он передается от отца к сыну.

Родство по генам (биологическое родство) – это степень родства, которая прямо пропорционально зависит от доли общих генов всей совокупности 46 соматических хромосом у рассматриваемых особей в популяции (фактически, истинное биологическое родство). Такое понятие родства, конечно, более естественно, чем родство по гаплотипам, но трудно вычисляемо на практике и непригодно для массового использования в быту (при формировании иерархий в семьях и для оформления юридических прав людей на имущество и пр.). Тем не менее, племена и народы – популяции, объединяемые в первую очередь общностью генетического материала (за счет длительного совместного проживания), что, в свою очередь, определяет и схожесть фенотипа.

Можно сказать, что система родства по гаплотипам (по набору маркеров в половой Y-хромосоме) и система биологического родства (по степени совпадения генов всей совокупности 46 соматических хромосом) представляют собой различные координатные оси системы координат родства.

В настоящее время молчаливо предполагается, что родство по гаплотипам соответствует и максимальной передаче генетического материала от предков к потомкам. Логично ожидать, что мужские потомки, имеющие какой-либо определенный гаплотип, должны иметь в своем геноме (совокупность из 46-ти хромосом) наибольший процент генома от того первопредка, чей гаплотип был передан этом потомку (в данном случае для простоты считаем, что каждый начальный предок имеет собственный гаплотип). В действительности это наблюдается на очень неглубоком временном отрезке – не далее 7-го поколения. К 15-му поколению зависимость исчезает полностью. Чтобы в этом убедиться, рассмотрим несколько матриц геномов мужской составляющей популяции, получившихся, например, после 1, 3, 5, 10, 15, 25 поколений. Мужская часть начальной (предковой) популяции состоит из особей, каждая из которых имеет свой собственный гаплотип (сделаем так для простоты идентификации в процессе анализа).

Напомним, что каждая строка матрицы геномов соответствует определенному начальному предку, а столбцы соответствуют мужским потомкам в данном поколении. В каждом поколении количество

столбцов столько, сколько особей в данном поколении. А вот «высота» столбца (количество строк матрицы) всегда строго равна количеству исходных мужских геномов начальных предков на 1-м поколении. Следовательно, каждая строка матрицы, как уже говорилось во Введении, будет состоять из долей одного и того же генома начального предка, которые содержатся в геномах потомков данного поколения.

Визуально матрица начальных предков будет выглядеть как черный прямоугольник, по диагонали которого (сверху вниз и слева направо) будут стоять однопиксельные белые точки (яркость которых соответствует 100):

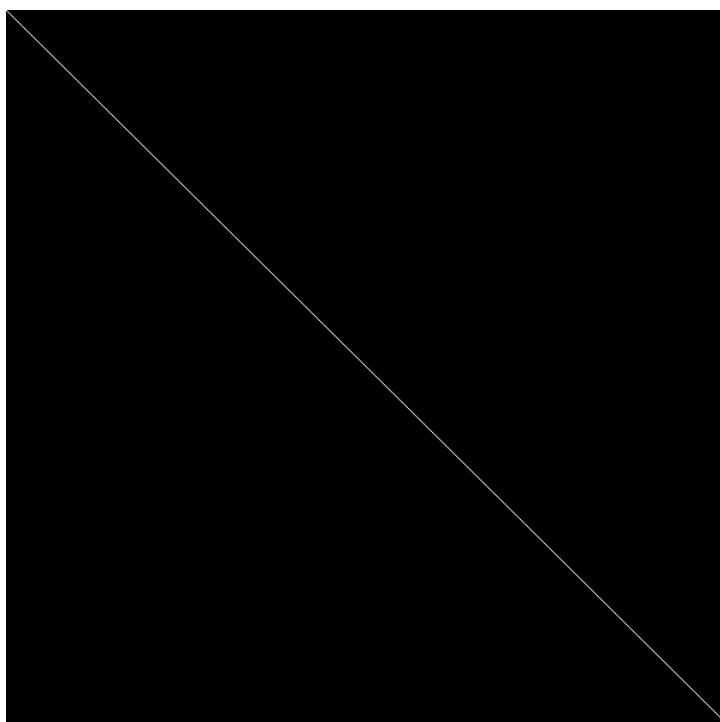


Рис.2.2.1а. Визуальное отображение матрицы геномов популяции из шестисот начальных предков. Каждая строка пикселей представляет собой долю (в процентном отношении) генома соответствующего начального предка у всех его сыновей (см. таблицу 1 во Введении).

В матрице начальных предков порядковые номера строк (предков) и порядковые номер потомков (тех же самых предков) совпадают. Поэтому на элементах диагонали стоят значения в 100% (белые точки), а в

остальных пикселах – нули (начальные геномы еще не «размазаны» по соседям).

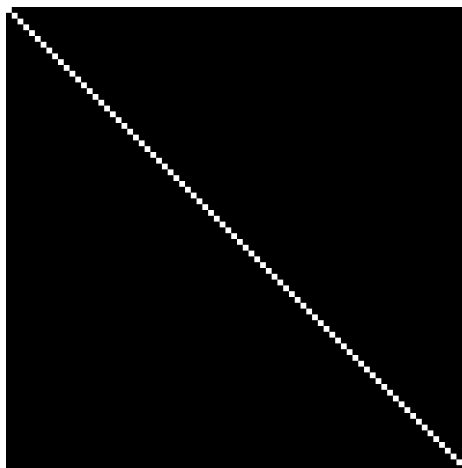


Рис.2.2.1b. Укрупненный фрагмент матрицы геномов начальных предков для первых 80 предков.

Матрица геномов в сыновей начальных предков имеет следующий вид (в соответствии с таблицей 3):

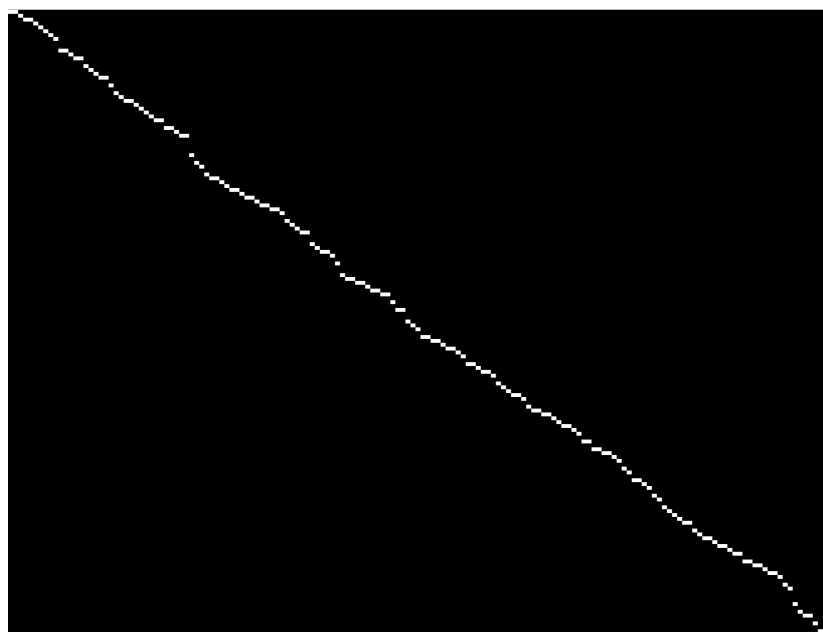


Рис.2.2.2. Фрагмент матрицы геномов в 1-м поколении от начальных предков (сыновья).

В матрице на рис.2.2.2 появились пустые строки, соответствующие выбывшим из игры геномам начальных предков в силу того, что у них не было потомства. Напротив, некоторые элементы диагонали удвоились по горизонтали за счет того, что у отдельных начальных предков родилось более одного сына.

Как уже объяснялось во Введении, каждая строка матрицы строго соответствует определенному начальному предку, а вот столбцы – это потомки, причем, уже невозможно из данной матрицы определить, от какого именно начального предка эти потомки произошли. И для каждого нового поколения в соответствующей матрице будут иные потомки-столбцы.

Поколение внуков начальных предков имеет матрицу геномов следующего вида:

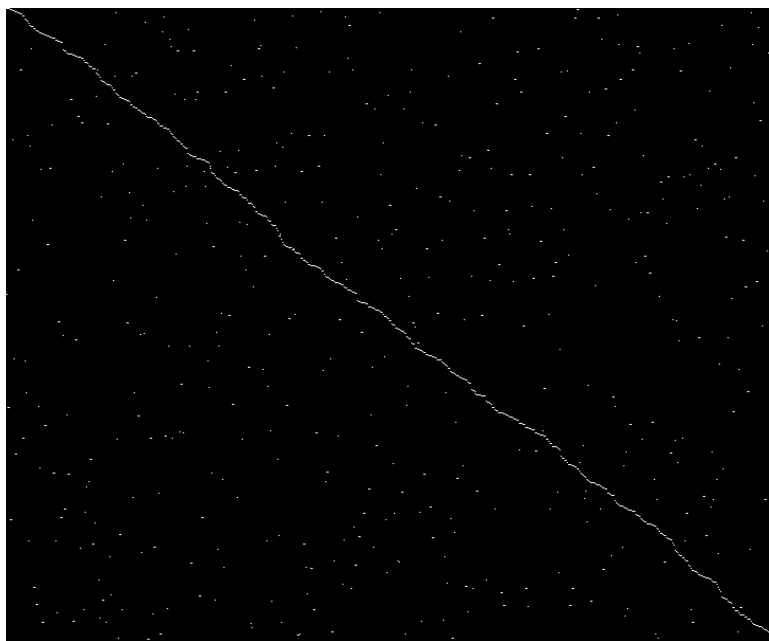


Рис.2.2.3. Матрица геномов внуков начальных предков (элементы матрицы все равны 25%, поскольку еще не произошло суммирования геномов начальных предков, которые «пришли» и от отца и от матери).

Крупным планом центральная часть матрицы, изображенной на рис. 2.2.3, представлена на следующем рисунке:

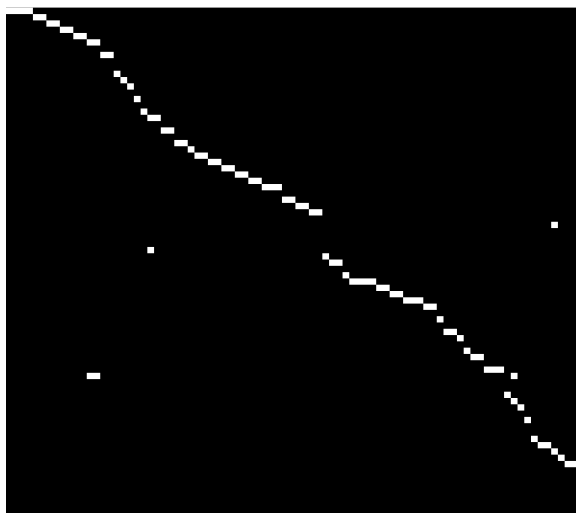


Рис.2.2.4. Центральная часть матрицы геномов внуков начальных предков (заметим, что некоторые строки «пустые», т.е., черного цвета — это те начальные предки, чей геном «умер», не передавшись далее потомкам).

На рис.2.2.4 отчетливо видно, что в отдельных столбцах (особях) какой-либо геном начального предка представлен в единственном экземпляре, т.е., только у этого потомка, а у некоторых групп столбцов (групп особей) образовались длинные горизонтальные полосы, которые как раз и показывают, что данный геном начального предка имеется уже у нескольких особей.

Также хорошо видны на рис.2.2.4 и пустые строки, т.е., от тех начальных предков, геном которых не успел попасть ни в одного потомка мужского пола (строго говоря, надо рассмотреть эти строки в аналогичной матрице геномов женщин, и если и в ней эта строка пустая, тогда точно потомков данный начальный предок не имеет и его геном «умер» для будущего).

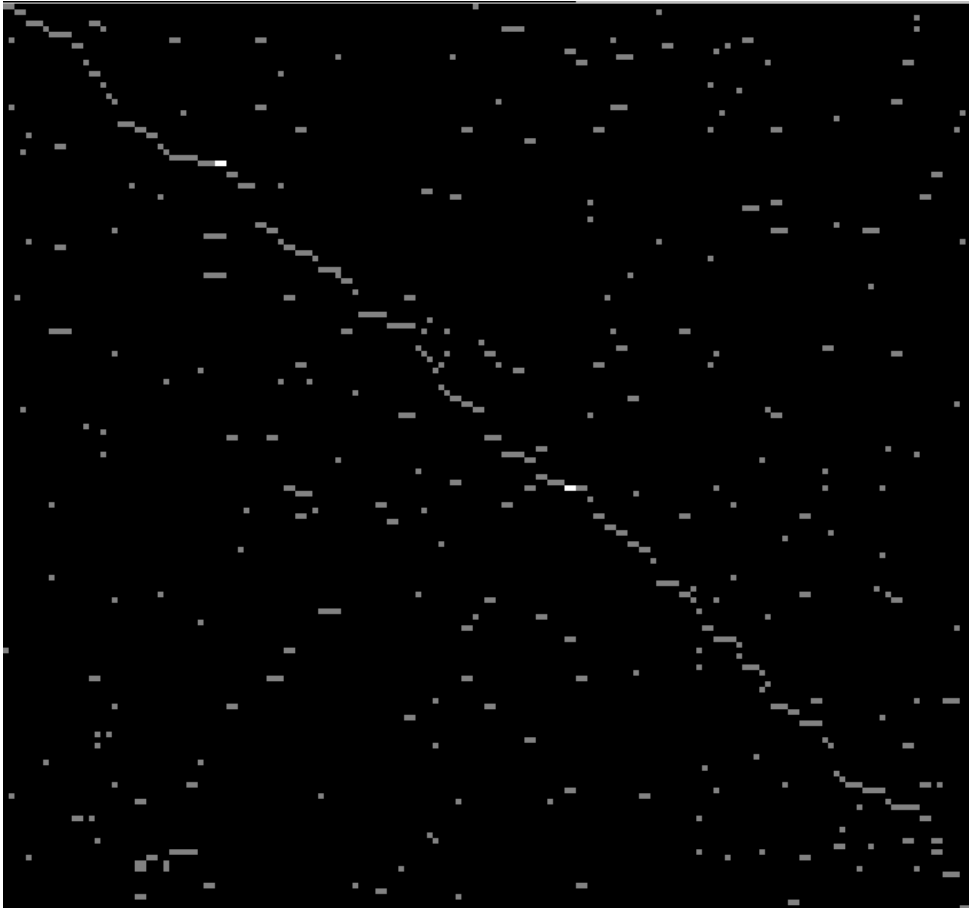


Рис.2.2.5. Фрагмент матрицы геномов в 3-м поколении от начальных предков (правнуки).

На рис. 2.2.5 геномы некоторых начальных предков одинаково распределились не только у своих прямых потомков (с таким же гаплотипом), но и у мужчин с иным гаплотипом (в одной и той же строке есть ненулевые значения, далеко отстоящие друг от друга по горизонтали, т.е., явно принадлежащие к мужчинам с разными гаплотипами).

«Разрывы» на рис.2.2.5 горизонтальных полосок возникли за счет «далекой» (в смысле гаплотипов) передачи геномов начальных предков женщинами, что будет усугубляться от поколения к поколению. Фактически женщины несут очень важную функцию интенсивного перемешивания геномов и сохранения для потомства даже тех мужчин,

которые не имели прямого мужского потомства и не смогли передать свой гаплотип далее.

«Расползание» по популяции геномов начальных предков приводит соответственно и к уменьшению их долей в геноме какого-либо потомка. Это видно по постепенному уменьшению яркости полосок на рисунках, например, на рис.2.2.6 по сравнению с рис.2.2.5 и особенно с рис.2.2.4.



Рис.2.2.6. Фрагмент матрицы геномов в 5-м поколении от начальных предков.

На рис.2.2.6 диагональный характер матрицы геномов практически полностью исчез и геномы начальных предков в значительной степени распределились между особями с различными гаплотипами. Далее гаплотипы будут только «перетасовываться» у мужчин, а их геномы будут все более нивелироваться.

К 10-му поколению первоначальные диагональные яркие точки в матрице геномов в значительной степени «размазались», и наметились фавориты в гонке преумножения своих генов у потомков (рис.2.2.7). Об этом сигнализируют сравнительно более яркие горизонтальные полосы (из конца в конец) с небольшими разрывами, как раз и соответствующие тем геномам начальных предков, которые укоренились в геномах многих потомков:

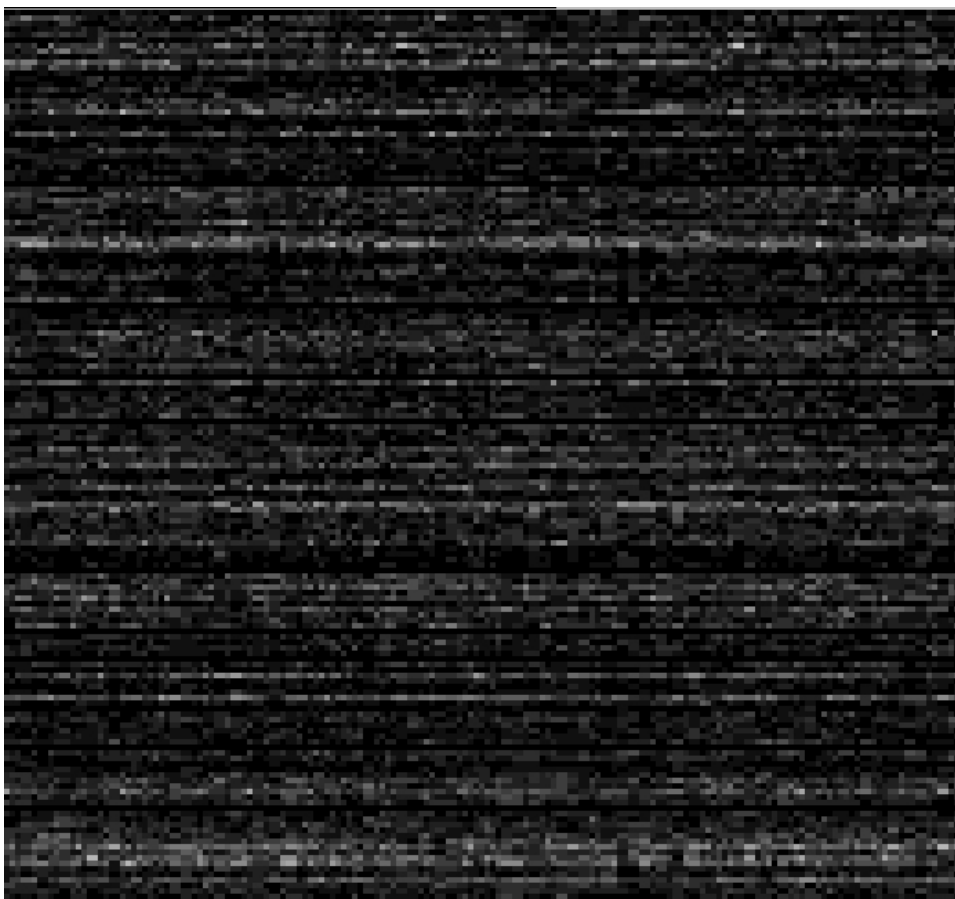


Рис.2.2.7. Фрагмент матрицы геномов в 10-м поколении от начальных предков.

На рис.2.2.7 практически полностью пропала зависимость между переданным от начального предка гаплотипом и долей его генома у потомка с предковым гаплотипом (главная диагональ матрицы

полностью «рассосалась»). Геномы начальных предков еще более «размазались» по горизонтали, т.е., по потомкам в данном поколении.

Сравним матрицу мужских геномов с матрицей женских (рис.2.2.8). Как видим, она несколько шире (женщин на данном поколении оказалось чуть больше мужчин), но характер «полосатости» повторяет мужскую матрицу, что и должно было быть, поскольку доминантные отцы одинаково много «производят» как сыновей, так и дочерей (масштаб изображения в 4 раза меньше, поэтому полосы выглядят значительно более тонкими).

