

*Ultima ratio*

**Вестник Академии ДНК-генеалогии**

**Proceedings of the Academy  
of DNA Genealogy  
Boston-Moscow-Tsukuba**

**Volume 5, No. 2  
February 2012**

**Академия ДНК-генеалогии  
Boston-Moscow-Tsukuba**

ISSN 1942-7484

**Вестник Академии ДНК-генеалогии.**

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии.  
Издательство Lulu inc., 2012.

*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  
*Академия ДНК-генеалогии*

Оформление издания  
*Anatole A. Klyosov*  
*Павел Шварев*

© Авторские права на статьи принадлежат Академии ДНК-генеалогии,  
2012. При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2012

# СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление .....	1
Гаплогруппа Т в Азии и Африке. <i>А.А. Лабай</i> . .....	2
О митохондриальной ДНК хуннов Забайкалья (Общие соображения по поводу недавней статьи археологов и генетиков) <i>А.А. Клёсов</i> .....	20
ARTICLES IN ENGLISH	
An emerging pattern of L664 SNP mutation in the Tenthis (bearers of DYS388=10), North-Western branch of R1a1 haplotypes. <i>Anatole A. Klyosov</i> . . . .	30
New Understanding of Western Eurasia in Prehistoric Times. <i>Anton Perdih, Petr Jandáček</i> . .....	38
Ladoga Astrobleme. <i>V. Yurkovets</i> . .....	95
О СЛАВЯНСКИХ ВЕДАХ	
Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии (Веды 12, 13). Веда 12. Дополнительная информация о перехвате власти на Руси в период правления Рюриковичей (IX в. н.э.). Веда 13. Описание извержения вулкана Санторин в изложении славян – ариев. <i>Г. З. Максименко</i> . .....	114
<b>Letters from the Readers: PERSONAL CASES</b>	
Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии Part 36, letters 120-123. ....	143

# Гаплогруппа Т в Азии и Африке.

А.А. Лабай  
V12189@mail.ru

## *Резюме*

Показано, что у современных армян, турок, азербайджанцев, грузин, иранцев и арабов с гаплогруппой Т общий предок жил примерно 13500 лет назад. Всё дерево гаплотипов разделяется на две крупные ветви: ветвь А, с условным общим предком, жившим примерно 6400 лет назад, и ветвь В, с условным общим предком, жившим примерно 13300 лет назад. Возраст предка ветви В близок к возрасту общего предка субклада Т – 12700 лет назад.

Ветвь А имеет четыре ветви (указано примерное время жизни условного общего предка):

- Первая ветвь - 3000 лет назад.
- Вторая ветвь - 3900 лет назад.
- Третья ветвь - 2700 лет назад.
- Четвёртая ветвь - 4900 лет назад.

Ветвь А характеризуется преобладанием гаплотипов субклада Т1а2, который появился предположительно не позднее 1500 лет назад.

Ветвь В включает в себя девять ветвей:

- Пятая ветвь - 13700 лет назад.
- Шестая ветвь - 10200 лет назад.
- Седьмая ветвь - 5900 лет назад.
- Восьмая ветвь - 8275 лет назад.
- Девятая ветвь - 5725 лет назад.
- Десятая ветвь - 7300 лет назад.
- Одиннадцатая ветвь - 4025 лет назад.
- Двенадцатая ветвь - 525 лет назад.
- Тринадцатая ветвь - 425 лет назад.

Предок ветви В является предком всего дерева гаплотипов и, вероятнее всего, являлся представителем субклада Т. При сравнении одного из гаплотипов с базовым гаплотипом пятой ветви обнаружен след общего

предка с временем жизни примерно 20200 лет назад. Полученные результаты подтверждают данные предыдущих работ (2011a,b,c,d).

### Вводная часть.

В новый, 2012 год, гаплогруппа T вошла без изменений в диаграмме субкладов ISOGG-2012 по сравнению с ISOGG-2011:

**T** L206, L445, L452, L455, M184/Page34/USP9Y+3178, M193, M272, Page129

- **T\*** -
- **T1** M70/Page46, Page78
  - **T1\*** -
  - **T1a** L162/Page21, L299, L453, L454
    - **T1a\*** -
    - **T1a1** L208/Page2
      - **T1a1\*** -
      - **T1a1a** M320
      - **T1a1b** P77
      - **T1a1c** P330
      - **T1a1d** P321
        - **T1a1d\*** -
        - **T1a1d1** P317
    - **T1b** L131
      - **T1b\*** -
      - **T1b1** P322, P328
        - **T1b1\*** -
        - **T1b1a** P327

Субклады, которые имеются в базе 67-маркерных гаплотипов, выделены цветом (для сетевого издания). Однако, в базе FTDNA можно теперь встретить обозначение таких субкладов как T1a2, T1a3, T1a4 и T1a4a, что говорит о нестабильности классификации и о возможной корректировке диаграммы. На эту же мысль наталкивает в базе данных группировка гаплотипов по SNP мутациям. Сейчас эти кластеры выглядят следующим образом:

"T*" M9+ L298+ M184+ L445+ L455+ L206- M193- M70-
"T1*" M70+ M320- L208- L131-
Alpha-1-A M320- L162+ L208+ P77- L131-
Alpha-1-Aa
Alpha-1-B M320- L162+ L208+ P77- L131- DYS456=12
Alpha-1-C M320- L162+ L208+ P77- L131- DYS464++?
Alpha-1-D M320- L162+ L208+ P77- L131-

Alpha-1-E M320- L162+ L208+ P77- L131-
Alpha-1-F L162+ L208+ P77- L131- DYS19 = 12
Alpha-1-G M320- L162+ L208+ P77- L131-
Alpha-1-H L208+ P77- DYS437 = 13
Alpha-1-J M320- L162+ L208+ P77- L131- possible cluster
Alpha-1-W M320- L162+ L208+ P77- L131- Matched Pairs
Alpha-1-X M320- L162+ L208+ P77- L131- Unmatched
Alpha-1-Y P77-
Alpha-1-Z L131-
Alpha-2-W Matched Pair SNP status unknown
Alpha-2-X Unmatched Deep Clade Test Recommended
Alpha-3-A L208+ P317+ DYS390=21
Alpha-3-B P321+
Alpha-3-C P330+
Beta-1-Aa P77+ DYS464++ DYS391=11
Beta-1-Ab P77+ DYS464++
Beta-1-B P77+ DYS590=9
Beta-1-C P77+
Beta-1-Ca P77+ DYS388=14
Beta-1-J P77+
Beta-1-K P77+
Beta-1-W P77+ Matched Pairs
Beta-1-X L208+ P77+ Unmatched
Beta-2 P77+ strongprediction
Beta-2-B YCAii = 22-26 Predicted P77+
Beta-2-W Matched Pairs P77 weak prediction
Beta-2-X Unmatched P77 weak prediction
Gamma-1 T1b L131+
Gamma-1-A T1b L131+ 3xDYS385
Gamma-1-B T1b L131+
Gamma-1-C T1b L131+
Gamma-1-D T1b L131+ L446- L447-
Gamma-1-E T1b L131+
Gamma-1-F T1b L131+ DYS439 = 9
Gamma-1-N T1b1 L131+ P322+ waiting for P327 results
Gamma-2-A T1b? L131 test recommended
Gamma-2-C T1b? L131 test recommended

Часто в один кластер попадают разные субклады по ISOGG-2012. Безусловно, такая картина обусловлена редкой частотой гаплогруппы T и, как следствие, слабой её изученностью. На сегодняшний день в базе FTDNA всего лишь 199 полных 67-маркерных гаплотипов. По мере поступления (за полгода база пополнилась 49 гаплотипами) картина будет проясняться.

Учитывая, что процесс разделения гаплотипов на субклады, до непротиворечивой лестницы SNP-мутаций, субъективен и материально затратен, целесообразно в изучении гаплотипов применять и другие методы.

Цель данной работы – построение дерева гаплотипов гаплогруппы T, принадлежащих представителям национальностей и гражданам государств Азии и Африки (рис.1), с дальнейшим анализом этого дерева методами ДНК-генеалогии (Клёсов, 2009).

Методология исследования заключается в последовательном разделении дерева гаплотипов на ветви с наиболее близкими по мутациям гаплотипами, в определении базового гаплотипа этих ветвей и подсчёта линейным методом времени жизни общего предка ветви. С дальнейшим подсчётом мутационной (временной) дистанции между базовыми гаплотипами ветвей и подсчётом времени жизни условного общего предка ветвей, вплоть до времени жизни общего предка всех гаплотипов дерева. Доверительные интервалы не проставлялись, но в большинстве дат они лежат в пределах от 15 до 30%.

### **Исходные данные.**

Источником исследуемых гаплотипов послужила база данных FTDNA:

<http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=Y-Haplogroup-K2&section=yresults>

Отбор гаплотипов осуществлялся по следующим критериям:

1. В разделе «Country» указано одно из государств Африки или Азии.
2. В разделе «Paternal AncestorName» указана одна из национальностей Африки или Азии.
3. В разделе «Paternal Ancestor Name» указано место происхождения предка из Африки или Азии.
4. Длина гаплотипа – 67 маркеров.

По этим критериям были отобраны 64 гаплотипа. Этногеографическая структура выборки гаплотипов приведена в табл.1.

Этногеографический состав	Номера гаплотипов	Кол-во	Доля, %
Армения	10, 26, 75, 76, 77, 79, 84, 116, 133, 149, 150, 195	12	18,7%
Турция	13, 14, 31, 70, 85, 170, 179, 190	8	12,4%
Азербайджан	17	1	1,6%
Грузия	28	1	1,6%
Иран	19, 121, 151, 171, 172	5	7,8%
Ирак	66 (ассириец), 86, 119	3	4,7%
Индия	9	1	1,6%
Сирия	178	1	1,6%
Палестина	87, 181	2	3,1%
Саудовская Аравия	115, 120, 125, 128, 185, 186, 187, 189, 192, 197, 198, 202, 203, 204, 205, 206	16	25%
Кувейт	5, 6, 12	3	4,7%
Бахрейн	11, 199	2	3,1%
ОАЭ	200, 201	2	3,1%
Араб	207, 208	2	3,1%
Марокко	35	1	1,6%
Ливия	114	1	1,6%
Эфиопия	176	1	1,6%
Сомали (еврей из Ирака)	72	1	1,6%
ЮАР	180	1	1,6%

Из таблицы видно, что наибольшая плотность современных гаплотипов приходится на две географические зоны – Закавказье (Армения и Турция) и Аравийский полуостров с резким уменьшением градиента в сопредельных государствах.

Для проведения исследования, из 64 гаплотипов сформировано дерево, которое изображено на рис.2 .



В тексте имеются следующие обозначения:

1. «Гаплотип 12» – гаплотип №12 на древе гаплотипов.
2. «Гаплотип (12)» – гаплотип в 67-маркерном формате из текста с индексом (12).
3. «...=125→143...» – операция корректировки числа поколений с учётом возвратных мутаций (2008)
4. «...15,67...» - дробная аллель в маркере гаплотипа.
5. «...15/16...»- равновероятные значения аллели в маркере гаплотипа,

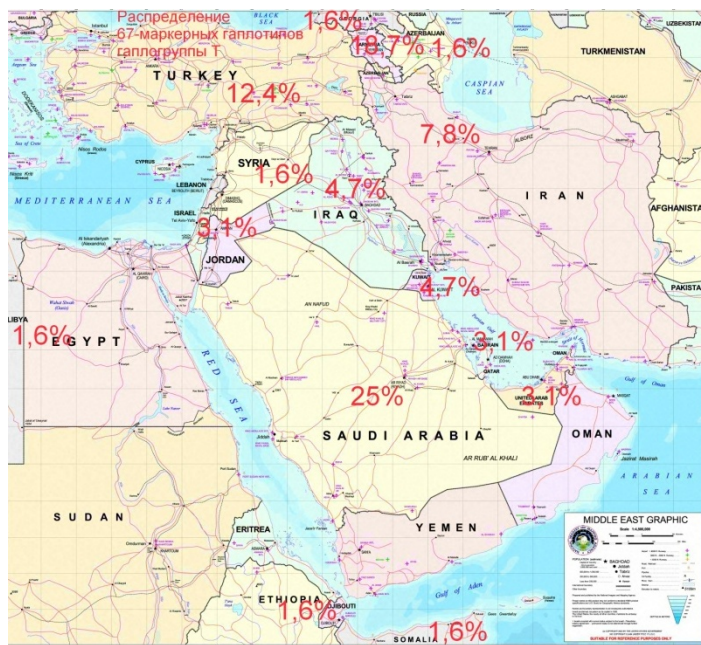


Рис.1 Распределение 67-маркерных гаплотипов по регионам Азии и Африки.

Анализ ветвей дерева гаплотипов

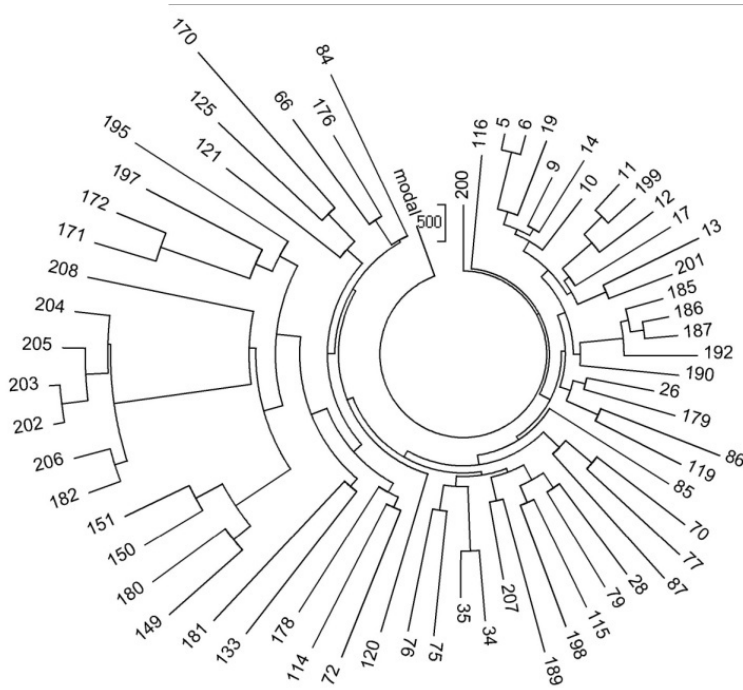
Обход дерева по ветвям будет вестись по часовой стрелке начиная с гаплотипа 200 (T1a2). Это одиночный гаплотип араба из ОАЭ с нуль-мутацией в DYS425. Так как он единственный в базе, то программа и расположила его отдельно. Он имеет вид:

13 23 14 10 15 15 11 12 11 14 13 30 – 17 9 9 11 13 26 14 19 34 11 13 16 16 –  
 10 10 23 24 15 14 16 17 34 36 11 9 – 11 8 17 17 8 11 10 8 11 9 0 20 20 17 10  
 12 12 15 8 11 22 19 15 11 12 13 10 11 12 11 (1)

Вторым расположен **одиночный гаплотип 116 (T1)** армянина из Турции.

13 23 14 10 16 17 11 12 12 14 13 31 – 17 9 9 11 12 27 14 19 34 11 13 16 16 –  
 10 9 23 24 16 13 16 17 35 37 11 9 – 11 8 17 17 8 11 10 8 11 9 12 20 20 18 10  
 12 12 15 8 11 22 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (2)

Гаплотипы (1) и (2) отличаются на 15 мутаций (если считать нуль-мутацию за одну). Мутационная дистанция между этими гаплотипами будет равна  $15/0.12 = 125 \rightarrow 143$  поколениям, или 3575 годам. Тогда условный общий предок гаплотипов (1) и (2) жил примерно 1800 лет назад. Можно предположить, что этот предок скорее был армянином, чем арабом.



**Рис. 2** Дерево из шестидесяти четырёх 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т.

Косвенно это подтверждают их SNP – у армянина T1, а у араба T1a2. Их базовый гаплотип имеет вид (3):

13 23 14 10 15/16 15/17 11 12 11/12 14 13 30/31 – 17 9 9 11 13/12 26/27 14 19 34  
 11 13 16 16 – 10 10/9 23 24 15/16 14/13 16 17 34/35 36/37 11 9 – 11 8 17 17 8 11  
 10 8 11 9 0/12 20 2017/18 1012 12 15 8 11 22 19 15/16 11 12 13 10 11 12 11 (3)

Далее следует большая **ветвь А** из 21 гаплотипа, которые можно разделить на четыре ветви.

**Первая ветвь** состоит из шести гаплотипов – 5, 6, 19, 9, 14, 10.

Два гаплотипа - 5 (T1a2) и 6 (T1) принадлежат жителям Кувейта и отличаются только на одну мутацию. Это явные родственники. Мутационная дистанция у них  $1/0.12 = 8$  поколений, или 200 лет. Их условный общий предок жил примерно 100 лет назад. Их базовый гаплотип (4) с вилкой 18/19 в DYS 458 имеет вид:

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31 – 18/19 9 9 11 13 27 14 19 33 10 13 16 16 –  
 10 10 23 23 15 14 16 19 35 37 10 9 – 11 8 17 18 8 11 11 8 12 9 12 20 20 19 10  
 12 12 15 8 11 22 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (4)

Если сравнить базовые гаплотипы (4) и (3), то окажется, что они отличаются на 19 мутаций, что даёт мутационную дистанцию между ними в  $19/0.12 = 158 \rightarrow 187$  поколений, или 4675 лет, а значит условный общий предок жил примерно 2300 лет назад. Согласно данным FTDNA гаплотипы 5 и 6 принадлежат субкладам T1a2 и T1 соответственно. Похоже, гаплотип 6 принадлежит более древней линии, чем гаплотип 5. К 5 и 6 гаплотипу примыкает гаплотип 19 (T1 из Ирана):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31 – 18 9 9 11 13 26 14 19 33 13 15 16 16 –  
 10 10 23 24 16 14 16 19 35 39 11 11 – 8 16 17 8 11 11 8 11 9 12 20 20 17 10  
 12 12 15 8 10 22 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (5)

Гаплотипы (5) и (4) отличаются на 41 мутацию, что разводит их на дистанцию в  $41/0.12 = 342 \rightarrow 510$  поколений, или 12700 лет. С учётом усреднённого возраста (100 лет) общего предка с гаплотипом (4) можно сказать, что возраст условного предка гаплотипов 5, 6 и 19 будет примерно 12700 лет.

Гаплотипы 9 (T1a2 из Индии) и 10 (T1a2 из Армении) отличаются на 9 мутаций, что даёт мутационную дистанцию в  $9/0.12 = 75 \rightarrow 81$  поколений, или 2025 лет. Условный общий предок жил 1013 лет назад. Его базовый гаплотип (6) имеет вид:

13 23 14 10 14 16 11 12 10,5 14 13 31,5 -- 16,5 9 9 11 13 26 14 19 33 11 13 16 16 –  
 10 10 23 24 15 14 16 17,5 35,5 36,5 12 9 -- 11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10  
 12 12 15,5 8 11 22,5 19 16,5 11 12 13 10 11 12 11 (6)

Гаплотип 14 (T1a2 из Турции), имеющий вид (7):

13 23 15 10 13 16 11 12 11 14 13 31 – 15 9 9 11 13 26 14 19 33 11 13 16 16 –  
 10 10 23 24 15 14 16 17 35 36 13 9 -- 11 8 17 17 8 12 11 8 12 9 12 20 21 17 10  
 12 12 15 8 11 21 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (7)

и базовый гаплотип (6) различаются на 11.5 мутаций, что даёт  $11.5/0.12 = 96 \rightarrow 107$  поколений, или 2675 лет мутационной разницы, что отодвигает условного общего предка этих гаплотипов 9, 10 и 14 примерно на  $2675 + (1013 + 0)/2 = 3200$  лет назад.

Для первой ветви имеются два базовых гаплотипа (4), (6) и два одиночных гаплотипа (5), (7). Усреднённое время жизни общих предков этих популяций - примерно 275 лет назад. Базовый гаплотип этой матрицы (8) имеет вид:

13 23 14,25 10 13,75 16 11 12 10,88 14 13 31,13 – 17 9 9 11 13 26,25 14 19 33 11,25  
13,5 16 16 -- 10 10 23 23,75 15,25 14 16 18, 13 35,13 37,13 11,5 9 – 11 8 16,75 17,25 8  
11,25 11 8 11,75 9 12 20 20,25 17,5 10 12 12 15,13 8 10,75 21,88 19 16,13 11 12 13 10  
 11 12 11 (8)

По отношению к (8) в гаплотипах (4), (5), (6) и (7) набегало 47.78 мутаций, что даёт  $47.78/0.12/4 = 100 \rightarrow 111$  поколений, или 2775 лет мутационной дистанции, а значит условный общий предок первой ветви жил примерно  $2775 + 275 = 3000$  лет назад.

**Вторая ветвь** состоит из шести гаплотипов - 11, 199, 12, 17, 13 и 201. Гаплотипы 11 и 199 (первый T1a2, второй не определён) из Бахрейна имеют разницу в 4 мутации, что разводит их на дистанцию в  $4/0.12 = 33 \rightarrow 34$  поколения или 850 лет. Условный общий предок этих мужчин жил примерно 425 лет назад и имел базовый гаплотип (9):

13 23 14 10 14 15,5 11 12 11 14 13 31 – 17 9 9 11 13 27 14 19 34 11 13 15 16 –  
 10 10 24 24 15 14 17,5 17 36 39,5 11 9 11 -- 8 17 17 8 11 12 8 12 9 12 20 20 18 10 –  
 12 12 15,5 8 12 22 19 17 11 12 13 10 11 13 11 (9)

Гаплотипы 12 (T1a2 из Кувейта) и 17 (T1 из Азербайджана) имеют разницу в 15 мутаций, что размещает их общего предка на 1800 лет назад. Базовый гаплотип имеет вид:

13 23 14 10 14 15,5 11 12 11 14 13 32 -- 17,5 9 9 11 13 26 14 19 34,5 11 13 16 16 –  
9,5 10 23,5 24 14,5 13,5 16,5 17 36 37 11 9 11 -- 8 17 17 8 11,5 11 8 12,5 9 12  
 20 20 17,5 10 12 12 16 8 12 22 18,5 16,5 11 12 13 10 11 12,5 11,5 (10)

Гаплотипы 13 (T1a2 из Турции) и 201 (T1 из ОАЭ) также различаются на 15 мутаций, а значит их условный общий предок жил тоже примерно 1800 лет назад и имел базовый гаплотип (11):

13 23 14 10 14 17 11 12 11 14 13 31,5 – 17 9 9 11 13 25 14 19 32,5 11 14 16 16,5 –  
 10 9,5 23 23,5 15,5 14 15,5 17 35,5 36,5 11 9 11 --- 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12  
 19 20 17,5 10 12 12 15,5 8 11 22 17,5 17 11 12 13 10 11 12 10,5 (11)

Если рассмотреть все три базовые гаплотипа (9)-(11), то увидим, что относительно базового гаплотипа (12):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31,5 -- 17,17 9 9 11 13 26 14 19 33,67 11 13,33 15,67  
16 17 – 9,83 9,83 23,5 23,83 15 13,83 16,5 17 35,83 37,67 11 9 – 11 8 17 17 8 11,17  
11,33 8 12,17 9 12 19,67 20 17,67 10 12 12 15,67 8 11,67 22 18,33 16,83 11 12 13 10 11  
12,5 11 (12)

набирается 33.36 мутаций, что даёт  $33.36/0.12/3 = 93 \rightarrow 103$  поколения или 2575 лет мутационной дистанции, а значит условный общий предок второй ветви жил примерно  $2575+(425+1800+1800)/3 = 3900$  лет назад.

**Третья ветвь** включает в себя гаплотипы 185, 186, 187, 190 и 192. Три гаплотипа 185, 186 и 187 (все T1 из Саудовской Аравии) принадлежат скорее всего родственникам. Между 186 и 187 гаплотипами 6 мутаций, а между 185 и 186, 187 по 6 мутаций соответственно. Они образуют субклад из трёх гаплотипов с 10 мутациями на всех от базового гаплотипа (13):

13 23 15 11 14 16 11 12 11 14 13 32 -- 16,67 9 9 11 13 25 14 19 33,67 11 13,33 16  
 16 – 10 10 23 23,33 16 14 17 18 35,67 38 11 9 11 -- 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 17  
 10 12 12 16 8 11 23 19 17 11 12 13 10 11 12 11  
 (13)

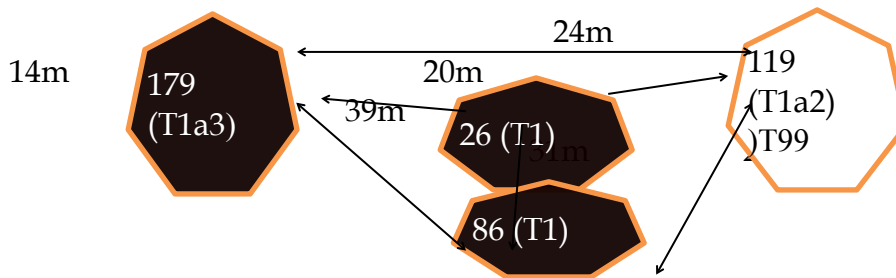
Их условный предок жил  $10/0.12/3 = 28 \rightarrow 29$  поколений или 725 лет назад. Наиболее близок к ним гаплотип 192 (T1a2 из Саудовской Аравии). Между ним и гаплотипами 185, 186 и 187 соответственно 12, 10 и 14 мутаций. А гаплотип 190 (T1 из Турции) отдалён от гаплотипов 185, 186, 187 и 192 соответственно на 19, 19, 21 и 23 мутации. Если составить матрицу из базового гаплотипа (13) и одиночных гаплотипов 192 и 190, то эта матрица будет иметь базовый гаплотип (14):

13 23 14,67 10,67 14 16 11 12 11 14 13 31,33 – 17,22 9 9 11 13 25,67 14 19 34,89 11 13  
 16 16 – 10 10 23 24 15,33 13,67 16,67 18,67 36 38 11 9 – 11 8 17 17,33 8,33 11 10,33 8  
 12 9 12 20 20 17 10 12 12 15,67 8 11 23 18,67 15,67 11 12 13 10 11 12 11 (14)

Относительно гаплотипа (14) все три гаплотипа имеют 32 мутации, что определяет мутационную дистанцию между ними в  $32/0.12/3 = 89 \rightarrow 98$  поколений, или 2450 лет. Это означает, что условный общий предок

третьей ветви жил примерно, с учётом усреднённого возраста гаплотипов , 2700 лет назад.

