

# Свыше 20,000 лет истории гаплогруппы I1b1 (P37.2+)

Кен Нордведт

Перевод Вадима Веренича

## Примечание от переводчика

Короткое эссе Кена Нордведта написано в мае 2008 года, поэтому вместо I1b1 (названия гаплогруппы по старой номенклатуре) нужно читать I2a. В своем эссе Кен Нордведт дает краткую характеристику следующим субкладам:

- • I2a P37.2
- • • I2a\*
- • • I2a1 M26
- • • • I2a1\*
- • • • I2a1a M161
- • • I2a2 M423
- • • • I2a2\*
- • • • I2a2a P41.2/M359.2
- • • • I2a2b L69 (=T)

По состоянию на начало 2009 года структура древа I2a определяется двумя снипами:

1. базовый входящий снип - это общий снип P37+, все I2a имеют позитивный результат анализа на P37.2 мутацию;
2. снип M423 - древняя SNP мутация, которая разделяет сардинскую ветвь I2a (у которых отсутствует эта мутация) от других I2a.

В связи с вышесказанным встает вопрос как определять принадлежность к тому или иному кладу по значениям STR-маркеров. Особенно актуален этот вопрос для динарской ветви I2a, так как из всех ветвей генетическое разнообразие гаплотипов этой группы минимально. Кен Нордведт предлагает определять принадлежность по количеству мутаций в маркерах DYS388 и DYS385a модальных гаплотипов соответствующих ветвей:

Западная ветвь I2a имеет стабильное значение 15 в маркере DYS388;

Островная ветвь I2a имеет классическое значение 13 в маркере DYS388 и 11-12 в маркере DYS385a;

Динарская ветвь, как правило, имеет в маркере DYS385a значения 14 и 15, а также значения выше, чем 12 в маркере DYS 461. Внутри динарской ветви молодая южная (югославская) ветвь динариков I2a характеризуется значением маркера DYS448 равным 19, и низким значением маркера DYS449. Северная (старая) ветвь со значением маркера DYS448 равным 21 и высоким значением маркера DYS449.

---

## Кен Нордведт. Свыше 20,000 лет истории гаплогруппы I1b1 (P37.2+)

Хотя я сам «двойной» I1a, история гаплогруппы I1b1 является более интересной, так что я предоставлю историю P37.2+ история в том виде, в каком она представляется по нынешним данным. По ходу повествования я буду пользоваться своими файлами warpedfounderstreet (Рис. 1) и таблицей гаплотипов основателей кладов (<http://knordtvedt.home.bresnan.net>).

Гаплогруппа I1b1 (как она называется по ISOGG) является одной из основных гаплогрупп гаплогруппы «I» и определяется SNP-полиморфизмом P37.2+. Она называется I1b по номенклатуре FTDNA, однако, в скором времени название может измениться-

ся. Она имеет четыре основных клада: динарский, западный, островной, сардинский, представляющих четыре четко разделенные

между первопредками всех четырех кладов. Эти шесть длин следующие:

Западный клад	<->	Динарский клад	1152 поколений	34,560 лет
Западный клад	<->	Островной клад	880 поколений	26,400 лет
Западный клад	<->	Сардинский клад	816 поколений	24,480 лет
Динарский клад	<->	Островной клад	528 поколений	15,840 лет
Динарский клад	<->	Сардинский клад	848 поколений	25,440 лет
Островной клад	<->	Сардинский клад	784 поколений	23,520 лет

кластера расширенных гаплотипов, у каждого из которых свое четкое географическое распределение в Европе. У этих кладов (за исключением сардинского) нет в настоящее время четкого определения по SNP-полиморфизмам, и поэтому представленная история группы на самом деле незначительно зависит от наличия или отсутствия полезных SNP. Но я не сомневаюсь, что каждый из этих кладов может иметь свое собственное определение SNP (снипа), или даже несколько снипов, если будут проведены сфокусированные поиски этих снипов. Несмотря на то, что островной клад гаплогруппы I1b1 сам по себе уже разделен на четыре подгруппы кладов, я объединяю их в один клад для целей этой статьи, и также представленные в статье расстояния (между поколениями) между кладами в группе кладов I1b1 являются специально заниженными по сравнению с другими междупоколенными расстояниями клада, в чем Вы можете убедиться, если просмотрите файл *warpedfounderstreetree* на моем сайте.