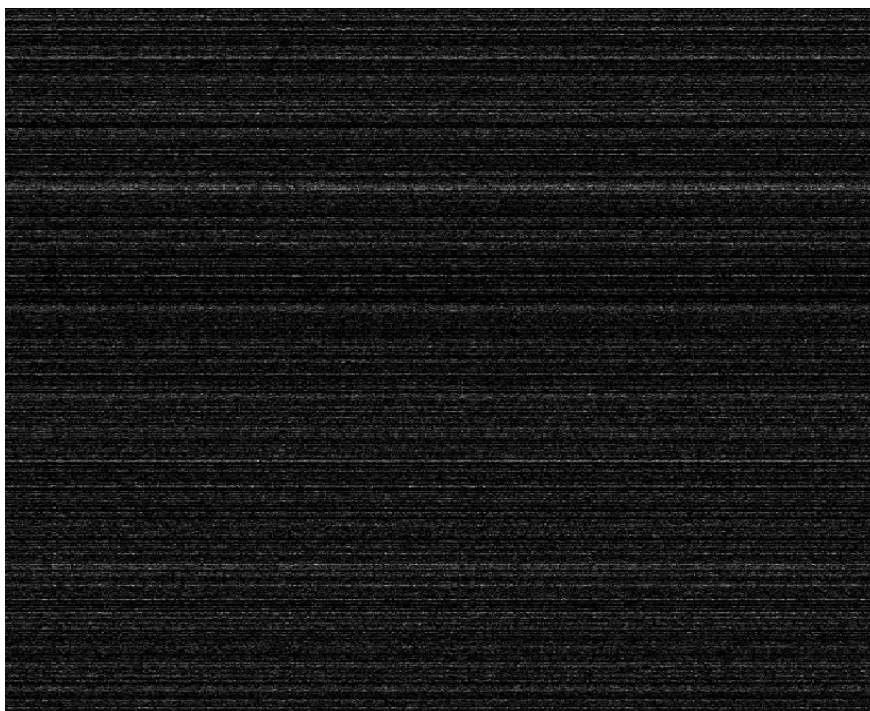


Рис.2.2.8. Матрица геномов женской части популяции 10-го поколения

Далее представлен фрагмент матрицы геномов мужской части популяции 15-го поколения. На рис.2.2.9 процесс перемешивания геномов привел к высокой однородности геномов потомков и к полному отсутствию корреляции между геномами начальных предков и потомков с такими же гаплотипами.

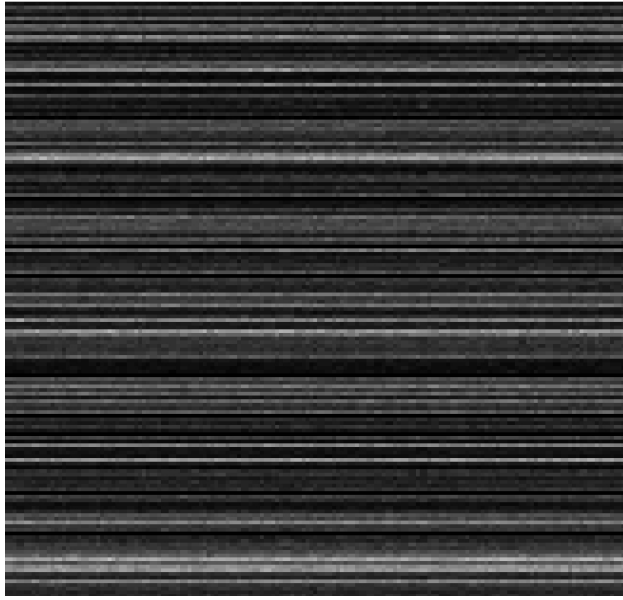


Рис.2.2.9. Фрагмент матрицы геномов в 15-м поколении от начальных предков.

И, наконец, фрагмент матрицы геномов мужской части популяции 25-го поколения:

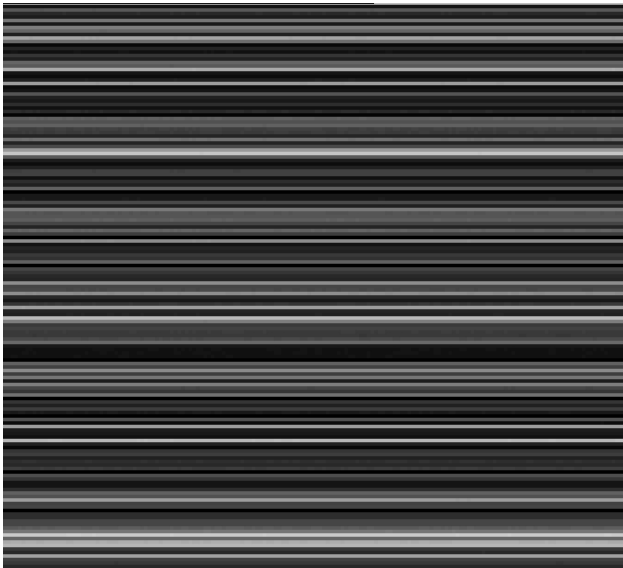


Рис.2.2.10. Фрагмент матрицы геномов в 25-м поколении от начальных предков.

На рис.2.2.10 (на 25-м поколении) видно, что процесс перемешивания завершился и отсутствует зависимость в геноме потомка от начального предка с таким же гаплотипом как у этого потомка (яркость полос одинакова на всем их протяжении). Окончательно выявились начальные удачливые предки, чьи геномы практически равномерно проникли в геномы всех особей популяции (яркие горизонтальные полосы от края до края), и теперь они не исчезнут, пока существует хотя бы малая часть данной популяции.

На рис.2.2.11 приведены доли геномов таких трех удачливых начальных предков с условными номерами №312, №386 и №474 (это координаты по вертикали наиболее ярких полос):

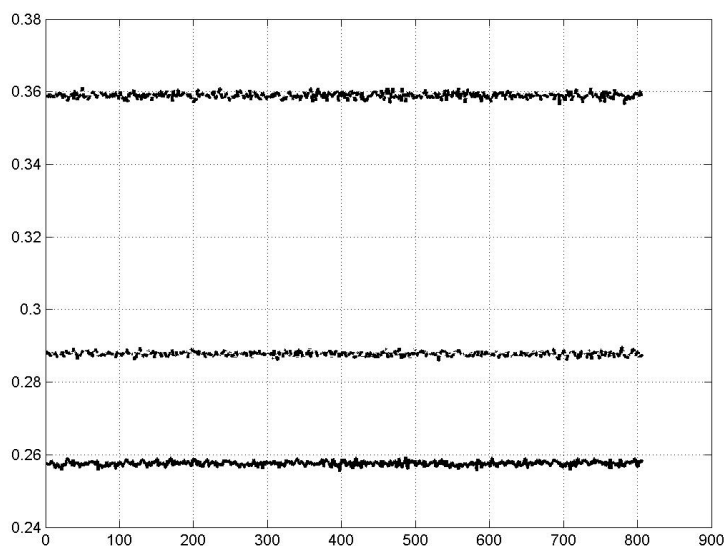


Рис.2.2.11. Доли геномов в процентах трех наиболее ярких начальных предков-фаворитов в геномах их мужских потомков к 25-му поколению (всего потомков к 25-му поколению – 811).

На рис.2.2.11 видно, какая хорошая достигнута равномерность проникновения геномов начальных предков в геномы всех мужских особей данной популяции (имеющиеся на графиках очень малые флуктуации в визуальном отображении на рис.2.2.10 не видны, и только в виде графиков на данном рисунке их можно заметить). Кстати, это касается не только фаворитов, но и остальных начальных предков, только доли их геномов меньше:

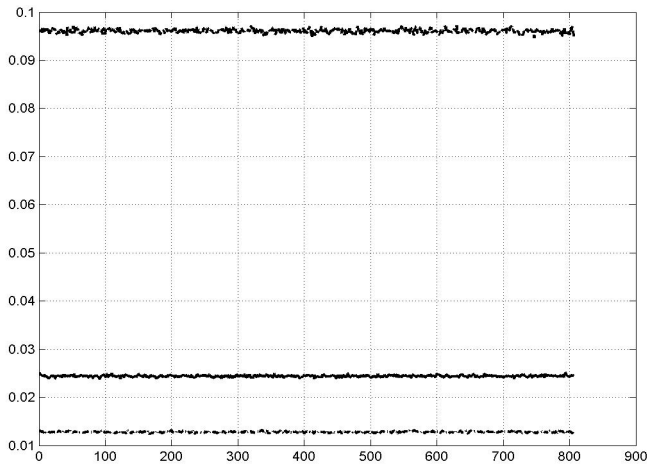


Рис.2.2.12. Доли геномов в процентах трех типичных начальных предков-аутсайдеров в геномах их мужских потомков к 25-му поколению

Как видим, Природа дает шанс хоть как-то сохранить свой генофонд в потомках даже самому слабому начальному предку, правда, пропорционально активному поведению в жизни: доминантные самцы, как мы увидели, значительно больше представлены в общем генофонде.

В качестве еще одного примера приведем распределение долей генома одного из фаворитов к 10-му поколению:

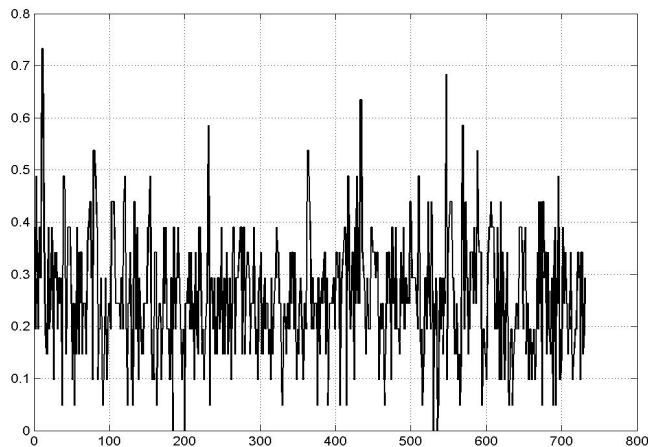


Рис.2.2.13а. Распределение долей генома одного из начальных предков-фаворитов к 10-му поколению (количество потомков на данном поколении - 738).

Наблюдающийся разброс в долях генома начального предка у разных потомков никак не связан с совпадением гаплотипов предка и потомка или отсутствием такового совпадения.

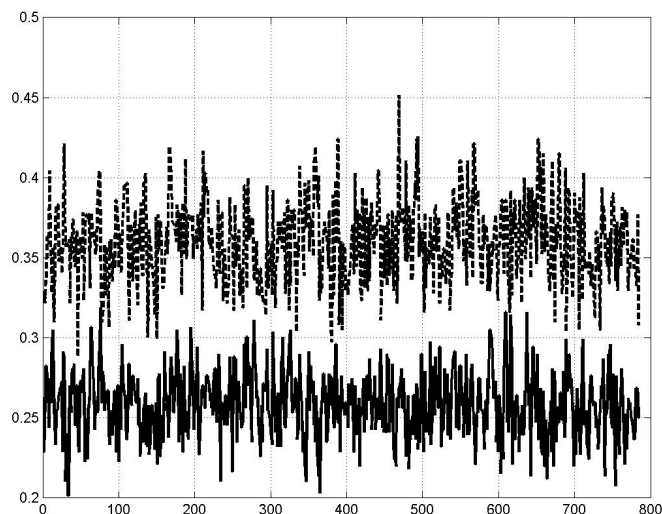


Рис.2.2.13в. Распределение генома двух начальных предков-фаворитов по геномам всем мужчин на 15-м поколении (общее количество мужчин на этом поколении - 775). Равномерность распределения геномов начальных предков по популяции по сравнению с 10-м поколением (рис.2.2.13а) увеличилась, как и должно быть.

На рис.2.2.11-2.2.13 степень перемешивания долей геномов начальных предков в геномах потомков мы могли наблюдать графически. Особый интерес представляют интегральные характеристики степени перемешанности, для которых можно было бы получить численные оценки.

Рассмотрим какое-нибудь промежуточное (текущее) поколение. Сначала вычислим средние доли геномов начальных предков в геноме отдельного потомка:

$$M_j = \frac{1}{N_i} \sum_{i=1}^{N_i} X_{j,i} \quad , \quad (2.1)$$

где

$X_{j,i}$ - матрица геномов мужской (или женской) части текущего поколения;

i - текущий номер потомка в текущем поколении;

- j - номер начального предка;
- N_i - количество мужских (или женских) особей в текущем поколении;
- N_j - общее количество начальных предков (мужских или женских).

Теперь вычислим стандартные отклонения доли генома какого-либо начального предка по популяции в текущем поколении:

$$\sigma_j = \sqrt{\frac{1}{N_i - 1} \sum_{i=1}^{N_i} (X_{j,i} - M_j)^2} \quad . \quad (2.2)$$

И, наконец, за критерий перемешанности геномов начальных предков в геномах потомков возьмем усредненное по всем начальным предкам отношение стандартного отклонения σ_j к среднему M_j :

$$K_t = \frac{1}{N_j} \sum_{j=1}^{N_j} \frac{\sigma_j}{M_j} \quad , \quad (2.3)$$

где индекс t означает, что критерий K_t вычислен для конкретного текущего t -го поколения.

Зависимость критерия K_t от номера текущего поколения представлена на рис. 2.1.14. Как из него следует, практически полная перемешанность геномов начальных предков в геномах потомков наступает уже к 15-му поколению (критерий K_t уменьшился в 140 раз, с величины 22,5 до 0,16). Следовательно, достаточно 300-400 лет, если нет притока новых геномов «со стороны», чтобы популяция стала генетически полностью однородной.

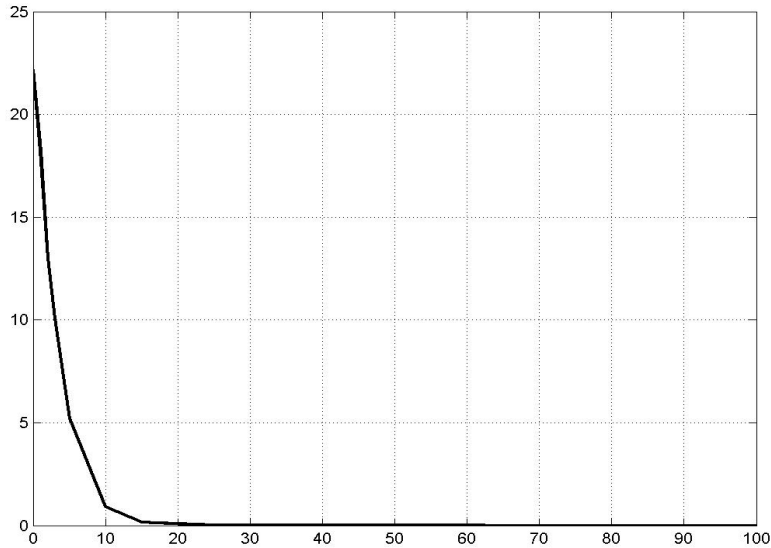


Рис. 2.2.14. Зависимость критерия перемешанности K_t от номера поколения

2.3. Выводы по главе 2

1. Высокая схожесть (даже, однородность) геномов отдельных особей в популяции, развивающейся достаточное количество поколений (более 15), гарантирует сохранение одного и того же набора генов даже в случае гибели всех членов популяции кроме одного. Таким образом, генный набор особей человеческого рода, как уже доказано ДНК-генеалогией, от единственного самца и единственной самки не зависит от того, какая именно самка и какой именно самец выжили и дали начало человечеству. Одним словом, имеет место высочайшая устойчивость генного набора к неблагоприятным условиям за счет дублирования его во всех особях. Здесь следует уточнить, что речь идет не об одинаковости генных наборов у всех особей, а об одинаковости статистических характеристик, поскольку каждый индивид имеет собственную выборку из некоего общего возможного набора генов, который представляет собой объединение множеств индивидуальных наборов. Говоря статистическим языком, каждый геном – это случайная выборка из единой генеральной совокупности.

2. Геномы начальных предков с течением равномерно «размазываются» по геномам членов популяции, причем, и процесс этот в основном завершается уже к 25-му поколению. Вместе с тем, геномы начальных предков представлены довольно в широких пределах – от полного отсутствия некоторых геномов, до половины процента, что при исходном количестве начальных предков в 600 человек дает весьма высокую представительность таких геномов в популяции (предки-фавориты и случайные счастливики).

3. В данном исследовании предполагалось, что у любой наугад взятой пары геномов начальных предков нет ни одного общего гена (или генов в одном и том же состоянии). В реальном случае это далеко не так, поэтому степень однородности геномов отдельных особей в популяции наступает значительно раньше, чем это получено здесь (эти результаты можно считать верхними границами с точки зрения количества поколений).

Глава 3. Особенности поведения геномов в неравных условиях выживания

В предыдущих главах были рассмотрены ситуации, характерные равными возможностями выживания потомства (отсутствие доминантных мужчин), а также полностью отсутствующие неблагоприятные факторы. Это позволило изучить основные тенденции развития изолированной популяции с точки зрения миграций гаплотипов и перераспределения долей геномов начальных предков по геномам их потомков.

3.1. Наличие доминантных особей и периодические неблагоприятные условия жизни

Напомним, что каждый отец в нулевом поколении (назовем его начальным предком для своей собственной генеалогической линии) имеет свой уникальный гаплотип, а также и свой уникальный геном. Для простоты будем считать, что в процессе передачи этих начальных гаплотипов от отцов к сыновьям мутаций в гаплотипах не происходит (так будет проще следить за «миграциями» гаплотипов по популяции).

Теперь усложним ситуацию, приблизив условия эволюции популяции к реальности. А именно, сделаем часть мужчин доминантами, которые в обязательном порядке имеют потомство, и которые даже в неблагоприятные поколения выживают до момента производства детей. Кроме этого, введем периодически возникающие неблагоприятные с точки зрения рождаемости поколения.

Итак:

- Начальный размер мужской части популяции – 1000 особей
- Вероятность того, что особь станет доминантом – 0,01 (каждая сотая особь в популяции на каждом поколении становится доминантом);
- Вероятность того, что особь основного типа (не доминант) погибнет не дав потомства в неблагоприятных поколениях – 0,175;
- Вероятность того, что особь основного типа не даст потомства, как и ранее, 0,15;
- Периодичность наступления неблагоприятных поколений – 5.

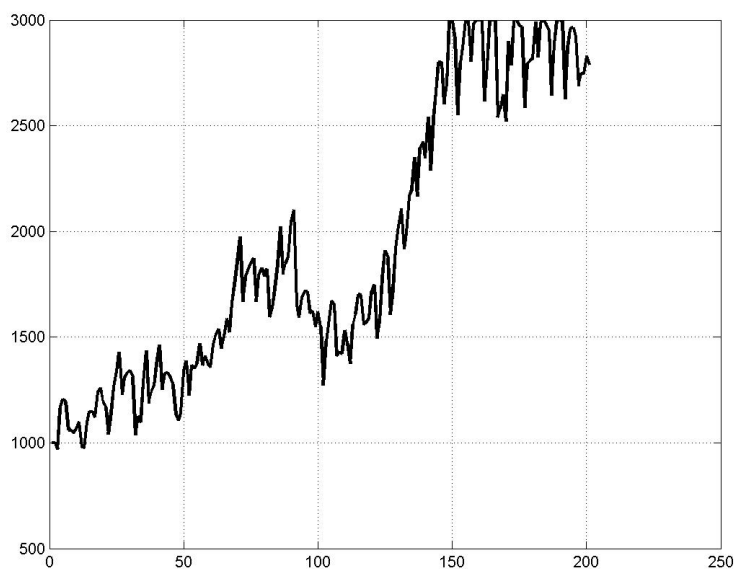


Рис.3.1.1. Рост мужской составляющей популяции (при моделировании было сделано ограничение в 3000 мужчин) с течением времени (измеряется в поколениях)

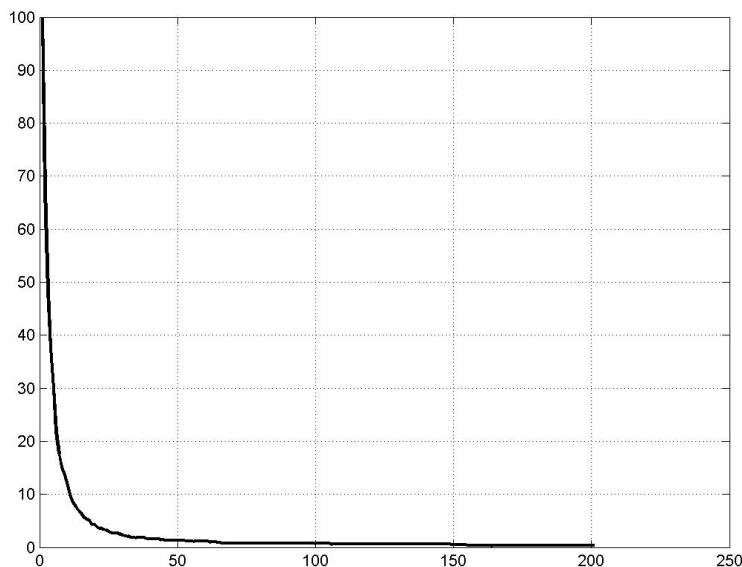


Рис.3.1.2. Изменение с течением времени процентного соотношения оставшихся гаплотипов из начального набора в 1000 штук (на 200-м поколении их осталось только 3)

Гистограмма процентного соотношения оставшихся 3-х гаплотипов из начальной совокупности в 1000 штук в финальной популяции из 2789 мужчин имеет следующий вид (первое число в каждой паре – условный номер гаплотипа начального предка, а второе число – доля в процентах количества мужчин в финальном поколении, имеющих данный гаплотип):

197 84.1% 760 13.2% 820 2.7%

К 100-му поколению из 1000 осталось 7 гаплотипов, а к 200-му – осталось только 3 гаплотипа.