**Четвёртая ветвь** состоит из четырёх гаплотипов 26, 179, 86 и 119. Наиболее близки гаплотипы 26 ( T1 из Армении) и 179 (T1a3 из Турции). Между ними 14 мутаций. Гаплотип 119 (T1a2 из Ирака) удалён от гаплотипов 26, 179 и 86 соответственно на 20, 24 и 29 мутаций. А гаплотип 86 (T1 из Ирака) удалён от гаплотипов 26 и 179 соответственно на 31 и 39 мутации (рис.3).



**Рис.3. Мутационная схема четвёртой ветви.**

Мутационная дистанция между гаплотипами 179 и 26 равна  $14/0.12 = 117 \rightarrow 133$  поколениям или 3325 лет, а значит условный общий предок удалён примерно на 1600 лет назад и его гаплотип (15) имеет вид:

13 23,5 14 10,5 14 17 11 12 11 14 13,5 30–17 9 9 11 13 26,5 14 19 34 11 13 16 6–10  
 10 22 24 15 14 16 17,5 34,5 36,5 13,5 9 11 – 8 17 17 8 10,5 10,5 8 12 9 12 20 20 16 10  
 12 12 15 8 11 22 19 14 11 12 13 10 11 12 11 (15)

Для четвёртой ветви матрица из базового гаплотипа (15) и одиночных гаплотипов 119 и 86 будет иметь базовый гаплотип (16):

13 23,5 14 10,83 14 16,33 11 12 11 14 13,17 30--17,33 9 9 11 13,33 25,5 14 18,67 33,33  
12,33 13,67 16 16---10 10 22 24,33 15,33 14 16 17,17 34,83 35,5 12,17 9 11 – 8 17 17 8  
10,83 10,17 8 11,33 9 12 20 20 16,33 10–12 12 16 8 11,67 23,67 19,33 16 11 11,33 13  
 10 11 12 11 (16)

Все три гаплотипа имеют по отношению к базовому гаплотипу (16) 54 мутации, что даёт  $54/0.12/3 = 150 \rightarrow 176$  поколений мутационной дистанции или 4400 лет. С учётом усреднённого возраста гаплотипов, входящих в матрицу, можно сделать вывод, что условный общий предок четвёртой ветви жил примерно 4900 лет назад.

Если сопоставить базовые гаплотипы (8), (12), (14) и (16), то получаем базовый гаплотип **ветви А** (17):

13 23,25 14,06 10,42 13,94 16,17 11 12 10,97 14 13,09 30,66--- 17,21 9 9 11 13,17 25,81  
 14 18,84 33,33 11,73 13,54 15,92 16,04--9,96 9,96 22,63 24,06 15,23 13,96 16,13 17,37  
35,16 36,45 11,71 9 -- 11 8 16,94 17,06 8 11,02 10,67 8 11,65 9 12 19,92 20,06 16,96  
 10 12 12 15,78 11,44 22,81 19 16,24 11 11,67 13 10 11 12,13 11 (17)

Все четыре базовых гаплотипа по отношению к базовому гаплотипу (17) имеют 47.44 мутации, что даёт  $47.44/0.12/4 = 99 \rightarrow 110$  поколений или 2750 лет мутационной (временнОй) дистанции. Общий условный предок ветви А жил примерно  $2750+(3000+3900+2700+4900)/4 = 6400$  лет назад.

**Ветвь В** состоит из сорока одного гаплотипа. Её можно разделить на девять ветвей - с пятой по тринадцатую.

Пятой ветви предшествует **одиночный гаплотип 85** (Т1 из Турции). Этот гаплотип имеет вид (18):

13 23 15 10 15 19 11 12 11 14 13 30—17 9 9 11 13 26 14 19 35 12 13 16 16—  
 10 10 25 25 16 14 16 17 37 39 11 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 20 20 16 11  
 12 12 16 8 11 24 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (18)

Если сравнить гаплотип (18) и базовый гаплотип (17), то разница между ними - 23.6 мутаций. Мутационная дистанция между этими гаплотипами  $23.6/0.12 = 197 \rightarrow 244$  поколения или 6100 лет. Условный общий предок ветви А и гаплотипа 85 жил примерно  $6100+3200 = 9300$  лет назад.

**Пятая ветвь** состоит из трёх гаплотипов - 70 (Т из Турции), 77 (Т1 из Армении) и 87 (Т1 из Палестины). Между гаплотипами 70 и 77 двадцать две мутации, а между 87 и этими двумя - по 40 мутаций. Мутационная дистанция между гаплотипами 70 и 77 равна  $22/0.12 = 183 \rightarrow 224$  поколения или 5600 лет. Условный предок жил примерно 2800 лет назад и его базовый гаплотип (19) имеет вид:

13,5 23,5 14 10 14,5 16 11 13 11,5 12,5 13 30-- 17,5 9 9,5 11 13 28,5 14 19 35,5 11 13  
 15 16 -11 10 22 22 15,5 14 16 18,5 37,5 39,5 10 9 --11 8 17 17 7,5 11 10 8 12 10 12 20  
 20 16 10 12 12 15 8 11 23,5 19 14,5 11 12 13 10 11 12 11 (19)

Если сравнить гаплотип 87 и базовый гаплотип (19), то они отличаются на 40 мутаций, что даёт  $40/0.12 = 333 \rightarrow 492$  поколения, или 12300 лет мутационной дистанции. А это  $12300+(2800+0)/2 = 13700$  лет назад до общего предка ветви пять. Его базовый гаплотип (19а) имеет вид:

13,25 23,75 14,5 10 14,25 15 11 12,5 11,75 12,25 13 29,5 ---17,25 9 9,25 11 13 26,25  
 14 19 33,25 12,5 14 15 16 -- 10,5 10 22,5 22,5 15,25 13,5 16 18,75 36,75 37,75 11 9---

11 8,5 17 17 7,75 11 10 8 12,5 9,5 12 20 20 16 10 12 12 15 8 11 23,25 19 14,75 11 11,5  
13 10 11 12 11 (19a)

**Шестая ветвь** состоит из десяти гаплотипов. Самые близкие - это гаплотипы 34 и 35 (T1 из Турции и Марокко). Между ними 9 мутаций, что даёт  $9/0.12 = 75 \rightarrow 81$  поколение, то есть примерно 2025 лет между ними, с условным общим предком, жившим примерно 1013 лет назад и имевшим базовый гаплотип (20):

13 24 15 10 13 15,5 11 12 11 12 14 27--15,5 9 9 11 13 25 14 19 34 10 12 16 16--  
10 10,5 23 23 15 14 18 16 34,5 36,5 11 9 --11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 15 10  
12 12 14,58 11 24,5 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (20)

Остальные восемь -28 (T1 из Грузии), 75 (T из Армении), 76 и 79 (оба T1 из Армении), 115,189,198 (все T1 из Саудовской Аравии) и 207 (T1, араб) имеют условный базовый гаплотип (21):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 13 14 29--17 9 9 11 13 26 14 19 34 11 13 16 16 -  
10 10 23 23 16 14 16 18 35 37 11 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 16 10  
12 12 15 8 11 24 19 15 11 12 13 10 11 12 11 (21)

По отношению к базовому гаплотипу (21) все восемь гаплотипов суммарно имеют 171 мутацию, что даёт время жизни условного общего предка  $171/0.12/8 = 178 \rightarrow 217$  поколений или 5425 лет назад. Если сравнить базовые гаплотипы (21) и (20), то получается мутационная дистанция  $26.5/0.12 = 221 \rightarrow 282$  поколения или 7050 лет. Условный общий предок шестой ветви жил примерно  $7050 + (1013 + 5425)/2 = 10200$  лет назад. Его гаплотип (22) имеет вид:

13 23,5 14,5 10 13,5 15,75 11 12 11 12,5 14 28 --- 16,25 9 9 11 13 25,5 14 19 34 10,5  
12,5 16 16--- 10 10,25 23 23 15,5 14 17 17 34,75 36,75 11 9--- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 9  
12 20 20 15,5 10 12 12 14,75 8 11 24,25 19 15,5 11 12 13 10 11 12 11 (22)

**Одиночный гаплотип 120** (T1 из Саудовской Аравии) имеет вид (23) :

13 23 15 10 13 17 11 12 14 14 13 33--18 9 9 11 13 26 14 20 34 11 13 17 17--  
10 10 21 23 15 14 13 18 38 40 11 9--11 8 17 17 8 11 10 8 11 9 12 20 20 18 10  
12 12 15 8 13 21 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (23)

Он отличается от базового гаплотипа (22) на 36.5 мутаций, что даёт  $36.5/0.12 = 304 \rightarrow 432$  поколения или 10800 лет мутационной разницы. Общий условный предок гаплотипов (22) и (23) жил примерно  $10800 + (0 + 10200)/2 = 15900$  лет назад. Если сравнить гаплотип 120 с базовым гаплотипом пятой ветви (19a), то они отличаются на 42.5 мутации, что в



конечном итоге приводит к общему предку, жившему примерно 20200 лет назад.

**Седьмая ветвь** состоит из трёх гаплотипов: 84 (Т1а из Армении), 176 (Т1 из Эфиопии) и 66 (Т1а из Ирака). Базовый гаплотип этой ветви (24):

13 23 14,33 10 13,33 16 11 12 10,67 13 13 29 --- 179 9 11,33 12,67 26,33 14 19,33 34  
11 12,33 13,67 15,67--- 10 10,33 22,67 24 15 14,33 15 17,33 35 36,67--- 11 9 11 8 16,67  
17 8 11,33 10 8 11,67 9 12 20 20 16 10 12 12 14 8 11 23 19 14,33 11 12,67 13 10 10,67  
12 10 (24)

В трёх гаплотипах набралось 68.63 мутаций, что даёт  $68.63/0.12/3 = 191 \rightarrow 236$  поколений или 5900 лет назад до общего предка седьмой ветви.

**В восьмой ветви** три гаплотипа-170 (Т из Турции), 125 (Т1 из Саудовской Аравии) и 121 (Т1 из Ирана). Базовый гаплотип восьмой ветви имеет вид :

13,67 23,67 15 10 14,67 17,33 11 12 11,33 13 13 28,67 --- 17 8,67 9 11 12,67 26 14 19  
31,67 11 12,33 14,33 15 --- 11 10,67 20,67 21 14,67 14 16 16,67 34,67 37 11,67 9 11,67-  
8 17 17 8 11 10 8 11,33 9 12 20 20,33 16,67 10 12 12 14 8 11,33 22,67 19,67 14,33 11,33  
11,67 13,33 10,33 11,33 12 11 (25)

На три гаплотипа приходится суммарно 89.92 мутации, что даёт  $89.92/0.12/3 = 250 \rightarrow 331$  поколение или 8275 лет назад до условного общего предка.

**Девятая ветвь** состоит из гаплотипов 178 (Т1а4 из Сирии), 114 (Т1 из Ливии) и 72 (Т1а из Сомали (предок из Ирака)). Условный базовый гаплотип девятой ветви имеет вид (26):

13 23 14,33 9,67 14 16,67 11 12 11,67 13,67 14 29,67--- 17,33 9 9 11 11,67 26,33 14,33  
19 33,67 11,67 13 15--- 16,67 11 10 22,67 23,33 15,33 14,33 15 16,33 36,67 37,33 10 9  
11--- 8 17 17 8 11 10 8 12,33 9 12,67 19,67 20 16,33 10 12 12 14 8 11,33 22,33 19,67  
15,67 11 1213 10,33 11 12 11 (26)

Относительно базового гаплотипа (26) все три гаплотипа имеют 67.27 мутаций, что даёт  $67.27/0.12/3 = 187 \rightarrow 229$  поколений или 5725 лет до общего условного предка.

**Десятая ветвь** состоит из двух гаплотипов - 181 (Т1b1а из Палестины) и 133 (Т1 из Турции). Условный базовый гаплотип десятой ветви имеет вид (27):

13 23 13 10,5 14 15 11 12 12 13 13,5 29,5—15,5 9 9 11 12,5 25 14,5 19,5 33,5 10 11  
 1515,5--- 11 10 23,5 25 14,5 13 16,5 17 35 36 13,5 9 --- 11 8 17 17 8 11 10 8 11,5 9 6 20  
 20 17,5 10 12 11 15,5 8 11 26 21 14 11 12 14 10,5 11 12 10 (27)

Гаплотипы 181 и 133 отличаются друг от друга на 45 мутаций, что даёт  $45/0.12 = 375 \rightarrow 585$  поколений или 14625 лет мутационной дистанции. Тогда условный общий предок десятой ветви жил примерно 7300 лет назад.

**Одиннадцатая ветвь** образуется четырьмя гаплотипами - 151 (T1 из Ирана), 150 (T1b из Армении), 180 (T1b из Южной Африки) и 149 (T1b армянина из Германии). Условный базовый гаплотип десятой ветви имеет вид (28):

14,25 23 14,75 10 13,75 17,5 11 12 10,75 14 14,75 31,5--- 17 9 10 11 12 25,5 15 19  
 31,25 11 11 15 15,75—11 10,25 21,75 22,75 15 13 16,75 17,75 34,25 37 12 9 11---  
 8 17 17 8 11,75 10 8 10,5 9 12 20 20 16,75 10---12 12 13 8 11 27 20 15 11 12 13 11 11  
 12 11 (28)

Четыре гаплотипа имеют по отношению к гаплотипу (28) 49.5 мутаций, что даёт  $49.5/0.12/3 = 138 \rightarrow 161$  поколение или 4025 лет до общего предка.

**Двенадцатая ветвь** из 202 и 203 (идентичные T1 из Саудовской Аравии), 205 и 204 (оба T1 из Саудовской Аравии) имеет условный базовый гаплотип (29):

14 23 13 10 16 17 11 12 9 14 13 29---16 9 9 11 11 25 14 19 32 11 14 14 15 10 --- 10 23  
 23 15 13 19 20 29 39 12 9 11—9 17 17 8 12 10 8 12 10 12 20 20 17 10 12 12 16 8 10 28  
 20 14 11 12 14 11 11 12 11 (29)

На все четыре гаплотипа приходится 10 мутаций, что даёт  $10/0.12/4 = 21$  поколение или 525 лет до общего предка.

**Тринадцатая ветвь** содержит всего лишь два гаплотипа из Саудовской Аравии - 205 (T1) и 182 (T1b), которые имеют базовый гаплотип (30):

15 23 13 10 16 17 11 12 9 14 13 29—16 9 9 11 11 25 14 19 32 11 14 15 15—10 10 23 23  
15,5 13 18 18 29 38,5 12 9 -11 8 17 17 8 12 10 8 12 10 12 20 20 18,5 10 12 12 16 8 10  
28,5 20 14 11 12 14 11 11 12 11 (30)

Между ними всего четыре мутации, что даёт  $4/0.12 = 33 \rightarrow 34$  поколения или 850 лет мутационной дистанции. Общий предок тринадцатой ветви жил примерно 425 лет назад.

**Одиночный арабский гаплотип 208** (T1) из неизвестной страны стоит особняком. Его гаплотип (31):

13 24 13 10 13 16 11 12 11 14 13 30---18 9 9 11 12 24 15 19 31 11 14 15 16— 10 10 22  
 23 16 13 17 18 32 36 129---11 8 17 17 8 11 9 8 12 10 12 20 21 15 10 12 12 14 8 11 26 20  
 15 11 12 15 11 11 12 11 (31)

Если составить матрицу из базовых гаплотипов (28), (29) и одиночного гаплотипа (31), то получим условный базовый гаплотип (32):

14,17 23,33 13 10 15 16,67 11 12 9,67 13,92 13 29,25---16,67 9 9 11 11,33 24,67 14,33  
 19 31,67 11 14 14,75 15,33---10 10 22,67 23 15,5 13 17,92 18,67 30 37,92 12 9 --11 8,17  
 17 17 8 11,58 9,67 8 12 10 12 20 20,33 16,8310 12 12 15,33 8 10,33 27,5 20 14,33 11 12  
14,33 11 11 12 11 (32)

В трёх гаплотипах суммарно набегало 56,3 мутации, что даёт  $56,3/0.12/3 = 156 \rightarrow 184$  поколения или 4600 лет мутационной (временнОй) дистанции. Тогда условный общий предок жил примерно  $4600+(525+425+0)/3 = 4900$  лет назад.

Для ветви В можно составить матрицу из девяти базовых гаплотипов (19а), (22), (24)-(30) и трёх одиночных (18), (23) и (31). Эта матрица образует условный базовый гаплотип ветви В (33):

13,43 23,24 14,12 10,01 14,21 16,6 11 12,04 11,1 13,45 13,35 29,74 ---  
16,86 8,97 9,1 11,03 12,29 25,58 14,24 19,15 32,95 11,14 12,85 15,08 15,8---  
10,38 10,13 22,56 23,22 15,23 13,6 16,27 17,65 34,4 37,78 11,51 9---  
11,06 8,13 16,97 17 7,98 11,26 9,92 8 11,74 9,38 11,56 19,97 20,11 16,6 10,08  
 12 11,92 14,77 8 11,06 24,67 19,61 14,88 11,03 11,99 13,44 10,43 11 12 10,83 (33)

Двенадцать гаплотипов с усреднённым временем жизни общего предка примерно 4673 лет, имеют 374.82 мутации, что даёт  $374.82/0.12/12 = 260 \rightarrow 349$  поколений или 8725 лет мутационной дистанции. Тогда условный общий предок ветви В жил примерно  $8725+4673=13300$  лет назад.

В результате проведённых расчётов получены следующие результаты:

1. Ветвь А, время жизни общего предка примерно 6400 лет назад, базовый гаплотип (17).
2. Ветвь В, время жизни общего предка примерно 13300 лет назад, базовый гаплотип (33).

Для всех шестидесяти четырёх гаплотипов можно записать матрицу из двух условных базовых гаплотипов (17) и (33) и двух одиночных гаплотипов (1) и (2). Тогда получаем условный базовый гаплотип всего дерева (34):

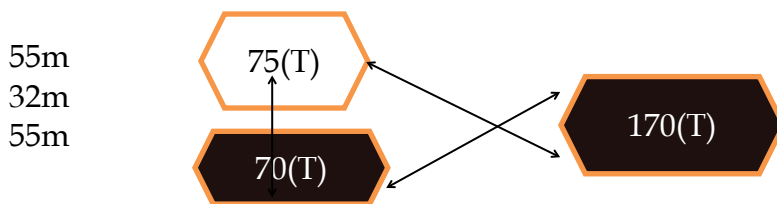
13,11 23,12 14,04 10,11 14,79 16,22 11 12,02 11,26 13,87 13,11 30,36---  
17,02 8,99 9,03 11,01 12,62 26,14 14,06 19 33,62 11,19 13,08 15,75 15,96---  
10,1 9,77 22,79 23,81 15,37 13,65 16,1 17,25 34,64 36,8 11,29 9--- 11,02 8,02 16,98  
17,02 7,99 11,07 10,15 8 11,34 9,1 18,89 19,97 20,04 17,14 10,02 12 11,98 15,12 8 11,13  
22,88 19,15 15,53 11,01 11,93 13,11 10,11 11 12,03 10,96 (34)

Все четыре гаплотипа суммарно насчитывают 61.7 мутаций, что даёт мутационную дистанцию между ними в  $61.7 / 0.12 / 4 = 129 \rightarrow 148$  поколений или 3700 лет. Тогда общий условный предок всего дерева гаплотипов жил примерно  $3700 + (6400 + 13300) = 13500$  лет назад.

Эта цифра близка к времени жизни общего предка жизни ветви В, предок которой и является, скорее всего, общим предком всего дерева гаплотипов. В базе данных имеется всего три гаплотипа Т, которые разошлись по трём ветвям – пятой, шестой и восьмой ветви В (соответственно 2800, 10200 и 8275 лет до общего предка).

Из схемы (рис.4) видно, что наиболее близки гаплотипы 75 и 70. Между ними 32 мутации, что даёт  $32 / 0.12 = 133 \rightarrow 154$  поколения или 3850 лет мутационной дистанции. Условный общий предок жил примерно 1925 лет назад. Его условный базовый гаплотип (35) имеет вид:

13,25 23 14,5 9,75 14,5 16 11 12 12 13 13 29,5 --- 16,75 8,75 9,25 11 12,75 26,75 14,25  
19,25 32,75 11,25 12,5 15,25 15,75 — 11 10 21,5 22,25 15,25 14,25 16,25 17,75 36,25  
37,5 12 9---- 11,25 8 17 17 7,75 11,25 10 8 11,75 9,25 12 20 20 16,5 10 12 12 15 8 11  
24,51 9,75 14,25 11,25 11,75 13,75 10,5 11 12 10,5 (35)



**Рис.4 Мутационная схема гаплотипов субклада Т.**

Базовый гаплотип (35) и гаплотип 170 отличаются на 38.75 мутаций. Это даёт  $38.75 / 0.12 = 323 \rightarrow 470$  поколений или 11750 лет мутационной дистанции. Общий предок субклада Т жил примерно  $11750 + 0.5 * 1925 = 12700$  лет назад. Таким образом, предок субклада Т был общим предком и для ветви В, и для всего дерева гаплотипов в целом. Все три гаплотипа субклада Т принадлежат выходцам из Закавказья. На основании этого можно сделать

осторожное предположение, что гаплогруппа Т распространялась по Азии и Африке из этого региона. А вот говорить о том, что гаплогруппа Т зародилась в Закавказье пока рано, так большинство представителей гаплогруппы Т живёт в Европе (68% на сегодняшний день). Поэтому представляется правильным провести анализ **всех имеющихся гаплотипов** и посмотреть на картину в целом, что и будет сделано в следующей статье.

### *Литература*

Клёсов А.А. (2011a) ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, No. 7, 1367-1394.

Клёсов А.А. (2011b) Гаплогруппы и гаплотипы Армении (гаплогруппы J2, R1b-L23, R1b-M269 и T-M184). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, No.7, 1264-1330.

Лабай А.А. (2011c) Армянские гаплотипы гаплогруппы T-M184 из Закавказья. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, No.11, 2073-2079.

Лабай А.А.(2011d) Гаплогруппа Т в Закавказье. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, No.12, 2246-2250.

Клёсов А.А. (2011e) Расчёты численных значений констант скоростей мутаций самых медленных 22 маркеров 67-маркерной панели. Вестник Российской Академии ДНК-Генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, No. 5, 968-987.

Клёсов А.А. (2011f) ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 1). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, No. 5, 988-1014.

Клёсов А.А.(2009) Общие принципы ДНК-генеалогии (новая редакция). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, No.7, 1264-1330.

Клёсов А.А.(2008) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, No.5, 812-835.

# О митохондриальной ДНК хуннов Забайкалья (Общие соображения по поводу недавней статьи археологов и генетиков)

А.А. Клёсов

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

Причиной этой статьи послужило письмо от археологов. Они прислали мне статью (Пилипенко и др., 2011) и в письме отметили – *«Выборка маленькая и по первому впечатлению - какая-то каша. Если у Вас найдется время, хотелось бы хотя бы краткий комментарий. Ваше мнение очень важно для археологов».*

Насчет важности – не знаю, насколько я могу быть в данном случае полезен. Я бы предпочел рассмотреть мужские гаплогруппы-гаплотипы, тогда результаты были бы значительно более информативными. От рассмотрения мтДНК я обычно уклоняюсь, по разным причинам.

Одна причина – я не могу считать себя специалистом по мтДНК, хотя представление имею (Клёсов, 2011, 2012).

Вторая – в отношении древних миграций и вообще описаний районов обитания древних мтДНК, как правило, неинформативна, особенно когда имеется «солянка» из разных гаплогрупп мтДНК, как в цитируемой статье. Это просто означает, что женщины в этом племени, популяции, или «племенном союзе», как обозначают хунну, появлялись из самых разных регионов, и неудивительно – пленницы, наложницы, живые трофеи военного времени. О каких исторических закономерностях это может говорить? О каких направлениях миграций? О каких миграциях вообще? Какой вклад в историю и археологию это может делать?

Вот конкретный пример практической ДНК-генеалогии. Изучение Y-хромосомных гаплогрупп и гаплотипов Индостана позволило решить старую загадку о том, кто были арии. Оказалось, что это были носители гаплогруппы R1a1, что они перешли в Индию с Русской равнины, что время жизни общего предка «индоевропейской» ДНК-линии в Индии примерно равно около 5000 лет назад (в терминах мтДНК это давало бы одну-две мутацию на гаплотип), и что гаплотипы «индоевропейских» индийцев вплоть до 67-маркерных гаплотипов практически совпадают с гаплотипами этнических русских гаплогруппы R1a1, которых в России до 62% (правда, в Индии перешли в основном представители отдельного

субклада, L342, но это принципиально дела не меняет, род тот же самый). Что число носителей той же гаплогруппы в высших кастах Индии достигает 72%. Иначе говоря, изучение хромосомной ДНК дает ясную и четкую картину передвижений древних предков. Иногда картина не столь ясная и четкая, но есть метки, с которыми можно работать.