Используя пятьдесят два (52) самых медленнотупирующих маркера в наших публичных базах данных, я создал модальные гаплотипы по каждому из четырех кладов I1b1. Эти модальные гаплотипы наилучшее, что мы можем сделать для определения первоначальных гаплотипов соответствующих предков (MRCAs) обнаруженных в настоящее время кладов населения. Сумма реальных измеренных скоростей мутации на пятьдесят два маркера (52) использованных в этих гаплотипах составляет около 1/16. Это означает, что в среднем каждая единица генетического расстояния (GD) между гаплотипами составляет 16 поколений длины ветви между первопредками в лице пары сравниваемых модальных гаплотипов. Используя мою матрицу генетических дистанций, скорректированных на возвратные мутации, между первопредками всех кладов гаплогруппы I, я получил «длину» ветвей

Первопредки четырех кладов - четыре отдельных мужчины, каждый из которых жил определенное число поколений тому назад. Наша задача состоит в том, чтобы построить дерево происхождения кладов, который начинается с общего P37.2+ предка всех кладов I1b1, причем расстояния и дистанция между соответствующими ветвями полного дерева (между каждой парой последних общих предков) должны соответствовать, насколько это возможно, шести приведенным выше дистанциям, которые основаны на наших наблюдениях.

Такое дерево позволит определить относительное время существования предков этих кладов. Это было сделано и показано мною в виде красной части дерева гаплогруппы в файле *warpedfounderstreetree* (Рис. 1) на моем сайте. Стрелками помечены MRCAs (последние общие предки) по соответствующим кладам населения, которые мы можем наблюдать в настоящее время.

Заметим, что MRCA (последние общие предки) всех четырех I1b1 клад существовали примерно на 17,000 лет раньше, чем предок динарского клада I1b1. Предок последнего жил, возможно, всего лишь 4,000 лет назад.

Таким образом, общий предок P37.2+ существовал до эпохи последнего ледникового максимума (LGM). И ветвь, которая в конечном итоге приводит к предку сардинского клада ответвляется от остальной части P37.2+ дерева довольно близко по времени к первоначальному «распаду» I1b1. Однако ветвь, которая ведет к «основателю» островного клада I1b1 отделяется от ветки, ведущей к предку динарского клада I1b1 основатель заметно позднее. Этот вывод является следствием (*sequiter*) меньших GD между предками динарского и островного клада, которые мы наблюдаем.