Рассмотрим теперь, какова динамика перераспределения доли геномов начальных предков по популяции в зависимости от числа поколений. Сделаем это на примере генома одной из типичных особей популяции (рис.3.1.3–3.1.5). На графиках по вертикали отложено процентное содержание геномов каждого из 1000 начальных предков в геноме одного потомка, а по горизонтали–условный номер начального

предка.

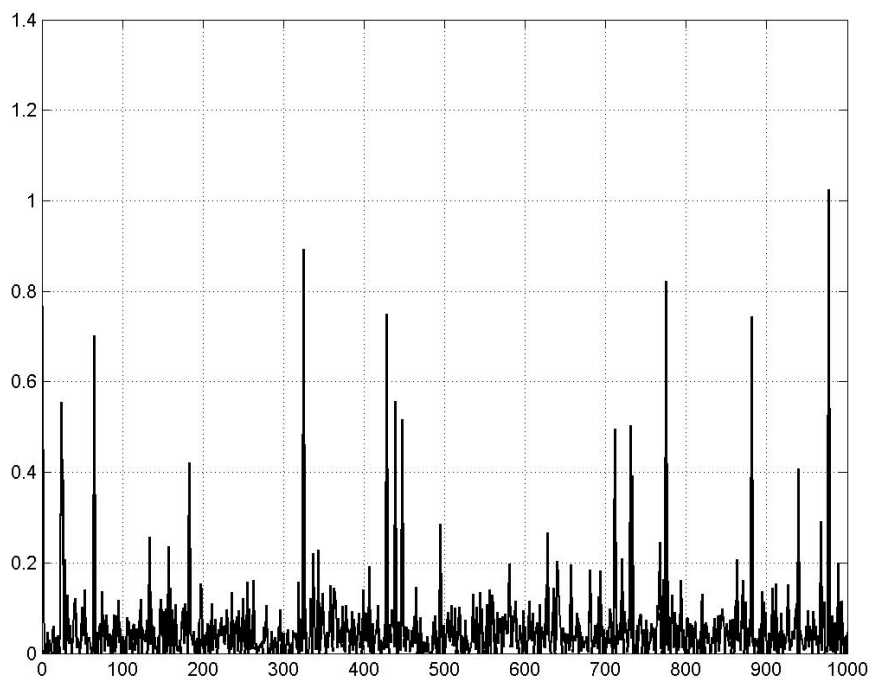


Рис.3.1.3. Геном одной из типичных особей к 15-му поколению

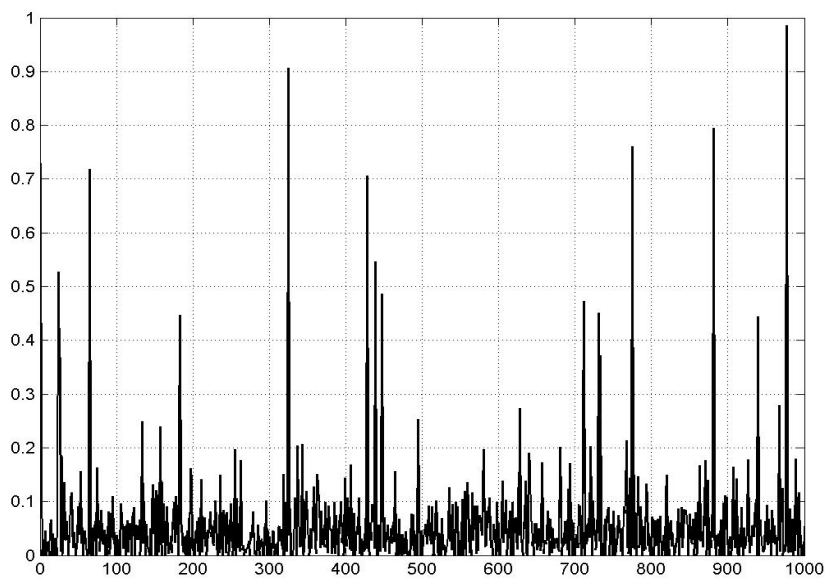


Рис.3.1.4. Геном одной из типичных особей к 25-му поколению

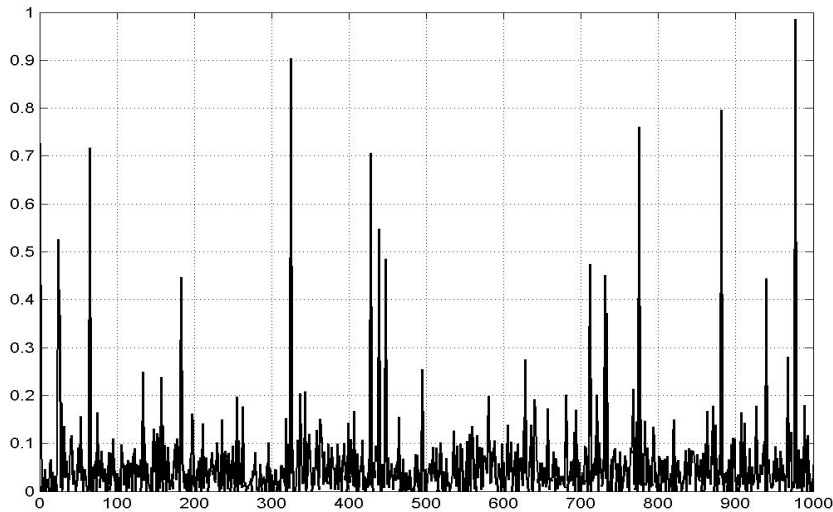


Рис.3.1.5. Геном одной из типичных особей к 200-му поколению.

Как следует из анализа рис.3.1.3–3.1.5, в самом начале «гонки» уже наметились явные начальные предки-фавориты, в чьих генеалогических ветвях на ранних этапах появлялись потомки-доминанты, причем и общая картина распределения процентных долей начальных предков сохраняется с относительно раннего этапа.

Тем не менее, геномы начальных предков-аутсайдеров не исчезают полностью, а практически сохраняют свое присутствие примерно в тех же объемах (поскольку их много, то уменьшение доли каждого из них, компенсирующее увеличение долей немногих оставшихся фаворитов, незначительно).

Также следует заметить, что общее количество геномов-фаворитов к 200-му поколению не менее 60-70, а количество вообще оставшихся гаплотипов – 3. То есть, геномы-фавориты присутствуют в значительной степени, а соответствующие гаплотипы – нет. На рис.3.1.3–3.1.5 части графика, относящегося к основной массе геномов (аутсайдеры) сливаются, а если рассмотреть, например, его часть от 450-го до 650-го начальных предков, то можно заметить, что геномы-фавориты – это те, доля которых, например, превышает 0,12% - 0,15% (заметим, что среднее значение по всем начальным предкам, очевидно, $50\%/1000=0,5\%$).

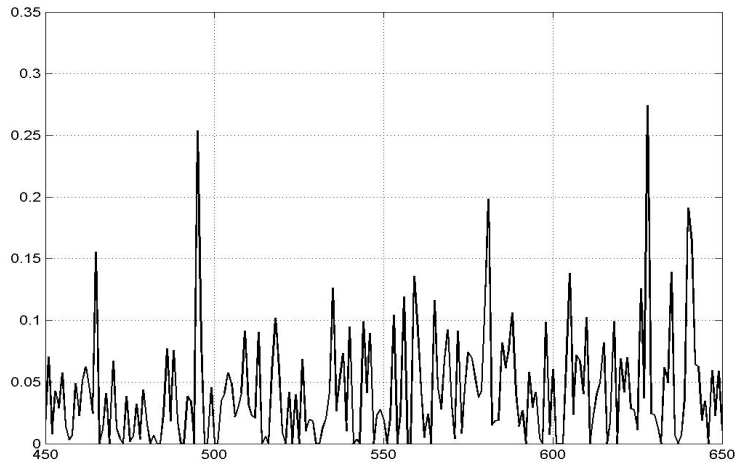


Рис.3.1.6. Фрагмент рисунка 3.1.5 для геномов начальных предков с 450-го по 650-го

Теперь сравним полученные результаты с картиной распределения долей геномов начальных предков в случае равных условий выживания.

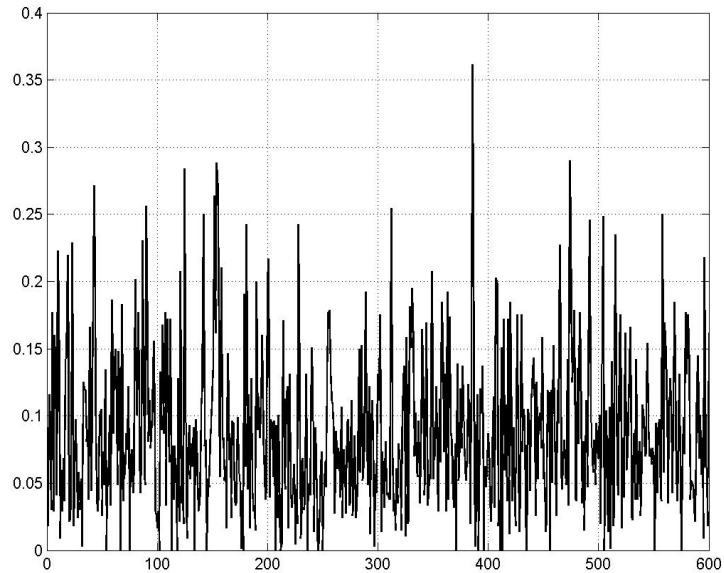


Рис.3.1.7. Распределение геномов начальных предков у типичного потомка на 15-м поколении (количество начальных предков - 600) в случае отсутствия доминантных особей и периодических неблагоприятных в климатическом и ином отношении поколений.

Как мы видим, наличие неравноправных условий выживания потомства у обычных особей и у мужчин-доминантов (рис.3.1.3–3.1.5) резко дифференцирует процентное содержание соответствующих геномов начальных предков по сравнению с ситуацией равных возможностей (рис.3.1.6).

А вот процентное распределение каких-либо геномов начальных предков по мужчинам на том же 15-м поколении имеет примерно такую же степень хаотичности, как и для случая равных возможностей (см. п.2.1):

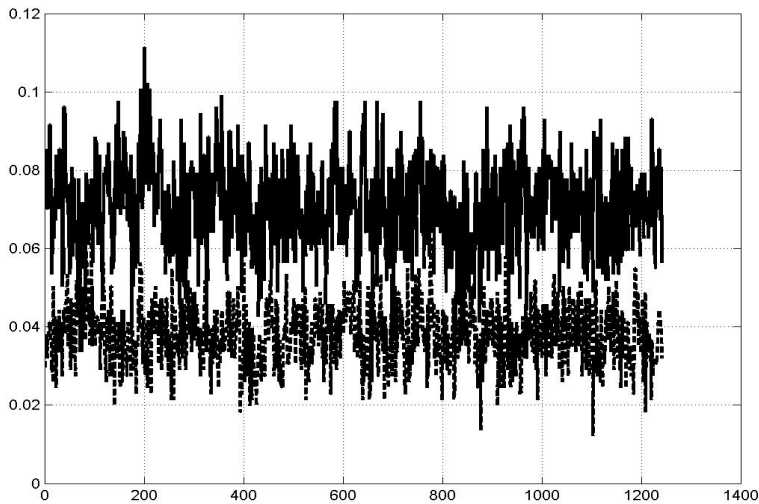


Рис.3.1.8. Процентное распределение геномов двух типичных начальных предков по геномам потомков на 15-м поколении (по горизонтали отложены условные номера мужчин-потомков в популяции 15-го поколения, а по вертикали – процентное содержание генома первопредка)

На следующем рисунке представлены распределения геномов этих же двух начальных предков, но уже на 25-м поколении (полная аналогия степени хаотичности на рис. 2.2.11 и 2.2.12):

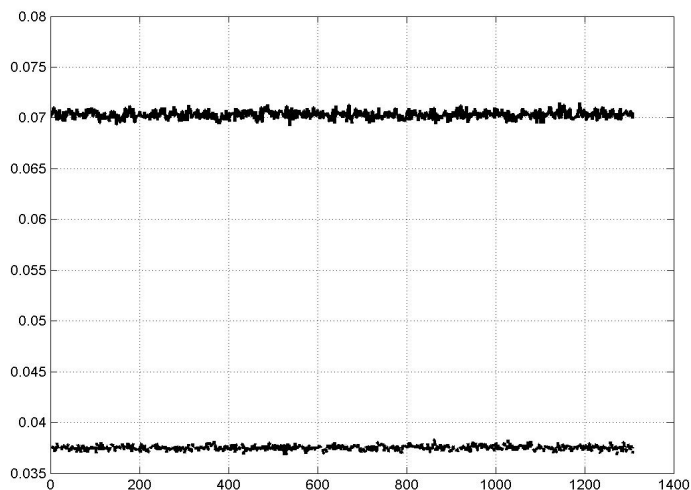


Рис.3.1.9. Процентное распределение геномов двух типичных начальных предков по геномам потомков на 25-м поколении

Сравнивая рисунки 3.1.8 и 3.1.9, видно, как быстро нарастает степень однородности распределения геномов первопредков по всем потомкам популяции (как и ранее для случаев отсутствия доминантов). На 200-м поколении уже имеет место полное выравнивание долей геномов (количество потомков – 2498):

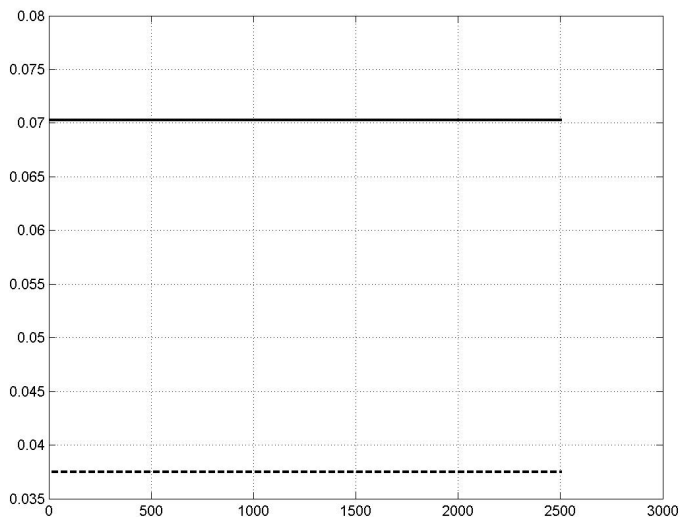


Рис.3.1.10. Процентное распределение геномов двух типичных начальных предков по геномам 2500 потомков на 200-м поколении (полное выравнивание между потомками).

3.2. Некоторые особенности изменения количества гаплотипов в популяции с течением времени

3.2.1. Деградация численности популяции

Сначала рассмотрим вариант практически полного отсутствия доминантов в популяции (0,1% на каждом поколении) и вероятность отсутствия потомства у недоминантов, равную 2,5% (эта вероятность не компенсируется наличием доминантов). При таких условиях происходит довольно медленная деградация численности популяции (рис.3.2.1.1):

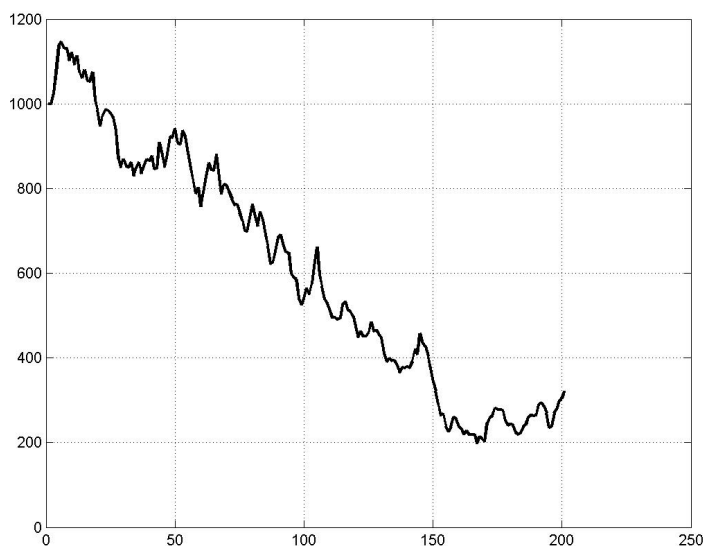


Рис.3.2.1.1. Изменение численности мужской части популяции с течением времени

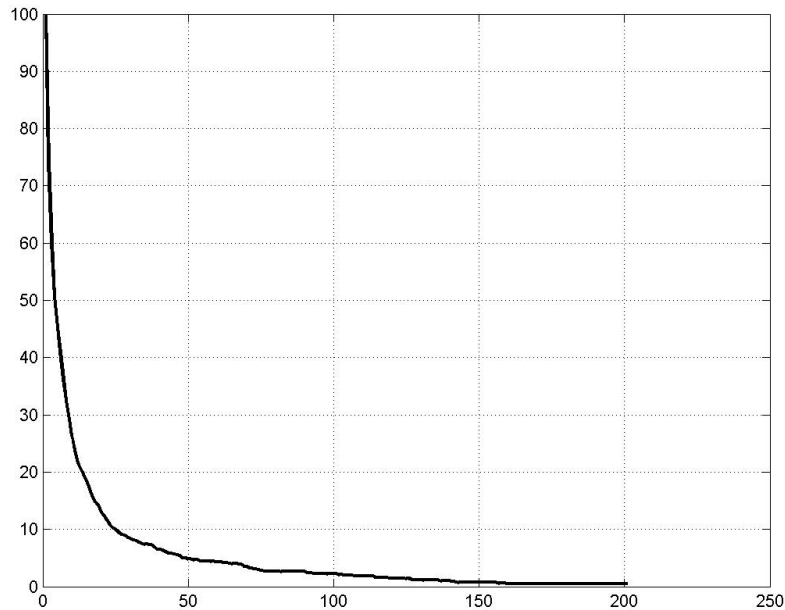


Рис.3.2.1.2. Изменение доли гаплотипов (в процентах от начального их числа) с течением времени

Гистограмма процентного распределения оставшихся 5-ти гаплотипов в последнем поколении (первое число в каждой паре – условный номер гаплотипа начального предка, а второе число – доля в процентах количества мужчин в финальном поколении, имеющих данный гаплотип): 127 15.1% 220 58.6% 754 12.1% 775 6.8% 992 7.4%

Как оказалось, монотонное уменьшение объема популяции до одной трети за 200 поколений, но при практически одинаковых для всех условиях выживания (крайне малое присутствие доминантов) с точки зрения изменения количества гаплотипов оказалось равносильным варианту монотонного увеличения популяции втрое за те же 200 поколений, но при условии, что в каждом поколении имеется примерно 1% доминантов 1-го типа и примерно 5% доминантов 2-го типа (дети доминантов 1-го типа).

Таким образом, наличие доминантов резко ускоряет процесс исчезновения гаплотипов.