А что показало изучение мтДНК Индии? Вот – типичная статья на эту тему (Sharma et al., 2005). Главные положения Абстракта статьи:

-- линии мтДНК значительно перекрываются между «индо-европейскими» популяциями (Uttar Pradesh, Bihar and Punjab), и дравидскими племенами Южной Индии

-- изучение мтДНК показало, что генетические расстояния между индийскими популяциями значительно ближе друг к другу, чем расстояние между индийскими популяциями и другими популяциями мира

-- статистический анализ мтДНК показал, что в популяциях были значительные экспансии

-- показано, что человеческие миграции происходили (возможно, через Индийский субконтинент и в его границах) даже после начальной фазы миграций женщин в Индию.

Да, не густо в отношении ДНК-генеалогии. Типичное популяционно-генетическое исследование. Первое просто означает, что арии брали в жены не только своих, но и дравидок, но это и так ясно по смуглости многих «индоевропейских» индусов. А последующие три «положения» - откровенные банальности.

Из текста той же статьи:

*Индийские мтДНК относятся как к азиатской гаплогруппе М, так и к западно-евразийским гаплогруппам Н, I, J, К, U, W и другим, которые больше нигде не найдены. Основная в Индии гаплогруппа М является юго-западно-азиатской, хотя другие авторы полагают ее происхождение восточно-африканским.*

Как видно, действительно немного.

Вот еще данные – мтДНК в Индии. Из 183 человек 134 – гаплогруппа М, 22 R, 15 U2, 9 U4, 2 U7, 1N (Behar et al, 2010).

А вот данные для России. Из 198 человек 85 – гаплогруппа Н, 21 U5, 18 T2, 16 J, 10 HV0, 7 U4, 7 X, 5 K, 5 I, 4 W, 4 HV, 4 T1, 3 U2, 2 U1, 2 U3, по одной M, D, G, U7, R0a (Malyarchuk, 2002, цит. по Behar et al, 2010).

А вот, например, в Турции где набор гаплогрупп Y-хромосомы совершенно отличается от российского. Из 383 человек 97 – гаплогруппа Н, 42 – J, 31 T2, 18X, 24 K, 21 U3, 21 U5, 16 T1, 15 W, 14 U1, 9 R, 9 I, 7 HV, 7 HV1, 6 M, 6 U7, 5 R0a, 5 N1a, 4 U4, 4 U2, 3 C, 3 D, 3 N1b, 3 U8a/b, 2 N, 2 HV2, по одному N1, N1c, HV0, F.

Хорошо, дальше что? И все-таки – при том, что Y-гаплогруппы в России и в Турции совершенно разные (в Турции мало R1a1, I и N, в России мало J и R1b), в обеих странах на первом месте одна и та же мтДНК, Н. В обеих странах в первых рядах мтДНК J, T2, U5. Не удивительно, что корреляций между Y-ДНК-гаплогруппами и мт-ДНК-гаплогруппами нет.

У кого еще мтДНК гаплогруппы Н больше других, на первом месте среди своих? Пожалуйста: у адыгов, у армян, у белорусов, украинцев, русских, у народа Brahui в Пакистане, Афганистане и Иране, у чувашей, киприотов, друзов, египтян, французов, басков, венгров, у иранцев и иранских же евреев, у итальянцев, иорданцев, ливанцев, лезгинов, литовцев, у марокканских берберов и в Марокко в целом, как и у марокканских евреев, у палестинцев, румын, евреев-сефардов, испанцев, сирийцев, турок, уйгуров, узбеков... (Behar et al, 2010).

Информативно?

Еще конкретные данные, например (Shen et al, 2004) – *“В отличие от картины по Y-хромосоме, где палестинцы имеют минимальное разнообразие (гаплотипов), разнообразие мтДНК у палестинцев среди самых высоких (на Ближнем Востоке)»*. Возможно, потому что в Палестине женщины со всего мира (включая, возможно, древних наложниц), а мужские линии – довольно прямые. Ну, и какие выводы мы по мтДНК в Палестине будем получать в отношении ДНК-генеалогии? Выходить на «хромосомную Еву»? И что это нам даст в отношении Палестины?

Еще пример – на раскопках в северо-восточной Монголии нашли мужскую гаплогруппу R1a1 и женскую U2e1 с датировкой начала нашей эры (Kim et al, 2010). С мужской – полный порядок и восторг, даже в заглавии статьи вынесли. Сделали вывод, что это отражает «индоевропейскую миграцию» в те края, в Абстракте статьи это отразили. А женская? Да так. Кстати, та же U2 найдена в Костенках, с датировкой примерно 20 тысяч лет назад. Она встречается в немалых количествах во Франции, на юге Индии, а в малых



(но не в единичных количествах) – в самых разных местах – у пуштунов, уйгуров, адыгов, армян, иранцев, белорусов, итальянцев, иорданцев, ливанцев, сирийцев, в Саудовской Аравии и так далее (Behar et al, 2010). U2e часто встречается в Средней Азии, в Индии, у калашей в Пакистане, у узбеков, азербайджанцев, киргизов, туркменов, курдов, таджиков, иранцев...

Ну, дальше что? Особого возбуждения это в статье не вызвало. Видимо, потому, что не слишком информативно. ДНК-генеалогия строится на прямых линиях, и прямые здесь не только то, что рассматриваются прямые предки, это и в мтДНК то же самое. А прямые – это несущие прямую (по возможности) информацию о миграциях, территориях, племенах и их истории. Женщины при всей их важнейшей роли в рождении и воспитании потомства, создавали часто исключительно хаотическую картину в отношении регионов, территорий, племен, из которых уходили и куда приходили. Часто не по своей воле. Часто вообще в разные концы мира.

Именно потому мтДНК часто показывают исключительное разнообразие гаплогрупп и гаплотипов, что для ДНК-генеалогии не подходит. Потому что это не дает генеалогии в том смысле понятия, над которым ДНК-генеалогия работает. мтДНК зачастую космополитична, она – с миру по нитке. Гаплогруппы и гаплотипы часто разбросаны по регионам и континентам, и «общий предок» теряет фокус. Да и временная шкала мутаций у мтДНК другая, нежели у Y-хромосомных гаплотипов. У последних – века (у 67-маркерных гаплотипов, например, где одна мутация соответствует восьми поколениям), у мтДНК – тысячелетия. Поэтому изучение мтДНК решает другие задачи, тоже важные, но обычно не задачи ДНК-генеалогии в той форме, которые мы ставим.

Примерно об этом же пишут (Underhill and Kivisild, 2007) в статье с подходящим названием – «Использование Y-хромосомальной и митохондриальной ДНК в популяционных структурах при изучении миграций человека». В разделе «Соответствие между деревьями мтДНК и Y-ДНК» они пишут про «различную эволюционную историю на тех же самых территориях» для мужских и женских ДНК, и продолжают – *«в противовес относительной гомогенности гаплогрупп мтДНК по Европе, имеется совершенно разная картина распределений частот Y-гаплогрупп, например, R1b, I1a и I1b»*. И далее – *«Восточная Европа, Центральная и Восточная Азия показывают наличие одних и тех же гаплогрупп, как, например, N и R1a, что совершенно не отражается в филогеографии мтДНК»*. И далее – *«данные по Y-хромосоме показывают разные миграционные пути из Африки через Синай и далее в Европу в*

позднем плейстоцене, что видно из распределения линий гаплогруппы E3b, но это не видно при рассмотрении гаплогрупп мтДНК».

Показательна в том же отношении работа (Behar et al, 2010) по изучению генома евреев, и сопоставление полученных результатов с Y- и мт-ДНК. Геном (половина испытуемых – мужчины, половина – женщины) показал выделение кластеров евреев в отдельную группу, отличную от картины генома множества других популяций планеты, причем совокупный кластер евреев отделяется от европейских популяций, и сдвигается к ближневосточным популяциям, наплывает на них. При этом геном отражает Y-хромосомные гаплогруппы, «используя» их как метки. И не только геном евреев, но и остальные популяции, включая многие этнические группы. Иначе говоря, мы знаем, что гаплогруппы – это не этнос, но оказывается, что во многих этносах есть доминирующие гаплогруппы, и в итоге корреляция с ними часто имеет место.

А вот с митохондриальной ДНК никакой корреляции нет. Никаких «кластеров евреев» в поле мтДНК авторами работы не выявлено, о чем они и пишут: *“However, mtDNA analysis differs from Y-chromosome analysis in that no obvious Jewish cluster is evident”*.

Это объясняется двумя факторами, которые тесно связаны друг с другом. Один – это то, что геномы женщин «прозрачны» для данного типа геномного анализа. Они настолько следуют по снипам (а именно снипы, сотни тысяч снипов прослеживали в данной работе) за мужскими геномами, и настолько «хаотичны», что они «прозрачны», не мешают мужским геномам и их Y-гаплогруппам «просвечиваться» при геномном анализе. Другой – что в подавляющем большинстве «свои» популяции держат геном, как держат и «свою» гаплогруппу. Условно говоря, русские в большинстве женятся на русских, монголы на монголках, а африканцы на африканках. До полного разбавления одних этносов другими и одних гаплогрупп другими еще очень далеко. Так что соображения о том, что все давно перемешались геномами, столь популярные при математических моделированиях, не выдерживают никакой критики. Гаплогруппы и этносы консервативны. Естественно, случаются смешивания, но это – на хвостах кривых распределения гаплогрупп и популяций.

Надо дополнительно пояснить, что такое «прозрачны» в данном контексте. Оказалось, что геномный анализ (во всяком случае при определенном приближении) фактически дает картину чисто Y-хромосомного распределения, то есть монголы отдельно, китайцы отдельно, финны отдельно, русские-белорусы-украинцы в основном неразделимы, и так далее, причем у каждого народа есть именно то геномное распределение, что и дают Y-

гаплогруппы. То есть у русских три основных цвета, один основной, процентов 50-60 (он коррелирует с гаплогруппой R1a у этнических русских), другой меньше, процентов 15, но он доминирует у финнов (и коррелирует с гаплогруппой N1c), третий дает примерно столько же, и заметен на Западе (коррелирует с гаплогруппой I). R1a и R1b по этим цветам неразделимы, геном дает просто R, поэтому русские и французы и ирландцы-шотландцы практически идентичны, кроме того финского цвета.

Короче, геномный анализ (а он проводится по совокупности снипов, которые и «окрашиваются») дает мужское разделение по мужским гаплогруппам. Но интересно то, что там, в геномном анализе, 50% женщин. Получается, что они совершенно прозрачны, никак не проявляются. А не проявляются, наверное, потому, что их мтДНК настолько хаотична (потому что жен и подруг брали отовсюду), что не дает никакой четкой картины, которая бы накладывалась. При этом и в России-Украине-Белоруссии-Литве и в Европе доминирует гаплогруппа H мтДНК, что опять же накладывается почти равномерно, не нарушая мужской картины. Это как смотреть через вращающийся винт самолета, он прозрачен, хотя и физически имеет место.

Потому-то Y и мтДНК не коррелируют. Мужчины при древних миграциях имели одну доминирующую Y-хромосомную гаплогруппу, и хватали женщин по ходу миграции, кто подвернется. Какая уж там корреляция... мтДНК полезная как метка только там, где популяция относительно замкнутая и сидит там тысячелетиями. Например, в Южной Америке.

Так что и здесь мтДНК не имеют своего «лица». Они в значительной степени «гомогенно распределены» по территориям, предпочитают «своих мужчин» при наличии свободного выбора, что и дает стабильную картину генома. Не случайно ирландцы на 92% R1b1b2, как и баски, русские на 50% (и до 62%) R1a1, а финны на 77% N1c. И держат это тысячелетиями.

Возможно, в идеальном мире было бы замечательно основывать результаты и выводы ДНК-генеалогии на совместном изучении хромосомных и митохондриальных ДНК, но такое время пока не настало. Можно сколько угодно говорить о важности женщин для человечества, и никто с этим спорить не собирается. Но дело не в важности женщин, а в том, какие конкретно задачи мы собираемся решать с применением мтДНК. Пока эти задачи решаются отдельно для Y-ДНК и мтДНК, и с мтДНК работают пока в основном (или только) популяционные генетики, просто фиксируя, какой гаплогруппы где сколько. Это у них – описательный подход. Ну и хорошо, тоже полезно знать, чего где и сколько.

Продолжаем. Третья причина – что на временных дистанциях порядка двух тысяч лет («начиная с 3 в до н.э. на протяжении нескольких веков кочевые племена хунну...» - так начинается цитируемая статья) мтДНК совершенно неинформативны, если только их нет с списке десятками, а то и сотнями, чтобы набрать необходимую статистику при расчетах. И понятно, почему неинформативны - константа скорости мутации в мтДНК очень мала по сравнению, например, с константами скоростей мутаций в Y-гаплотипах. Если в последних одна мутация на 67-маркерный гаплотип происходит в среднем раз в 208 лет, то по данным относительно недавней работы (Soares et al, 2009) одна мутация во всей мтДНК происходит в среднем один раз в 3624 года. Понятно, что при такой медленной скорости мутации много ДНК-генеалогии не получится, только для самых древних линий, или для очень крупных массивов мтДНК, идущих от одного общего предка. Правда, дав эту цифру, авторы сообщают, что нужно вводить дополнительные поправочные коэффициенты. Применяя эти коэффициенты, авторы получают из скорости мутации  $3624 \text{ лет}^{-1}$  (одна мутация в 3624 года) одну мутацию в 7557 лет при поправочном коэффициенте 47.94% в одном случае, и 7790 лет в другом случае. Еще одна величина скорости мутации, приводимая авторами (Soares et al, 2009) – одна в 9503 лет. Средняя величина, сообщаемая авторами, равна одна мутация в 7885 лет. Понятно, что эти упражнения никак не способствуют принятию данных скоростей мутации для ДНК-генеалогических расчетов с использованием мтДНК. Более подробно об этом – в работе (Клёсов, 2011).

Короче говоря, в отношении ДНК-генеалогии мтДНК несравненно хуже изучены. Причина проста – популяционные генетики не умеют работать с кинетикой мутаций, а значит – и с датировками. В этом их никак нельзя обвинять, это просто не их специальность. Их дело – выявить популяцию для изучения, выполнить формальности типа получить юридическое согласие испытуемых в письменном виде, собрать тестируемый материал (кровь, слюну), определить гаплотипы и гаплогруппы тестируемых, сделать свои популяционно-генетические заключения и выводы. Но для того, чтобы делать датировки, они должны как минимум уметь определять константы скоростей мутаций. Они этого не умеют, за исключением нескольких человек в мире, да и те никак не договорятся, как это делать.

Но поскольку определять мтДНК относительно легко, то и определяют, сводят в таблицы, как авторы (Пилипенко и др, 2011), а дальше можно предполагать что угодно. Степеней свободы столько, что все это полностью теряет научный смысл.

Давайте взглянем на сокращенную схему образования гаплогрупп мтДНК:

L → M + N

M → (C, Z, E, G, Q, D) [C, C5b1b и D найдены у хунну]

N → I, W, Y, X, R, A, S [A4 найдены у хунну]

R → R0 + JT + U + P + F + B [B4 и B5b, U2a и U7 найдены у хунну]

JT → J, T Этих и ниже у хунну не найдены

U → K

R0 → H, V

Хорошо, дальше что?

А дальше авторы начинают обычные манипуляции с мтДНК, столь характерные для популяционных генетиков. При этом выхватывается один фактор, и полностью игнорируются другие. В итоге делается фантазийный вывод, подходящий для желательного. Давайте взглянем на статью.

Авторы делают вывод, что у них – три группы вариантов мтДНК. На самом деле это 12 образцов, из которых три D, два C, два A4, остальные по одному (B4, B5b, C5b1b, U2a, U7). Авторы решают, что те, которых по два и по три (и одиночная C5b1b) – это «собственно хунские», а те, которые по одному, авторы развели на две группы – одна (B4 и B5b) «отражает генетические связи хунну с древними популяциями Китая, что нашло отражение в древних китайских источниках», вторая (U2 и U7) отражает «генетические связи с населением Передней и Южной Азии». И тут же делается «вывод», что «по-видимому, генетические контакты населения хунну в данном направлении были достаточно интенсивными, чтобы отразиться даже на географически удаленных группах населения».

Помилуйте, какие «древние китайские источники», какие «интенсивные контакты»? Речь – об одном-двух образцах, причем женских, с хорошей вероятностью добытых на стороне и привезенных в племя. Ну нельзя же так... Еще ладно, если бы эти гаплогруппы были присущи именно данной территории, были бы указующей меткой, но ведь речь всего о двух тысячах лет назад, когда эти гаплогруппы уже разошлись по всему миру. Смотрим справочную таблицу Бехара:

U2 – максимальная распространенность в Южной Индии (15 из 183 гаплотипов, то есть 8%), на втором месте – Италия (7 из 322, то есть 2.2%), на третьем – Франция (20 из 1240, то есть 1.6%).

U7 – первые три места – Иран, Италия и ашкеназийские евреи (8.2%, 2.5%, 1.4%, соответственно), но это СЕЙЧАС. Что было две тысяч лет назад – надо определять и считать.

Гаплогруппы В больше всего в Японии (13%), то же самое и гаплогруппы D (38%), далее якуты (30%) и узбеки (11%).

Но главное даже не в этом, а в том, что с одиночными гаплотипами нет смысла фантазировать. Нужны массивированные серии гаплотипов, и в них искать закономерности. Не привязывать одиночные гаплотипы к существующим представлениям. И надо всегда помнить, что только массивы повторяющихся гаплогрупп мтДНК дают информацию – что матери там представляют довольно однородную популяцию, и что поэтому именно гаплогруппу этой популяции несет основная масса мужской популяции. Такие случаи бывают. Например, в Южной Индии 73% гаплогруппы М. В Европе гаплогруппу Н имеют 47% итальянцев, 47% французов, 43% русских, 39% белорусов. Там тысячелетиями сложился женский «контингент» гаплогруппы Н, а поскольку женятся преимущественно «на своих», на своем эталоне красоты, то гаплогруппа становится основной и у женского, и у соответственно мужского населения. У хунну, по вполне понятным (теперь) причинам ситуация была иной. Никаких особенных закономерностей их женщины, их живые военные и прочие трофеи, судя по всему, не несут, и не стоит полученные единичные данные подгонять к известным историческим сведениям.

### *Литература*

Клёсов, А.А. (2011) Исследования мтДНК. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 4, № 11, 2088-2092.

Клёсов, А.А. (2012) Осторожно: популяционные генетики. «Этническая история русских», полученная из «разнообразия мтДНК». Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 5, № 1, 2374-2385.

Пилипенко, А.С., Полосьмак, Н.В., Коновалов, П.Б., Журавлев, А.А. (2011) Генофонд митохондриальной ДНК хунну Забайкалья. В сб. Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных территорий. Материалы итоговой сессии Института археологии и этнографии СО РАН, т. 17, 222-225, ISBN 978-5-7803-0215-5, Новосибирск, 500 с.

Behar, D.M., Yunusbayev, B., Metspalu, M., Metspalu, E., Rosset, S., Parik, J., Rootsi, S., Chaubey, G., Kutuev, I., Yudkovsky, G., Khusnutdinova, E.K., Balanovsky, O., Semino, O., Pereira, L., Comas, D., Gurwitz, D., Bonne-Tamir, B., Parfitt, T., Hammer, M.F., Skorecki, K., Villems, R. (2010) The genome-wide structure of the Jewish people. *Nature*, doi:10.1038/nature09103, published online June 9, 2010.

Kim, K., Brenner, C.H., Mair, V.H., Lee, K-H., Kim, J-H., Gelegdorj, E., Batbold, N., Song, Y-C., Yun, H-W., Chang, E-J., Lkhagvasuren, G., Bazarragchaa, M., Park, A.J., Lim, I., Hong, Y-P., Kim, W., Chung, S-I., Kim, D-J., Chung, Y-H., Kim, S-S., Lee, W-B., Kim, K-Y. (2010) A western Eurasian male is found in 2000-year old elite Xiongnu cemetery in Northeast Mongolia. *Amer J Phys Anthropol*, on-line publication, DOI 10.1002/ajpa.21242.

Sharma, S., Saha, A., Rai, E., Bhat, A., Bamezai, R. (2005) Human mtDNA hypervariable regions, HVR I and II, hint at deep common maternal founder and subsequent maternal gene flow in Indian population groups. *J. Hum. Genetics* 50 497-506. doi:10.1007/s10038-005-0284-2. PMID 16205836.

Shen, P., Lavi, T., Kivisild, T., Chou, V., Sengun, D., Gefel, D., Shpirer, I., Woolf, E., Hillil, J., Feldman, M.W., Oefner, P.J. (2004) Reconstruction of patrilineages and matrilineages of Samaritans and other Israeli populations from Y-chromosome and mitochondrial DNA sequence variation. *Human Mutations*, 24, 248-260.

Soares, P., Ermini, L., Thompson, N., Mormina, M., Rito, T., Rohl, A., Salas, A., Oppenheimer, S., Macaulay, V., Richards, M.B. (2009) Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *Amer. J. Human Genet.*, 84, 740-759.

Underhill, P.A., Kivisild, T. (2007) Use of Y chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations. *Annu. Rev. Genet.* 41, 539-564.

## ARTICLES IN ENGLISH

### An emerging pattern of L664 SNP mutation in the Tenth's (bearers of $DYS388=10$ ), North-Western branch of R1a1 haplotypes

Anatole A. Klyosov  
<http://aklyosov.home.comcast.net>

The position of the L664 mutation in the subclade ladder in R1a haplogroup is as follows ([http://www.isogg.org/tree/ISOGG\\_HapgrpR.html](http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpR.html), in an abbreviated form):

- • **R1a** L62/M513, L63/M511
- • • **R1a1** L120/M516, M459, SRY10831.2
- • • • **R1a1a** M17, M198
- • • • • **R1a1a1** M417
- • • • • • **R1a1a1g** Z283
- • • • • • • **R1a1a1g1** M458
- • • • • • • **R1a1a1g2** Z280
- • • • • • • • **R1a1a1g2b** L365
- • • • • • • • **R1a1a1g2c** L366
- • • • • • • • **R1a1a1g2d** Z92
- • • • • • • • **R1a1a1g3** Z284
- • • • • • • • **R1a1a1h** Z93
- • • • • • • • • **R1a1a1h1** L342.2
- • • • • • • • • **R1a1a1h1a** L657
- • • • • • • • • **R1a1a1i** L664

L664 is the last on the R1a tree, and, as the tree shows, it is one of the earliest among recognized SNPs in the R1a haplogroup: L664 descends from M417, which in turn descends from the M17 subclade. Initially, it was thought that L664+ marked the Tenth's, the bearers of  $DYS388=10$ , an ancient branch on the R1a haplotype tree. However, as it happens the Tenth's are more ancient than that, and some of them do not carry the L664+ mutation, they show L664-, that is the earlier, non-mutated sequence of the DNA in the locus.



Eighteen L664+ and L664- have been identified thus far; at first glance, they did not show any clear pattern in their distribution among the Tenthis. Of the eighteen, 14 are L664+ and four are L664-. The four L664- results seem to be spread among the Tenthis at random. There are at least three possible explanations for the lack of any clear pattern: (1) L664- is a result of spontaneous recurring G→ T at L664+ -- i.e., the SNP is unstable, (2) L664- is a result of mistyping, a plain error, and (3) too few data for L664-.

I offer here a forth, rather obvious explanation: the Tenthis with L664- are direct descendants of M417 and/or M17 ancestors, and L664+ arose only in part of the Tenthis; both branches, L664+ and L664-, have survived until now.

Let us consider the data. Fig.1 below shows a haplotype tree of the Tenthis, according the last collection of data provided by Martin Voorwinden on January 29, 2012. The dataset contains 285 of 67 marker haplotypes, among them 34 of 111 marker haplotypes.

As it was described earlier (Klyosov, 2010a,b), the Tenthis tree identifies several principal branches. One is the “young” and the most populous branch, on the top and left-hand side of the tree in Fig. 1. It contains 145 haplotypes, or half of the whole tree. Its base haplotype is as follows:

13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 25 14 19 32 12 14 14 17 - 11 11 19  
23 15 16 18 20 33 39 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23  
22 12 12 11 13 11 11 14 13

Its common ancestor lived 1850±200 years before present (Klyosov, 2010b).

The Prendergast branch has the base haplotype (this Proceedings, Letter 121)

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 - 11 11 19  
24 16 15 18 20 33 39 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14 23  
22 12 13 11 13 11 11 12 13

and its common ancestor lived 1100±150 ybp (determined from 32 of 37 marker haplotypes) or 900±130 ybp (determined from 24 of 67 marker haplotypes), on average around 1,000 years ago plus-minus the margin of error.