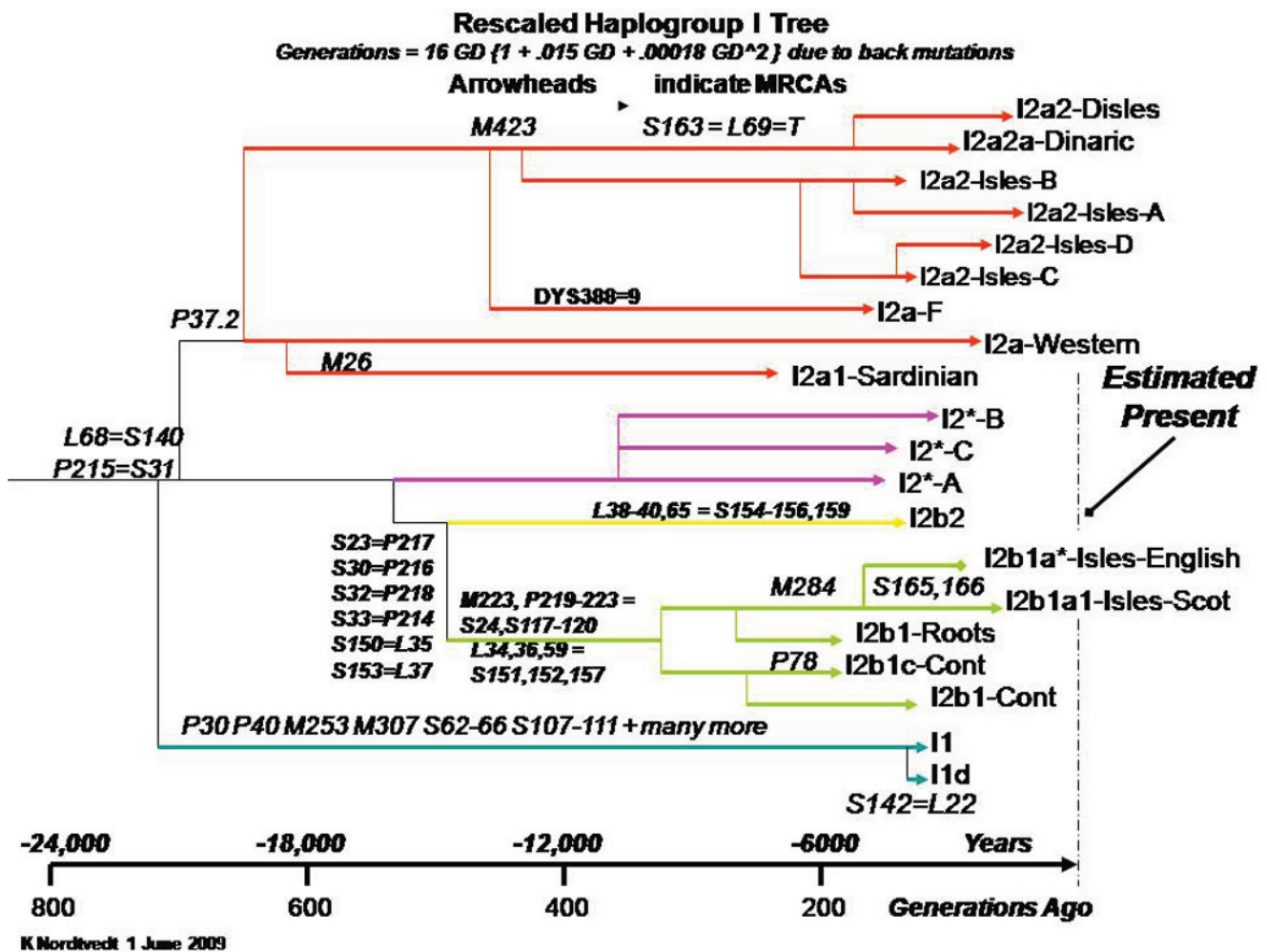


Рис. 1 Дерево гаплогруппы I

Краткое резюме каждого клада I1b1 (P37.2+):

**Динарская** - это первый клад P37.2+, который подробно обсуждался в литературе. Обнаруживается главным образом в Восточной Европе, с частотным пиком в Боснии и Хорватии вблизи Динарских Альп. Его частота падает быстро, по мере движения в сторону северо-восточной части Италии или в немецких землях. Гаплотип динарского клада I1b1 выглядит удивительно молодым. Следствием этого, на мой взгляд, является то, что древние миграционные процессы Восточной Европы еще предстоит изучить в полной мере. Динарский клад I1b1 является самым густонаселенным из кладов P37.2+ в Европе.

**Западный клад** I1b1 находится чаще на северо-западе Германии, но в значительном

количестве его находят также на Британских островах.

**Островной клад** I1b1 обнаруживается исключительно на Британских островах и в особенности в Ирландии. Гаплотип населения показывает большое разнообразие, и это вкуче с отсутствием клада на материке предполагает, что клад прибыл или появился на островах в самом начале после ледникового заселения этого региона.