3.2.2. Постепенное увеличения объема популяции при равных условиях выживаемости

Данный вариант один из наиболее благоприятных с точки зрения сохранения как можно большего перечня гаплотипов, поскольку нет доминантов, чьи гаплотипы вытесняют всех остальных, а также имеет место рост численности популяции, который также препятствует исчезновению гаплотипов (поскольку вероятность не иметь детей вообще понижена)

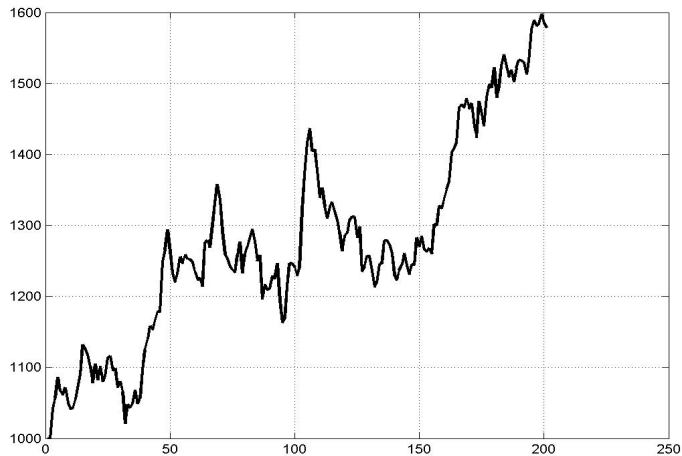


Рис.3.2.2.1. Изменение численности мужской части популяции с течением времени

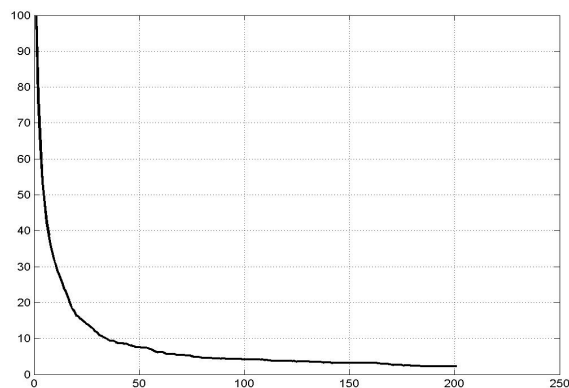


Рис.3.2.2.2. Изменение доли гаплотипов (в процентах от начального их числа) с течением времени. К 200-му поколению осталось 23 гаплотипа из 1000 первоначальных.

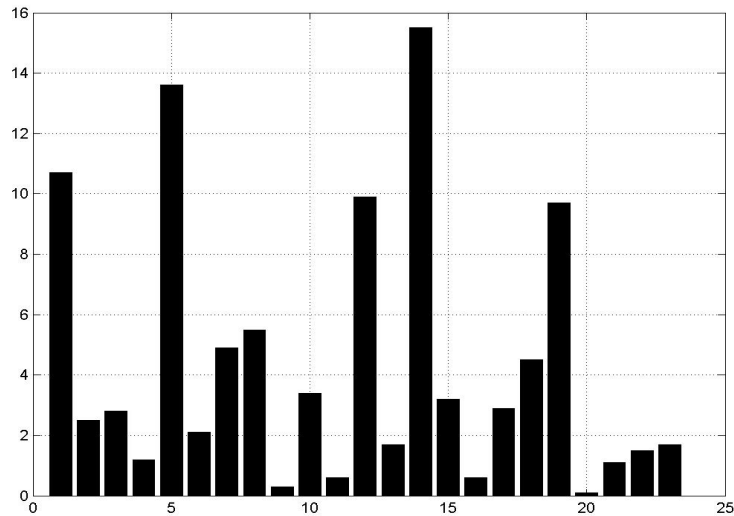


Рис.3.2.2.3. Гистограмма процентного соотношения количества мужчин в финальном 200-м поколении, имеющих один из оставшихся 23-х гаплотипов

3.2.3. Попытка осуществления варианта с неубывающим количеством гаплотипов

Подберем теперь вариант такого увеличения популяции, чтобы общее количество гаплотипов практически не уменьшалось с течением времени (очевидно, что увеличиваться оно не может по определению, и ограничено сверху исходной величиной в 1000 штук, поскольку в замкнутой популяции новым гаплотипам (предковым) взяться просто неоткуда). Для этого нам придется несколько видоизменить гистограмму рождаемости у основных особей (недоминантов) так, чтобы среднее количество потомков от одного отца увеличилось:

0,1724 – вероятность одного ребенка

0,3736 – вероятность двух детей

0,2299 – вероятность трех детей

0,0862 – вероятность четырех детей

0,069 – вероятность пяти детей.

Вероятность того, что не будет рождено мальчиков, приблизительно равна 0,2 (20%). Это без учета того, что мужчина может вообще не иметь

потомства с вероятностью 0,1 (10%). Моделировать будем только 25 поколений, поскольку имеет место сильный экспоненциальный рост популяции:

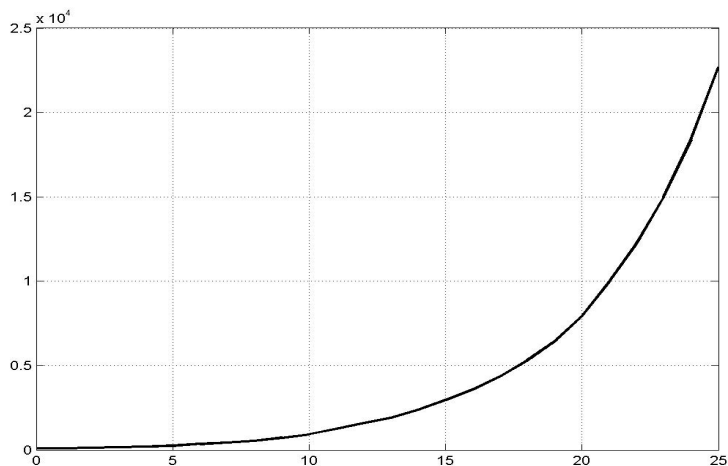


Рис.3.2.3.1. Изменение численности мужской части популяции с течением времени (за 25 поколений)

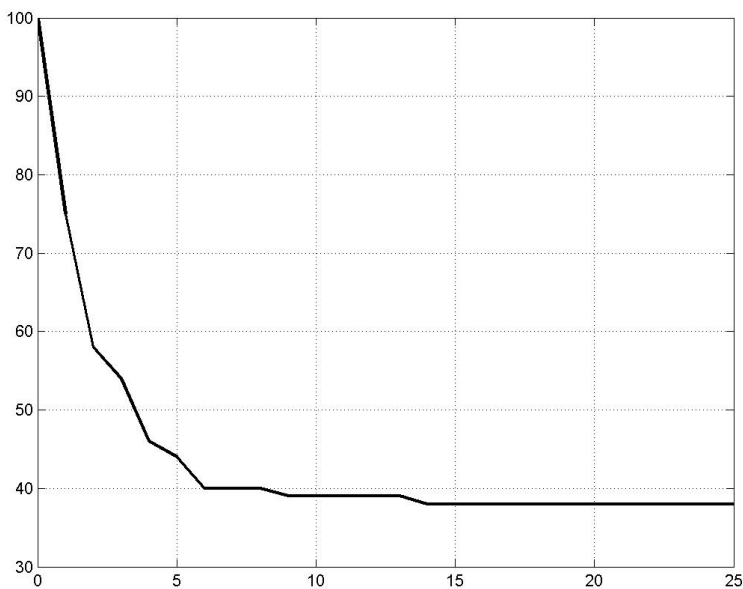


Рис.3.2.3.2. Изменение доли гаплотипов (в процентах от начального их числа) с течением времени. На 25-м поколению осталось 38 гаплотипов из 100 первоначальных, т.е., 38%.

Как следует из рис.3.2.3.2, даже при резком экспоненциальном росте объема популяции (от 100 мужчин до 25000 за 25 поколений) количество гаплотипов все равно уменьшается, правда в данном случае всего на 62%, а не в десять и более раз.

Почему все равно имеет место постепенное уменьшение количества гаплотипов? Главная и в данном случае единственная причина - это замкнутость популяции, препятствующая притоку новых гаплотипов при условии, что определенное количество мужских особей в каждом поколении не имеет сыновей вообще (причины разные - не дожитие до воспроизводства, рождение только дочерей, физиологические причины и пр.). Вероятность такого исхода задана чуть больше величины 20%. Очевидно, что чем меньше эта вероятность, тем меньше гаплотипов будет исчезать из популяции.

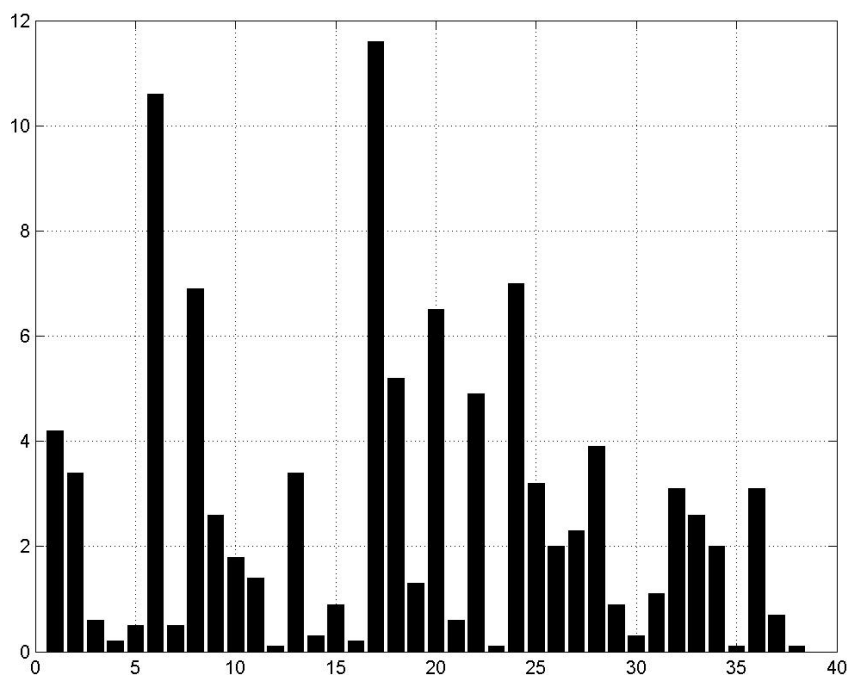


Рис.3.2.3.3. Гистограмма процентного соотношения количества мужчин в финальном 200-м поколении, имеющих один из оставшихся 23-х гаплотипов

Заметим, что даже при оставшихся 60% гаплотипов от исходного их количества наметилась пара явных фаворитов по количеству мужчин, их имеющих (рис.3.2.3.3).

3.3. Некоторые варианты сочетания количества доминантов и степени периодической гибели популяции

Вариант №1а

Главная особенность данного варианта:

- Доля доминантов в каждом поколении - 1%;
- Доля периодически погибающих особей в популяции - 45%

Очень большое периодическое сокращение популяции компенсируется высокой рождаемостью доминантов 1-го поколения и, особенно, доминантов 2-го поколения (их, естественно, много больше, чем доминантов 1-го поколения, поскольку они — потомки доминантов 1-го поколения).

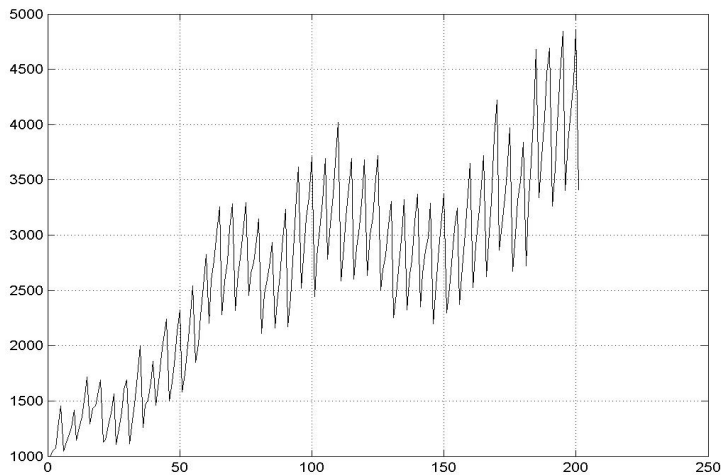


Рис.3.3.1. Изменение размера популяции с течением времени (время измеряется в поколениях)

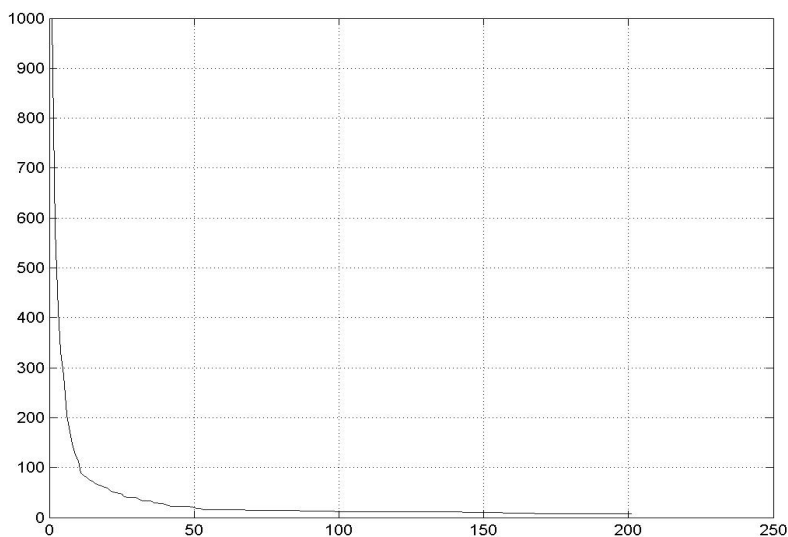


Рис. 3.3.2. Изменение общего количества гаплотипов с течением времени.

Как следует из рис.3.3.2, за 9-10 поколений количество гаплотипов уменьшилось в 10 раз.

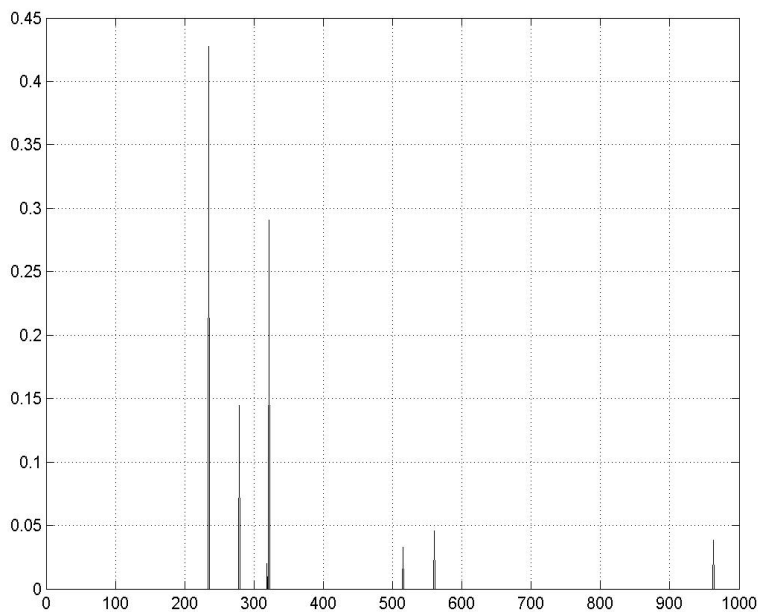


Рис. 3.3.3. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем поколении

Общее количество гаплотипов, которое осталось: 7

235 42.8% 279 14.5% 319 2.0% 322 29.1% 515 3.3% 560 4.5% 963 3.8%

Вариант №1b

Отличается от предыдущего в 5 раз меньшим количеством доминантов, но и в шесть раз меньшим процентом периодического вымирания популяции

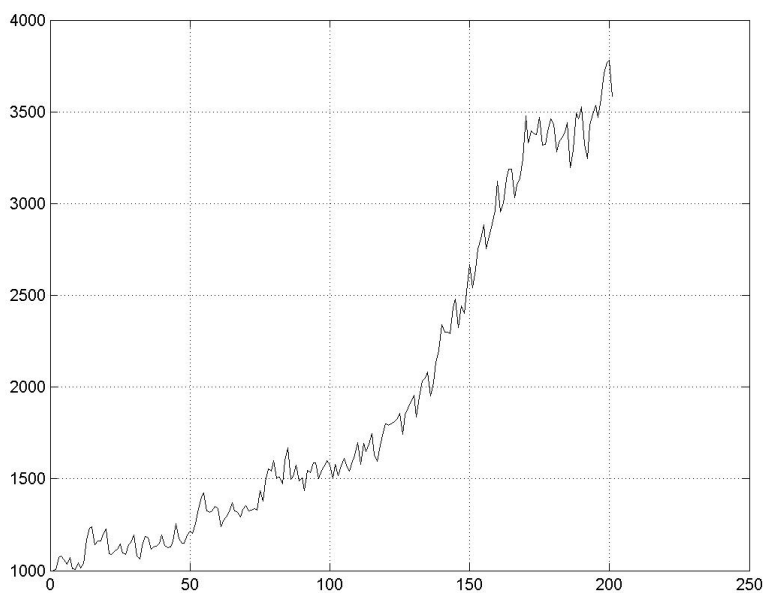


Рис.3.3.4. Изменение размера популяции с течением времени за 200 поколений

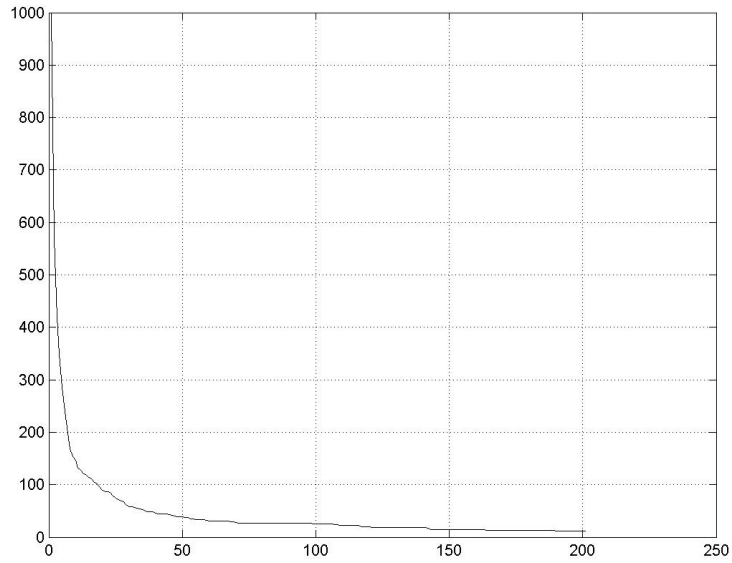


Рис. 3.3.5. Изменение общего количества гаплотипов за 200 поколений

Как следует из рис.3.3.5, за 17 поколений количество гаплотипов уменьшилось примерно в 10 раз.

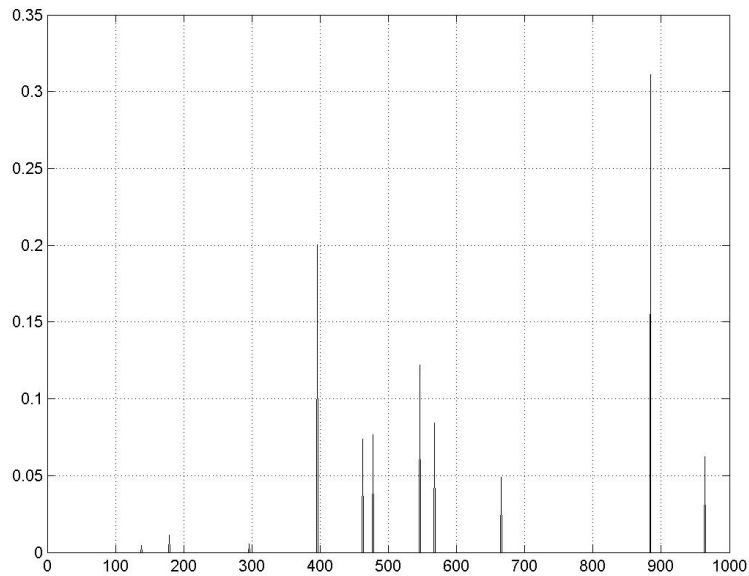


Рис. 3.3.6. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем поколении

Общее количество гаплотипов, которое осталось: 11

138	0.4%	179	1.1%	296	0.5%	396	20.1%	462	7.4%	477	7.7%
546	12.2%	568	8.4%	665	4.9%	884	31.1%	964	6.2%		

Вариант №2а

Доминанты отсутствуют, и имеет место постепенное увеличение популяции со временем. Отсутствуют также периодические плохие условия существования, сжимающие популяцию.

