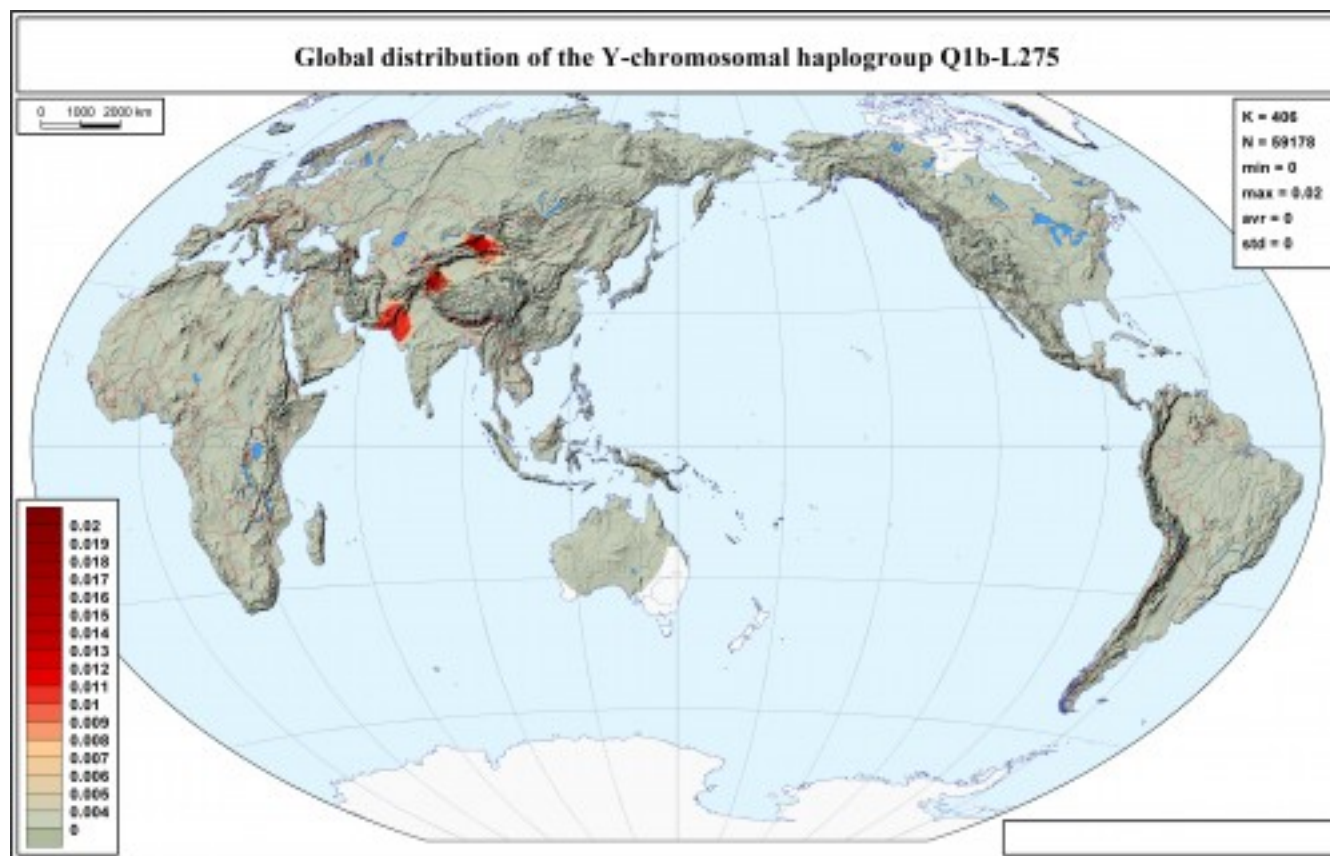


## Гаплогруппа Q1b: вдоль Великого Шелкового пути

[Владимир Гурьянов](#)

Полное секвенирование Y-хромосомы более чем 30 образцов гаплогруппы Q1b побуждает задуматься об истории формирования ряда переднеазиатских и южноазиатских популяций. С использованием метода молекулярных часов впервые дана датировка основных подветвей Q1b, включая распространенную у евреев-ашкенази Q-Y2200. В качестве наиболее непротиворечивой гипотезы авторы статьи рассматривают формирование гаплогруппы Q1b на территории Синьцзяна и Афганистана с последующей экспансией на запад и на юг в рамках миграций индоевропейцев, захвативших часть автохтонного населения.