In the earlier study (Klyosov, 2010b) a similar analysis was done for a wider “old” branch, which extends down clock-wise by about 20 haplotypes in Fig. 1. Its base haplotype was (in an upgraded 111 marker format):

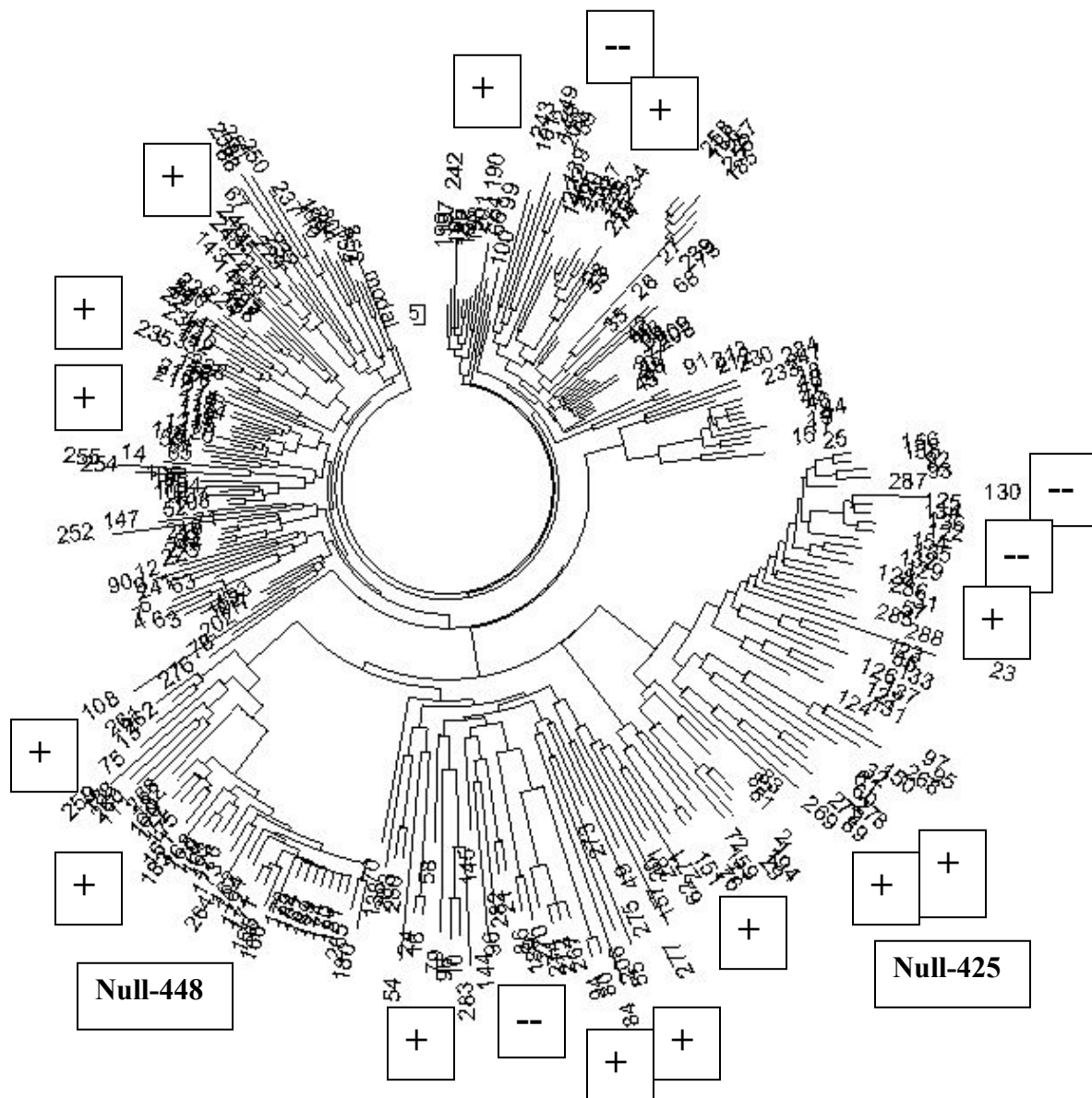


Fig. 1. A haplotype tree of the Tenth's (DYS388=10) of haplogroup R1a, composed of 285 of 67 marker haplotypes. The dataset was provided by Martin Voorwinden on January 29, 2012, and updated with the Prendergast series of 67 marker haplotypes, provided by a member of Prendergast family two days earlier. Signs + and - show positions of L664+ and L664-, determined thus far. The Prendergast family of haplotypes takes a distinct branch on 3 o'clock (see Fig. 2), and includes two L664- results identified presently. Two L664+ on 8 o'clock belong to a group of null-mutated haplotypes (the whole branch is marked null-mutation, "Null-448", in DYS448). Another several haplotypes have null-mutation in DYS425 (see the lower right), they have not been tested for L664.

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 - 11 11 19  
 24 16 15 **19** 20 33 39 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14 23  
 22 12 13 11 13 11 11 12 13 - 31 15 9 16 12 26 27 18 13 12 12 12 11 10 12 11 10 11 11  
 31 12 15 24 12 9 10 19 15 20 12 23 15 12 15 25 12 23 19 10 15 18 9 11 11

One can see that it is practically the same base haplotype (the difference is only 0.8 mutations in the marked allele). The common ancestor of the combined branch lived 1550±180 ybp (Klyosov, 2010b).

The rest of the old branch, clockwise to the null-mutated branch, has the following base haplotype:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 **14** 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 **32** 12 15 15 16 - 11 11 19  
**23** 16 **16 18 18 34 38 13** 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 **15** 10 12 12 **13 8 13** 23  
 22 12 **12** 11 13 11 11 12 13

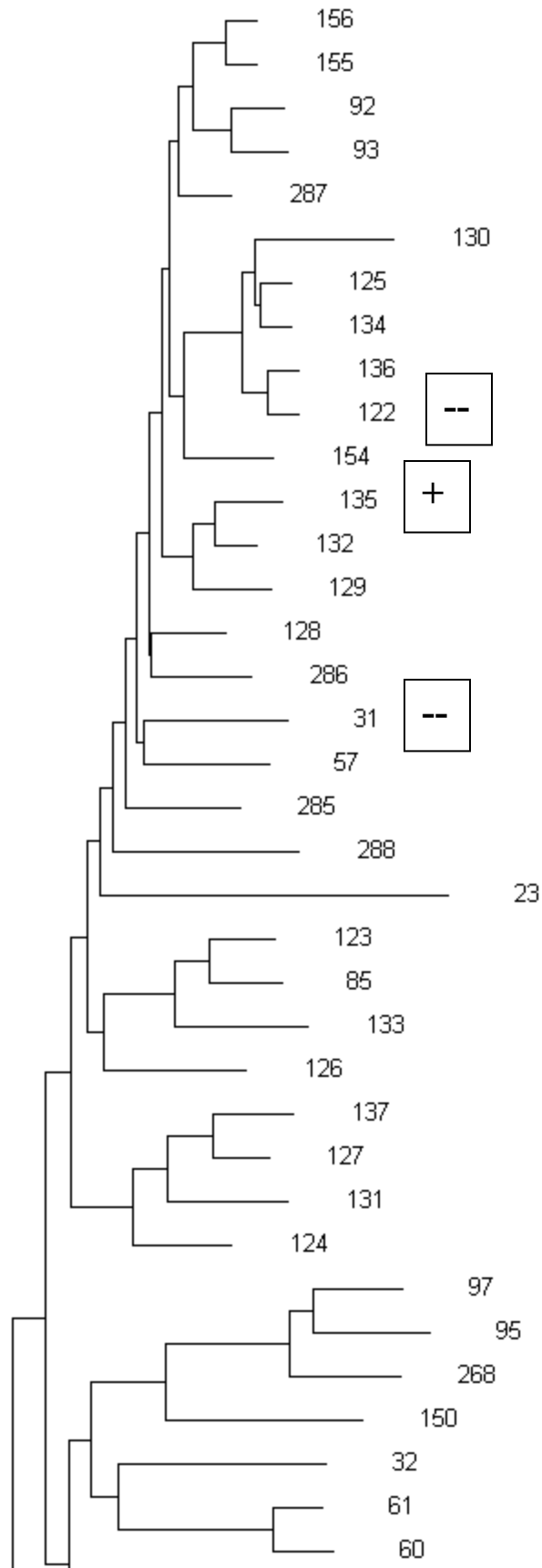
A common ancestor of the branch lived 3750±410 years before the present (Klyosov, 2010b). The last two branches of the old superbranch differ by 14 mutations in their base haplotypes (marked above), which places their common ancestors apart by  $14/0.12 = 117 \rightarrow 133$  conditional generations (the arrow indicates a correction for back mutations), or approximately 3325 years, and their common ancestor, (the ancestor of the old superbranch) lived  $(3325+3750+1550)/2 = 4300$  years before the present. The young branch and the null-mutated branch (at DYS448) above descended from the old branch (Klyosov, 2010b).

The “overall” base haplotype of the Tenth, i.e. the North-Western R1a1 branch, determined independently, is as follows (Rozanskii and Klyosov, 2009):

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16 - 11 11 19  
 24 16 15 18 18 33 38 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 14 8 14 23  
 22 12 13 11 13 11 11 12 13

It is indeed a superposition of the above base haplotypes, and its common ancestor lived ~ 4200 ybp, which is within the margin of error equals to 4300 ybp, calculated above. This is a common ancestor of the Tenth living today.

Now, let us come back to L664 mutations. There are four negative L664-haplotypes on the tree. Two of them belong to the Prendergast family. The other two sit at the opposite sides of the tree. The L664- in the young branch is certainly an error (or represents a recurring, back mutation L664+ → L664-), since the young branch arose only in the middle of the 1<sup>st</sup> millennium, and descended



**Fig. 2. A fragment of the haplotype tree shown in Fig. 1, which contains the Prendergast haplotypes and related (apparently or directly) to the same lineages (haplotypes between 156 and 124). Haplotypes negative on L664 are indicated.**

from a common ancestor, which clearly had L664+ . It could not be L664-, if everybody else in the branch is L664+.

The L664- in the old branch makes sense, because those in the old superbranch have a common ancestor  $\sim 4300$  ybp, and the L664+ mutation could have happened afterwards. These three negative L664- haplotypes have an approximate base haplotype as follows:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 **31** 12 15 15 16 - 11 11 19  
 24 16 15 18 **20 34 38 12** 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 **16** 10 12 12 14 8 14 23  
 22 12 13 11 13 11 11 12 13

All three L664- haplotypes have 34 mutations from the above base haplotype, which gives  $34/3/0.12 = 94 \rightarrow 104$  conditional generations (25 years each), or  $2600 \pm 520$  years to a common ancestor of L664-. Its base haplotype differs from the Tenths base haplotype by 6 mutations, which sets apart their common ancestors by  $6/0.12 = 50 \rightarrow 53$  generations, that is 1325 years, and places their common ancestor at  $(1325+2600+4200)/2 = 4,100$  years, that is at the bottom of the North-Western branch, at least for the currently living Tenth. It confirms that the L664- SNP at the bottom of the tree (in the Norwegian man) is a legitimate one, and that when the Tenths first appeared they did not have L664+. It arose later, in one of them. How much later? Let us consider five L664+ haplotypes in the young branch. Their L664+ base haplotype is:

13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 25 14 19 **33** 12 14 14 17 - 11 11 19  
 23 15 16 18 20 33 **40** 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23  
 22 12 12 11 13 11 11 14 13

It is practically the same base haplotype as that for the young branch (see above). The two mutations are, in fact, 1.4 mutations (due to fractional average mutations). These five haplotypes contain 35 mutations from the above base haplotype, which gives  $35/5/0.12 = 58 \rightarrow 62$  generations, or  $1550 \pm 300$  years to a common ancestor. This is the same number of years to a common ancestor as for the wide young branch on the tree (Fig. 1). Therefore we can safely expect that everyone in the young branch of the Tenths will be L664 positive.

L664+ in the old branch has the following base haplotype:

13 25 **16** 10 11 14 12 10 **11** 13 11 **30** -- 15 9 10 11 11 **24** 14 19 **32** 12 **13 15 15** - 11 11 19  
 23 **16 15 19 18 34 39** 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13** 23  
 22 12 12 11 13 11 11 **12** 13

All six L664+ haplotypes in the old branch have 95 mutations from the above haplotype, which gives  $95/6/0.12 = 132 \rightarrow 152$  generations, that is  $3800 \pm 570$  years to a common ancestor. Fourteen mutations between the L664+ old and young branch base haplotypes (some mutations are fractional ones) separate their common ancestors by  $14/0.12 = 117 \rightarrow 133$  generations, or 3325 years, and their common ancestor lived  $(3325+1550+3800)/2 = 4300$  years ago. This is again the bottom of the North-Western branch. Therefore, L664+ arose from the beginning of the Tenth, and the L664+ and L664- lineages were developing concurrently.

Since the Prendergast family initially carried two L664- and none of the L664+, and it forms the distinct branch on the tree (see above), it appeared - until the very recent days, that it carries L664- in its entirety. However, in the middle of February 2012 it became known that an individual in the middle of the branch (though having a different last name) was tested as L664+. Since their lineage arose only about 1,000 years ago, from apparently one common ancestor who must have been carrying either L664-, or L664-, and the both subclades are rather ancient, it created a conundrum. If the last testing was in error, and all the Prendergasts have L664-, it would seem that this particular lineage went through a population bottleneck, when all other representatives of the lineage vanished along with their lineages. The only currently known bearer of L664- outside the Prendergast family represents a very distant lineage. Of course, more bearers of L664- will be identified, and this would allow to reconstruct the events in more detail. However, if the last test is confirmed, we come back to the above suggestion on an instability of L664+/L664-, and the subclade L664+ has no value and should be discontinued. L664- in the Tenth would also be discredited,

In summary, we can say that a common ancestor of all the Tenth living today, was alive 4200 years ago. He fathered the two lineages (L664+ and L664-), or, more correctly, he has initiated the expansion/proliferation of the both lineages (see the reservations, though, in the preceding paragraph). The L664+ line proliferated well and produced three major sub-lineages: the old lineage at the bottom of the tree (at 5 o'clock), another null-mutated group at 7 o'clock, and one vast group on the upper left in Fig. 1. In other words, the old lineage split into two more lineages, one null-mutated 1500 years ago, and one non-null mutated, about 1700 ybp, both in the Common Era.

The Prendergast lineage had practically vanished, and miraculously surfaced

about 1000 ybp, which means that a small number of L664- ancestors survived over three millennia (see the reservations on stability of L664-, though). A few of the group stayed in Belgium, another went to the Britain in 1066. They survived, and formed the seven or so Prendergast lineages known today.

### *Literature*

Klyosov, A.A. (2010a) DNA-lineages and origin of the “Tenths”, the North-Western European subfamily R1a1 with DYSW388=10. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484) 3, 983-1028.

Klyosov, A.A. (2010b) DNA-lineages and origin of the “Tenths”, the R1a1 subfamily with DYSW388=10: the story in progress. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484) 3, 2205-2217.

Rozhanskii, I. L., Klyosov, A.A. (2009) Haplogroup R1a: haplotypes, lineages, history, geography. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484) 2, 974-1099.

# New Understanding of Western Eurasia in Prehistoric Times

Anton Perdih\*, Petr Jandáček

\* Corresponding author

a.perdih@gmail.com

## Abstract

Politics of European dynasties of the 19<sup>th</sup> Century AD had an inordinate impact upon the nomenclature of the then emerging field of linguistics. One trivial isogloss - for "One Hundred" in Avestian "*Satem*" and in Latin "*Centum/Kentum*" had become sacrosanct for many as the absolute divide between two forms of "Indo-Germanic" languages. Yet another basic tenant of the 19<sup>th</sup> Century understanding was that the Slavs arrived in central Europe only recently. There is no evidence concerning the migrations of Slovenes or Macedonians during the 6<sup>th</sup> or 7<sup>th</sup> Centuries AD. Such mythology of migrations was fabricated between the 15<sup>th</sup> and 20<sup>th</sup> Century AD and has no documentation. There is ample evidence for the arrival of all of the neighbors of the Slovenes. There is also evidence for the migration of most of the neighbors of the Macedonians. Written sources of that time present explicitly that Slovenes were also called "Veneti". Some data indicate that part of the ancestors of present Slovenes arrived from the southeast of Balkans, where they were the aboriginal settlers. "Genetic" data indicate that Slovenes are a mix of three main groups and some of their ancestors lived in their territories prior to 40,000 years ago. For a better understanding of Europe in antiquity it is imperative to establish as a fact that the ancestors of the Slovenes had resided in central Europe for thousands of years. There is increasingly more evidence that the older versions of all Indo-European languages are more like Slovene than are their more modern forms. The Kentum I-E languages are derived from Satem ones and not vice versa. These events did not proceed through internal developments in the proto-Slavic I-E languages, but primarily by the influence of proto-Slavic on neighbouring non-I-E languages and *vice versa*. Subsequently, it was followed by elite dominance effect of some of the newly formed Kentum groups over some of the Satem ones. A new system of understanding the Indo-European Languages as "Core" and "Peripheral" is proposed for the 21<sup>st</sup> Century. We reach an understanding of true agriculture from foundations of proto-Slavic hunters, gatherers, fishers, and other pre-agrarian economies. This Proto-Slavic phenomenon is manifest not only in lands now occupied by Slavs but also in Asia Minor, Levant, and Egypt. Proto-Slavs in



Europe had a profound linguistic influence in antiquity. This Proto-Slavic element is made conspicuous in this thesis from the British Isles to Anatolia and from the Baltic Slope to the Italian peninsula and western Europe. The Proto-Slavic preeminence had been replaced by Hellenic, Roman and Germanic in more recent centuries.

## Definitions

### "Age"

ky - thousands of years

kya - thousands of years ago; thousands of years before present

### Criteria for the definition of Slavs and Proto-Slavs

#1. Primarily language; but where applicable - the (additional) "genetic" component of Y-Chromosome haplogroup I resp. R1a. [*An Editor's comment: the abbreviation "resp." in this article is often used in a sense of "either, or" or "and/or", or "likely both", in an uncertain situation. A word "respectively" does not exactly fit here*].

#2. In the absence of Slavic language - the frequency of Y-Chromosome haplogroup I resp. R1a may be invoked as an indicator of the proportion of Proto-Slavic ancestry of the population.

#3. The earlier the Language & Y-Chromosome haplogroup connection appears, the more it is presumed to be relevant and parallel.

### Definition of peoples

Proto-Eurasians, ~130 kya or earlier;

Indo-European - as per definition of linguists

Proto-Indo-European - the predecessor of Indo-European

Slavoform proto-Indo-European - predecessors of Indo-European supposed to speak a proto-Slavic-like language

Proto-Indo-Aryans - predecessors of Indo-Aryans

Slavic - general (overall) designation of Slavic speakers

proto-Slavic - predecessor of Slavic

### Definition of the "Core" people

- #1. Linguistic: The CORE people spoke a Slav-like = "Slavoform Language" which had at least eight or nine grammatical cases. Since pre-historic times Slavic languages have reduced the number of cases to seven or six. Non-Slavic (and Non-Baltic) (PERIPHERAL) languages had a proclivity to reduce the number of Grammatical cases much more. Thus the CORE languages characteristically are more grammatical case sensitive, and the PERIPHERAL languages are more oblivious to grammatical cases.
- #2. "Genetic": The CORE (Slavic) populations are closely represented by the Y-Chromosome haplogroup I resp. R1a. The I resp. R1a population is therefore identified in antiquity, after about 70-30 kya as the **Slavoform-Proto-Indo-European (S-P-I-E)**. The PERIPHERAL populations (Indo-Europeans of Western Europe) can largely be identified with the Y-Chromosome haplogroup R1b population. The Basques are a conspicuous exception. We identify their ancestors as **Altaic Proto-Indo-Europeans (A-P-I-E)**
- #3. Geographical: At a glance it is self-evident that the Slavic "CORE" is physically located between the "PERIPHERAL" languages such as Gaelic and Gujarati, Sindhi and Spanish, Norse and Nepali, Gaulish and Greek, etc.

### Definition of Slovenes and their language

Slovene - a member of the Slovene ethnos

Slovenian - a citizen of the state Slovenia

Slovene: From about 1550 AD (the time of Primož Trubar) on;

Old Slovene: From about 700 AD to about 1550 AD (the time of Old Slovene texts, collected e.g. by Mikhailov (2001))

Proto-Slovene: Prior to 700 AD, probably since the Neolithic after about 7.5 kya, i.a. as the bearers of the LBK (Linearbandkeramik) Neolithic culture. A mixture of Y-Chromosome haplogroups R1a and I. Living mainly as "genetically" mixed villagers, not clans or tribes, cf. Šavli in Šavli et al. (1996:130-132). This mixture derived possibly from the LGM (Last Glacial Maximum) time in the Adriatic refugium and Pannonia, with Neolithic admixtures of people having left the Black Sea region after the rise of its level due to the influx of salt water about 7.5 kya.

## Introduction

For more than a quarter of a century there is a controversy concerning the origins of the Slovenes. There are two camps of scholars dueling with this issue. On the one side are those who are here identified as “**Migratory (Invasionist)**”. In the other group are those who are here identified as “**Autochthonic**”. In each camp there are several variants and gradations. There are also “hybrid” and ever-evolving new permutations of these views.

The migratory presentation continues to be the pedagogical standard for about a century in Slovenian schools. The autochthonistic model is a subject of discussion in academic circles and even amateur gatherings but public education largely sidesteps the subject.

The migratory (invasionist) understanding commenced after 1458 AD, when Aeneas Sylvius Piccolomini (later Pope Pius II) published his book *De Europa*, where he summed up the knowledge passed on from antiquity. The sources of ancient knowledge were Greek and Roman. Since these Greek and Roman proponents presumed that they were the original inhabitants of their lands, and because they later experienced and annotated Germanic invasions, Aeneas Sylvius Piccolomini inferred that the Slavs, who lived east of the Germanic peoples, must have had arrived later still (Tomažič 1999).

His thesis was further elaborated by German scholars in Austria and Prussia (Roucek 1949). Over the centuries the German scholars developed it into the variant of traditional view of the late arrival of primitive Slavs from the Pripyat River marshes.

Basically, the two views of the origins of the Slavs center on the question of whether the epicenter of Slavdom had been shifting over the centuries towards Venice (and the Adriatic and North Sea) – or towards Vladivostok.

In the 19<sup>th</sup> Century German science was on the cutting edge in many disciplines, while the Slovenes (who lived mostly in Austria-Hungary) were denied the right to have their own university where they would independently research their ethnic history. *Ergo*, Slovene students who received higher education in the German language inculcated and transmitted the German bias and doctrines to the Slovene population. Before and after WWI they continued to promulgate the German Weltanschauung, and the hegemony of Yugoslavia found it useful to designate Slovenes as a continuum of the Serbo-Croatian identity. This continues to be the prevalent view to this day.

The **autochthonic** explanations of the history of Slovenes were known in the distant past. The ancestors of present-day Slovenes simply knew that they are living in their territories "od nimr" - from ever. Also the Slovene historian B. Grafenauer (1988) wrote that the autochthonistic explanations are nothing new.

The first known sources which mention the so-called Sclavs were written by foreigners. They are the Jordanis book *De origine actibusque Getarum* from 551 AD; *Vita s. Columbani* from about 615 AD, *Fredegarii Chronicon* from about 650 AD, and *Historia Langobardorum* from about 783 AD.

Jordanis mentions Sclavs as Windi, Sclavini and Anti; in *Vita s. Columbani* there it is worded thusly: "*termini Venetiorum qui et Sclavi dicuntur*" (territory of Veneti which are called also by the name Sclavi); in *Fredegarii Chronicon* when referring to the events of 623 till 631 AD the actual wording is: "*Sclavos coinomento Vinedos*" (Sclavs termed also Vinedi), "*marca Vinedorum*" (region of Vinedi), "*Walucus dux Winedorum*" (Walucus leader of Winedi); in *Historia Langobardorum* there the Latin designation for the same territory before 600 AD is: "*Sclaborum provinciam*" and for around 626 it is: "*Sclavorum regionem*". This territory was in present Carinthia and not Venetia (Šavli et al. 1996, Tomažič 1990, 1999).

The first Slavic entry is known from the 11<sup>th</sup>-12<sup>th</sup> century AD in Ukraine where Nestor, a monk in the Pečora monastery in Kyiev, in his *Pervonačalnaya* (History of ancient times) wrote about Danube river as the origin of Slavic settlements and he wrote also " ... *Norici iže sut Slovene* ..." (the inhabitants of Noricum are Slovenes), and for Illyricum "*... tu bo beša Sloveni perveje* ..." (here were living Slovenes as the first ones) (Grafenauer 1988). But since Nestor wrote his work in a biblical way, he is deemed (especially by atheistic historians) as not credible.

There is also a number of Slovene and foreign authors during the time of the 16<sup>th</sup> till 20<sup>th</sup> century AD who wrote about autochthony of Slovenes or expressed some doubts about the migration theory or presenting data indicating the existence of Slavs in antiquity (Petrič 2007). An excellent record of the subject of the autochthony of Central European Slavs was published by Roucek (1949).

Decades after the discussions about the autochthony of Slovenes became moot and largely irrelevant and forgotten, Ivan Tomažič attended a lecture by M. Kos about the arrival of the Slavs in the Alpine Region. He marveled at Kos' detail descriptions of the advance by the ancestors of Slovenes as they reputedly proceeded upwards the Drava River valley. There was absolutely no documentation from antiquity of such an event. Tomažič had an epiphany, and realized that the official history (migration) was a concocted fabrication. Tomažič began his quest for the truth. He persuaded J. Šavli to study the subject of the origins of the Slovenes. They began to publish their findings in *Glas Korotana*

(Tomažič 1981, 1982, Šavli 1981a,b, 1982). Šavli (1982) studied the theme of the linden tree at the center of villages and the reoccurring toponym elements “Wend” – “Wind” in non-Slavic regions of present-day Germany. Šavli reasoned that the Wend/Wind feature indicated that the ancestors of the Slovenes were the ancient Veneti. He developed this theory more fully and published it under the title: *Veneti naši davni predniki? (Veneti – Our Ancient Ancestors?)* (Šavli 1985) His publication provoked tempestuous polemics. Šavli was supported and championed by Ivan Tomažič. Soon also Matej Bor joined them. Bor contributed profound scholarship in deciphering and reading ancient Venetic inscriptions. The polemics continued again for about a decade. At that time Šavli, Bor and Tomažič published a collection of their work in several languages (Šavli et al. 1996).