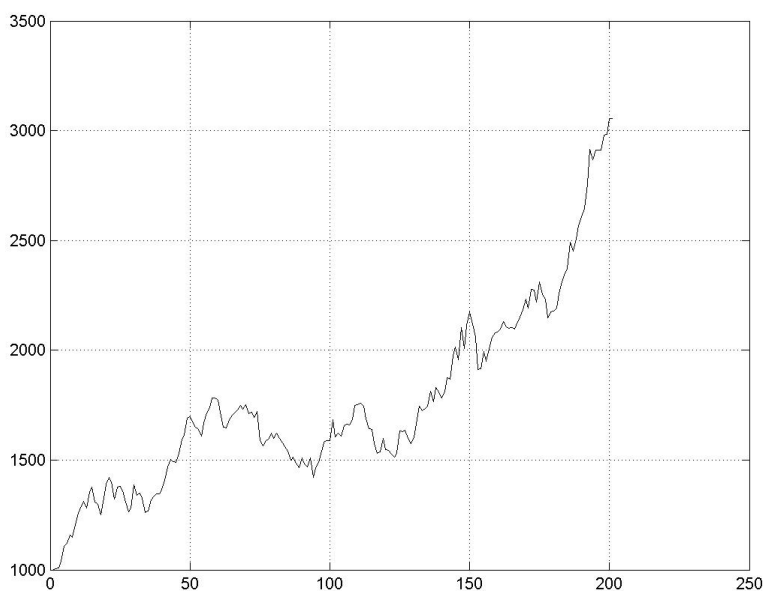


Рис.3.3.7. Изменение размера популяции с течением времени за 200 поколений

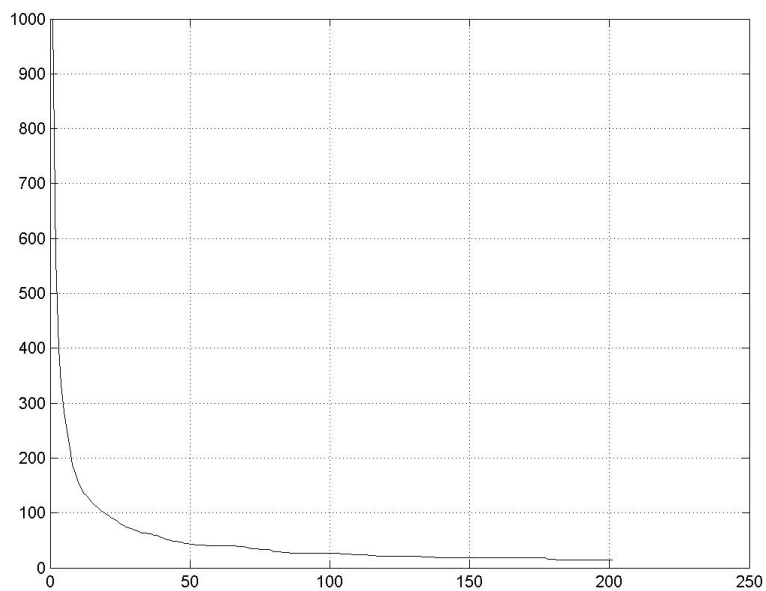


Рис. 3.3.8. Изменение общего количества гаплотипов за 200 поколений

Как следует из рис.3.3.8, за 19 поколений количество гаплотипов уменьшается примерно в 10 раз.

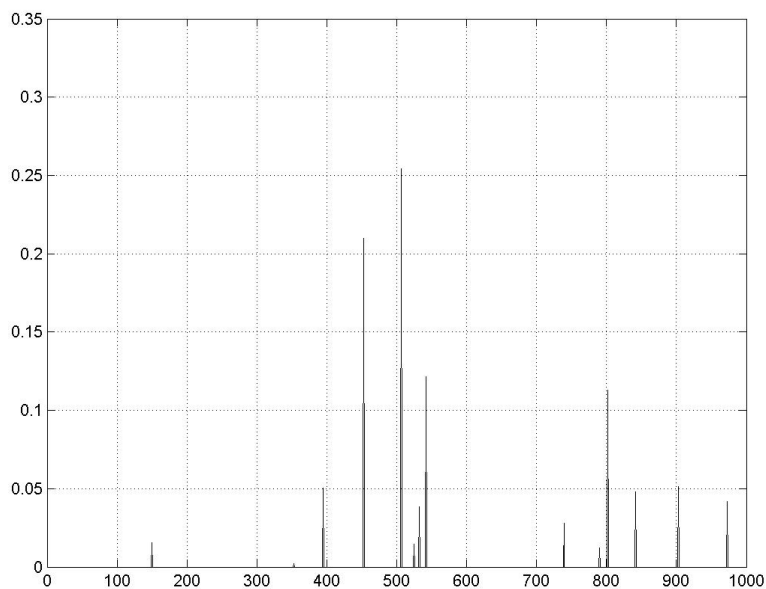


Рис. 3.3.9. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем 200-м поколении

Общее количество гаплотипов, которое осталось: 14

150	1.5%	353	0.2%	395	5.0%	453	21.0%	506	25.4%	525	1.4%	532	3.9%
542	12.1%	739	2.8%	790	1.2%	802	11.3%	842	4.8%	903	5.1%	973	4.2%

Вариант №2b

Отличается от варианта №2a только тем, что неблагоприятные периодические условия сокращают популяцию только на 2%.

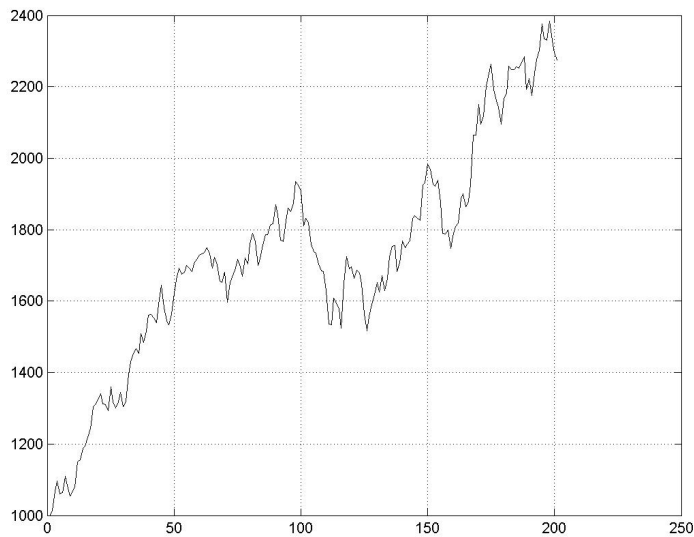


Рис.3.3.10. Изменение размера популяции за 200 поколений

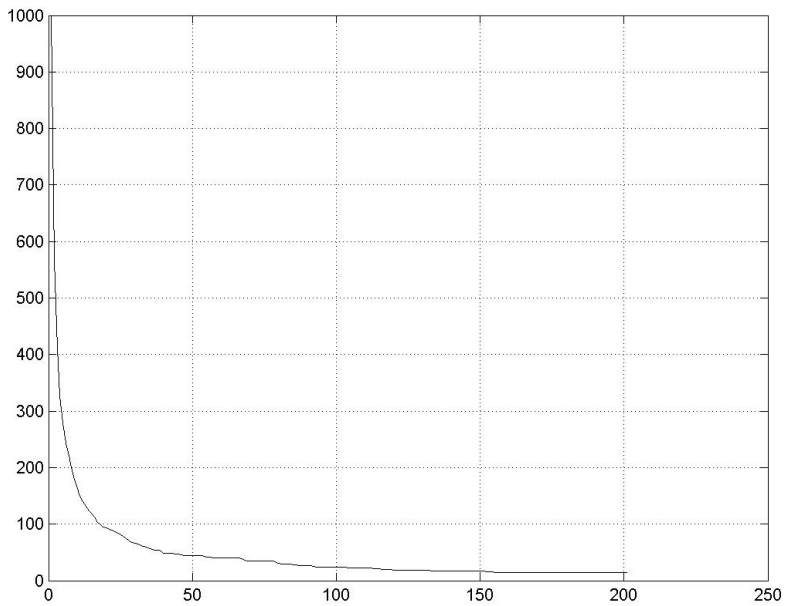


Рис. 3.3.11. Изменение общего количества гаплотипов за 200 поколений

Как следует из рис.3.3.11, количество гаплотипов уменьшается примерно в 10 раз за 17 поколений.

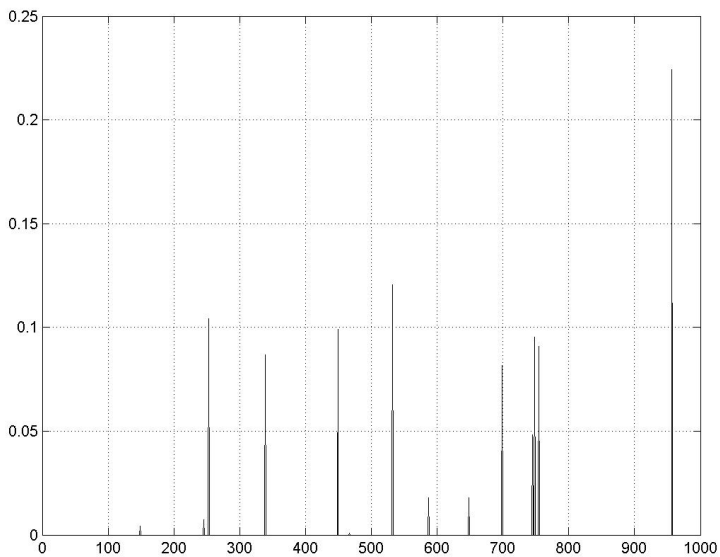


Рис. 3.3.12. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем 200-м поколении

Общее количество гаплотипов, которое осталось: 14

149	0.4%	245	0.7%	253	10.4%	339	8.7%	449	9.9%	467	0.1%	532	12.0%
587	1.8%	648	1.8%	699	8.2%	745	4.8%	748	9.5%	755	9.1%	957	22.4%

Вариант №3а

Отличается от варианта №2а только тем, что рождаемость уравнивается периодическими неблагоприятными условиями. Также отсутствуют доминанты и периодические неблагоприятные условия.

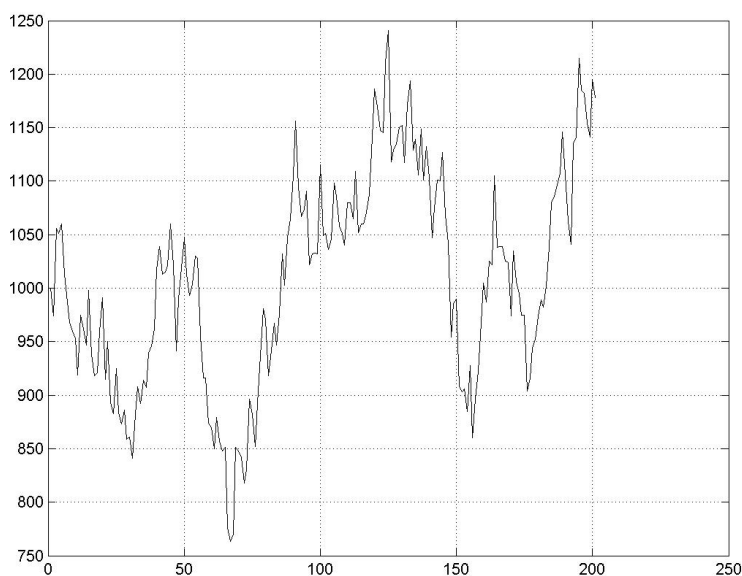


Рис.3.3.13. Изменение размера популяции с течением времени за 200 поколений

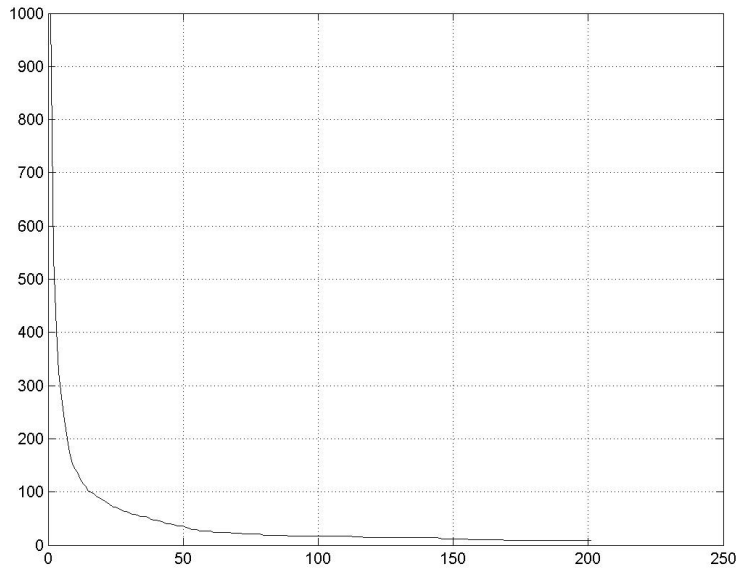


Рис. 3.3.14. Изменение общего количества гаплотипов за 200 поколений

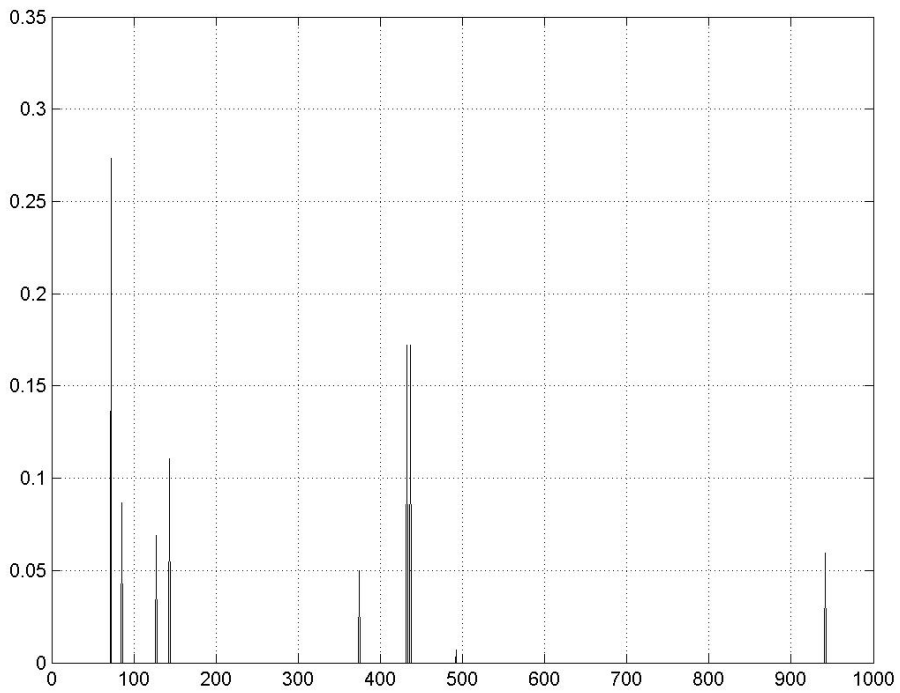


Рис. 3.3.15. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем 200-м поколении

Общее количество гаплотипов, которое осталось: 9

72	27.3%	85	8.7%	127	6.9%	143	11.0%	374	5.0%
432	17.2%	437	17.2%	492	0.7%	941	5.9%		

Вариант №3b

Отличается от предыдущего только количеством прослеженных поколений. Как видим, финальное количество гаплотипов уменьшилось практически пропорционально увеличению поколений, а концентрация (в процентах) оставшихся гаплотипов пропорционально увеличилась.

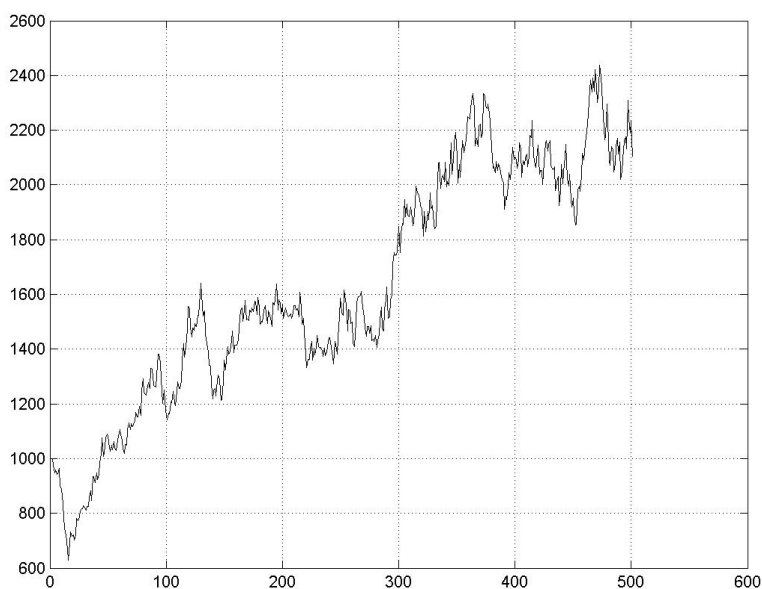


Рис.3.3.16. Изменение размера популяции с течением времени за 500 поколений

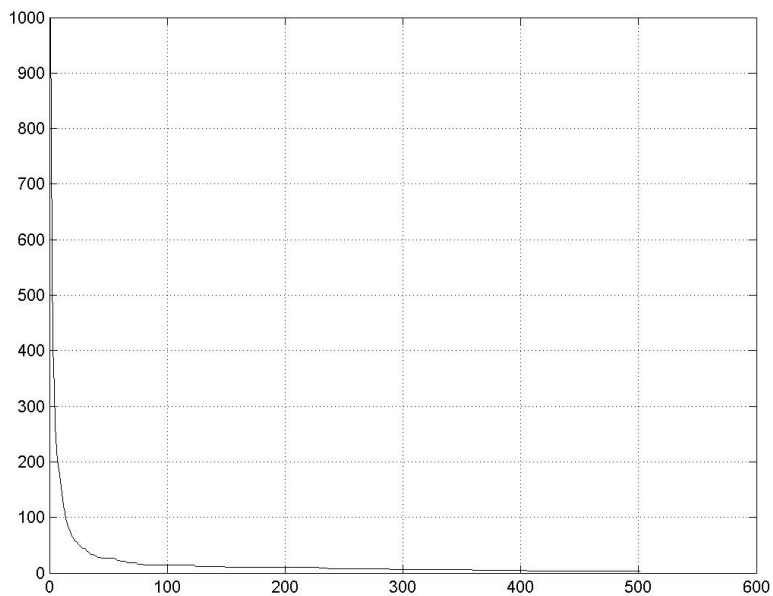


Рис. 3.3.17. Изменение общего количества гаплотипов за 500 поколений

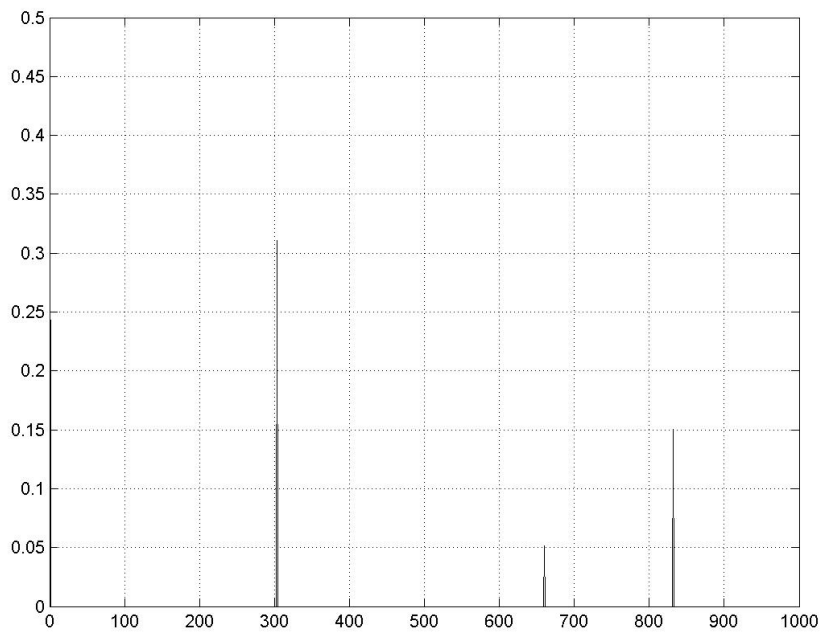


Рис. 3.3.18. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем 500-м поколении

Общее количество гаплотипов, которое осталось: 4

1 48.8% 303 31.1% 660 5.1% 832 15.0%

В обоих случаях за 13-14 поколений количество гаплотипов уменьшается в 10 раз.