Есть затерянные места, о которых редко вспоминают историки и географы. И есть редкие гаплогруппы, представленные в популяциях незначительными долями и чаще всего остающиеся вне фокуса внимания исследователей. Гаплогруппе Q1b в этом плане «повезло» дважды. Она из числа редких, а те азиатские популяции, в которых она представлена (за исключением евреев) обитают в относительно слабо изученных местах, по странному совпадению, расположенных вдоль караванных маршрутов Великого Шелкового пути. «Совпадение это или определенная закономерность?» — вот один из вопросов, которые задавала себе группа исследователей во главе с Владимиром Гурьяновым.



Карта распространения гаплогруппы Q1b-L275, построена с использованием программы GeneGeo по данным из базы данных Y-base. Карта предоставлена О.П.Балановским

В недавно опубликованной в «Российском журнале генетической генеалогии» статье [«Обзор последних изменений филогенетической структуры гаплогруппы Q1b по данным полного сиквенса Y-хромосомы»](#) (Gurianov et al., 2015) была рассмотрена филогенетическая структура этой гаплогруппы (ее деление на ветви и субветви) и проанализировано географическое распространение гаплогруппы Q1b и ее субветвей в сопоставлении с историческими миграциями древних популяций.

Подобный анализ был бы невозможен без использования двух инструментов:

1. Полного сиквенса Y-хромосомы с использованием технологии NGS (секвенирование нового поколения). В рамках исследования были проанализированы 35 образцов, принадлежащих к гаплогруппе Q1b.

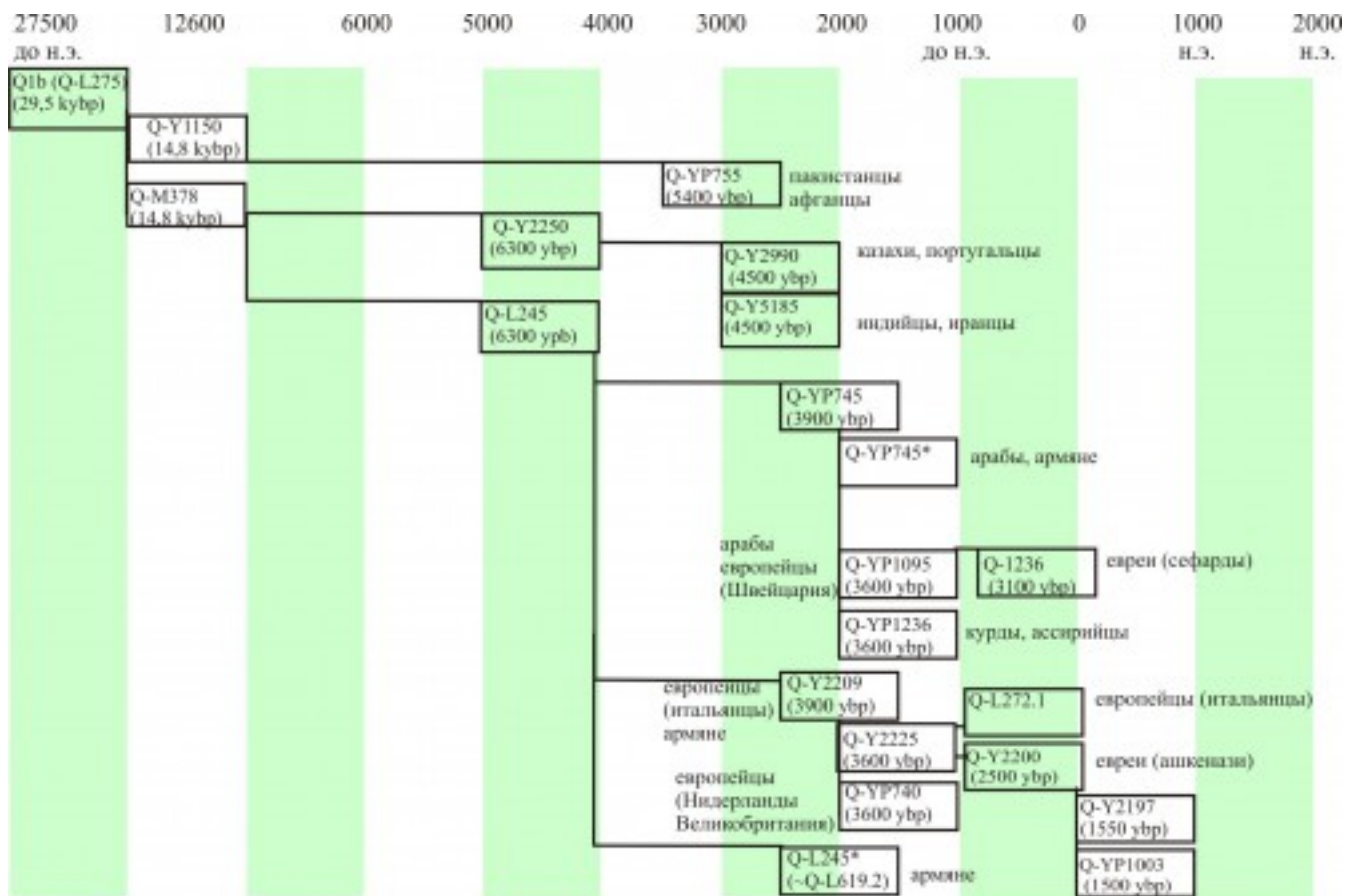
2. Метода «молекулярных часов», позволяющих по числу появившихся мутаций Y-хромосомы оценить время возникновения тех или иных ветвей гаплогруппы. Для этого необходимо знать скорость появления мутаций. Несмотря на значительное в последнее время число исследований в данной области, авторы использовали собственную оригинальную оценку скорости, [представленную в статье Adamov et. al. 2015](#)