*Nota Bene* - It is important to recognize that J. Šavli remained firmly anchored in the “Migratory Paradigm”. To his credit, however, he pushed back the supposed timeline of the migration of the Slavs from the 6<sup>th</sup> Century AD (from east of the Carpathians) to the 12<sup>th</sup> Century BC (from the regions of the Lusatian Culture). By any standard this alone was a very crucial step in the right direction. Additionally, J. Šavli published several other observations which help us understand the ancient proto-Slavic situation.

There is now, however, substantial evidence that if there ever were proto-Slavic migrations – such took place in the Stone Age - Neolithic or even Palaeolithic. In time, and independent of the Slovenian research, western academicians began to question the 19<sup>th</sup> Century hypothesis of the “late arrival of the Slavs”. For example: M. Alinei (1996, 2000) created his *Theory of Continuity* based on linguistic arguments. Illustrative is his view on the prehistory of the Slavs: “I have to commence by clearing away one of the most absurd consequences of the traditional chronology, namely, that of the 'arrival' of the Slavs into the immense area in which they now live. The only logical conclusion can be that the southern branch of the Slavs is the oldest and that from it developed the Slavic western and eastern branches in a differing manner and perhaps at different times... Today only a minority of experts support the theory of a late migration for the Slavs... because none of the variant versions of such late settlement answers the question of what crucial factor could possibly have enabled the Slavs to have left their Bronze-Age firesides to become the dominant peoples of Europe. The south-western portion of the Slavs had always bordered on the Italic people in Dalmatia, as well as in the areas of the eastern Alps and the Po lowlands... The surmised 'Slavic migration' is full of inconsistencies. There is no 'northern Slavic language', it is rather only a variant of the southern Slavic... The first metallurgic cultures in the Balkans are Slavic... and connected with Anatolia... Slavic presence in the territory, nearly identical to the one occupied by them today, exists ever since the Stone Age... The Slavs have

(together with the Greeks and other Balkan peoples) developed agriculture... agriculturally mixed economy, typically European, which later enabled the birth of the Greek, Etruscan, and Latin urbanism. Germanic peoples adopted agriculture from the Slavs... The Balkans is one of the rare regions in which a real and true settlement of human groups coming from Anatolia is proven..." Explanation: "late arrival of the Slavs" refers here to the fifth and/or sixth Century AD. Certainly by the fifth Century AD the Slavs must have been a well defined people, but perhaps not yet being generally known by the label: Slav.

We thusly see that the latest consideration of the autochthony of the Slovenes and other Slavs does not lack the scientific rigor - as those who are invested in the "late migration paradigm" would try to present.

There are also some additional details worth mentioning. B. Grafenauer (1988) in his comments to the *History of Langobards* presents the sources by which the supporters of migrationism make the inferences about the late arrival of the ancestors of Slovenes: "About the time of the immigration of Slavs into the Eastern Alps and upper Sava River region we have **no** direct sources of that time. It is possible ... however ... **indirectly** - by the time of decay of particular dioceses - to infer also about the advancement of Slavs". (Do not overlook, he and his school strictly avoid mentioning Slovenes!) And also: "Besides the letters of Pope Gregory the Great is *Historia Langobardorum* the most important source with data of this type from the end of the 8<sup>th</sup> Century AD."

The advocates of the "Late Slavic Migration Paradigm" deliberately shun all evidence about autochthony of Slovenes and expect their readers to embrace all of their unsupported promulgations about Slavic migration. They hinder any "process of discovery" which may depreciate their selective bias. They have no direct sources about Slovene migration - so they extrapolate a hypothesis that since there **is** first hand evidence of 6<sup>th</sup> C. migrations of the Germans, Langobards, Avars, Croats, Serbs, Bulgarians, Hungarians, etc - the Slovenes must have also been on the move. It is almost pathologically absurd to believe and to argue that since new neighbors moved into or through your environs - you also must be a migrant. Strictly speaking, it is a *non-sequitur*. Yet, this paradigm held sway for over a century. There are but few bits of evidence for the Slovenes as being the aboriginal population. There is no evidence for the autochthony of the others (Perdih 2000a).

Thusly, about the immigration of ancestors of Slovenes (as well as Macedonians) there do not exist firsthand sources. There do exist, however, firsthand sources about the migrations of Germans, about immigration of Langobards, Avars, Croats, Serbs, Bulgarians, Hungarians, etc., thus of all neighbours of Slovenes and most of neighbours of Macedonians. It seems that

the only impetus to assume the immigration of ancestors of Slovenes was the analogy to immigration of all their neighbours in the 6<sup>th</sup> Century AD or later. But also regarding these neighbours one must be cautious. We must not make the assumption that the lands surrounding the Slovenes were devoid of people. Realistically speaking, these surrounding lands were also largely populated by Slovenes. These territories however experienced an influx of better politically and militarily organized elites who subjugated the indigenous populations and re-named the lands and peoples with their preferred label and ethnic identity. These elites were in some cases not very dissimilar from the pre-existing populace. This scenario applies especially poignantly to the Kajkavic Croats.

To infer from an event of a failure of particular diocese that the demography of a region was greatly impacted seems promising at first. The *Vita S. Severini* provides a different understanding. There it is explicitly stated that the Romans of that time who lived outside of Italy abided in forts and towns, whereas the original population lived in the countryside. The Romans and the countrymen did not have good relationships. When the emperor ordered the Romans to return to Italy, they left their towns and forts and the diocese collapsed. The original inhabitants of the countryside remained as before (Tomažič 2006). Also the Slovene oral tradition about Attila and Huns (see e.g. the compilation by Šmitek 2009) indicates that at that time, i.e. a century before their supposed arrival, the ancestors of Slovenes lived in their present-day territories.

Quoting *Historia Langobardorum* and the letters of Pope Gregory the Great is a typical example of selecting useful bits for a deceptive argument and sidestepping or even distorting inconvenient truths. In the *Historia Langobardorum* it is stated explicitly that on their arrival into Pannonia after 535 AD, they (the Langobards) subjugated the Pannonians and Noricans. And, on their move to Italy in 568 AD, the Langobards took with them part of the subjugated people, who established there places which they named in their own language. Some of these places still exist and have Slovene names on localities outside of Slovenia.

On the other hand, F. Curta (2001) discovered (while studying Byzantine sources) that from about 400 AD to about 700 AD there was no settlement of Slavs to the Balkans (except for part of ancestors of present day Croats and Serbs during 625-635 AD). To the contrary, due to the inappropriate economic policy of the Byzantine empire the Balkan countryside was depopulating, at first slowly, but after the crisis in 535-540 AD rapidly, so that after 540 AD it was no more able to maintain the border on the Danube. That was also the time when the "Slavic" intrusions started. These intrusions were of a pillaging nature and not colonial settlement. The townspeople of Constantinople and Saloniki had even noticed that the intruding "Slavs" are the same people as the farmers living

previously and continuously in the environs of these towns.

Interesting is also Curta's (2001) statement about the so-called "Slavic material culture", which serves to several archaeologists as the proof of the recently arrived Slavs. Namely, that material culture existed in the lower Danube area for several centuries before the supposed arrival of Slavs and from that area it expanded into the Central Europe. Beyond the Carpathian Mountains it appeared several hundred years after the supposed exodus of the Slavs. And, that Byzantine government for several hundred years recruited Slavic soldiers and not settlers.

With help of Curta's (2001) analysis of the economic situation and development of the Byzantian Imperium we can understand what was in fact the supposed second settlement wave of the ancestors of Slovenes from south-east, the Balkans. It was not an organized migration of a peoples but the flight of gradually expropriated farmers to Constantinople, Saloniki, to north across Danube, and to northwest into the Central Europe. Since they had lost their home and everything in it, they could not afford for themselves the quality products of that time, but had to make for themselves what they needed for their survival.

### Linguistic challenge

Skulj & Sharda (2002), Skulj et al. (2004, 2006, 2008) studied the similarities between the languages Slovene and Sanskrit. They considered phonetics (satem!), morphology, syntax and vocabulary. The similarities in vocabulary between Slovene and some other languages is presented in Table 1.

**Table 1. Similarities in vocabulary between Slovene and some other languages (Skulj & Sharda 2002). Internationally used expressions are not considered here**

Language	Similarity (%)
Russian	~80
Vedic Sanskrit	~20
Classical Sanskrit	~10
Lithuanian	~10
German	~ 3
Irish Gael	~ 2
Latin	~ 2
Persian	~ 1



They found it enigmatic that the Slovene language, bordering on Italy, Austria and Hungary, still shares more linguistic similarities with the Sanskrit than with the neighboring non-Slavic languages. And, significantly, Slovene is more similar to Sanskrit than is Russian, even while geographically Russian is more proximal to India. Furthermore, Slovene language, due to its archaic character, still preserves many lexical and grammatical forms present in the Sanskrit, but no longer used in the present day Indic languages and most I-E languages. The still active daily usage of the dual in the grammatical forms of the nouns and the verbs is noteworthy as well.

Linguistic comparisons between Indo-Aryan languages, Vedic Sanskrit in particular, and Slavic languages, Slovene in particular, by Skulj & Sharda (2002), Skulj et al. (2004, 2006, 2008) show evidence of remarkable similarities in words of elemental nature and of those describing the process of domestication of animals specially the terminology regarding the sheep and the cattle.

Skulj et al. (2006, 2008) applied the Alinei's (1996, 2000, cf. also [www.continuitas.com](http://www.continuitas.com)) 'Lexical Self-Dating' methodology to date the linguistic and the genetic evidence and to indicate when the split between Proto-Indo-Aryans and the Proto-Slavs occurred. The 'Lexical Self-Dating' methodology is namely based on the observation that vocabulary offers possibilities for fairly reliable dating, in spite of the complexities and problems that are frequently involved (Alinei 1996, 2000, cf. also [www.continuitas.com](http://www.continuitas.com)). Skulj et al. (2004, 2006, 2008) observed that Sanskrit and Slavic languages, Slovene in particular, share many cognates of the pre-pastoral and pastoral terminology, which would indicate a common origin or a common homeland prior to and during the domestication of the livestock such as cattle and sheep. This close linguistic affinity does not continue in horsebreeding, despite the evidence that horse had been domesticated about 6 kya. It does not continue with the domestication of the cereals, as well. At the cereal farming stage of their development, this linguistic similarity ends abruptly. From this observation Skulj et al. (2004, 2006, 2008) compared this linguistic observation with the archaeological, climatic, and other evidence and concluded that Sanskrit and Slavic agro-pastoral terminologies appear to have a common, more than 8000-year-old source whereas the ancestors of the present-day Slavs and Indo-Aryans diverged more than 6 kya. This would suggest that the ancestors of Indo-Aryans and the ancestors of the Slavic peoples practiced agriculture "shoulder to shoulder" for a couple of thousand years.

A special challenge is the deciphering and understanding of Venetic, Rhaetic, Etruscan, Gaulish, Old Phrygian and Messapic inscriptions. They are written in unknown dialects of unknown languages and even the sound value of some signs is not ascertained.

Western mainstream scholars routinely attempt to anchor these ancient scripts to Greek and to Latin. Usually they interpret the inscriptions as libations, indicating in them several names, cf. e.g. Pellegrini and Prosdocimi (1967). By contrast, for some of these Bor (in Šavli et al. 1996:171-420) had shown that a Slovene template is more productive. Several other disciples of Šavli, Bor and Tomažič had added to this school of thought and added new decipherments, see e.g. Korenine (2001-2011).

Until we can understand more of the Venetic, Rhaetic, Gaulish, Old Phrygian and Messapic inscriptions we are often limited to statistical componential analysis of sound frequencies as they appear in the affor-mentioned languages. It has been found that the frequency of sounds in Venetic, Rhaetic, Etruscan, and Old Phrygian inscriptions is closer to Old Slovene than to Latin or Greek, which had traditionally been tapped by the mainstream western linguists (Silvestri & Tomezzoli 2005, 2007, Perdih et al 2008, Perdih 2010, 2011). The same holds true also for Messapic inscriptions (Vodopivec 2011) as well as the Tocharic ones (Tomezzoli & Kreutz 2011). The Slovene language is thus a legitimate catalyst in deciphering these inscriptions. Several methods of comparison were tested for their reliability and found appropriate (Silvestri & Tomezzoli 2005, 2007, Perdih et al 2008, Perdih 2010). It has also served to establish the criteria regarding the necessary size of the database in order that the results are reliable: The necessary number of sounds is > 700, of sound pairs > 8000, and of sound triplets > 30,000 per database, respectively (Perdih 2011).

The similarity of sound frequencies between Rhaetic and Etruscan (Perdih et al 2008, Perdih 2010, 2011) indicates a cultural and linguistic similarity on the Apennine peninsula in Pre-Roman times.

The existence of some form of Slavic prior to Greek is indicated also by decipherments of some Minoan Linear A inscriptions (Serafimov 2007, Serafimov & Tomezzoli 2008, 2009, 2011, Serafimov & Perdih 2010) and an inscription in Egypt (Serafimov & Tomezzoli 2010a). A lot of study in this direction is, however, still to be performed.

Rant (2011) noticed that conspicuous similarities exist between pre-Roman indigenous names and contemporary Slovene surnames and personal (given) names in Noricum, Pannonia, Dalmatia, Istria, parts of present-day Slovenia and Northern Italy.

It is also significant and factual that the sound "v" did not exist in Classical Greek and Latin (Szemerényi 1996) and till recently even not in some west-Slovene dialects (Perdih 2007)

Interesting is also another observation: The more ancient form of a language we observe, the more similar it is to Slovene. This effect has been observed for:

- Sanskrit, where the similarity to Slovene is Vedic > Classical > present-day Indic languages (Skulj& Sharda 2002);
- Etruscan, where Bor was able to understand with help of Slovene the older inscriptions whereas the younger ones not (Tomažič 1995);
- Greek, where the similarity to Slavic is Homeric > Classical (Belchevsky 2005a,b);
- English, where the millennium old texts are more similar to Slavic than the present English (Jandáček 2007).

In view of the above findings there was a need to re-evaluate the position and the understanding of the western mainstream linguists.

As understood by western mainstream linguists, the discipline of linguistics started in 1786, when W. Jones expressed his view that "Sanskrit is of more perfect structure than the Greek, more copious than the Latin, yet bearing to both of them a strong affinity as if sprung from some common source. The same origin have also the Gothick and the Celtick, though blended with a very different idiom, and also Old Persian might be added to the same family." This was one of the cornerstones of modern western linguistics, which became subsequently the leading approach. Additional publications by F. von Schlegel in 1808, F. Bopp in 1816, and J. Grimm in 1819, lead to the foundations of comparative linguistics. Due to exclusive use of Sanskrit, Persian, Greek, Latin, and Germanic, the name Indo-Germanic was coined (see Szemerényi 1996). Observe that Slavic was not included. Also, if Gothick and Celtick were blended with other idioms - is it legitimate to ask if Slavic languages were blended with foreign idioms or did the Slavic languages escape major blending?

The *Kentum-Satem* division of Indo-European languages was finalized by contributions of several authors in 1890. There are continuing discussions about the origin and extent of this phenomenon. Sometimes it was presented as a fundamental division of Indo-European languages. Of the 5 possible explanations of the phenomenon, finely the 3-tectal-series-system prevailed (Tischler 1990), although it is not universally accepted and some authors prefer the 2-tectal-series-system (wikipedia 2007). However, in 1965, G. R. Solta has shown that the *Kentum-Satem* isogloss was overrated as a diagnostic feature and a tool of true componential analysis. It ought not be revered as a defining wedge, which segregates Indo-European languages into two well-defined entities. It is only a single isogloss among many (Tischler 1990). More and more linguists are following this view and cease to give gravity on this type of division.

## Core-Peripheral approach

Having observed that palatalizations and de-palatalizations in Indo-European languages do not coincide with the *Kentum-Satem* division, and being dismayed with the undeserved reverence towards this *Kentum-Satem* division of Indo-European languages, this question was approached from another point of view. The Schleicher's Language Tree was looked at not from the side as usually but from the top. The new view resulted in a different division of Indo-European languages, namely into the *core* languages and *peripheral* languages (Jandáček 2000, Jandáček & Perdih 2008), Figure 1. At the same time, a working hypothesis about the origin of Europeans was presented (Perdih 2000b).



**Figure 1.** Indo-European Language Tree as seen from above (Jandáček & Perdih 2008).

The original (Jandáček 2000) *Core-Peripheral* approach needs some revision. However, and in any case, the *core* languages remain to be the Slavic ones, whereas the *Kentum* languages are, in any case, *peripheral*. This is well in line with attempts of linguists to explain the *Kentum* effect by the involvement of Sudanic

languages, Kafir languages in Hindukush, North Pamir languages, Caucasus languages, Tocharic, and Anatolic languages, cf. (Tischler 1990, wikipedia 2007). Indicative is also the statement of W. Jones expressed in 1786 that "the Gothick and the Celtick are blended with a very *different* idiom". The question persists: what would be his opinion if he had used also Slavic. Would he had thought that Slavic was blended with some other idiom - or would he think that Slavic was mostly unblended?

On the other hand, present-day authors contributing to Wikipedia (wikipedia 2007) sometimes avoid the term *Kentum* and refer to Indo-European languages as simply - *Satem* and *Non-Satem*. While the *Satem* languages display integrity and a core of similarities, those languages that used to be called *Kentum* lack cohesiveness.

There is still the open question whether all languages relevant to clarify the origin of the so-called *Kentum* languages have been considered. Other Euro-Asian or African languages may yet find an extended membership in (or contribution to) what used to be called "*Kentum*". Indicative in this respect is the statement by Chang (1988) that both Germanic and Chinese are "*Kentum*". They may include (by some leap of faith) besides those mentioned above also some Ural-Altaiic, Finno-Ugrian and even Turko-Tatar and Mongolic. It seems not likely that any more languages would ever join the *Satem* Core.

It is strange indeed that *Non-Satem*, which is not integrated - but disintegrated into many dissimilar languages - could have spawned the highly integrated (uniform) *Satem* languages. Now this fact is explained by the late formation of *Satem* languages from \*Indo-European, but this explanation appears less and less compelling. It is more probable that the (uniform) Slaviform *Satem* gave rise to the peripheral multiform *Non-Satem* or *Kentum*. Uniformity spawns multiformity. Not the other way around. On the other hand, how could it happen that from patently *Kentum* languages: Latin, "Celtic" and Germanic, with their various mixing and blending did not produce anything like a true *Kentum* but rather *Semi-Satem*?

The linguists explain it by later palatalizations. But, what triggered these palatalizations? At the moment there is no evidence of any other real cause than the *Satem* substratum. The reverse direction of action would effect depalatalizations.

If we take a comparison from the animal kingdom, we could say that feathers of chickens, scales on chicken's legs and human fingernails are all the vestigial scales of ancestral reptiles. Mammals, birds, and marsupials did not conspire to create reptilian features. Rather, and in the same manner, it is more likely that the

Slavs spawned the other I-E languages - than that all the other languages conspired to give their leftovers and patch or quilt together the Slavic languages.

The insecurity of the doctrine of *Kentum* affirmation is evident in the vacant space depicted by the "gray area" stretching between Eastern Baltic and Northern Adriatic in the Diachronic map and the Gray Hole along the Amber Road, (Bachmann 2007). This is exactly the area occupied by the ancient Veneti - Venedi (and Wends). The geographic location of the "gray area" also corresponds to the Corded Ware region of the Lusatian culture. Corded Ware horizon and the hypothetical situation around 4 kya (Bachmann 2007) indicate a drastic disagreement between the real situation and the learned construct.

Consequently, the following points are presented:

- The German attempt in the 19<sup>th</sup> Century to marginalize the Slavic role in the "Indo-Germanic" Languages was largely successful. This misinformation must be rectified, and the Slavic languages must be recognized as being *key* to the Indo-European phenomenon. The Slavic languages are not to be viewed as a peripheral branch of the Indo-European Languages, but should be recognized as the *trunk* of the Language Tree from which the other branches received their substance and sustenance (Jandáček & Perdih 2008).
- "Indo-Germanic" is a designation which should be abandoned. Warnow et al. (1996) concluded: "It appears to point to a situation in which Germanic began to develop within the Satem Core (as evidenced by its morphology) but moved away before the final satem innovations. It then moved into close contact with the "western" languages ("Celtic" and Italic) and borrowed much of its distinctive vocabulary from them...". Following Warnow et al. (1996), the term "Indo-Germanic" is as misleading as there would be in the animal kingdom the expression "Trilobito-Avian" (of trilobites & birds). Especially since there are similarities between German and Korean (Lie 1991), as well as between Germanic and Chinese, where both of them are *Kentum* (Chang 1988), and this indicates strongly that the ancestors of Germanic people were living in Far East as late as about 4 kya and formed there the state of China. There persists the open question not only as to the degree to which Chinese was influenced by Germanic, which was studied by Chang (1988), but also as to the degree to which the Germanic was influenced by Korean, Chinese, and other Oriental languages. Yet another question raised is: whether instead of Indo-Germanic some other designation such as Sino-Germanic would be more targeting and precise.
- The true meaning of Ancient Celtic in respect to the present day "Celtic" has been seriously questioned since present-day "Celts" were defined as such as

late as in the 17<sup>th</sup> C. AD and not in antiquity (Berresford Ellis 1990, James 1993, Serafimov 2006, Serafimov & Tomezzoli 2010).

- We posit that the Slavic Languages as the organic *trunk* of the Indo-European Language Tree yield better terminology for the language branches. Thus, for sake of a more accurate understanding of the phenomenon we must create a new lexicon. Based on the 19<sup>th</sup> Century word choice of "Indo-Germanic" it would seem legitimate to apply a more accurate designation such as "Indo-Slavic". Warnow et al. (1996) place Germanic into a Slavic cradle with later Celtic and Italic influences. Preliminary evidence had suggested to a few linguists that Tocharian A and B are somewhat linked to Italic (Kelt-Italic). But based on geography, proximity, and the possible migration routes we are forced to accept Slavic as the missing link between western Europe and Chinese Turkistan. In fact, Slavic expressions had been discovered in Tocharian by Ivanov (1988) as well as Tomezzoli & Kreutz (2011).
- Dictates of foreign elites (German, Hungarian, Italian, French etc) have been imposed upon speakers of several Slavic languages and/or dialects. However, standardized Slavic "literary" languages have also been forced upon the speakers of dialects. The ancient mosaic of the Slavic substratum throughout Europe was best preserved in those areas where national states failed to impose a standardized language dictated from capital cities. Regional Slavic dialects survived best in Slovenia and adjacent (Slovene speaking) regions of Italy, Croatia, Austria and Hungary. Similar preservation of dialects survived among the Polabian Slavs, among the Lusatian Wend-Sorbs and in Moravia.
- Remarkably, Slavic elements persisted in (Anglo-Saxon) Old English of a thousand years ago. For example, in the Lords Prayer "Fader Ure" (The Lord's Prayer) Old English used the Slavic word for *bread* - "hlaef" as in Chleb, Hleb, Chlieb, Chlib etc (Jandáček 2007). Similarly, if one reads Psalm 23 in Old English (Diamond 1993/2006; Old English Anglo-Saxon Psalm # 23) it sounds much like a Slavic language. In this respect Old English is more similar to Slavic than it is Modern English. Observe also the case of surnames (Rant 2007). Similar observations that an older version of a language is more similar to Slavic than a younger one, have been made also in the case of some other old languages, e.g. Sanskrit (Vedic vs. Classical Sanskrit, vs. modern I-E languages in India) (Skulj & Sharda 2002), Etruscan (Bor in: Šavli et al. 1996:344), and Greek (Homer's vs. Classical) (Belchevsky 2005a,b).
- In Slavic languages as well as in Basque, counting is based on a *single fist* plus one or two (or more) *fingers*. In Basque as in Slavic languages the element "S" or "Z" means "*with*" or "*with more*". Thus in the case of numeral 6, there is the implication that *a digit is added to the fist*. On the other hand, in Slavic it may

mean also 's ještě' "*with yet more*". Numeral 7 is conspicuously derived in Basque and Slavic from the concept of 'se dvěma' "*with two*" or "*with two more*". It is also reasonable to speculate that the numeral 8 in Basque is derived from the concept "*with three*". It is possible that Slavic word for "*eight*" '(v)osem' (8) may be derived from 'vazem' "*we tie*" as in the pre-Roman (Etruscan) concept of a bundle of sticks and an axe - tied with a ribbon. The ribbon resembles the Arabic numeral 8. Phonemic structure of the numerals had been largely maintained in all Indo-European languages without the speakers' understanding of the etymology. It has evidently escaped the notice of the 19<sup>th</sup> Century (and later) linguists that the conservatism in counting also includes (in select Indo-European languages) a *uniformity of endings*, which in Slavic languages *act as a rhyme*. The rhyme *integrates* the endings. The Slavic rhyming of endings seems deliberate, heuristic and poetic (Jandáček 2004).