3.4. Выводы по главе 3

1. Во всех случаях развития популяции имеет место довольно быстрое сокращение количества гаплотипов, близкое к экспоненциальной зависимости. Различные сочетания условий эволюции влияют только на скорость этого процесса.

2. Периодически возникающие неблагоприятные условия для выживаемости (войны, гибель урожаев и пр.) приводят к значительному ускорению убывания количества гаплотипов.

3. Наличие доминантных особей приводит к ускорению убывания количества гаплотипов недоминантных особей, а геномы доминантных особей присутствуют в геномах потомков в значительной степени. Вместе с тем, гаплотипы доминантных начальных предков не получают преимущества среди гаплотипов потомков. Гаплотипы доминантных особей уменьшают общее количество гаплотипов так же интенсивно, как различного вида неблагоприятные условия для выживания (различные «бутылочные горлышки»).

Глава 4. Влияние внешних дестабилизирующих факторов на распределение гаплотипов в популяции

В данной главе будут рассмотрены последствия некоторых факторов влияния на исходную популяцию извне, как, например, массовый приток новых гаплотипов, войны с соответствующим внедрением гаплотипов победителей, а также постепенное и длительное внедрение в исходную популяцию представителей иных этносов.

4.1. Интенсивный приток новых гаплотипов в течение всего периода развития популяции

Чтобы компенсировать постоянный приток новых гаплотипов (по 10 штук в каждое поколение, т.е., 1% от первоначальной популяции), пришлось задать очень большое периодическое сокращение популяции (почти вдвое каждые 5 поколений). Условные номера гаплотипов в начальной базовой популяции – от 1-го по 1000-й, а условные номера новых гаплотипов – от 1001-го по 2000-й.

Примерно через поколений количество гаплотипов вышло на стационарный уровень, равный 250 гаплотипов.

Очевидно, что за счет постоянного притока новых гаплотипов процентное содержание тысячи первоначальных гаплотипов постепенно сокращается, что мы и видим на финальном графике (рис.4.1.2) процентного содержания гаплотипов в популяции после 100 поколений развития. Чем моложе гаплотип (т.е., его порядковый номер более старший), тем большее его процентное содержание.

Как видим, этот вариант не соответствует ни одному реальному этносу. Следовательно, этносы практически все историческое время развивались без заметного взаимного перемешивания?

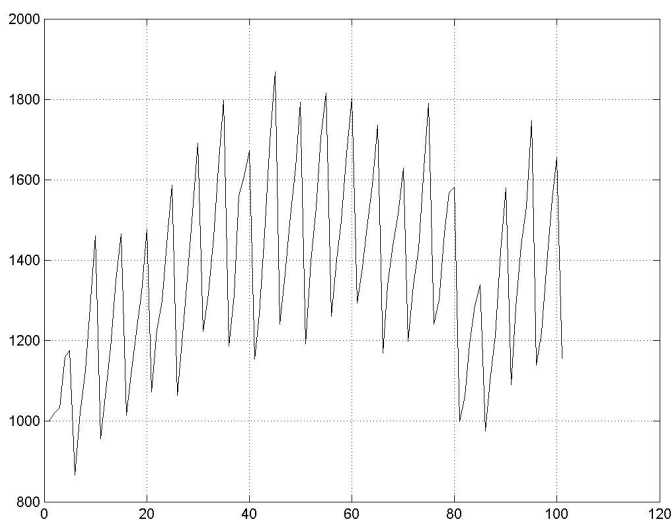


Рис.4.1.1. Изменение размера популяции за 100 поколений

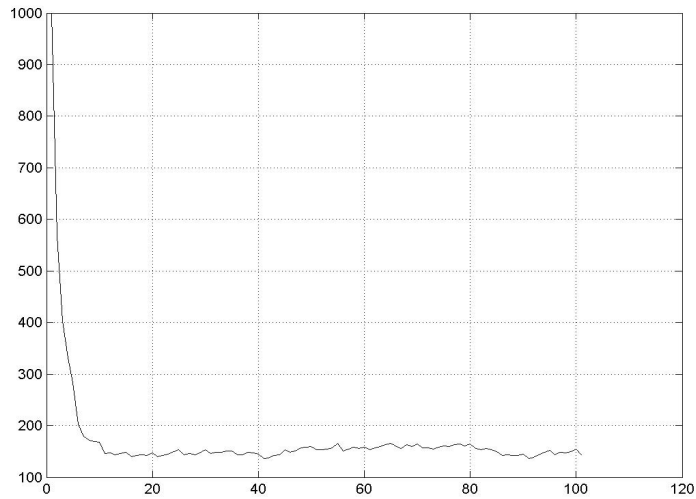


Рис. 4.1.2. Изменение общего количества гаплотипов за 100 поколений

За 9-10 поколений количество гаплотипов уменьшилось в 7 раз (примерно 150 гаплотипов) и более не уменьшалось. Установившееся значение прямо пропорционально количеству гаплотипов чужаков, которые проникают в популяцию в каждом поколении.

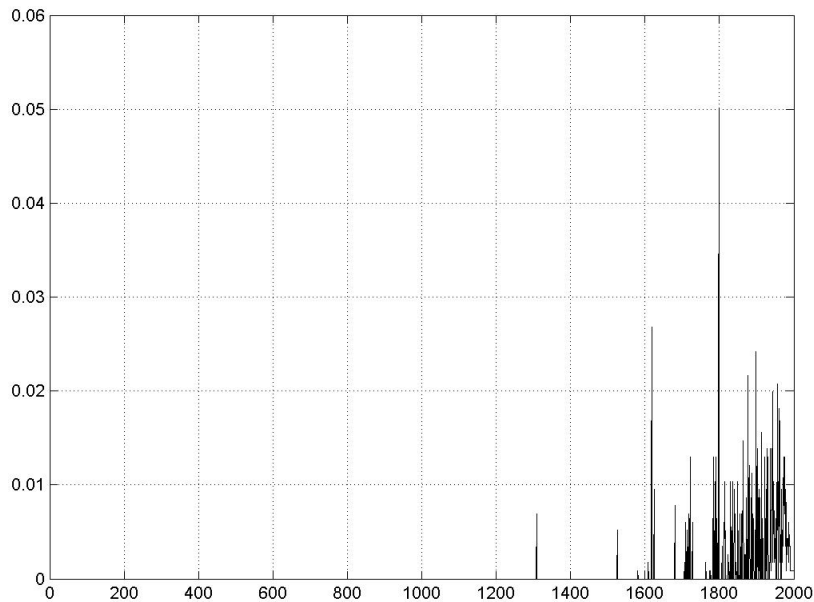


Рис. 4.1.3. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем 100-м поколении (по горизонтали отложены номера гаплотипов).

Общее количество гаплотипов, которое осталось: 144

Все гаплотипы с номером, большим чем 1300, т.е., остались не просто «пришлые» гаплотипы, но и из них первые 300 гаплотипов «не выжили». Таким образом, даже малое, но постоянно «притекающее» в популяцию количество гаплотипов чужаков постепенно приводит к полному вымиранию исходных гаплотипов популяции. Как мы видим, с точки зрения гаплотипов ВСЯ популяция стала чужой, причем, имеют место все признаки развития чужой популяции (несколько доминантных гаплотипов), как будто бы в популяции никогда и не было исходных гаплотипов. Вместе с тем, полной смены материала исходных геномов популяции на геномы пришельцев не произошло.

4.2. Влияние войны

Моделируется война на 50-м поколении, которая длится одно поколение. В результате войны популяция однократно уменьшилась вдвое.

Дополнительно внедрено 10% особей (от оставшегося размера популяции) с одним и тем же «вражеским» гаплотипом (условный номер - 1100). Условные номера гаплотипов в базовой популяции с 1-го по 1000-й.

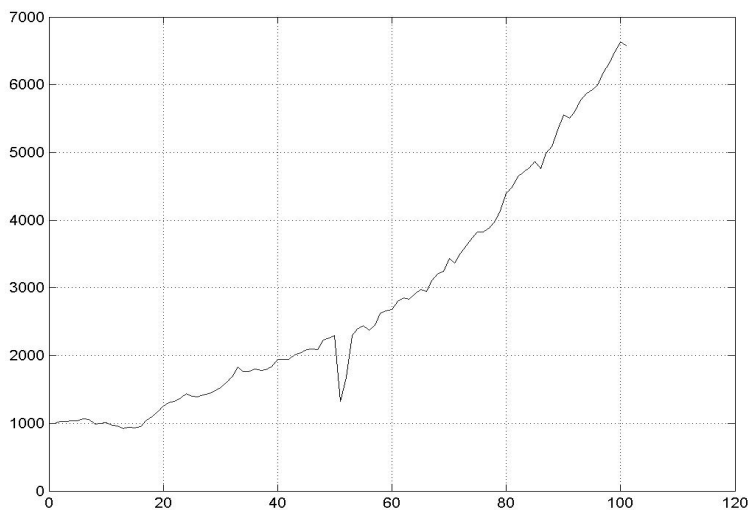


Рис.4.2.1. Изменение размера популяции за 100 поколений

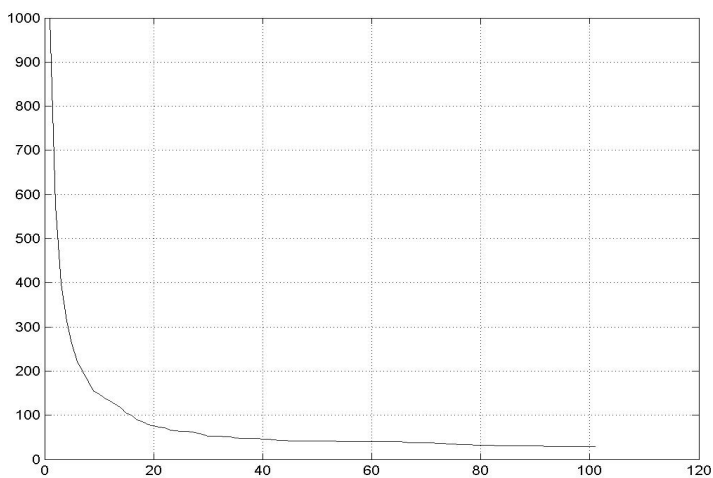


Рис. 4.4.2. Изменение общего количества гаплотипов за 100 поколений

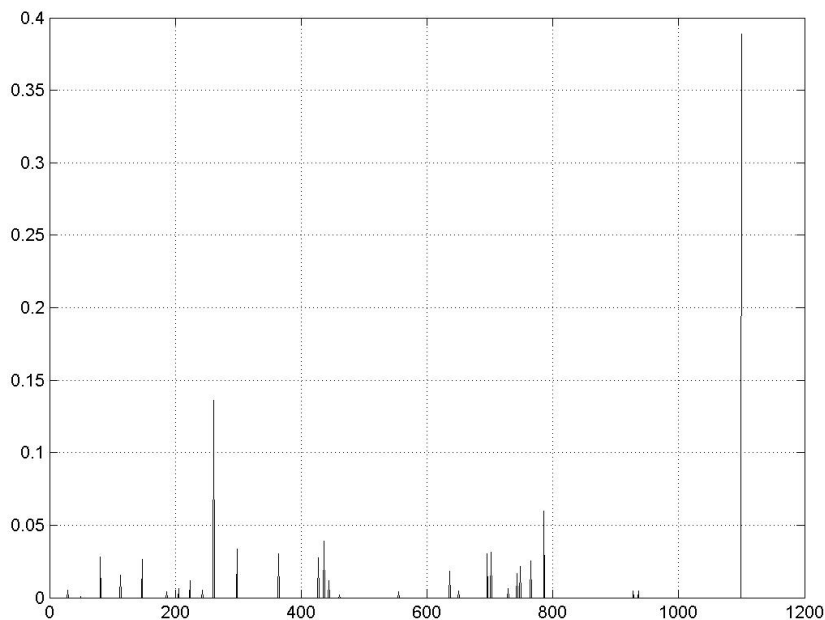


Рис. 4.2.3. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем 100-м поколении (по горизонтали отложены номера гаплотипов)

Общее количество гаплотипов, которое осталось – 29. На 50-м поколении после войны гаплотип доминанта-завоевателя (условный номер 1100) имеет уже значительная часть мужских особей популяции.

4.3. Постоянный приток из иного этноса по одному мужчине на поколение

Моделируется постоянный приток по одной особи в каждом поколении с одним и тем же чуждым гаплотипом (представители смежного этноса, с которым постоянно идет культурное взаимодействие в каждом поколении). Для удобства анализа все мужские особи смежного народа имеют гаплотип с условным номером 1100, а гаплотипы базовой популяции, как и ранее, имеют номера с 1 по 1000.

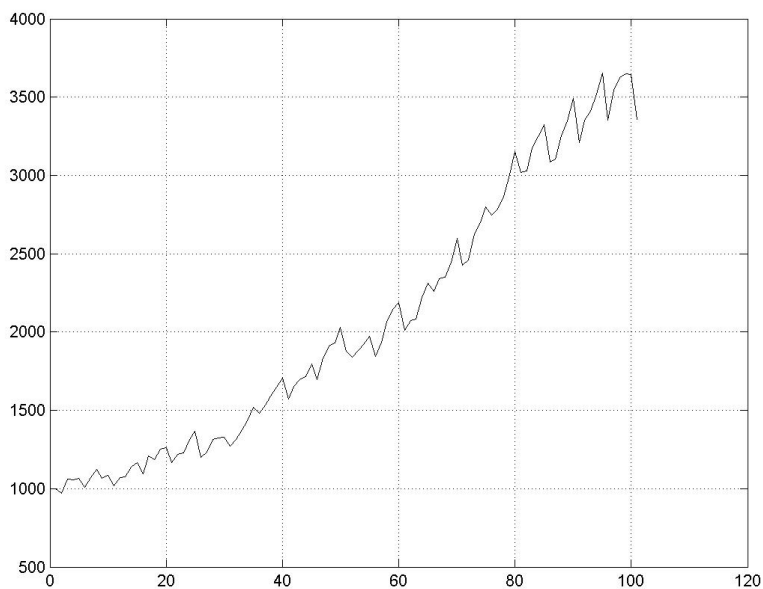


Рис.4.3.1. Изменение размера популяции за 100 поколений

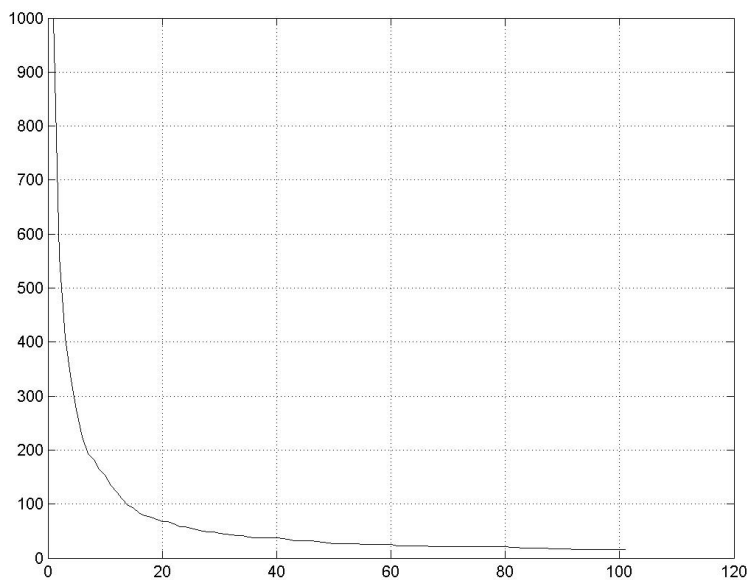


Рис. 4.3.2. Изменение общего количества гаплотипов за 100 поколений

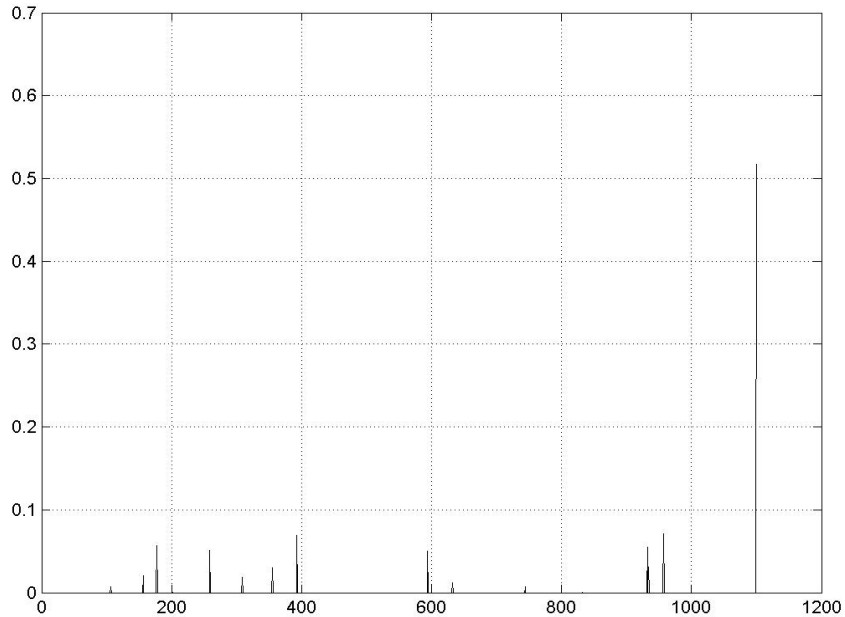


Рис. 4.3.3. Гистограмма процентного содержания гаплотипов в последнем поколении (по горизонтали отложены номера гаплотипов). Видно, что гаплотип пришельцев (с номером 1100) в конце концов становится доминантным, причем, с огромным перевесом, а все «коренные» гаплотипы (номера с 1-го по 1000-й) стали как-бы фоновыми и посторонними.

Общее количество гаплотипов, которое осталось в 100-м поколении: 16 штук.

Внедрение на каждом поколении всего лишь по одному постороннему гаплотипу с номером 1100 (0.1% от начального объема популяции) привело к тому, что через 100 поколений 50% мужчин в популяции будут его иметь, а все «коренные» гаплотипы (номера с 1-го по 1000-й) стали как бы фоновыми и посторонними. Интересно, что в начале одна добавочная особь на поколение составляла 0.1% от текущего объема популяции, то в конце - уже меньше 0.03% (поскольку имеет место общий рост популяции, а добавляется все равно одна особь в каждом поколении).

Сравнение результатов моделирования, представленных в п.4.3, показывает, что такое постепенное проникновение с точки зрения распределения гаплотипов равносильно проигранной войне (п.4.2).

4.4. Выводы по главе 4

1. Однократно внедренный гаплотип победителей в результате войны (вариант параграфа 4.2), вначале составляющий всего 10%, через 50 поколений встречается в почти 40% популяции. Процентное соотношение гаплотипов в популяции не отражает истинной доли генофонда победителей. Более того, если они совпадают в начальный момент, то с течением времени доли гаплотипа и генофонда победителей в популяции расходятся все дальше. Следует также заметить, что, например, современное процентное содержание «монгольских» гаплотипов у казахов – результат значительно меньшего межэтнического воздействия, чем это моделировалось в варианте параграфа 4.2 (победоносная война с 50% уменьшением побежденного населения и внедрением гаплотипов победителей).

2. Внедрение на каждом поколении всего лишь одного постороннего гаплотипа (0.1% от первоначального объема популяции) привело к тому, что через 100 поколений 50% мужчин в популяции будут его иметь (вариант в параграфе 4.3). Постоянное проникновение пусть даже малого этноса в базовый постепенно приводит к доминированию постороннего гаплотипа.