## Ветви Q1b и их распространение

Гаплогруппа Q1b (Q-L275) разделилась на две ветви Q-M378 и Q-Y1150 примерно 14 тысяч лет назад. При этом ветвь Q-Y1150 осталась локализованной исключительно в Южной Азии — (Пакистане, Индии и Афганистане). Выявление отдельных ее представителей за пределами этого макрорегиона (в Иране и у кадомских татар) лишь подтверждает этот тезис. Важно, что эта ветвь отсутствует как севернее Таджикистана, так и западнее Пакистана. Также она не выявлена в Синьцзяне (регион Центральной Азии в северо-западной части современного Китая) и восточнее. Напротив, Q-M378 распространена как западнее описанного ареала (достаточно широко и разнообразно с поправкой на редкость гаплогруппы), так и восточнее (в образцах могильника из Синьцзяна). Список популяций, в которых она присутствует — евреи, арабы, армяне, уйгуры, казахи, хазарейцы, ассирийцы (современные, а не исторические), иранцы.

Существование обширного «еврейского кластера» Q1b приводит к постановке вопроса о возможных путях и времени его появления в популяциях евреев. Представители гаплогруппы Q1b по выборкам, приведенным в статьях (Behar et al., 2004; Hammer et al., 2009) составляют от 5,2 до 7% еврейского народа.

В результате исследований было установлено, что существуют две субветви Q-Y2200 и Q-YP1236, к которым принадлежат все протестированные еврейские образцы. Субветвь Q-YP745 (к которой относится Q-YP1236, представленная, большей частью сефардами) разошлась с Q-Y2209 (к которой относится Q-Y2200, представленная исключительно ашкеназами) около 6 тысяч лет назад, то есть до формирования еврейского народа. С учетом этого, связь между родством этих двух субветвей и их наличием у евреев либо является случайностью, либо относится к периоду первичного этногенеза на территории древнего Ханаана. Поскольку Q-YP1236 отсутствует среди европейских евреев и Q-Y2200 — среди североафриканских, предпочтительной является первая гипотеза. Тем не менее, очевидно, что обе ветви имеют общий генезис, связанный с Передней Азией, и распространение Q-YP745 можно также связать с финикийской миграционной активностью в средиземноморском регионе.



Филогенетическое дерево гаплогруппы Q1b. Показаны все выявленные ветви, для каждой указано название одного из

определяющих ее маркеров. Подписаны популяции, в которых обнаружена данная ветвь. Время возникновения ветвей обозначено двумя способами: число лет назад от современности указано в скобках после названия маркера, возраст ветви следует из шкалы тысячелетий в верхней части рисунка.