- We can lump certain language branches into "super-branches" like Iranian languages can be lumped with languages of India into Indo-Iranic, and "Celtic" and Italic languages can form a super-branch "Keltitalic". But, ultimately all the branches and super-branches issue from the Slavic trunk. The Slavic languages did not grow out of an "Indo-Germanic" trunk.
- Proto-Slavic which by the comparison of Slovene (and Russian) to Vedic Sanskrit (Skulj & Sharda 2002, Skulj et al. 2004, 2006, 2008) seems to have been very similar to Proto-Indo-Aryan is in fact synonymous with Proto-Indo-European and ought to be replaced in all literature. The Indo-European languages did not form only by the spontaneous internal development within the proto-Slavic, but mainly by interaction with languages of other language groups along the frontiers of the Indo-European area.
- Slavic languages (because they were one of the substrata in Europe) continue to be more mutually intelligible than are the more recent Germanic, Romance, "Celtic" and other languages on the Continent.
- The Veneti of northern Italy and Wendi, Venedi and other Slavic people of western and central Europe (and especially along the Amber Trail) who share similar spelling were the prototype western Slavs and part of the prototype Indo-Europeans. The ancestors of present-day Slavic people *did not* move westward from the Pripyat River marshes merely 1500 years ago but were autochthonic population of Europe since the Stone Age (Alinei 1996, 2000). [Cf. also respective Y-Chromosome haplogroup data collected by Skulj (2007)]. If there were any Slavic migration of any significance they would be in modern times towards east to Asia. The Slavic toponymy observed in many parts of Europe (Šavli et al. 1996:13-47), could be inherited from prehistoric Venetic-Slav populations or their predecessors.



The Core/Peripheral model (Jandáček 2000) together with other published explanations (Perdih 2003) seems to be a good tool to explain this.

### **DNA Genealogy Challenge**

In determining the basis of linguistic similarity between the Slovene resp. Russian language and the Sanskrit, especially the Vedic Sanskrit, Skulj (2003, 2005) as well as Skulj & Sharda (2002), Skulj et al. (2004, 2006, 2008) considered also the evidence from mtDNA and Y-Chromosome frequencies among the present-day Slovenes and Indo-Aryans.

Presented here are "genetic" data collected from the scientific journals by (the late) J. Skulj (Skulj 2003, 2005; Skulj & Sharda 2002), Skulj et al. 2004, 2006, 2008), and from Internet by Manfreda Vakar & Vrečko (2010). A good overview of them presented also Budja (2007).

#### **Genetic code inherited from mother only - Mitochondrial DNA - mtDNA**

Skulj et al. (2002) presented that the average "age" of all mtDNA in Slovenia is estimated to be  $\sim 24.4 \pm 2.7$  ky, whereas the European average is  $\sim 24.6 \pm 2.8$  ky. In Slovenia there exists about 17% of the early-Palaeolithic haplogroups U4 and U5, whereas the European average is 12%. Estimated time of immigration into the Alpine region and percentage of inhabitants having those haplogroups is:

3 kya to present, i.e. from the Bronze Age till present 7%  
9 kya, in Neolithic 15%  
14 kya, in Palaeolithic 54%  
24 kya, in Palaeolithic 15%  
43 kya, in Palaeolithic 8%

Additional data regarding the frequency of particular mtDNA haplogroups are presented in Table 2 and 3.

**Table 2. Estimated "age" (ky = thousand years) and frequency (%) of mtDNA haplogroups (Skulj 2005)**

Haplogroup	Age (ky)	Slo	Pol	Rus	EU	Ind
H	19 - 21.4	<b>47</b>	45	42	46	3
I	27.2 - 40.5	<b>2</b>	2	2	2	2
J	22 - 27	<b>10</b>	8	8	9	0
K	13 - 18	<b>4</b>	3	3	6	0
T*	33 - 40	<b>5</b>	9	9	9	1
T1	6 - 13	<b>1</b>	2	2	2	
U all		<b>(20)</b>	(15)	(16)	(16)	(23)
U4	16.1 - 24.7	<b>6</b>	5	3	3	
U5	45.1 - 52.8	<b>11</b>	9	10	9	
W	17.1 - 28.4	<b>5</b>	4	2	2	0
X	17 - 30	<b>1</b>	2	3	1	0

Slo - Slovenia, Pol - Poland, Rus - Russia, EU - Europe, Ind - India

**Table 3. Frequency (%) of mtDNA haplogroups in Slovenia**

Haplogroup	Frequency (%)	
	<b>i</b>	<b>ii</b>
H	47	45
U	20	16
J	10	9
T	6	9
K	4	6
V	-	5
HV	-	2.7
W	5	2.7
X	1	2.1
I	2	2.1
A	-	0.3

**i** - Skulj (2005)

**ii** - Manfreda Vakar, Vrečko (2010)

From presented data Skulj et al. (2002) concluded that from the Bronze Age on till present, i.e. during the last 3000 years, there had arrived into the Alpine regions only 7% of new female population. mtDNA data thusly refute the

assumption of major migrations of peoples into the Alpine region during last 3000 years.

Skulj (2005) compared the mtDNA obtained in the skeletons of Etruscans with that observed among present-day Slovenes and Tuscans. He concluded that the mtDNA haplogroups observed in skeletons of Etruscans are more frequent among present-day Slovenes than among present-day Tuscans. As well as that most of mtDNA haplogroups observed in the skeletons of ancient Veneti is observed also among present-day Slovenes, but not among present-day Bulgarians, Czechs, Poles and Russians.

### **Genetic code inherited from the father only - Y-Chromosome DNA - Y-DNA**

Skulj (2007) and Skulj et al. (2008) presented also a collection of frequency data of paternally inherited genetic markers. Among Slovenes, these data are (in %): R1a 37, R1b 22, I 27, J 6, N 0, E 7, K 0. Among Russians: R1a 47, R1b 7, I 17, J 4, N 18, E 7, K 1. Among Aryans in India: R1a 30 (24-51), R1b 0, I 0, N 0, other ones not given. For Slovenia, Manfreda Vakar and Vrečko (2010) presented following data: R1a1a 38, R1b 16, I2a2 21, I2b 1.6, I1 10, E1b1b1a 5.0, G 3.1, J 2.8, T 0.94, L 0.63, H 0.31. For Russians, Klyosov (2011a) presented the following average data: R1a1 47, R1b 5, I 22, J2 3, N1c 14, E 3, G 2, K 2, F 1, and C 0.4%.

In spite of the fact that some of their collected data are outdated now, Skulj (2007) and Skulj et al. (2008) arrived to some interesting conclusions. They exposed the observation by Barbujani (1997) that partial correlations with language are stronger for Y-Chromosome, which is paternally inherited, than for mtDNA, which is maternally inherited. They accepted the conclusion by Kivisild et al. (2002) that the Y-Chromosome haplogroup R1a1 is the most common among the Slavic populations in Europe and Indo-Aryans in India. In Europe, ~61 million Slavic speaking males have this genetic marker, but on the Indian sub-continent, the number is almost four times higher, at ~240 million males.

Based on the linguistic, genetic, zooarchaeological and population growth evidence, Skulj et al. (2008) concluded that the ancestor common to many Indo-Aryans and Slavs, probably lived during the hunting-gathering era before about 10 kya, and that there is linguistic evidence that the close contact between the ancestors of Indo-Aryans and Slavs continued during the sheep and cattle domestication more than 8 kya, up to and including, the nomadic pastoral age. Based on this linguistic evidence they concluded that the major population expansion from the Indian sub-continent into Europe appears to have come before the age of cereal farming of about 8 kya.

Skulj et al. (2008) confronted also the DNA genealogical and the population growth evidence as to when the common ancestor of the R1a1 part of Slavs and Indo-Aryans would had to live. They concluded that based on the reproductive rates of historical individuals the predecessor of the patrilineal Y-Chromosome haplogroup R1a1 appears to be more than 100 ky old, which is considerably older than the ages calculated on the basis of mutation rates as reported in the literature.

Skulj (2007) and Skulj et al. (2008) made the point that the Y-Chromosome haplogroup R1b1 is the most common in western Europe. Its eastern border nearly coincides with the western border of the Y-Chromosome haplogroup R1a1. It is a significant point that on the overlap of haplogroups R1a1 and R1b1 there are (were) living the Slovenes and other western Slavs.

The Y-Chromosome haplogroup I is common throughout Europe. It has not been detected in India. For more detailed examination of Y-Chromosome haplogroup I see Klyosov (2010a).

Very important seems to be the observation by Skulj (2007) that the Y-Chromosome haplogroup N3, now N1c1, in Europe a Finno-Ugric Y-Chromosomal marker, is widely distributed in Russia and Ukraine - between Black Sea and the Baltic Sea and elsewhere north of the Carpathian Mountains. It has not been found either south of the Carpathian Mountains, in central Europe nor in the Balkans or India. From this fact he concluded that the predecessors of the present-day Slavic people who are living in central Europe or in the Balkans did not immigrate about 1500 years ago from beyond the Carpathian Mountains but that they are aboriginal in their countries.

On the other hand, during last years Klyosov and coworkers made substantial improvements in the field of DNA genealogy, which surpass in reliability several results based on population genetics. The methodology and some results of DNA genealogy are reviewed by Rozhanskii and Klyosov (2011). We refer here to some of their results which are considered most important for our purpose. For a number of other DNA Genealogy papers see e.g. Proc. (2008- ).

In (2011d), Klyosov presented his study of the slowest 22 marker Y-Chromosomal panel, which mutates on average once in 4250 years, and the slowest marker in it mutates on average once in 12.5 million years (Klyosov 2011b,d,e,f). The results by Klyosov (2011e,f) and Klyosov & Rozhanskii (2011) are presented in Table 4 sorted by their "age".

**Table 4.** Y-Chromosome haplogroups and their "age" Klyosov (2011e,f), Klyosov & Rozhanskii (2011)

"Age" (kya)	Y-Haplogroup	Comment	
266	A1b	A separate African branch	
136	$\alpha$ (Alpha)		
85	A	Descended from Alpha	
64	$\beta$ (Beta)	Descended from Alpha. Ancestor of all below	
		"Age" (kya)	Y-Haplogroup
54	F	25	O
46	B, I	24	G
45	E, NO, P	23	Q
42	D	20	R1a, R1b, T
36	C	16	H, J1, L
35	R	15	J2
34	I2	11	R2
30	R1	9	N1

Regarding the haplogroup R1a1, Rozhanskii and Klyosov (2009) presented to our knowledge the most thorough study of the Y-Chromosome haplogroup R1a1 and of the "ages" of common ancestors of different branches as well as of the "age" of the trunk of the R1a tree, as far as they are accessible from present-day data. Their results cover the span from about two centuries up to 20 millennia. For example, in the Balkans there is the time span to the common ancestor about 10 to 12 millennia, in Pakistan up to 13 millennia, in India about 4 resp. 7 resp. 11 to 12 millennia, on Russian Plain about 5 millennia, etc. In Europe, there they determined the "ages" of different branches from about 1.5 kya to about 4.1 kya, most of them being between 2.1 and 2.8 kya by "age" and having a common ancestor about 4.8 kya, what is approx. the same time as for those in the Russian Plain. They started to appear in the Balkans and Carpathian Mountains 7 to 8 kya, about 6 kya they reached the Atlantic coasts and Scandinavia and later they experienced in Europe several serious bottlenecks. Subsequently, Klyosov presented several additional results and explanations regarding the Y-Chromosome haplogroup R1a1, see e.g. Proc. (2008- ).

Regarding the haplogroup I, Klyosov (2011f) calculated from accessible present-day data that its ancestor derived in Europe from the Beta-haplogroup about 46 ky ago. From it derived the haplogroup I2 about 34 ky ago, haplogroup I1 about 17 ky ago, I2a about 19 ky ago, the ancestor of I2b1 and I2b2 about 14.5 ky ago. Later the Y-Chromosome haplogroup I people experienced serious bottleneck effects. According to Rozhanskii and Klyosov (2009), Y-Chromosome haplogroup I2 people settled Scandinavia after the LGM, being the bearers of the

material culture of about 5.5 to 4.5 ky ago; then the R1a1 agriculturists admixed in the period of 5 to 4 ky ago.

Regarding the haplogroup R1b, according to Klyosov (2011a) the common ancestor of haplogroup R1b1 calculated from mutations in present-time haplotypes in Central Asia (particularly in the Altai region) stretches to around 16 thousand years before present; among ethnic Russians it points to about 6.8 thousand years ago; on the Caucasus to 6.0 thousand years ago; in the Middle East to 5.5 to 5.2 thousand years ago; in the Pyrenees 4.8 thousand years ago; in France 4.2 thousand years ago; in Ireland 3.8-3.4 thousand years ago. Sub-clades of the R1b1 haplogroup follow the same route going from upstream to downstream ones. This trek reflects a proper direction and route of migrations of bearers of haplogroup R1b1 between 16 thousand and 3-4 thousand years before present. It also allows to connect this R1b1 tribe with certain archaeological cultures, among them the Beaker Culture, which nicely fits to the migration route from Pyrenees to France to Northern Europe to British Isles. In Europe, the R1b1 people passed through a population bottleneck between 4.8 thousand and 3.6 thousand years ago.

According to Klyosov (2011c) the R1b people had migrated across North Kazakhstan about 6.5-5.5 kya, through the territory of the present-day Bashkirs about 13-11-8 kya, then Middle Volga Basin 8-7 kya etc. That is the cultures which were (tentatively) named "Pre-Kurgan cultures"; they reached the Caucasus region around 6.5-6.0 kya, and possibly earlier. It is generally assumed that they spoke non-Indo-European language(s), which can be vaguely traced now under various names. From the Caucasus, they went South over the mountains, to Anatolia (a common ancestor of 6.0 kya), and then split into three major routes. One went further South, to Tigris and Euphrates Rivers, and became the Sumerians. Another went westward, across Asia Minor, and came to Europe, to the Balkans and Mediterranean Sea region around 4.5 kya. The third group went across Northern Africa and Egypt (and, incidentally, might have left some R1b1b2 Pharaohs there) to the Atlantic and went across Gibraltar to the Iberian Peninsula around 4.8 kya. They became the Bell Beakers, and moved up North into the continental Europe. The Bell Beaker culture in Europe had lasted between about 4.4 and 3.8 kya. The R1b1 people caused serious bottlenecks to the R1a1, G and I people. In very detail is presented this topic in the paper by Klyosov (2011h).

Whereas the "age" of Y chromosome haplogroup N is according to Klyosov (2011g) about 10 kya, and the age of the Y chromosome haplogroup N1b found mostly east of Ural Mountains is about 8 kya, the common ancestor of present N1c1 people living in Europe originated between Ural Mountains and Baltic

coast about 4.2 kya, and split into several lines during the middle of the first millennium AD.

### Other events

Armitage et al. (2011) presented several arguments that there had been a general pattern that during the warm and wet periods the people were expanding into new fertile regions. During dry periods they followed the animals (and plants) moving away from the desertifying areas.

Long range trade and travel existed already before the LGM. For example, Bailey (2000) reports the trade and/or travel between what is now central Bulgaria and southern Greece; and after LGM between what is now central Bulgaria and Bosnia. Košak (1994) points to the existence of ceramic objects used as slugs in trade in the regions between Turkey and Afghanistan around 11 to 6 kya.

Watkins (2006) presented indications of sedentism around 20 kya (Sea of Galilee) among the people who seem to had been fishermen. He presented also evidence that in the Fertile Crescent, ~10.5 kya domestication of several cereal species and pulses (legumes), as well as sheep, goats and cattle took place.

Zohary & Hopf (2004) presented the time of appearance of agriculture in Near East about 10.6 kya, Indus Basin 8.3 kya, Trans-Caspian region 8.8-7.5 kya, Balkan (Starčevo) 7.8 kya, Egypt 7.8 kya, West Mediterranean 7.6 kya, Ukraine 7.2 kya, Central Europe 7 kya, Aegean Belt 7 kya, Alpine Belt 6.5 kya, and Scandinavia 5.6 kya.

Mann (2011) provided yet another overview of events in the Fertile Crescent. From 15 to 12 kya the Fertile Crescent was a home of hunter-gatherers. From 12 to 10.5 kya is the era of settlements with community food storage, monumental architecture and ritual art. From 10.5 to 8.25 kya it expanded to additional animal and plant domestication. After about 11 kya animal husbandry extended to sheep and goats, and later it extended to swine and cattle.

Large pottery vessels first appeared in the Far East around 14 kya and from there expanded westward, so that by 9 kya such are found on the Baltic Slope (Kuzmin & Vetrov 2007). It is not known if Finno-Ugrians or others brought this technology westward.

Bailey (2000) proposed that the development of metallurgy followed the previous development of efficient agriculture and improvements in pottery

firing. According to Durman (2003), metallic lead was known about 8.5 kya; copper was known around 8.2 kya and from the oxide ores it began to be extracted around 7.5 kya; gold was known around 7 kya; arsenic resp. antimonite bronze (Cu + few% As or Sb) began to be extracted from the sulfidic ores around 5.5 kya; in Europe it is designated as copper, in Near East as bronze (striking is the similarity of bronze weapons of that time in the Central Danube area and Mesopotamia); silver, tin and ordinary bronze (Cu + Sn) began to be produced around 4.4 kya.

Clare & Weninger (2010) presented the ages attributed to (wider) Rapid Climate Change (RCC) intervals to be: 9–8; 6–5; 4.2–3.8; 3.5–2.5; 1.2–1; and 0.6–0.15 ka calBP. The intervals of the strongest impact of RCC-conditions were at 10.2–10 ka calBP, 8.6–8.0 ka calBP, 6.0–5.2 ka calBP, and (more accurately definable) 3.05–2.90 ka calBP. The most dramatic natural hazards in the eastern Mediterranean have occurred during the later subinterval 8.2–8.0 ka calBP of the 8.6–8.0 ka calBP RCC. At this time, the prevailing RCC-mechanism was amplified by the outflow of the Hudson Bay, leading to a massive disturbance of the North Atlantic Ocean circulation. The climatically anomalous RCC-conditions and the Hudson Bay event both came to an end around –8.0 ka calBP. The RCC window was in the Neolithic at 8.6–8.0 ka calBP, in Chalcolithic at 5.0–3.2 ka calBP, and in the Bronze Age at 3.05–2.5 ka calBP.

## Discussion

If we put together the data presented above we come to following insights. Regarding the origin of Slovenes, there is no known contemporaneous report about their massive settling in the 6<sup>th</sup>/7<sup>th</sup> Century AD, in spite of the fact that even trivial military movements are documented. Thus it is counterintuitive that the Romans, Byzantians, etc, would record trivial intrusions and yet fail to annotate major migrations. There is documentation of "non-Roman" rural population but the ethnicity of the countryside is not specified. This population remained in the region after the Romans withdrew from the fortifications and the urban areas. Soon after the Roman military evacuation the people of the area are identified as Sclavs and/or Veneti. There is no evidence as yet of any Y-Chromosome haplogroup N among the Slovenes which would indicate a massive migration from the Pripyat River marshes in the 6<sup>th</sup> / 7<sup>th</sup> Century AD.

Slovenia belonged to the Byzantine Empire until about 568 AD. At that time the Langobards (Byzantine federates) left it and migrated to Northern Italy. Curta's (2001) Economic Analysis of the situation in the Byzantine Empire during that time indicates the probability of some influx of expropriated peasants from



the Balkans after about 540 AD. Whereas no massive settling of ancestors of Slovenes is reported, there are records of Slovenian territories being settled by the ancestors of their present day neighbors, Helmolts (1899-1907).

These bits of data then beg the question: from where and when did the most ancient Slovenes acquire the mtDNA and Y-DNA. Genetically the Slovenes are a mixed lot, where the mtDNA haplogroups  $H > U > J \geq T$  prevail, whereas among the Y-Chromosome haplogroups the  $R1a > I > R1b$  ones prevail. Regarding the "age" of the mtDNA haplogroups  $U5 > T^* > J \geq H$  it can be said that the "younger" ones prevail over the "older" ones. Addressing the "age" of the Y-Chromosome haplogroups,  $I > R1a > R1b$  (Klyosov 2011b,e,f), we should seek a satisfactory answer.

In their study of the "age" of European branches of the Y-Chromosome haplogroup R1a1, Rozhanskii and Klyosov (2009) discovered that Slavs, being predominantly the Y-Chromosome haplogroup R1a1 people, were living on the Balkans 10 to 12 millennia ago. This is in line with the report by Bailey (2000) that before the LGM there was the same material culture in all the Balkans, during LGM the contacts between the north and the south of Balkans ceased, whereas after the LGM there was in the southern part of Balkans a different material culture than in the northern part. According to Rozhanskii and Klyosov (2009), the Y-Chromosome haplogroup R1a1 people were living in the Central Europe, including Pannonia, during the Iron Age and earlier. There they suffered several bottlenecks, e.g. about 4.5 ky ago, about 2.5 ky ago, about 1.2-1.5 ky ago. While during the era of "Migration of Peoples" all other known peoples categorically migrated from east towards west, the Slavs migrated during that time from west to east. Ostensibly, when the bottleneck events took place, the Slavs migrated mainly from the Pannonia onto the Russian Plain and during the last bottleneck event about 1.2-1.5 ky ago into what is now western Ukraine and southern Poland. This is in line with the report by Nestor that Polyane arrived onto the Russian Plain from west. This explains also the conclusion by Curta (2001) regarding the "Slavic material culture" mentioned above.

The ancestors of Slovenes were thus living on their present territory earlier than the bottleneck times. It means that they were living there earlier than 4.5 kya. Based on data presented above we conclude that the Y-Chromosome haplogroup R1a1 part of ancestors of Slovenes arrived during neolithisation about 7.5 kya, whereas the Y-Chromosome haplogroup I (I1, I2) part of ancestors of Slovenes was living there tens of millennia earlier. Thusly, the ancestors of Slovenes were living on their present territories since about 7.5 kya. Living there as a mixed population, the Y-Chromosome haplogroup I ancestors of Slovenes suffered the same bottleneck effects as the Y-Chromosome haplogroup R1a1 ancestors of Slovenes.

Having relied above on data presented by Klyosov (2011b,e,f) as well as Rozhanskii and Klyosov (2009), there must be put the question about the reliability of their results.

To the best of our knowledge, Klyosov's methodology for estimation of the "age" of Y chromosome haplogroups, is basically correct. His methodology is a combination of the physical chemistry (chemical (biological) kinetics) and chemometry approach. The quality of his results is however limited by the quantity and quality of his input data, which he obtains from other authors. In some cases it is also constrained by the power of his computer and software. We can reasonably expect that the input data situation will be improving, but it is a question whether this will impact his results substantially. Well, one impact is already evident. The existence of Y-Chromosome haplogroup A1b of "age" of about 266 kya (Klyosov and Rozhanskii 2011) evidently negates the previous proposition that mankind's "Chromosomal Adam" would be about 136 kya old. There must have existed also other, "older" haplogroups, which at the moment can not be identified from the present-day available data. In a subsequent paper Klyosov (2011i) proposed the existence of the proto-Alpha haplogroup more than 160 ky "old", which would be ancestral to the about 160 ky "old" Alpha haplogroup and the 140-85 ky "old" A haplogroup.

There is, however, also another possible point of view. Namely, that the "age" results obtained starting with the present-day situation and extrapolated into past, even since they are obtained "to the best of our knowledge", may somewhat underestimate the true "ages". Experience had taught us to extend all prehistoric events much further back in time than we had previously assumed. Indicative into this direction is e.g. the calculated "age" of the Y-Chromosome haplogroup Beta of about  $64 \pm 6$  kya (Klyosov 2011f), whereas the Toba eruption took place earlier than 70 kya and it is reasonable to expect that at the time of Toba eruption there were already Beta people living among the Alpha ones, and that the Beta people were more fit (biologically or culturally) to survive the eruption's effects than the Alpha people.

In this respect we suggest to amend the present bottleneck approach of explanation of events with the "Maypole Approach". Namely, the bottleneck approach gives preferential survival ratios to diverse genetic groups after the bottleneck effect, whereas the maypole approach indicates that there was a trunk from which branches grew but they were eliminated during the bottleneck situation.

The maypole approach to explain past events enables additional insights. One of them is that in performing the DNA genealogy activity we are in fact looking at the maypole somewhere from the tips of the branches near its top (a birds eye

view). Such a view from the top might lead to the too low estimation of both the "age" of the trunk as well as the error of its determination. Taking into account the maypole-approach (bird's eye view) it becomes evident that by extrapolating present situation into the distant past, the error of estimation would not be only the statistical error but its projection to the trunk from a tip of a branch on it or from the average distance of the branch tips from the trunk. Statistical error itself is then its perpendicular projection to the trunk. At the moment we are not able to define said projection in its entirety, but we strongly advise that this approach would be taken seriously.

Another crucial concept is that the mutations appear at random - following the first order kinetics. A parallel phenomenon is the pressure for the survival. Survival of the fittest is selective - not random. When pressure for survival is not strong the first order kinetics prevails. Under harsh (less forgiving) conditions the elimination of less fit (perchance ancestral) forms is more intense than would be predicted by the first order kinetics. Tens of millennia years ago the global cooling in areas which were not subtropical acted selectively upon human population.

The appearance of mutations and the survival of the fittest seem to be the focal events. Under relatively stable (steady-state) conditions, e.g. when the climate was stable and other environmental conditions were in an equilibrium, the mutations leading to diversity seem to have prevailed. Under the bottleneck conditions, e.g. on changes of the climate and other influences from the outside, which gave rise to bottleneck effects, the survival of the fittest seems to had prevailed, in some instances drastically. This helps to explain the survival of Beta-people over the Alpha-ones after Toba eruption, as well as the development of Y-Chromosome haplogroup I out of Beta-one in Europe, followed by its subsequent success.