**Сардинский клад** I1b1a, на долю которого приходится около трети сардинских Y-ДНК, хотя его можно также найти в значительных количествах в регионах Италии и Иберии. Кроме того, он также разбросан вверх по Атлантическому побережью Европы и на Британских островах. Эта модель предполагает, что клад начал двигаться на север в том же демографическом движении, который привел

атлантических R1b1 на северо-запад Европы. Полиморфизм SNP M26+ определяет эту эту субгаплогруппу I1b1, но его очень уникальный «мотив» (значение маркера) YCAIIa,b делает ненужным SNP для его идентификации.

Интересным является то, что только эти четыре клада I1b1 представлены в Скандинавии в небольших количествах. Это представляется мне полезным ключом при конечной сортировке миграций гаплогруппы I во время своего участие в заселения Европы после LGM.

Что же произошло в течение 550 поколений в ветви, которая идет MRCA (последнего общего предка) всех I1b1 к патриарху западного клада I1b1? Разумеется, в течении этих 550 поколений у отцов рождалось больше, чем один сын в семье. Но в течение этого длительного периода поколения, все линии потомства от других сыновей по нисходящей линии исчезли. Этого не может быть. Трудно сказать, как именно это произошло, но об этом свидетельствуют данные нескольких тысяч гаплотипов, которые были рассмотрены при в исследовании народонаселения в настоящее время. Все гаплотипы R37.2+ обнаруженные до сих пор относятся к одному из четырех кладов, которые я здесь обсуждал. Это не означает, что некоторых небольших кладов R37.2+ гаплотипов не будет найдено, все эти дополнительные клады будут демографически маргинальными. Но в течение этих 550 поколений линии гаплотип отца передаваясь от отца к сыну каждого поколения и медленно изменялся из-за случайных мутации, которые произошли в 52 STR-маркерах. Таким образом, конечный результат - модальный гаплотип предка западного клада I1b1 довольно сильно отличается от первоначального гаплотипа последнего общего предка всех кладов R37.2+ MRCA гаплотип 20,000 летней давности. Кроме того, передача гаплотипа в течении 550 поколений безусловно аккумулирует уникальные SNP мутации, которые должны встречаться только у гаплотипов западного клада I1b1, а не в любых других кладах I1b1. Если мы предположим долю Y-хромосомных мутаций SNP примерно по одной на каждую передачу гаплотипа от отца к сыну переходной экономикой, то в западном кладе должно быть около 500 SNP, каждый из которых может определить принадлежность к этому кладу I1b1. Целенаправленный поиск SNP западного клада I1b1, который охватывает не

менее 1/5 от одного процента Y-хромосомы должны иметь хорошие шансы по обнаружению хотя бы одного из этих SNP. В каком месте ветви длиной в 550 поколений произошла SNP мутация? Мы никогда не сможем этого узнать. Имеются примерно равные шансы, что она может быть где угодно в этой ветви. Мы можем подсчитать время, когда жили MRCAs современного народонаселения, и мы можем делать выводы, где находится точка ветвления в филогенетических деревьях, но о SNP мутации известно только то, что она произошла где-то на ветви.

Очень жаль, что так много научной литературы определяет даты по выявленным мутациям SNP, потому что результат требует дополнительной обработки, чтобы прийти снова к тому, что мы и так знаем по данным. По сути, мы датируем MRCAs кладонаселения.

У дерева I1b1 есть несколько прогностических особенностей. Например, необходимо обнаружить SNP, которые были бы общими для динарского и островного клада I1b1, разделяя эту пару ветвей западного и сардинского кладов. Вы, возможно, заметите пунктирную линию в файле *warpedfounderstree* (Рис. 1), обозначенную как «настоящее время» («present»), которая находится несколько правее стрелок MRCA кладов. Место проведения линии «present» по отношению к MRCAs дерева было выбрано в результате определения разницы (распределения) нескольких кладов Y-гаплогруппы I. Эти разницы могут быть конвертированы в приблизительную оценку времени, прошедшего между временем жизни первопредков и настоящим временем. Время полученное мною гораздо меньше, чем в литературе, так как я использую фактически измеренную скорость мутации маркеров, а не фиктивную «эффективную» скорость (*effective mutation rates*), которая используется во многих публикациях.