Таким образом, возраст формирования Q-Y2200 (середина 1 тысячелетия до н.э.) и этнический состав параллельных субветвей не позволяет сделать однозначных выводов относительно обстоятельств «вливания» представителей этой субветви в еврейскую популяцию.

Тем не менее, полученные в результате исследования результаты указывают на наличие предковой популяции, относящейся к субветви Q-L245 (являющейся материнской по отношению не только к еврейской Q-Y2200, но и к армянским Q-L245\*, европейским Q-Y2209\* и Q-Y2225\*) в переднеазиатском ареале уже в конце 5 тысячелетия до н.э. Разумеется, эта популяция несла и многие другие гаплогруппы, но доля Q-L245 в ней присутствовала.

Существует несколько исключительно спекулятивных гипотез, касающихся появления Q1b в составе еврейской популяции. Одну из них можно назвать «хазарской», так как она предполагает степное происхождение еврейских Q-Y2200 от хазарских иудеев-прозелитов (представителей тюркоязычного населения степей, принявших иудаизм). Вторую – «персидской», также сводящейся к прозелитизму, но на этапе Вавилонского пленения евреев (что интересно, его датировка хорошо согласуется с расчетным временем образования субветви Q-Y2200). Третья гипотеза (назовем ее «автохтонной») исходит из изначального нахождения этой субветви среди племен древнего Ханаана. Авторы статьи воздержались от поддержки какой-либо из этих гипотез, но имеющиеся в настоящее время данные позволяют считать наиболее вероятной «персидскую». Хотя высокая степень мобильности населения этого региона, входившего в разное время в состав различных крупных государственных образований (империй), делает допустимым рассмотрение всех трех гипотез.

#### Датировка основных субветвей гаплогруппы Q1b

Субветвь	Датировка, тысяч лет до н.э.	Датировка, тысяч лет назад	Нижняя граница доверительного интервала (95%)	Верхняя граница доверительного интервала (95%)
Q-L275 (гаплогруппа Q1b)	27 тыс. лет до н.э.	29,4	31,7	27,1
Q-M378, Q-Y1150	середина 13 тл до н.э.	14,2	16,1	12,4
Q-Y1144	конец 3 тл до н.э.	4,2	5,8	2,6
Q-L245, Q-Y2250	середина 5 тл до н.э.	6,3	7,2	5,4
Q-Y2990, Q-Y5185	середина 3 тл до н.э.	4,5	5,6	3,5
Q-Y2209, Q-YP745	конец 3 тл до н.э.	4,0	4,7	3,3
Q-Y2225, Q-YP740	середина 2 тл до н.э.	3,5	4,2	2,8
Q-Y2200	середина 1 тл до н.э.	2,5	3,2	1,8
Q-Y2197, Q-YP1003	V век	1,55	1,95	1,1
Q-Y2750, Q-Y2780, Q-YP1004	IX век	1,2	1,6	0,8

Примечание: тл – тысячелетие

#### Попытка исторической интерпретации

Проведенное исследование не претендовало на выявление исчерпывающих исторических параллелей. Главной целью было введение в научный оборот информации, полученной по результатам анализа полного сиквенса Y-хромосомы образцов, принадлежащих к гаплогруппе Q1b. Тем не менее, была сделана попытка обобщения — исторической интерпретации геногеографических и палеогенетических данных. Авторы статьи пишут:

*«Хотя тезис о том, что территория наибольшего разнообразия субветвей конкретной гаплогруппы является местом его происхождения, представляется достаточно обоснованным, в реальности возможны были разные варианты развития ситуации. За последние несколько тысячелетий из-за политических и климатических потрясений целые народы меняли место своего жительства, а иногда и полностью стирались из истории. Разумеется, носители конкретных*

субветвей/гаплогрупп Y-хромосомы могли выжить и сохраниться в составе других популяций, но дальше вступало в силу явление, известное как дрейф генов. В результате случайных процессов или обусловленных рядом факторов процессов определенный комплекс генов мог стать преобладающим в популяции, а другой – наоборот, стать минорным или вообще исчезнуть.

С учетом того, что являющаяся предметом нашего исследования гаплогруппа минорна в современных популяциях, реконструкция исходного ареала ее распространения и последующих маршрутов миграции представляет определенные затруднения.