Based on data of present-day people and using the 22 slowest markers haplotype panel (with respect to their mutation rates) Klyosov (2011b,e) estimated the "age" of the oldest accessible Y-Chromosome haplogroup, the Alpha-haplogroup to about 136 kya. This coincides with the estimated "Out of Africa" event [*The Editor's comment: the OOA event is typically considered as dated around 60-70 kya; see though immediately below*]. Armitage et al. (2011) explained their discovery of stone tools in eastern Arabia as a proof for the "Out of Africa" origin of modern humans. They presented several climatic arguments in favor of their explanations. Regarding their data it is obviously true that around 125 kya there existed modern humans in eastern Arabia. However, the climatic arguments only indicate a real possibility (or likelihood of the time-frame) of their arriving there; they are not the proof of such. The true direction of migration must remain open for the time being. The discovery by Hershkovitz et

al. (2011) on the other hand, i.e. of the teeth found in a cave in Israel, about 400 ky old and resembling those of modern humans, indicates the possibility of also earlier migrations of modern humans. The "age" of the Y chromosome haplogroup A1b of about 226 kya (Klyosov and Rozhanskii 2011) points into this direction as well. The possibility of migrations of modern humans or their ancestors in both directions, i.e "out of Africa" and "into Africa" using both the Nile valley as well as the Bab El Mandab Strait corridors should then not be *à priori* dismissed. In this case, however, there arises a nagging question: From where and when? Novel discoveries (Lepre *et al.* 2011, Henn *et al.* 2011, Roebroeks & Villa 2011, Ferring *et al.* 2011) are making this controversy hotter and hotter presenting evidence of possibilities of migrations of several hominin lines in both directions up to two million years ago or even earlier. In addition, there is still the open question of whether modern humans derive from one specific hominin line or whether they are the product of occasional interbreeding of several hominin lines. The bottleneck effects such as the consequences of the Toba eruption, however, had erased most of the previous "genetic" diversity.

Following the data by Lepre *et al.* (2011) we should cultivate the possibility that *Homo erectus* and other hominins expanded out of Africa about one or two million years ago or even earlier and that their descendants gave rise in Western Eurasia to *Neanderthals* and elsewhere to *Homo sapiens*. Recently our understanding of Eurasian populations had been made even more problematic by the genetic diversity found in the Denisova cave (Krause et al 2010, Reich et al 2010, Abi-Rached et al 2011). There is also an irreducible chance that even *Australopithecus* may have ventured into Eurasia and survived as far as Flores Island, Indonesia until relatively recently. Genetic traces of such "LatterDay *Australopithecus*" may yet be discovered in some extant human populations. Expansions "out of Africa", "out of India" as well as "into Africa", "into India", and so on, could take place several times during the last one or two million years. Due to several serious bottleneck effects taking place during this time span, like that following the Toba eruption about 70 kya, we are not able to follow these events in mtDNA and Y-Chromosome haplogroups existing in present-day populations.

There is also an additional point of view regarding the expression "Chromosomal Adam" of mankind. There remains the irreducible possibility that the Scriptural story of Abrahamic Religions (Judaism-Christianity-Islam) is an allegorical rendering of Adam as the Gardener expelled to regions where agriculture had already been established. Thus the gatherer Biblical Adam was forced by climatic change to move into an area where agriculture was already practiced, e.g. towards Mesopotamia. Armitage et al. (2011) cites the possibility of existence (till about 14kya) of a fertile and warm land which may now be at the bottom of the Persian Gulf.

Chronologically (Klyosov 2011e), the next Y-Chromosome haplogroup to be addressed is the African haplogroup A, which is about 85 ky "old". It derived from the Alpha haplogroup, and its bearers migrated into Africa. Its age fits resp. predates the ~80 kya climatic situation presented by Armitage et al (2011), which would allow the migration across the Bab al-Mandab Strait.

According to Klyosov (2011e), all non-African haplogroups descended not from haplogroup A but from the Alpha-haplogroup. First among them would be the Beta-haplogroup (not identified yet in the phylogeny of haplogroups but possibly identical to the haplogroup F, Klyosov (2011f), of about  $64 \pm 6$  kya, probably outside of Africa.

The estimated "age" of Beta-haplogroup nearly coincides with the time of Toba eruption of about 70 kya, and the subsequent severe cooling event. Here we may put forward a working hypothesis that at the time of Toba eruption, there existed outside Africa among the Alpha-haplogroup males also some Beta-haplogroup ones, who were better fit to survive the cooling event. We can reasonably estimate that the places of survival would be refugia at the seaside or big rivers or lakes, protected from the influx of polar air by high mountains. Besides Africa, shores of Southern Asia, India, Fertile Crescent, and the banks of the Mediterranean Sea qualify as refugia. When climate became less inclement the populations of the refugia spread into their surroundings. Brodar (1999) proposed that the Divje babe cave flute (of about 55 to 60 kya) mentioned above, belonged to modern people and not to Neanderthals.

According to Klyosov (2011e), the next Y-Chromosome haplogroups by "age" are the haplogroups B and I from about 46 kya, descending from the Beta-haplogroup. Haplogroup I is generally considered to be the European one. If so, then one would reasonably expect that it derived from the Beta-haplogroup survivors at the European and/or African and/or Asian coasts of the Mediterranean Sea. And that its bearers expanded north and west till the onset of LGM (Last Glacial Maximum). The quite uniform Gravettian-Pavlovian-Kostenkian culture of about 20 kya is an indication of such (Budja 2007). Whether the Y-Chromosome haplogroups I, I1, I2 people lived there mixed or separately in different regions, we have no basis to make such an assumption at present time. The Scandinavia situation, Klyosov (2011h), where the haplogroup I1 was (then and now) particularly common, indicates the possibility that the Y-Chromosome haplogroup I1 people were better adapted to low temperatures than the Y-Chromosome haplogroup I2 people.

The sequence of "ages" of Y-Chromosome haplogroups outside Africa include, Klyosov (2011e): Alpha > Beta > F > G > I ~ B > C > I2 > R1 (> R1a1 > R1b1a2) . The former two are already extinct. This indicates the possibility that the bearers

of "younger" haplogroups were better adapted to colder climate and its consequences on the lifestyle and outlasted the earlier ones. Of course it can not be expected that the mutations on Y-Chromosome alone were the cause of this. To the contrary, these mutations are probably only an "iceberg tip" of all useful mutations collected in their bearers elsewhere in their genomes as well as of their cultural developments.

In Europe, the appearance and development of later emerging Y-Chromosome haplogroups mentioned above went parallel with the extinction of Neanderthal people and approaching the Last Glacial Maximum (LGM).

Last Glacial Maximum (LGM) of around 20 to 16 kya was a typical Atlantic event, expressed regarding the temperatures much less if at all at the Pacific and Indian Ocean. However, everywhere on the Earth the sea level was lowered by about 100 to 150 m exposing much new land. We can reasonably assume that till about 20 kya the survived Y-Chromosome haplogroup I (I1, I2) people retracted from the Northern and Central Europe into the Last Glacial refugia positioned at the Thyrrenian Sea, Adriatic Sea, and on the Balkans. The eastern Europe and western Siberia were not hit substantially by glaciation during LGM.

After the LGM there can be noticed several steps of development that had lead to the emergence of old civilizations.

One of the steps is proposed in the first indications of sedentism reported by Watkins (2006) among the people around the Sea of Galilee around 20 kya who were fishermen. Sedentary fishermen seem to have been the most amenable to develop later sedentary agriculture.

Hunters/gatherers and especially fishermen were motivated well before that time to develop techniques for food preservation and storage. Without food preservation, big hunts would be a waste of resources. In the Fertile Crescent and its surroundings, food drying seems to had been the most appropriate technique of food preservation. Preserved food enabled on the one hand more regular and dependable provisions of food, which reflected also in increasing population density. On the other hand, preserved food enabled at least small groups of people to travel large distances, by land, by rivers, and/or by sea well before the development of agriculture. It also provided a labor pool for ad hoc projects such as hunting, building or gathering of substantial numbers of people necessary to perform other larger projects.

Activities in food preservation had sooner or later lead to the discovery that meat products are best preserved if the captive animals are kept alive and well tended and nourished. This had been the direct way to the development of

stockbreeding - first stationary of few animals, later nomadic with herds. In any case, it developed into a symbiotic relationship, not just humans usurping the resources of animals but also the animals becoming dependent on the protection, nutrition and reproductive selection by human design.

In the same direction, gathering of grains in the shatter resistant rachis (Fuller & Allaby 2009) was more effective than from the shattering ones. This way, the proportion of collected grains from shatter resistant rachis was much higher than in nature. Preservation of grains by drying enabled people to keep the seeds till the start of the next season and beyond that. This promoted the development of crop husbandry (agriculture) where the selection of the shatter resistant types of grain was prevalent. An important step in this development was the introduction of a symbiotic activity where the people cared for shatter resistant grain propagation. One additional consequence of such an activity was the removing of weeds which are the unwanted plants and unwanted types of shattering grains. A detailed overview of these developments presented Harris (1996) as well as Zohary & Hopf (2004).

Zohary & Hopf (2004) concluded that the agriculture expanded from the Near East where it started about 10.6 kya, and it reached the Trans-Caspian region 8.8-7.5 kya, Indus Basin about 8.3 kya, Balkan (Starčevo) about 7.8 kya, Egypt about 7.8 kya, West Mediterranean about 7.6 kya, Ukraine about 7.2 kya, Central Europe about 7 kya, Aegean Belt about 7 kya, Alpine Belt about 6.5 kya, and Scandinavia about 5.6 kya. These data indicate a faster expansion towards the Central Asia than towards Europe.

At the same time yet another technology was emerging. Big pottery started to be produced around 14 kya in Far East and about 9 kya its use expanded to the Baltics (Kuzmin & Vetrov 2007). Who were the bearers of this technology into Europe is not known as yet. Possibly, some Finno-Ugric people could be involved at least in the last steps.

Then there arise the questions, as to who were the inventors and pioneers of agriculture. At the present time, we have no direct data to answer this question.

The bearers of agriculture into Europe were the R1a people, who can be traced back in the Balkans to 10-12 millennia ago (Rozhanskii and Klyosov 2009). This "genetic" information is in line with the observation by archaeologists, as summarized by Bailey (2000), that till the onset of LGM there was the same culture from lower Danube to the south of Greece, whereas after LGM there was a different culture in the south. The main wave of expansion of agriculture into Europe was between about 7.5 kya starting in the central Danube area and spreading west, reaching Atlantic coast and Scandinavia about 6 kya (Zohary &

Hopf 2004). It seems likely that the hunters and gatherers contributed the Y-Chromosome haplogroup I (I2, I1), and the agriculturalists contributed the Y-Chromosome haplogroup R1a to the contemporary genetic pool of Slovenia.

We posit that the inventors of agriculture in the Fertile Crescent were the R1a people. There is the question whether they were there as an autochthonous population or had they arrived there after the LGM. For the time being, let us consider both possibilities. One scenario would be that the R1a-people are a branch derived in Near East from the Beta-people in the sequence Beta → R → R1 → R1a → ... and that part of the R-, R1-, and R1a-people expanded from there towards Central Asia. The other option would be that the R1a-people were derived from the R1-people in the Central Asia, and that during LGM they were separated by the ice-covered Altai Mountains into two populations. The western part of them retreated in part towards southwest into Levant. This rises another question, namely which people were living in Levant till that time. One possibility would be that the original people in Levant would had been the Y-Chromosome haplogroup I people.

In confirming any of these scenaria, there arises the expectation that the answer could be obtained from the Y chromosome haplogroup data of present inhabitants in the Near East. However, taking into account the severe genocidal actions after arrival of R1b-people there between 6 - 5 kya as reported by Klyosov (2011h), as well as the later such actions reported in the Bible, there is little if any chance to get such data. Possibly, from the human remains of 6 to 12 millennia ago some data will be derived in future. Till then we can only speculate by extrapolation back from the later times.

Another question is in what geographic location did the R1b people derive their "genetic" variant from the R1-ones. It seems to us quite possible that they derived in the last part of the migration towards the Central Asia. Later, a mixture of R1-, R1a-, and R1b-people became isolated during the LGM east of the ice-covered Altai Mountains. And that the R1b people among them were the best fit to survive the harsh LGM situation. Klyosov (2011a,c,h) demonstrated that after the LGM they expanded from the Central Asia west towards Ural Mountains and beyond them.

Then the question arises as to what sort of languages were spoken by these people(s) mentioned above. To the best of our knowledge, there are no known inscriptions from the epochs of Mesolythic and early Neolythic. At the moment, besides some explanations by Chudinov (1998), we have available no direct data about this. Therefore we have no other choice than to rely on indirect data.



The Slovenes, cf. e.g. Šavli (2008), have an oral tradition about "wild people" who lived at higher elevations. Ostensibly, these "wild people" were hunters and gatherers and they spoke a language similar to that which was spoken by the agriculturalists in the valleys. By said oral tradition, they were namely able to understand each other in every detail. This would indicate during the neolithization process some sorts of Proto-Slavic on both sides.

From present knowledge about the spread and "age" of the Y chromosome haplogroups in Slovenia we can reasonably expect that the "wild people" mentioned in the Slovene oral tradition were the original Y chromosome haplogroup I people (possibly mixed with some Y chromosome haplogroup G people), whereas the incoming agriculturalists were mainly the Y chromosome haplogroup R1a people. If so, then the inventors of agriculture in the Fertile Crescent were the R1a people speaking some sort of Proto-Slavic. The veracity of this understanding is subject to future research.

Whether the Y-Chromosome haplogroup R1a people in Levant were originally speaking some sort of Proto-Slavic or whether they received it from the Y-Chromosome haplogroup I people living there before them, we must also forego to future research.

Having in mind all *caveats* we may extrapolate this into the past and assume provisionally that some Proto-Indo-European (Proto-IE) populations existed already about 35 kya or earlier. Another extrapolation would be that before and during the LGM the bearers of Y-Chromosome haplogroup I and its subgroups were a western Slaviform Proto-IE branch living mainly in Western and Central Europe but possibly also in Near East. The bearers of haplogroup R1a were a central or southern Slaviform Proto-IE branch living in Levant, in the eastern Balkans, and around the Black Lake and more to the north and east. Easternmost part of the bearers of haplogroup R1a as well as the bearers of the haplogroup R1b lived as the easternmost Slaviform Proto-IE branch. We should explore the possibility that during the LGM the ice-covered surrounding of the Altai mountains separated the R1b people and part of the easternmost part of the R1a people from those living west of the Altai mountains. If this were the case, then the easternmost R1a people as well as the R1b people were living for millennia isolated from the other R1a people and in contacts with Turko-Tatar and other East Asian peoples from whom they might had accepted in time many linguistic and other characteristics. This would explain the origin of R1b people speaking now Turko-Tatar, as mentioned by Klyosov (2011h).

If these extrapolations are close to the reality of that time, then we can ascribe to the Y-Chromosome haplogroup R1a people several crucial development steps in Levant, from sedentary fishing/hunting/gathering as well as migratory

hunting/gathering towards the sedentary agriculture and nomadic stockbreeding.

Klyosov (2011h) presented several arguments indicating that after the LGM the R1b-people were speaking some sort of Turkic language. There remain, however, several open questions.

If the Y-Chromosome haplogroup G and I (I2, I1) people were Europeans speaking some sort of western Slaviform Proto-Indo-European, resp. R1a people were speaking some southern Slaviform Proto-Indo-European, then there is the question what about the R1b people, who are the main present-day Indo-European inhabitants of Western Europe. Now, most of the R1b people in western Europe speak Indo-European and not Turkic.

To our understanding, the crucial question in this respect is whether the Basques are to be considered as the rule or as an exception.

Hamel & Vennemann (2002) as well as Hamel & Foster (2002) support the general view that the non-Indo-European Basques among whom the Y-Chromosome haplogroup R1b prevails, were the original Europeans after LGM expanding from the refugium at the Thyrrenian Sea. Myres et al (2010) explained that the R1b people were the bearers of agriculture from Anatolia into Europe. They however did not explain why the frequency of present R1b people is the highest on the extreme west of Europe (according to Hill et al. (2000) up to 98% among Irish Connaughts) and decreases towards Anatolia. It seems as if Myres et al (2010) would be tacitly supporting the early medieval intrusion of R1a Slavs into the Southern and Central Europe. Klyosov (2010b) refuted their view.

Contrary to Myres et al (2010), Klyosov (2011a) has shown that the common ancestor of haplogroup R1b1, calculated from mutations in haplotypes in Central Asia (particularly in the Altai region), stretches to around 16 kya; among ethnic Russians it points to around 6.8 kya; on the Caucasus to around 6 kya; in the Middle East to around 5.5 to 5.2 kya; in the Pyrenees to around 4.8 kya; in France to around 4.2 kya; in Ireland to around 3.8-3.4 kya. Sub-clades of the R1b1 haplogroup follow the same route going from upstream to downstream ones. To Klyosov (2011a), this trek reflects a proper direction and route of migrations of bearers of haplogroup R1b1 between 16 kya and 3-4 kya. It also allows to connect these R1b1 peoples with certain archaeological cultures, among them the Beaker Culture, which nicely fits to the migration route from Pyrenees to France to Northern Europe to British Isles.

The time of 3-4 kya in Europe as well as 5.5 to 5.2 kya in the Middle East is for several millennia too late for the expansion of agriculture, which took place in

the Middle East between 10.5 and 8.2 kya (Mann 2011) and in Europe between 8.5 to 5.6 kya (Zohary & Hopf 2004) and it also doesn't fit the direction of its expansion.

Fundamental changes in the eastern Balkan life and elsewhere in the Black Sea area about 6 kya presented by Bailey (2000), can be summarized as following: the disappearance of the Copper Age elites and industry there, abandoning the tells, shift of the metalurgy centers from the Eastern Balkans to all around the Black Sea up to the Volga river seem to coincide with the Caucasus event of that time caused by the R1b people. Especially hit was the territory around the eastern coast of Balkans.

Combination of data by Zohary & Hopf (2004) with those by Klyosov (2011a,h) indicates to us that the hunters-gatherers R1b people met the expanding pastoral / agricultural culture of the R1a people somewhere on the Russian Plain resp. south of Ural Mountains, where the R1b people started plundering the herds and killing the herdsmen, adapting themselves to a lifestyle of pillaging. After taming the horse about 6 kya (Skulj et al 2008) they became even more effective in conquering and eradicating pre-existing inhabitants - pastoralists resp. agriculturists. We posit that they used this way of subsistence on the Russian Plain, on their expansion around the Black Sea, into Middle and Near East, across the Northern Africa into Western Europe and Scandinavia, till there and then they experienced their genetic bottleneck.

On the other hand, Klyosov (2011h) proposed that around 6 kya the linguistic landscape in Europe was the ancient Aryan, the language of the R1a1 people, and perhaps to some extent the language (or languages) of the ancient European haplogroups I and G. Then, approximately 4,5-4 kya something happened in Europe, resulting in the haplogroup R1a1 virtually largely disappearing from Europe. As, incidentally, at the same time also disappeared haplogroup I1 and largely the haplogroup I2.

There are two nearly simultaneous events which occurred in Europe after 4.8 kya. According to Klyosov (2011h), one event was the intrusion of the R1b people across the Pyrenees. Another event was a major climatic change during the 4.2 to 3.8 kya era reported by Clare & Weninger (2010). These events also coincide with the "period of crushed skulls" in Scandinavia and Germany. This period is dated to about 4.6 kya. The haplogroup detected in the crushed bones was R1a. [*The Editor's comment: the author refers to Haak et al (2008) data on excavated bones in Germany dated 4600 years ago*].

It will be necessary to explore whether between 4.8 to 3.3 kya there were some abandonments of settlements in the Pannonia. This would explain whether the

R1a people whose ancestors on the Russian Plain are about 4.8 kya "old" arrived on the Russian Plain from the Pannonia.

In our opinion, the Slovene oral tradition about "psoglavci" (deadly dangerous dog-head human warriors), Jurčič (1865), indicates the intrusion of R1b people about 4 kya as indicated by Klyosov (2011h). According to this oral tradition, some original people (probably a mix of Y-Chromosome haplogroups G, I, and R1a1 people), succeeded to avoid extermination at the hands of the R1b people by escaping into the forests and some remote mountainous places. Contrary to the Slovene oral tradition about total mutual intelligibility between the "wild people" and the agriculturists, there is in the Slovene oral tradition about "psoglavci" no hint about such common understanding of speech. This detail would support the position by Klyosov (2011h) that the R1a people were speaking an early form Indo-European (Aryan of that epoch), whereas the R1b people were speaking Turkic. Whether the 4.2-3.8 kya climatic event mentioned by Clare & Weninger (2010) impacted the aboriginal people before the attack by R1b groups or if this assault was caused by the climatic events, or if it took place after the attack, can not be ascertained at this point especially since the attack took place at different times and in various European regions. The Slovene oral tradition suggests that part of the original people (agriculturists at that time) survived both events. We propose that by incorporating "genetic" evidence available to us at the beginning of the 21<sup>st</sup> Century we can identify the present-day bearers of Y-Chromosome haplogroups G, I, and R1a1 in Europe as the descendants of the original Y-Chromosome haplogroups G, I, and R1a1 people who survived the R1b attacks.

We explore the possibility presented by Klyosov (2011h), that after R1b people eradicated most of the R1a-, I-, and G-people around 4 kya, also the R1b-people suffered serious bottlenecks, not being able to survive in western Europe using in the depopulated territories their previous way of life. From the data by Klyosov (2011h) that the R1b people experienced in Europe their bottlenecks between 4.8 to 3.3 kya, whereas the common ancestors of R1a1 people there are 3.0 to 2.0 kya "old", we see also the possibility that the R1b people in Europe persecuted the R1a, I, and G people for centuries after their own bottleneck event. In time the R1b people felt compelled to accept the way of life of the agriculturists, the R1a-, I-, and G-people, and incorporated some parts of their language. Having accepted this, they didn't turn Slavic but developed some non-Slavic forms of Indo-European (with agricultural overtones). Their heirs are now the speakers of insular "Celtic" languages as well as most of the West-Europeans.

Having made this general overview and explaining the origin of Slavs we may turn our attention to other groups of European people.

Regarding Basques and having in mind small isolates of similar languages, we would suggest to keep our mind open for the possibility that their ancestors arrived into their present-day territory around the Pyrenees Mountains from the Caucasus region either as part of the R1b intrusion about 4.8 kya, or as part of the defeated "Peoples from beyond the Sea" after about 3.2 kya. There are at present, however, too few data known about these peoples to make a final decision. Anyway, it is a crucial question whether the Basques are to be considered as the rule or as an exception among the western Europeans. In this respect especially important is the comparison with some western Irish clans who have higher R1b content than the Basques (Hill et al. 2000) and who lived far more isolated from the rest of Europe than Basques. In addition, in Ireland there existed lesser possibilities to escape the onslaught of the R1b people than in Pyrenees. It would be advisable to make a detailed comparison between the western Irish and Basques not only regarding the major Y-Chromosome haplogroup R1b but also regarding some minor ones. As well as to consider the findings by Villar (2000, 2001) that the Basques (i.e. part of ancestors of present-day Basques) are relatively late immigrants.

Zohary & Hopf (2004) presented the evidence about the onset and the direction of spread of agriculture in Europe from (Slavic) Balkans towards northern and western Europe. There is the tantalizing question about the similarity of agricultural terminology in Basque and Slavic languages (Jandáček & Arko 2002). For instance, the Basque word for "GRAIN" is ZITU and the Slavic word is ZhITO. Since the flow of farming is recognized to have been from (Slavic) Balkans towards northern and western Europe, we can conclude that the Basques received this agricultural terminology from Slavs, either in their original homeland (possibly) in the Caucasus region or after the bottleneck time on the Iberian peninsula.

Interesting in this respect is the observation by Ambrozic (2010) that the river Garonne in present-day France was in the medieval time the border between Basques and Slavic people. It is also noteworthy (Ambrozic 2000, 2002a,b, Serafimov 2006, Serafimov & Tomezzoli 2010b) that there are traces of Slavic people having had lived in Gaul before the Roman conquest.

We should also address the question about the origin of the Germanic people. Warnow et al. (1996) concluded that: "It appears to point to a situation in which Germanic began to develop within the Satem Core (as evidenced by its morphology) but moved away before the final Satem innovations. It then moved into close contact with the "western" languages ("Celtic" and Italic) and borrowed much of its distinctive vocabulary from them..." This is to be reconsidered on the basis of similarities between German and Korean (Lie 1991), as well as between Germanic and Chinese (Chang 1988). As reported by Chang

(1988), Germanic and Chinese are both *Kentum* and their similarities indicate strongly that the Indo-European proto-Germanic ancestors of Germanic people were living in Far East north of China as late as about 4 kya. Part of them then intruded south and formed there the state of China, which prevented later intrusions by proto-Germanic people and into which they were subsequently assimilated.

After being expelled by the strengthened state of China, northern parts of the proto-Germanic ancestors of Germanic people migrated from the Far East towards west and moved into Europe. There persists open the question, whether the ancestors of Hittites who arrived to Anatolia around 4.5 kya and subjugated there the Hatti people (Kořak 1971, 1994), were part of these Proto-Germans or whether did their ancestors live at respective times west of Proto-Germans. The Hittite word *watar* for *water* is an indication of this possibility. The same question relates to Hyksos who conquered Lower Egypt about 3.7 kya.