Заключения

1. Во всех вариантах развития изолированной популяции имеет место экспоненциальное уменьшение количества гаплотипов с течением времени, причем, практически не зависящее от скорости изменения численности популяции от поколения к поколению. Таким образом, ранее принятое мнение, что «бутылочное горлышко» неблагоприятных для выживания условий является основной причиной резкого снижения количества гаплотипов, требует значительной коррекции. «Бутылочное горлышко» представляет собой лишь дополнительный фактор, влияющий на скорость убывания количества гаплотипов. Но даже в отсутствии неблагоприятных условий и сильном росте популяции имеет место монотонное и экспоненциальное уменьшение количества гаплотипов. Главная причина – отсутствие рождения мальчиков у части мужских особей в замкнутой популяции (не дожил до половой зрелости,

рождаются только девочки, не может иметь потомства по физиологическим причинам и пр.).

2. Однократно внедренный гаплотип победителей в результате войны (вариант параграфа 4.2), вначале составляющий всего 10%, через 50 поколений встречается в почти 40% популяции. Процентное соотношение гаплотипов в популяции не отражает истинной доли генофонда победителей. Более того, если они совпадают в начальный момент, то с течением времени доли гаплотипа и генофонда победителей в популяции расходятся все дальше. Следует также заметить, что, например, современное процентное содержание «монгольских» гаплотипов у казахов — результат значительно меньшего межэтнического воздействия, чем это моделировалось в варианте параграфа 4.2 (победоносная война с 50% уменьшением побежденного населения и внедрением гаплотипов победителей).

3. Внедрение на каждом поколении всего лишь одного постороннего гаплотипа (0.1% от первоначального объема популяции) привело к тому, что через 100 поколений 50% мужчин в популяции будут его иметь (вариант в параграфе 4.3). Постоянное проникновение пусть даже малого этноса в базовый постепенно приводит к доминированию постороннего гаплотипа.

4. К 100-му поколению из изначально двухэтнической популяции получается абсолютно однородная в генетическом смысле масса (некий новый весьма однородный этнос), гаплотипы в котором также остались двух типов, причем, примерно в равных (исходных) долях. Наложение ограничений на межэтнические браки вплоть до соотношения 1:7 по сравнению с «чистыми» браками замедляет процесс перемешивания геномов примерно вдвое. Но даже в этом случае достаточно высокая степень генной однородности была получена уже через 10 поколений (всего за 200 лет, если считать, что смена поколений происходит примерно через 20 лет, или за 250 лет, если считать по 25 лет за поколение). Именно такая картина имеет место и для центрально-европейской части России, где группы населения с субкладами R1a1 и N3a1 (а также объединение R1a1 и N1c1) давно образовали неразъединимые субэтносы, а гаплотипы двух типов «случайным» образом рассыпаны по мужской части популяции. Степень родства по гаплотипам в этом случае носит в значительной степени субъективный характер, поскольку гаплотипы обоих типов у мужчин будут

практически случайным образом распределены по особям, что создает лишь впечатление наличия в популяции двух этнических составляющих, значительно отличающихся генетически. Тем не менее, значение гаплотипов в решении исторических (и, в частности, в генеалогических) проблем миграций народов, уточнения датировок событий и пр. уникально по своим возможностям.

5. Высокая схожесть (даже, однородность) геномов отдельных особей в популяции, развивающейся достаточное количество поколений (более 15), гарантирует сохранение одного и того же набора генов даже в случае гибели всех членов популяции кроме одного. Таким образом, генный набор особей человеческого рода, как уже доказано ДНК-генеалогией, от единственного самца и единственной самки не зависит от того, какая именно самка и какой именно самец выжили и дали начало человечеству. Одним словом, имеет место высочайшая устойчивость генного набора к неблагоприятным условиям за счет дублирования его во всех особях.

6. Геномы начальных предков с течением равномерно практически равномерно представлены в геномах членов популяции, причем, и процесс этот в основном завершается уже к 25-му поколению, но доля «представительства» выше на порядки для предков-фаворитов и случайных счастливиц (этих неизмеримо меньше, чем «законных» фаворитов).

Некоторые дополнительные соображения

Возможно, следствием убывания количества «базовых» гаплотипов в изолированной популяции можно считать явление аномально высокого процента гаплотипов, принадлежащих одной гаплогруппе (до 80% и более) у народов-изолятов, например, у сванов, дигорцев, басков, якутов и пр. Возраст первопредка у таких совокупностей гаплотипов должен соответствовать как раз времени начала самоизоляции. В этом случае находят объяснение следующие проблемы:

Проблема древности этноса сванов и молодости их гаплотипов

Время, вычисленное до их первопредка составляет всего 800 лет (по А.Клесову), что явно не соответствует ни древности этого этноса, и древности их гаплогруппы. Данное несоответствие разрешается тем, что возраст первопредка — это время ухода предков сванов в мало доступные районы Кавказа в состояние самоизоляции.

Проблема древности басков и относительной молодости их гаплотипов

Находит также объяснение и несоответствие относительно «молодых» гаплотипов у басков (R1b) и преемственности фенотипа басков с фенотипом найденных в этих местах захоронений древнейших времен. По-видимому, завоеватели кельты «внедрили» свои гаплотипы, но мало повлияли на генофонд коренного населения, который обладает высокой степенью инерционности. Частичная изоляция басков с течением времени привела и к доминированию гаплогруппы R1b. Если время первопредка басков совпадает с временем первопредка, например, на территории Франции, то значит, что гаплотипы были «внедрены» к баскам массово, и это время определить не удастся. Если имеется значительное расхождение в пользу более молодого возраста совокупности гаплотипов у басков, следовательно, возраст первопредка басков соответствует времени завоевания басков кельтами.

Вместе с тем, время широкого распространения R1b по Европе должно быть моложе времени первопредка R1b на 2 — 4 тыс. лет.

Проблема моногаплотипности якутов

Такую же картину «моногаплотипности» наблюдаем и у якутов (субклад N1c1 составляет более 80% от всех гаплотипов). Имеются данные о том, что предки якутов бежали из Забайкалья на север (фактически, в изоляцию) уже в историческое время. Таким образом, время первопредка не должно сильно отличаться от момента бегства предков якутов (саха).

Проблема несоответствия времени первопредка и появления на исторической сцене народа с массовым наличием гаплотипа данного первопредка у современников

Доминирование двух-трех гаплотипов в популяции соответствует результатам моделирования, которые получаются на временном отрезке в 100-200 поколений, прошедших от первопредка. Таким образом, выход на историческую сцену народов с каким-либо преобладающим гаплотипом происходит на 100-200 поколений после первопредка, т.е., примерно через 2–4 тыс. лет. Эту поправку в отдельных случаях необходимо вносить, причем, это более касается крупных популяций, широко мигрирующих в условиях интенсивных межэтнических контактов. Напротив, для народов, живших отдельные периоды своей истории в изоляции, такие поправки, как показано выше, некорректны. Одним словом, может возникнуть дополнительная и весьма значительная неопределенность в трактовке датировок ряда исторических событий у древних народов.

Например, есть основания полагать, что арии субклада R1a1 были уже в значительной степени представлены в популяции, завоевавшей Северную Индию (косвенно это подтверждается сильной близостью индийских и российских гаплотипов субклада R1a1, а также практическим отсутствием в Индии R1, R1b и P). Следовательно, завоевание произошло не ранее, чем через 2 тыс. лет после появления первопредка субклада R1a1.

Высокая одинаковость геномов особей популяции и различие фенотипов

На рис. 1.2.21 было приведено распределение (в процентах) генома 1-го и 2-го типа (от начальных предков) по части популяции (с 300-го по 400-го мужчину) на 25-м поколении при соотношении «чистых» и межэтнических браков 7:1 (т.е., всего один брак из восьми - межэтнический). Как видим, достигнуто достаточно хорошее перемешивание геномов, поскольку отклонения в индивидуальных геномах, например, по составляющей генома №2 составляют 22-+1, т.е., всего -+ 4,5%.

Почему, спрашивается, при таком быстром перемешивании генов у представителей давно сложившихся крупных народов все-таки наблюдаются региональные различия в фенотипе? Нужно учитывать, что наряду с «перемешиванием» генов имеет место и процесс закрепления определенных полезных признаков (мутаций), обусловленных как внешней средой, так и способом хозяйствования и, и, как следствие, особенностями питания. Быстрое «перемешивание» в этом случае делает процесс размножения полезных признаков довольно быстрым. Можно сказать, что нивелировка геномов путем «перемешивания» всегда немного «не успевает» за изменчивостью человеческого вида.

Более жизнестойки те потомки, которые обладают полезными для выживания свойствами. Для нас неважно, у представителя какого именно этноса эти полезные признаки появляются в процессе мутаций.

Требуется исследования вопрос, а насколько этносы перемешиваются в процессе совместного проживания? Трудность количественных оценок в процессе моделирования возникнет, в частности, из-за расплывчатости понятия различия фенотипа и соответствующего ему количественного различия в наборе генов. Думается, получить необходимые данные, хотя бы в грубом приближении можно у этнологов.

Вопрос: а что быстрее, перемешивание генов в межэтническом взаимодействии или перемешивание культур?

Наверное, наиболее распространенный способ геномного перемешивания — женитьба на иноплеменницах и привод ее к себе домой. Таким образом, гаплотип остается «дома», а новый генный набор приходит.

С женой-инородкой приходит и культура: мать ребенку колыбельные поет на своем языке, рассказывает свои сказки, учит своим обычаям, т.е., именно женщины прививают культуру. Мужчины же в основном перенимают элементы культуры, связанные с новыми технологиями ведения хозяйства и войны.

Проблема выявления различных гаплогрупп у потомков Рюрика

Анализ гаплотипов прямых потомков Рюрика показал, что вместо принадлежности одной какого-нибудь гаплогруппе, которую можно было бы таким образом идентифицировать как гаплогруппу Рюрика, гаплотипы принадлежат к разным гаплогруппам, причем, именно к тем, к которым принадлежит и общая масса населения Восточной части России, вплоть до Урала. Получается, что княжеские рода, правившие в Древней Руси, являются выходцами из местных племен, но никак не пришельцами? Но, в силу большой мобильности гаплотипов, вполне возможно, что тот же Рюрик был потомком более древнего единого для части скандинавов и славян предка. Тем не менее, и эта версия не снимает проблемы отсутствия единства гаплогруппы у потомков Рюрика. Отметая домыслы о возможных супружеских изменах жен князей с местными неславянскими мужчинами, следует найти иное логичное объяснение этому факту.

Итак, подчеркнем еще раз, что гаплотипы Рюриковичей, кроме субклада R1a принадлежат еще и тем же субкладам гаплогруппы N, представители которых населяли обширные территории европейской части России, т.е., именно те территории, на которые постепенно проникали славяне с юга.

Славяне двигались на север отдельными родовыми высылками, т.е., расселяясь, а не переселяясь всеми родами. И скорее всего, в такие периоды были малочисленней местного населения. Их преимущество могло быть только в более передовых технических и военных навыках. Возможно, что из-за некоторого различия в способах хозяйствования славяне занимали территории, более удобные для сельского хозяйства, оставляя местному населению основную часть охотничьих угодий, при этом отнюдь не уничтожая местных (именно такое взаимодействие наблюдалось, например, при заселении русскими долин реки Лены). Различие укладов влекло за собой взаимовыгодный обмен и, как следствие, возникновение более тесных связей обеих родов, но уже на уровне родства.

Обычная практика «подписания» мирного договора или военного союза — женитьба мужчин-доминантов одного пришлого рода на женщинах местного рода. Далее, сын от такого брака в местном роде мог в силу таланта возглавить оба рода против третьей враждебной стороны. Ну, а

далее возможно множество вариантов, каким образом гаплотип этого представителя местного рода «проник» в пришлый род.

Не стоит сбрасывать со счетов и варианты, когда пришлый род, точнее, отдельный выселок рода входил в местный род на правах младшего партнера, а через пару-тройку поколений полностью инкорпорировался в него. Заметим, что такую инкорпорацию могли претерпевать и в славянской массе выселки отдельных финно-угорских родов, например, остатки бывшего союзного рода после неудачной войны с внешним для обеих родов врагом. Именно такие варианты постоянного возникновения новых племен из осколков старых имели место на протяжении тысяч лет среди кочевых племен от Волги до Тихого океана. Практически во всех племенах есть роды, наименования которых соответствуют племенам, которые были известны ранее.

Также практиковалось включение в род отдельных иноплеменников через обряд инициации, которые в силу обстоятельств или нужны были в этот момент роду, или заслужили эту привилегию какими-либо действиями. В силу их «особости» они или сами могли стать доминантами, или их сыновья.

Еще быстрее перемешивание гаплотипов могло происходить в родовых общинах с пережитками матриархата. Женщины-доминанты могли брать в мужья лучших представителей мужского пола из соседних иноплеменных родов, например, по причине заключения мира. В этом случае гаплотипы из группы N могли попасть в популяцию R1a и «закрепились» путем рождения детей. Известно, что имело место более сильное влияние матриархата у менее развитых племен европейского севера России по сравнению с пришлыми славянами.

Иной вариант — заключение союза между родом R1a и родом N, при котором вождь из рода R1a (для краткости, R1a-вождь) берет себе в жены инородку, а N-вождь берет себе также инородку, но из рода R1a, например, сестру или дочь R1a-вождя. Тем самым устанавливается тесное кровное родство между N и R1a. Через несколько поколений такие соседние общины изначально разного этнического состава превращались уже в единый более многочисленный род, в котором мужчины несли в себе как гаплогруппу R1a1, так и гаплогруппу N. Если учесть также, что на ранней стадии развития родовых обществ ни о каком закреплении функций вождя за прямыми мужскими потомками речи не шло (более

того, старшинство вообще считалось иначе, например, по лествичной системе и т.д.), то закрепление доминантного положения, скажем, в роде R1a впоследствии вполне могло быть за дальним потомком рода N.

В заключение можно сделать вывод, что версия о местном славяно-финно-угорском происхождении княжеских фамилий Древней Руси имеет право на существование, а происхождение от единого предка (неважно, легендарного или нет), скорее всего, было заявлено вождями какого-то одного славянского племени, а в дальнейшем было подхвачено и в остальных племенах (благо, письменных доказательств родства тогда и не имели), при этом реальная система подчиненности, наверное, решалась путем определенных «джентельменских» соглашений.

Литература

1. Рулан Н. *Юридическая антропология. Учебник для ВУЗов.* Под ред. профессора РАН, Нерсеянца В.С., Изд-во НОРМА, Москва, 2000

ДИСКУССИИ

ДНК-генеалогия и «Велесова книга»

С июля 2007 года по июнь 2008 на сайте ДНК-генеалогии («DNAtree») шла дискуссия под названием «Сверим славянские первоисточники с R1a»

<http://www.dnatree.ru/index.php?name=Forums&file=viewtopic&t=298&postdays=0&postorder=asc&start=0>

и продолжена на сайте <http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?act=idx>
<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showtopic=273&pid=15375&st=120&#entry15375>

Сама дискуссия заняла не менее тысячи страниц текста, и ее нет смысла помещать здесь полностью или даже в сокращении.

Обсуждение «Велесовой книги» проходило на том же сайте, в разделе «Творогов и 'Влесова книга'»

<http://www.dnatree.ru/index.php?name=Forums&file=viewtopic&t=518>

Естественно, дискуссия довольно быстро съехала к вопросу о достоверности «Велесовой книги», вопросу совершенно непродуктивному в формате форума о ДНК-генеалогии. Дело в том, что вопрос этот не решен специалистами, в частности, лингвистами, как бы представители академической школы не напирали на то, что вопрос решен. Он не решен. Желаящие могут познакомиться с несколькими работами, и сами придти к такому же выводу. Это – работы, например, Л.П. Жуковской «Поддельная докириллическая рукопись: (К вопросу о методе определения подделок), Вопросы языкознания. 1960. № 2. С. 142 – 144; О.В. Творогова «К спорам о «ВЕЛЕСОВОЙ КНИГЕ». Что думают ученые о "Велесовой книге". СПб.: Наука, 2004, с 6-29, и В. И. Буганов, Л. П. Жуковская, Б. А. Рыбаков «Мнимая «древнейшая летопись. Что думают ученые о "Велесовой книге". СПб.: Наука, 2004, с 39-46.

http://ec-dejavu.ru/v/Veles_book.html

<http://www.russiancity.ru/books/b48.htm>

С другой стороны, им профессионально возражает А. А. Тюняев <http://h.ua/story/53019/>

Вот – его заключения (в сокращении):

1. ... обстановка в России, предшествовавшая началу публикаций Велесовой книги... Учёные-слависты были физически истреблены. Наука в этих вопросах не была сформирована и никакими методами для изучения древних русских письменных источников не обладала. Шёл начальный сбор данных, их предварительное изучение и пробное обобщение. Специалистов в вопросе русской письменной традиции в России не существовало.

2. Л.П. Жуковская не являлась специалистом по древним русским текстам. Более того, она их никогда даже не видела, потому что само существование их отрицается академической наукой. Жуковская «занималась палеографией и исторической фонетикой» церковных книг 11 – 15 веков, написанных на греко-кавказоидно-семитском языке – церковнославянском.

3. Л.П. Жуковская не в полной мере владела предметом своих исследований: не могла точно определить принадлежность текста тому или иному языку, не являлась специалистом в датировке письмен, не была знакома с важными историческими данными. Её коллеги свидетельствовали о многочисленных допущенных ей ошибках такого плана даже в сфере её интересов – в церковной литературе.

4. Велесову книгу Л.П. Жуковская многократно и уверенно называет памятником. Некоторые, высказанные ей сомнения, сделаны, очевидно, лишь в угоду заказчикам этого «письма в редакцию» и на существо проведенных ей исследований, полностью положительных для Велесовой книги, не влияют. К таким ненаучным возгласам, в частности, относятся слова Л.П. Жуковской «совершенно недопустимо», которые она высказала относительно вида памятника – фотографии. Жуковская, конечно же, знала, что фотографии, прорисовки, списки, перерисовки, оттиски, копии и т.п. являются обычными источниками для научного изучения.

5. О графике Велесовой книги Л.П. Жуковская заключает: «За древность говорит так называемое «подвешенное» письмо, при котором буквы как бы подвешиваются к линии строки. Для кириллицы эта черта неспецифична». Поэтому Велесова книга написана не кириллицей, а всего лишь «алфавитом, близким к кириллице», при этом, «в графике имеются свойственные кириллице

буквы, некоторые особенности кириллицы». «В тексте сравнительно хорошо выдержана сигнальная линия, проходящая у всех знаков по середине их высоты, что является свидетельством в пользу наибольшей возможной древности памятника». Суммарно – Велесова книга «приближается к другим древним алфавитам».

6. О палеографии Велесовой книги Л.П. Жуковская заключает: «При палеографическом анализе рассматриваемого памятника, который объявляется древнейшим, исследователь не может опираться на твёрдые данные палеографии». Данные палеографии «не свидетельствуют прямо о подделке».

7. В пользу докириллической древности памятника Л.П. Жуковская заключает: Велесова книга «не является более поздним памятником, написанным после распространения кириллицы у славян. Анализ графики и палеографии показал, что её следует датировать периодом до того времени, когда основным алфавитом у славян стала кириллица, т.е. периодом до 10 в.».

8. Л.П. Жуковская установила подлинность, время и вид письма памятника. Поэтому анализ орфографии и языка она провести не могла, поскольку не имела ни сопоставимого материала, ни вообще каких-либо данных о докириллическом письме у русских (это официальная позиция академической науки). Следовательно, проведённый всё-таки Жуковской анализ полностью неверен и не имеет под собой никакого научного основания: «Нет полной уверенности в правильном прочтении текста, многие места которого совершенно непонятны и не могут быть интерпретированы даже с натяжками, как это было допущено выше».

9. О «носовых гласных и особых фонемах е, ъ, ь», отсутствовавших в русском языке писателя Велесовой книги дохристианского этапа, Л.П. Жуковская заключает: «Он вообще не имел их в своей речи». Что является свидетельством в пользу подлинности Велесовой книги, поскольку носовые гласные и указанные фонемы появились только в церковнославянском – греко-семитском – языке.

10. Л.П. Жуковская сделала важное открытие: «Орфография «дощечки»..., для неё характерен пропуск букв, обозначающих гласные звуки вообще». Что прямо указывает о сохранившейся консонантности языка Велесовой книги, то есть о более древнем виде письма, нежели алфавитном.

Суммарный вывод. Можно с уверенностью сказать, что рассмотренная нами работа Л.П. Жуковской является первым отечественным исследованием

Велесовой книги как единственного ПАМЯТНИКА древнерусской (доцерковнославянской) литературы.