Вторым обстоятельством, препятствующим прямому сопоставлению результатов датировки субветвей и данных исторических источников, является существующий в большинстве случаев временной разрыв между биологическим формированием субветви и появлением людей, принадлежащим к ней, на исторической сцене. Для формирования даже минорных долей в популяции требуется значительное количество репродуктивных циклов. Таким образом, эти события могут быть отделены друг от друга столетиями.

Тем не менее, мы можем выделить следующие географические регионы, где локализованы отдельные субветви гаплогруппы Q1b.

Таджикистан, Афганистан, Пакистан, Индия — преобладает субветвь Q-Y1150/L68, завершившая свою локализацию в регионе не позже конца III тысячелетия до н.э.

Иран, Афганистан, Пакистан — локализация субветви Q-Y2250, с датой завершения локализации близкой к середине III тысячелетия до н.э. (датировка определена аналогично, по консенсусному времени образования субветвей Q-Y2990 и Q-Y5185).

Северная Африка, Европа, Передняя Азия – ареал распространения Q-YР745, выделившейся не позже второй половины III тысячелетия до н.э.

Европа, Передняя Азия – ареал распространения Q-Y2225 (включающей наиболее массовую субветвь Q-Y2200); не позже середины II тысячелетия до н.э. ”.

Как отмечалось выше, современные локализации тех или иных ветвей могут не совпадать с их исходным регионом распространения. Тем не менее, можно выделить два географических кластера, сформировавшихся в разные исторические периоды – Центральная и Южная Азия (Q-Y1150/L68) и Передняя Азия (Q-M378).

В силу вышеизложенных обстоятельств, вряд ли можно претендовать на окончательные выводы по вопросу соотношения конкретных субветвей с археологическими культурами и этническими группами в различные исторические периоды. Тем не менее, высказанный в работе (Gurianov et al., 2014b) тезис об исходной принадлежности субветвей Q-M378 и Q-Y1150 доиндоевропейскому населению Центральной и Южной Азии соответствует более поздним данным, отраженным в Gurianov et al., 2015. При этом их присутствие за пределами данного региона может быть связано как с миграциями индоевропейцев в первой половине II тысячелетия до н.э. в направлении Индии и Передней Азии, охватившими ранее ассимилированное доиндоевропейское население, так и с существованием охватывающей значительную территорию эламо-дравидской общности. В свете известных нам исторических данных, первая гипотеза представляется нам более обоснованной.

А как же загадка с распространением Q1b вдоль Великого Шелкового пути? Пока она так и осталась неразгаданной. Тем не менее, следует обратить внимание на обширно процитированный в статье труд китайского генетика Li Hongjie. Он приводит результаты палеогенетического исследования образцов, полученных из захоронения Хэйгоулян, находящегося у подножия хребта Баликуньшань (Восточный Тянь-Шань), где обнаружены остатки трёх башен и сооруженных из камня 140 жилищ с каменными оградами, а также 1666 захоронений и 2485 камней с рисунками. По мнению китайских археологов, захоронения относятся к эпохе Западной Хань (с 206 г. до н. э. по 8 г. н. э) и принадлежат к культуре коренных жителей.

Как сказано в работе Li Hongjie 2012, «В указанном могильнике хозяева захоронений и принесенные в жертву индивиды представляют собой две группы, сравнительно четко разграниченные по ряду признаков. При этом Q1a\* присутствует как у хозяев захоронений, так и у принесенных в жертву лиц; с другой стороны, Q1b была обнаружена только у хозяев захоронений в двух погребениях». Таким образом, Q1b присутствовала среди автохтонного населения Синьцзяна в конце первого тысячелетия н.э. К сожалению, более глубокое типирование этих образцов не проводилось, и их принадлежность к конкретной субветви пока остается загадкой.

Такой же загадкой остаются пока и Q1b среди достаточно замкнутых популяций брахманов Сарасвати штатов Уттар-Прадеш и Химчал-Прадеш.

Поэтому наши знания о популяционной и филогенетической структуре гаплогруппы Q1b будут углубляться, и нас еще ждет

немало интересных открытий в этой области.

**С полным текстом статьи можно ознакомиться здесь [«Обзор последних изменений филогенетической структуры гаплогруппы Q1b по данным полного сиквенса Y-хромосомы»](#)**