Л.П. Жуковская датировала памятник 9-м веком и установила вид письма – древнерусское докириллическое, сохранившее черты консонантизма, не содержащее греко-семитских фонем, явившееся прототипом для возникновения на его основе алфавитного письма (неправильно теперь именуемого кириллическим).

Язык памятника определён – догрекосемитский доцерковнославянский – русский.

Можно соглашаться с критиком или нет, но несогласия мало. Специалисты должны ответить на все вопросы, поднятые в статье А.А. Тюняева. Такого ответа в литературе, похоже, нет.

Со своей стороны, совершенно не желая принимать участие в дискуссии о достоверности или нет «Велесовой книги», я просто отмечу пассаж в работе О.В. Творогова, процитировав фрагмент из дискуссии на форуме.

А.А.Клёсов: Меня, честно говоря, текст О. Творогова и выводы из него вовсе не являются истиной в конечной инстанции. Его соображения, безусловно, важны в контексте размышлений и изучения материала. Но для меня, например, следующий пассаж в значительной степени перечеркивает ценность его рассуждений:

»...историографические представления, изложенные в ВК, самым решительным образом сталкиваются со всей суммой знаний, добытых совместными усилиями археологов, лингвистов, этнографов и историков, опирающихся на многочисленные факты и источники, положенных в основу современных представлений о происхождении славян. ... Они пишут: «Оригинальна версия о степном центрально-азиатском происхождении наших предков. В трудах недавно умершего Г. Вернадского и других историков-"евразийцев" допускается эта возможность». Перед нами иллюзия научного обоснования историографической: концепции ВК, рассчитанная на то, что широкому читателю неизвестно крайне негативное отношение советской науки к концепции «евразийцев», выдвинутой в 20-30-х гг. нашего века и в настоящее время не имеющей последователей.»

Как мы теперь знаем, последний пассаж О. Творогова не выдержал

проверки временем, и концепция происхождения славян (восточных славян, составляющих не менее половины русских, а местами и до трех четвертей) как евразийцев находит свое серьезное подтверждение в ДНК-генеалогии.

Распинаать О. Творогова не стоит - его критика соответствовала тому времени. Сейчас добавился новый массив данных, по гаплогруппам-гаплогруппам, который дает нам новое измерение в исторической науке. И вот под этим углом и стоит рассмотреть Велесову книгу (мне больше нравится Велесова, чем Влесова). Что мы здесь и делаем.

Кстати, я читал анализ ВК Жуковской, и он не был столь категоричным, как О. Творогов описывает. Точнее, это был сначала детальный анализ "подвешенного теста" с неоднозначными выводами, и вдруг в конце вывод - "подделка", совершенно противоречащий по категоричности предыдущим неоднозначным выводам. Это производило странное впечатление.

Из анализа О. Творогова следует еще один важный вывод, который мы и так знаем в результате всей нашей здесь деятельности здесь - что аргумент "добытых совместными усилиями археологов, лингвистов, этнографов и историков, опирающихся на многочисленные факты и источники, знаний, положенных в основу современных представлений о происхождении славян" является на самом деле **ОЧЕНЬ** слабым. Эти представления крайне запутаны, противоречивы, а многие вообще неверны. Что-то, конечно, в этом контексте разумно, но смутно понятно, что именно.

Над этим и работаем.

Именно поэтому нам как отдельную тему стоит рассматривать "Велесову книгу", но очень важно выделить из нее по несколько строк, которые противоречат современной исторической науке, но **ПОДТВЕРЖДАЮТСЯ** данными ДНК-генеалогии. Это тогда и будет нашим конкретным вкладом, и вкладом очень принципиальным, в историю о ВК, и в историю вообще. Если таковых строк и аргументов по гаплогруппам-гаплогруппам не найдется, то вопрос на нашем форуме можно считать закрытым.

Пока - рано.

В дискуссии принял участие, среди многих специалистов разных профессий (среди которых, к сожалению, не было лингвистов), Георгий Максименко, автор переводов и интерпретаций Велесовой Книги.

Георгий: Давайте попробуем сопоставить имеющуюся в нашем распоряжении письменную информацию от самих древних славян с исследованиями по гаплогруппе R1a. Полагаю, что дискуссия будет наиболее эффективной при наличии не более двух-трёх профессиональных специалистов в области гаплогруппы R1a. У меня есть доступ к письменным первоисточникам славян (с их праславянской историей). Полагаю, что сопоставление может оказаться взаимовыгодным и полезным, при взаимном доверии имеющейся информации. Буду рад, если найду взаимное понимание на данном форуме.

А. Клёсов: Давайте. Итак, начинаем профессиональную игру. Первая подача - моя. Пра-славяне (рабочее название), они же будущие арии, пришли с запада (Балканы) в степи юга современной России-Украины, между Черным и Каспийским морем, возможно, чуть севернее, примерно 5 тысяч лет назад. Их гаплогруппа была R1a1. Гаплогруппы современных восточных славян относятся к R1a1. Их гаплотипы уходят сходящейся пирамидой к общему предку (или нескольким общим предкам) 5 тысяч лет назад. Эта цифра нуждается в уточнении, и скоро будет уточнена. Но это опять же не изменит принципиально сути настоящего обсуждения.

Эти же гаплотипы гаплогруппы R1a1 и с теми же историческими сроками в отношении общего предка индийцев (3750 лет назад) наблюдаются у самой большой этнической группы в Индии, составляющей примерно 16% индийцев и примерно 45% их высшей касты (брамины, в частности). Это не противоречит тому, что примерно 3600 лет назад предки современных славян-русов, или, точнее, потомки пра-славян-русов и они же кузены наших предков, ушли в Индию под именем ариев. Возможно, они так сами и назывались. Они же, пра-славяне-русы, были носителями языка, который позже стал санскритом.

Вот такая короткая информация для начала. Что можно найти по этому поводу в Велесовой книге?

Вопрос первый - противоречит ли что-либо в изложенном вашим данным, и если да, то что именно.

Вопрос второй - что такое "письменную информацию от самих древних славян", к какому времени это относится и каковы доказательства в отношении источника, его интерпретации и времени отнесения.

Мяч - на вашем корте.

Статья Георгия Максименко в этом выпуске Вестника и есть суммирование доступной информации из Велесовой Книги и других источников на эти вопросы.

Завершим это изложение несколькими самыми недавними комментариями (январь 2009-го), важными для понимания того, с какой целью мы рассматриваем Велесову книгу в рамках ДНК-генеалогии.

>Интересная тема, но чувствую какая критика пойдет.

А. Клёсов: Критики бояться - в ДНК-генеалогии не ходить. Ценность этого (и подобных) материалов - в обсуждении ДНК-генеалогии в применении к историческим изысканиям. Если связь слабая, и это будет заметно - вопрос на данном этапе решается в одну сторону. Если связь оригинальная и сильная - вопрос решается в другую сторону. Зачем же нам этого лишаться?

Я, например, предпочитаю получать информацию из первых рук, а не читать, что там говорят на сайтах те, кто сами Веды и не читали. В отношении лингвистического обсуждения Вед - есть только довольно противоречивый материал Жуковской, который был неоднократно и критически разобран по косточкам другими специалистами, и показано, что она во многом некорректна.

Так что вопрос фактически открыт, да закрыться и вряд ли может. К нему могут быть только представлены убедительные (!) соображения обеих сторон. А вдумчивый читатель сам сделает выводы.

Георгий: У меня есть основания считать, что Велесова книга – подлинник, или основана на подлинных материалах. Не буду приводить все аргументы, достаточно одного. На момент публикации ВК о пребываниях ариев на Ю.Урале не было ни одного исторического первоисточника. Тем не менее, их пребывание в этом регионе засвидетельствовано несколькими ведами. Аркаим, наряду с другими археологическими объектами на Ю.Урале был открыт только в 80-е годы 20-го века. Веды были опубликованы намного ранее этого срока.

>А вы действительно считаете, что она подлинная?

А. Клёсов: Думаю, этот вопрос некорректен и ответа не имеет. Есть просто разные мнения.

ВК подлинная в том смысле, что текст существует и опубликован, в частности, благодаря стараниям уважаемого Георгия. Он - автор книги.

Поэтому вопрос, видимо, может ставиться так - есть ли в Ведах новая информация, если ли у них читатели, является ли текст стимулом (творческим, духовным) для многих людей.

Этот текст был уже многократно разобран, и ситуация патовая. Противоположные стороны детально проанализировали ВК, и пришли к противоположным выводам. Поэтому ответ на вопрос выше зависит от склада мозга отвечающего.

К сожалению, отвечают чаще те, кто самой книги не читали, как не разбирались и в детальных соображениях за и против. Тогда строение мозга своеобразное, то таких, увы, большинство. Пора к ним и привыкнуть.

Владимир: В Велесовой книге действительно слишком много того, что подтверждается археологией и генографией. Так что, если оставить споры о подлинности, в ВК достаточно полезной информации для размышления, заслуживающей внимательного изучения.

Георгий: На информацию и следует обратить своё внимание. А вопрос доказательства подлинности либо фальсификации надо доверить обсуждению профессиональных лингвистов, совместно с теми людьми кто потратил многие годы на изучение ВК, с теми кто готов себя

посвятить этой теме и в состоянии помочь лингвистам разобраться в данном вопросе. Сами лингвисты с этой задачей пока не справляются, по ряду причин. С первого захода, по крайней мере, не справились.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 6

Анатолий Клёсов

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

ПИСЬМО СЕМНАДЦАТОЕ

Мне определили 67-маркерный гаплотип, и маркер 425-й оказался нулевым. Моя гаплогруппа G. Я - казах из рода аргынов.

Можно ли что сказать о моих далеких предках?

МОЙ ОТВЕТ:

У Вас интересный случай. Обычно гаплогруппу G, которой до недавнего времени называли гаплогруппу G2c, к тому же с нулевым маркером 425, имеют евреи. Но у Вас совершенно не еврейский гаплотип. Дело в том, что у евреев эта группа имеет общего предка всего 23 поколения назад, примерно 575 лет тому, поэтому у них все гаплотипы практически одинаковы, еще не успели мутировать. Ваш гаплотип от еврейских очень сильно отличается - 7 мутаций на 12 маркерах, 14 мутаций на 25 маркерах, и 29 мутаций на 37 маркерах.

Это означает, что Вас отделяет от евреев с той же нулевой мутацией 11525 лет (на 12-маркерных гаплотипах), 10900 лет (на 25-маркерных) и 11725 лет (на 37-маркерных). Обратите внимание, как совпадают значения по трем длинам маркеров. Вот это и есть результат хорошей калибровки по всем гаплотипам.

Суммируя, это означает, что Ваш с евреями общий предок жил

6000+/-200 лет назад, когда евреев как таковых, конечно, и на свете не было. Да и вообще эта гаплогруппа попала к ним недавно.

Из этого как раз следует, что нулевой маркер в 425-м положении мог быть с незапамятных времен. А мог попасть и недавно, и для ответа на этот вопрос надо рассмотреть серии гаплотипов Вашей гаплогруппы с нулевым значением в 425-м маркере. Оттуда можно рассчитать время возникновения этой мутации, и узнать, с каких времен идут корни Вашего гаплотипа. Это – задача умеренной сложности, в которой основные усилия будут потрачены на поиски этих гаплотипов в базах данных.

В сети есть «проект» под названием «нулевое значение 425-го маркера» <http://www.familytreedna.com/public/null425/default.aspx?section=yresults>

в котором есть четыре гаплотипа гаплогруппы G2c евреев, и всего один гаплотип гаплогруппы G2a. Но он отстоит от Вашего гаплотипа даже дальше, чем еврейские, и имеет 10, 17 и 32 мутации на 12-, 25- и 37-маркерных гаплотипах, соответственно. Это означает, что либо у Вас друная гаплогруппа, не G2a, либо общий предок очень далек.

ПИСЬМО ВОСЕМНАДЦАТОЕ (перевод)

Проводили ли вы работу по гаплотипам группы R1a1 юго-западной части региона R1a1? Похоже, там есть заметная концентрация гаплотипов с четверкой DYS464abcd 13-15-15-16, при тройке DYS390,19,391 равной 25-16-10. Я нашел много таких в Венгрии, Словении, Италии, Австрии, Германии, Югославии, Чехии. Определяли ли вы время до их общего предка? Может, это и есть древние гаплотипы с Балкан?

Ken Nordtvedt

МОЙ ОТВЕТ

То, что Вы отметили, это мутированный вариант известной четверки маркеров в составе базового гаплотипа гаплогруппы R1a1:

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

Здесь выделены тройка и четверка, о которых Вы упомянули. В Европе предок, обладатель этого гаплотипа, жил примерно 4800 лет назад, в начале 3-го тысячелетия до нашей эры. Через две тысячи лет, в начале первого тысячелетия до н.э., один из его прямых потомков претерпел мутацию в DYS464a (четвертый маркер справа) 12→13, и гаплотип стал

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

Впоследствии (или до того) другие маркеры последней четверки претерпели мутации, и среди гаплотипов группы R1a1 имеется много гаплотипов с фрагментами, например, в Германии среди выборки из 67 гаплотипов встречаются 13-15-15-17, 13-13-15-16, 13-15-15-16, 13-15-16-16, 13-15-15-15, 13-13-15-15, 15-15-15-17. Так что мутированные 13-15-15-16 вполне могут быть в тех странах, которые Вы перечислили.

Среди 67 немецких гаплотипов имеется 14, содержащих четверку 13-15-15-16. Из них 11 входят в одну ветвь из 18 гаплотипов, и трое разбросаны по дереву. Ветвь из 18 гаплотипов содержит 86 мутаций, что соответствует 2900 лет до общего предка ветви, то есть указывает на начало 3-го тысячелетия до н.э., о чем упомянуто выше.

В целом же «стандартная» четверка от древнего предка является обычной в Германии, Норвегии, Швеции, Венгрии, России, Украине, Польше, Чехословакии, Англии, Ирландии, Шотландии, да и про всей Европе, а также в Индии, Ираке, Ливане. Это помимо Италии, Австрии, Сорвении и остальной Югославии, что Вы отметили. Это, кстати, показывает также, что про всей вероятности этот гаплотип (вместе со снипом R1a1) появился в Индии, Ираке и Ливане из Европы, потому что общий предок в Европе старше. Общий предок в Анатолии жил примерно 4500 лет назад, в Ираке-Ливане примерно 4100 лет назад, а в России – примерно 4900 лет назад. Это тоже не в пользу «индоевропейской прародины» в Анатолии.

Что касается «заметной концентрации» мутированной четверки 13-15-15-16 в Чехословакии, то там их только одна среди 25 гаплотипов по моей выборке. Еще один – 13-15-15-15. Это вряд ли можно назвать «заметной концентрацией». Аллель 13 там – просто результат неупорядоченной мутации, поскольку эти два мутированных гаплотипа сидят по разные стороны дерева гаплотипов. Базовый квадруплет там 12-15-15-16.

Среди 32 гаплотипов по малым европейским странам (включая страны бывшей Югославии, а также Молдавию), имеется всего два квадруплета 13-15-15-16, и по одному 13-14-15-16 и 13-15-15-15. Они сидят на разных ветвях дерева, поэтому представляют случайные мутации.

Среди 21 гаплотипа Трансильвании (гаплогруппа R1a1), только два квадруплета 13-15-15-16, один часть старой ветви, другой – молодой ветви, и три одиночки 13-15-15-15 (в молодой ветви), 13-14-15-16 и 13-13-15-16. Судя по их положению на дереве, это – случайные мутации.

ПИСЬМО ДЕВЯТНАДЦАТОЕ

Действительно ли гаплотипы викингов гаплогруппы R1a1 отличаются от всех других?

МОЙ ОТВЕТ

Да, отличаются, но не гаплотипы викингов, а гаплотипы, которые им приписывают. Доказательств того, что это именно гаплотипы викингов, или хотя бы части викингов, нет.

Большинство гаплотипов гаплогруппы R1a1 имеют пару маркеров YCA Pa,b (это – маркеры 28 и 29 по стандартному порядку маркеров в системе FTDNA) с аллелями 19,23. Эта пара абсолютно доминирует в России-Украине, Германии, Польше, Чехословакии, Швеции. В Англии их 22 из 39 (56%), в Ирландии – 18 из 36 (50%).

В Шотландии эта пара начинает смещаться к 19,21. Из 23 гаплотипов в выборке только пять (22%) имеют 19,23, и 14 (61%) уже 19,21. Остальные – 19,20 и 19,22, случайные мутанты. У семейства МакДоналдов, например, уже все 84 гаплотипов имеют 19,21. Такую пару имел их прадед, по семейной генеалогии – Джон, Лорд островов, который умер в 1386 году.

Наконец, в Норвегии из 15 гаплотипов семь (47%) – 19,21, пять 19,23, остальные три – 19,24 и 20,21, случайные мутанты.

Легенда гласит, что норвежские викинги имели в гаплотипах пару 19,21, и занесли свои гаплотипы в Шотландию. В Шотландии большинство

гаплотипов R1a1 имеют пару 19,21 потому что, согласно легенде, викинги и были первыми поселенцами Шотландии. Потому потомков викингов среди носителей R1a1 больше половины. Остальные – потомки уже более поздних переселенцев.

Эту легенду доказать или опровергнуть пока невозможно, во всяком случае при рассмотрении гаплотипов современников. Ниже приведено дерево гаплотипов шотландцев гаплогруппы R1a1. Гаплотипы, имеющие пару 19,21 (предположительно «викингов») и 19,23 (обычная пара в R1a1 за пределами Шотландии и Норвегии), разделились по разным ветвям. Если бы в Шотландию гаплотип с 19,21 принес одиночный викинг, или если их было много, но выжило потомство одного викинга, то гаплотипы 19,21 в Шотландии имели бы общего предка примерно в 9-м веке нашей эры, то есть примерно 1200 лет назад или несколько меньше. На самом деле возраст общего предка этой пары 19,21 в Шотландии – на тысячу лет старше. 14 гаплотипов, имеющие эту пару, имеют 56 и 102 мутации в 25- и 37-маркерных гаплотипах, что дает 2400 и 2225 лет до общего предка, соответственно. Это – первая четверть или середина первого тысячелетия до нашей эры.

Если к 14 гаплотипам 19,21 добавить два гаплотипа 19,20 (номера 008 и 031 на дереве гаплотипов), которые сидят среди пар 19,21, и могут отклоняться от последних просто за счет нейпорядоченных мутаций, то эти 16 гаплотипов содержат 61 и 114 мутаций (25-маркерные и 37-маркерные, соответственно), что даст 2250 и 2150 лет до общего предка. Как видим, результат практически не изменился.

Гаплотипы с обычной парой 19,23 (левая ветвь на дереве) в Шотландии еще на тысячу лет старше. Данные семь гаплотипов содержат 37 и 76 мутаций в 25-маркерных и 37-маркерных гаплотипах, что соответственно дает 3275 и 3450 лет до их общего предка. А общий предок всех гаплотипов группы R1a1 как в Норвегии, так и в Шотландии жил примерно 4500 лет назад. Это – примерный возраст общего предка R1a1 в западной Европе.



Дерево шотландских 37-маркерных гаплотипов R1a1. Ветвь слева из 7 гаплотипов (между номерами 005 и 027) все имеют аллели 19,23 в маркерах CDY IIa,b. Остальные гаплотипы имеют аллели 19,21, за исключением гаплотипов 008 и 031, в которых аллели равны 19,20.

Но полученные данные не опровергают, строго говоря, легенды про викингов в Шотландии, как ее и не подтверждают. Если в Шотландии в 9-м веке нашей эры высадились группа викингов из Норвегии с общим предком 2400 лет назад, то при условии, что поколение их выживет, это и

будет время общего предка и в Шотландии. Так что задача становится неопределенной. Ясно одно – что между норвежскими и шотландскими гаплотипами группы R1a1 существует связь, которой нет с остальными частями острова – в Англии и Ирландии. Но когда эти гаплотипы были принесены в Шотландию, и викингами ли – остается неизвестным. Просто легендой, которых немало в ДНК-генеалогии.

Интересно, что у европейских R1b1b2, включая басков и субклады типа U106, U152 и прочие – практически только 19,23, как и у R1a1. Возможно, это наследие подительской гаплогруппы R1, но, возможно, и случайное совпадение. Это еще предстоит выяснить.