Another question is, whether Proto-Germans possibly presented part of predecessors of the later "Peoples from beyond the Sea" of about 3.2 kya. The developments in Europe after 3.2 kya point in this direction. However, we cannot reject the possibility that they entered Europe, especially its eastern parts, before the attacks on Egypt. We have also no reason to doubt that they were part of the remnant of the defeated army of the "Peoples from beyond the Sea" that spread across the Mediterranean Sea into Europe. As well as that they formed migratory "peoples" which for centuries harassed central Europe where they were the impetus for defensive architecture (forts) across the region. Anyway, the "Peoples from beyond the Sea" seem not to be sufficiently explored yet.

The pillaging groups were later driven north into Scandinavia, where they mixed with the previous population, and became the foundation stock of Germanic peoples. These then expanded intruding (approx. 2.2 to 1.8 kya) south, east and west into traditionally Gaulish, Baltic and Slavic regions. Later, the Anglo-Saxons subjugated the peoples of the Britain.

Our tentative conclusion would be that the said Proto-Germanic people were the descendants of the pre-LGM Eastern Slaviform Proto-Indo-Europeans having had reached territories east of the Altai Mountains. They survived the LGM there and after LGM did not move west. They received later agriculture and pastoralism from west. During all that time they were exchanging the linguistic characteristics with the non-IE people living in contacts with them, and the result of all these events was their non-Slavic Kentum I-E language. After their arrival to Europe they completed the borrowings indicated by Warnow et al. (1996).

Yet another question is about the origin and development of the Balto-Slavic complex. There is the common wisdom among linguists that Slavic was derived from Indo-European by the following steps: Indo-European > Balto-Slavic > Baltic and Slavic, cf. Szemerényi (1996).

Archaeological data present indications that the origin and development of Balto-Slavic may have had proceeded in a different way. Nowak (2006) presented data that the agriculturists crossed the Carpathian Mountains from the central Danube area into the upper Vistula area about 7.5 kya and that they slowly expanded north along the Vistula River. The incoming agriculturists ousted the primordial mesolithic people into areas which were less appropriate for agriculture. The material cultures of aboriginal mesolithic peoples and incoming agriculturists did not merge until about 6 to 5 kya. Such a development is in line with the Czech and Polish mythology about the arrival of their ancestors (Popowska-Taborska 2005) as well as with linguistic and Y-Chromosome haplogroup clines observable at present time.

In the words of Price (1996), LGM ice retreated from southern Scandinavia about 14 kya. Till about 10 kya there was a region of tundra inhabited by reindeer hunters. By about 10 kya forest returned there and postglacial foragers appeared. About 6 kya ideas and materials of farming communities began to appear there and around 5.9 kya farming appeared suddenly. The Linearbandkeramik (LBK) farming culture spread thousands of kilometers across Central Europe very fast, yet it took more than 500 years before domesticates were introduced from the LBK farmers only a few hundred kilometers north into the Baltic area. Price (1996) explained this in a way that the successful fishing-hunting people had little immediate use of domesticates. There remains open the question about who were the reindeer hunters and who were the fishing-hunting people.

We propose a different scenario. Namely, that LBK culture was able to spread that fast among the people who shared mutually intelligible languages (i.e. within the western Slaviform proto-Indo-Europeans who can be presented also as proto-Slovenes). Whereas the advance of the LBK culture slowed down substantially when people of different language groups came in contact.

Laitinen et al. (2002) proposed that proto-Balts were proto-Finnic. From this and the slow advance of neolithisation into their territories we conclude that at that time the proto-Balts and the southern Scandinavians were really proto-Finnic. It took the better part of a millennium (Price 1996) resp. few millennia (Nowak 2006) for the proto-Finnic and the incoming proto-Slavic people to form the synthesis of the Indo-European Baltic resp. Scandinavian identity.

For this reason, there must be exercised great caution when extracting supposedly \*Indo-European features from Baltic languages. Namely, the Balto-Slavic complex had not formed until about 6 to 5 kya (Nowak 2006) from the primordial proto-Finnic (Laitinen et al. 2002) and incoming proto-Slavic, with later bottleneck effects and contributions from other sources. It is possible that when a non-Slavic feature found in Baltic languages is proclaimed as Indo-European, this feature may be in fact non-Indo-European by origin. This warning applies also to other "peripheral" Indo-European languages. We propose this in spite of the fact that there are several linguists who place Baltic languages as very near to the original Indo-European.

Preceding the expansion of agriculture into Central and Northern Europe, there was an additional expansion of nomadic stockbreeder proto-Slavs from Near East and (South-) Eastern Europe into Central Asia reaching about 6 kya as far as China. On their way they were mixing with indigenous peoples. One of these groups would later become the Tocharians.

Malory (2000) identified in the Tocharian manuscripts the presence of words and linguistic elements belonging to Finno-Ugric languages. He proposed possible linguistic contacts of the Tocharian with East Iranian languages and suggested that the Tocharians moved from their original homeland probably in the Pontic steppe. He plotted their movements first to North and then to East. The earliest mummies in the Tarim Basin correspond to Caucasoid or Europoid individuals arriving in the Tarim Basin around 5 kya. The presence in the Xinjiang of Caucasoid populations in the period 3.8 - 1.7 kya and of the arrival in the late Bronze Age and the early Iron Age of a second population of East Mediterranean type similar to the Saka of Pamir is noticed as well. The first mummies of Caucasoid somatic type are dating to about 3.8 kya. The common features of the Caucasoid mummies are: elongated bodies, angular faces, recessed eyes, blond, red to deep brown hairs. Genetic studies ascertained that the Caucasoid mummies have a Y DNA Haplogroup R1a and a mtDNA haplotype characteristic of Western Eurasian populations.

According to Arnaiz-Villena et al. (2001), the Greeks, on the other hand, have also Hamitic ancestors, who may have been brought up into the southern part of Slavdom bringing with them the Kentum characteristics. Tischler (1990) reported that some linguists see the origin of these characteristics in Sudan.

Based on these data we posit that part of the ancestors of Mycenaean Greeks were the members of the Egyptian army, who after being defeated by Hyksos around 3.7 kya escaped to Crete and the Cretan Minoans put them to the Peloponnese Peninsula as mercenaries to administer it for the Cretans. After the Thera eruption and its destruction of the Minoan state, the survived mercenaries



in Mycenae took over the power on Peloponnese.

Another question is, who were the antique continental proto-Celts (Gauls). At present, they are usually considered together with insular "Celts" as if they had been the same people. One should, however, have in mind that the "Celts" living in Great Britain and Ireland adopted the designation "Celtic" as late as in the 16<sup>th</sup> Century AD after being conquered by the English, whereas in antiquity they considered Gauls as their enemies, as reported by Berresford Ellis (1990), James (1993). Serafimov (2006) as well as Serafimov & Tomezzoli (2010b) have shown that the remnants of the Gaulish language in spite of their Latinized or Hellenized form reveal their Slavic foundations. And that primordial Gauls were Slavic people. Also Klyosov (2011h) gives arguments that Gauls were originally the Y-Chromosome R1a1 people from Eastern Europe. This, however, does not exclude the possibility that they subsequently mixed and interbred with other west European inhabitants.

Based on data about Etruscans collected and discussed by Barker & Rasmussen (1998) we understand that into the previous (western Slavic) Villanova Culture there intruded some foreign people who functioned subsequently as the elite, becoming in time more and more different from the original people. We should not forget that it was the elite who could afford monumental buildings etc, not the common people.

This may explain the observation by Bor (Tomažič 1995) that he was able to understand with help of Slovene the older Etruscan inscriptions whereas not the younger ones. From the data by Alinei (2003) about the Turko-Tataric expressions for leaders of Etruscans we understand that they might had been part of the survivors of the defeated army of the "Peoples from beyond the Sea" attacking Egypt from Libya. To our understanding, the remnants of this defeated army spread across the Mediterranean Sea into Europe. In Europe, some of them conquered local populations and formed "new peoples" like Etruscan, Oscan, Umbrian, Latin communities. This is consistent with local mythology. It would be advisable to look whether some minor Y-Chromosome haplogroups on those territories support our understanding. Another similar question would be whether such minor Y-Chromosome haplogroups can help explain the origin of some Latin-like features in Baltic languages, even in Estonian vs. Finnish.

Regarding Latin, we propose that the "Kaiser" argument for Latin being *Kentum* is on the same level as the "Beech" argument for Slavs. Thus, it should be critically reassessed.

When doing research presented above, geolinguistic principles are to be considered. However, one must keep in mind, that the rule that "the center is

innovative, whereas the periphery is conservative", is a secondary, not a primary rule. When the languages are in isolation, they are quite stable and change slowly. Whereas, in contact with other languages, they are less stable and as a result change faster. The changes start with borrowings and they increase with the introduction of the logic (structure) of the other language. The combination of both effects is reflected in the innovations. Thus, it is the consequence and not the cause that "the centers, where different people meet, are innovative. The periphery, especially in isolated places, is conservative".

Regarding the theories about the "Indo-European Urheimat", Klyosov (2011h) has shown that all four main hypotheses localizing the "Indo-European homeland", namely "Circumpontic localization", "Kurgan", "Anatolian", and "Neolithic discontinuity" turned out to be wrong at their core. We propose that besides the present static Theory of Continuity (Alinei 1996, 2000), a Dynamic Theory of Continuity, or, in other words, a **Unified Proto Indo European Theory (UPIET)** is to be put together based on the lines presented above.

### **Unified Proto Indo European Theory (UPIET)**

We propose a unified theory of the origin of Indo-Europeans (UPIET). UPIET integrates the "Circumpontic Localization Theory" (CLT), "Kurgan Invasion Theory" (KIT), "Anatolian Theory" (AT), "Neolithic Discontinuity Theory" (NDT) and the "Paleolithic Continuity Theory" (PCT). The common bond between these approaches is provided by the "DNA Genealogical Data" (DNAGD) by Klyosov (Proc. 2008-) and especially his work (Klyosov 2011h). The simplified version of UPIET is given below. It needs additional study, substantiation and revision. An open-minded approach to it is utterly necessary.

Beta-people (Klyosov 2011e,f) split during millenia into several lineages. One of these lineages is represented by the Proto-Indo-European Branch (PIEB) which split gradually into several new populations. These new populations can be identified as the Western Slaviform Proto IE Branch (WSIEB) (the Y-Chromosome haplogroup I branch formed after around 50 kya), the Southern Slaviform Indo-European Branch (SSIEB) (the Y-Chromosome haplogroup R1a branch formed after around 40 kya) and the Eastern Slaviform Indo-European Branch (ESIEB) (mix of the easternmost Y-Chromosome haplogroup R1a branch and the Y-Chromosome haplogroup R1b branch formed after around 30 kya). This accounts for both the early and continuous general similarity of Slavic languages as well as the three way split of the proto-Slavic groups.

The people of the Y-Chromosome haplogroup I branch as a western Slaviform Proto-IE branch inhabited the main part of Europe and possibly

parts of Near East and southern Mediterranean coasts.

The people of the Y-Chromosome haplogroup R1a branch as a southern Slaviform Proto-IE branch inhabited Levant, Anatolia, Black- and Caspian Sea area and possibly even Lower Egypt and Northern Africa coastal areas.

The people of the Y-Chromosome haplogroup R1b branch lived initially mixed with the R1a people as the eastern Slaviform Proto-IE branch inhabiting the areas as far as the Altai Mountains. Later they expanded across Central Asia and southern Siberia well into the Far East.

Migration and exchange of trade goods became routine after preservation and storage of perishables, especially food was perfected. Around 10 kya the R1a people of the Fertile Crescent had "state of the art agriculture" and expanded their acumen and genes into all directions. Where soil and climate and other environmental conditions were conducive, they developed sedentary agriculture with societal rules and sustainable agricultures and cultures. They transferred it also to the Y-Chromosome haplogroup I people forming mixed populations. Significantly, the fact that these peoples were mixed indicates that it was not a mass movement of tribes which replaced previous populations, but rather a trickle of expertise and associated genes and religions into an autochthonous population.

On the steppes of Western Asia and extending to north of China a pastoral culture became the preferred economy. Tribal conflicts over pasture-lands and livestock watering resources honed military skills. Domestication of the horse and the development of equestrian expertise produced cavalier elites. After about 6 kya - these mounted elites possessed herding techniques far superior to their pedestrian competition. They could survey their large herds from an elevated vantage point and move the livestock very rapidly over great distances.

In contact with pastoral peoples of other language groups in the east, the Slaviform Y-Chromosome Haplogroup R1b people gradually reduced their Slaviform character to evolve into non-Slav Proto-Indo-Europeans.

There is a likelihood that in antiquity there was a continuous and contiguous population of Indo-Europeans who occupied the territories between the early Tocharians and the early Slavs. And the earlier they were - the less likely they were to be mixed with other idioms - as postulated by W. Jones. Also, the more proximal they were geographically to the Slavic lands the more Slaviform they were likely to remain. From historical records we also learn that the Anatolian, Bactrian, Tocharian, Indo-Aryan and the Slavic (all Indo-European) languages were isolated from each other only recently by Turko-Tatar, Finno-Ugrian and

Ural-Altaic languages. For thousands of years the herdsmen of Asia were compelled to invade the territories of settled agrarians when droughts marginalized their pasturelands.

Having had invented superior equestrian skills and later war-chariot military acumen, these mounted warriors expanded their influence over the territories they plundered. In this manner the Y-Chromosome haplogroup R1b people swamped and almost totally eradicated the pastoral people and agrarians bearing Y chromosome I and R1a. This produced a serious bottleneck effect for the farmers' genes. This way the Y-Chromosome haplogroup R1b people moved through Near East, North Africa and Europe (Klyosov 2011h) almost (and in some regions even totally) eradicating the previously settled Y-Chromosome haplogroup I resp. R1a agriculturists, for which this was a serious bottleneck effect.

Having reached the Atlantic shores and devastating the European cultures in their wake - the nomadic/cavalier tactics of the Y-Chromosome haplogroup R1b people became irrelevant in maritime conditions and the invaders suffered self-limiting population bottleneck. In time, the surviving remnant Y-Chromosome haplogroup I and R1a Slavs, as well as R1b peoples merged adapting to a new lifestyle. In this way the former eastern Proto-IE Y-Chromosome haplogroup R1b people became the present-day "Celtic" western Europeans. The remainder of the Y-Chromosome haplogroup I and R1a people mixed with some R1b people formed the Western Slavs. The rest of the Y-Chromosome haplogroup R1a people formed the Southern Slavs. Those who escaped from Central Europe to the devastated Eastern Europe formed the Eastern Slavs, Avestans and Aryans. The Germanic peoples formed as the easternmost PIE people in contact with Proto-Koreans and Proto-Chinese and started moving west about 4 kya, reaching Europe i.a. as part of the "Peoples from beyond the Sea", being subsequently expelled into Scandinavia, from where they later conquered their present territories and imposed their language. Where and when some R1b peoples obtained their present-day Turkic language characteristics remains to be studied. For example, for the R1a people in present Hungary we know that a millennium ago they were speaking Old Slovene, whereas now they are speaking Hungarian.

Thusly, the Slaviform Y-Chromosome haplogroup R1a people retained their central, CORE position, whereas the Y-Chromosome haplogroup R1b people were always PERIPHERAL to them.

## References

- Abi-Rached L, Jobin M J., Kulkarni S, McWhinnie A, Dalva K, Gragert L, Babrzadeh F, Gharizadeh B, Luo M, Plummer F A., Kimani J, Carrington M, Middleton D, Rajalingam R, Beksac M, Marsh S G. E., Maiers M, Guethlein L A., Tavoularis S, Little A-M, Green R E., Norman P J., Parham P, **2011**, The Shaping of Modern Human Immune Systems by Multiregional Admixture with Archaic Humans, *Science*, 334(6052), 89-94
- Alinei M, **1996, 2000**, *Origini delle lingue d'Europa*, Il Mulino, Bologna
- Alinei M, **2003**, *Etrusco: una forma archaico di unghrese*, Il Mulino, Milano-Bologna
- Ambrozic A, **2000**, *Journey back to the Garumna*, Cythera Press, Toronto
- Ambrozic A, **2002a**, *Gordian Knot Unbound*, Cythera Press, Toronto, 1-57.
- Ambrozic A, **2002b**, Etymological Parallelism in Inscriptions, Tribal Names, Toponyms, Hydronyms, and Word Compounding from Ancient Gaul, *Proceedings of the 1<sup>st</sup> International Topical Conference The Veneti within the ethnogenesis of the Central-European population*, Založništvo Jutro, Ljubljana, 131-149; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik01/htm/ambrozic\\_gaul.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik01/htm/ambrozic_gaul.htm)
- Ambrozic A, **2010**, *The Templar's curse*, Cythera Press, Toronto
- Armitage S J, Jasim S A, Marks A E, Parker A G, Usik V I., Uerpmann H-P, **2011**, The Southern Route "Out of Africa": Evidence for an Early Expansion of Modern Humans into Arabia, *Science* 331, 453-456
- Arnaiz-Villena A, Dimitroski K, Pacho A, Moscoso J, Gómez-Casado E, Silvera-Redondo C, Varela P, Blagoevska M, Zdravkovska V, Martin J, **2001**, HLA genes in Macedonians and the sub-Saharan origin of the Greeks, *Tissue Antigens* 57, 118-127; cf.: <http://www.makedonika.org/processpaid.aspcontentid=ti.2001.pdf>
- Bachmann D A, <http://en.wikipedia.org/wiki/Satem>, 4. 10. 2007
- Bailey D W, **2000**, *Balkan Prehistory*, Routledge, London, New York
- Barbujani G, **1997**. Invited Editorial: DNA Variation and Language Affinities. *Am. J. Hum. Genet.* 61:1011-1014
- Barker G, Rasmussen T, **1998**, *The Etruscans*, Blackwell, Oxford/Malden

- Belchevsky O, **2005a**, A new look at classical mythology with the help of Slavic and Macedonian vocabularies, *Zbornik tretje mednarodne konference Staroselci v Evropi*, Jutro, Ljubljana, 135-144;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik05/belchevsky\\_myth.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik05/belchevsky_myth.htm)
- Belchevsky O, **2005b**, A study of the origins, connections and meanings of the Indo-European words *reeka, ree, rea* (river) in language and mythology, *Zbornik tretje mednarodne konference Staroselci v Evropi*, Jutro, Ljubljana, 145-158;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik05/belchevsky\\_rea.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik05/belchevsky_rea.htm)
- Berresford Ellis P, **1990**, *Celtic Empire*, Costable, London
- Brodar M, 1999, Die Kultur aus der Höhle Divje babe 1, *Arheološki vestnik*, 50, 9-57
- Budja M, **2007**, Who are the Europeans? *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the fifth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 7-26;  
<http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/budja07.pdf>
- Chang T, 1988, Indo-European vocabulary in Old Chinese, *Sino-Platonic Papers*, 7, 1-56; [http://sino-platonic.org/complete/spp007\\_old\\_chinese.pdf](http://sino-platonic.org/complete/spp007_old_chinese.pdf)
- Chudinov: Чудинов ВА, **1998**, *Славянская мифология и очень древние надписи*, Научный доклад, Москва
- Clare L, Weninger B, **2010**, Social and biophysical vulnerability of prehistoric societies to Rapid Climate Change. *Documenta Praehistorica*, 37, 283-292;  
[http://arheologija.ff.uni-lj.si/documenta/pdf37/37\\_24.pdf](http://arheologija.ff.uni-lj.si/documenta/pdf37/37_24.pdf)
- Curta F, **2001**, *The Making of the Slavs: History and Archaeology of the Lower Danube Region c. 500-700*, Cambridge University Press, Cambridge
- Diamond J, **1993/2006**, *The third chimpanzee*, HarperCollins Publisher, New York, p. 275
- Durman A, **2003**, Metallurgy - the real beginning. *International conference "Ancient settlers in Europe"*, Kobarid, May 29-30
- Ferring R, Oms O, Agusti J, Berna F, Nioradze M, Shelia T, Tappen M, Vekua A, Zhvania D, Lordkipanidze D, **2011**, Earliest human occupations at Dmanisi (Georgian Caucasus) dated to 1.85–1.78 Ma, *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 108 (26), 10432-10436 doi:10.1073/pnas.1106638108

- Fuller D Q, Allaby R, **2009**, Seed dispersal and crop domestication: Shattering, germination and seasonality in evolution under cultivation, *Annual Plant Reviews* 38, 238–295
- Hershkovitz I, Smith P, Sarig R, Quam R, Rodríguez L, García R, Arsuaga J L, Barkai R, Gopher A, **2011**, Middle pleistocene dental remains from Qesem Cave (Israel), *American Journal of Physical Anthropology* , 144(4), 575–592; Article first published online: 23 DEC 2010 DOI: 10.1002/ajpa.21446
- Grafenauer B, 1988, Ob tisočstiristoletnici slovanske naselitve na današnje slovensko narodnostno ozemlje. In: *Pavel Diakon: Zgodovina Langobardov*, Obzorja, Maribor, 321-422.
- Hamel E, Vennemann T, **2002**, Vaskonisch war die Ursprache des Kontinents. *Spektrum der Wissenschaft*, 32-40
- Hamel E, Foster P, **2002**, Drei Viertel unserer Gene stammen von den Urbasken. *Spektrum der Wissenschaft*, 41-44
- Harris DR, 1996, *The origins and spread of agriculture and pastoralism in Eurasia*, UCL Press, London
- Helmolts Weltgeschichte*, 1899-1907, 1913-1924, Bibliographisches Institut, Leipzig und Wien (Engl. Ed.: London 1901-, Russ. Ed.: St. Petersburg 1902-), Bd. 4, 5, 6
- Henn B M, Gignoux C R, Jobin M, Granka J M, Macpherson J M, Kidd J M, Rodríguez-Botigué L, Ramachandran S, Hon L, Brisbin A, Lin A A, Underhill P A, Comas D, Kidd K K, Norman P J, Parham P, Bustamante C D, Mountain J L, Feldman M W, **2011**, Hunter-gatherer genomic diversity suggests a southern African origin for modern humans, *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 108(13), 5154-5162; Published online before print March 7, 2011, doi: 10.1073/pnas.1017511108
- Hill E W, Jobling M A, Bradley D G, **2000**, Y-Chromosome variation and Irish origins, *Nature*, 404, 351
- Ivanov V V, 1988, Balto-slaviano-toxarskie izoglossy, *Balto-slavianskie issledovanija*, Band 1986, 45-60;
- James S, **1993**, *Exploring the World of Celts*, Thames and Hudson, London
- Jandáček P, **2000**, *Origin of Speeches*, Los Alamos; revised 2008: <http://www.veneti.info/index.php?view=article&catid=25%3Alinguistics&id>

=126%3Aorigin-of-the-speeches&option=com\_content&Itemid=165

- Jandáček P, Arko L, **2002**, Linguistic connections between Basques and Slavs (Veneti) in antiquity. *Zbornik prve mednarodne konference Veneti v etnogenezi srednjeevropskega prebivalstva (Proceedings of the first international topical conference The Veneti within the Ethnogenesis of the Central-European Population)*, Jutro, Ljubljana, 151-166;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik01/htm/jandacek\\_linguistic.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik01/htm/jandacek_linguistic.htm)
- Jandáček P, **2004**, *Base Ten* counting as the extension of the archetypical *Base Five* system of Basques and Slavs, *Zbornik mednarodnega posveta Sledovi evropske preteklosti (Proceedings of the international workshop Traces of European Past)*, Jutro, Ljubljana, 74-84,  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik03/jandacek\\_baseten.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik03/jandacek_baseten.htm)
- Jandáček P, **2007**, The Lord's Prayer "Our Father" indicates Slovenians are West Slavs *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev*, Jutro, Ljubljana, 217-219; <http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/jandacek07.pdf>
- Jandáček P, Perdih A, **2008**, A novel view of the origins, development and differentiation of Indo-Europeans, *Zbornik šeste mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the sixth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 88-98;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik08/novel\\_ie\\_view.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik08/novel_ie_view.pdf)
- Jurčič J, 1865, Deklica in psoglavci, *Slovenski glasnik*, 239; cf. Jurčič J, *Zbrano delo 1* (M. Rupel, ed.), Državna založba Slovenije, Ljubljana 1947, 16-18; 52
- Kivisild T, Rootsi S, Metspalu M, Metspalu E, et al **2002**. The Genetics of Language and Farming Spread in India, in *Examining the farming/ language dispersal hypothesis*, eds. Bellwood & Renfrew, Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research pp. 215-222.
- Klyosov A A, **2010a**, Haplogroup I. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 3, No.1, 96-158.
- Klyosov A A, **2010b**, Migration route of R1b haplogroup to Europe and its populating in Europe. A critical analysis of Myres et al paper "A Major Y chromosome haplogroup R1b..." (Eur. J. Hum. Genetics, 26 August 2010). *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 3, No.10, 1652-1675.
- Klyosov A A, **2011a**, Biological Chemistry as a Foundation of DNA Genealogy: the Emergence of "Molecular History", *Biokhimiya*, 76 (5) 636-653. (*Biochemistry* (Moscow), 517-533).



- Klyosov A A, **2011b**, DNA genealogy of the major haplogroups of the male half of mankind. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 4, № 5, 988-1014.
- Klyosov A A, **2011c**, Haplotypes of R1b1a2-P312 and related subclades: origin and “ages” of most recent common ancestors. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*. June Volume 4, No. 6 1127-1195
- Klyosov A A, **2011d**, The slowest 22 marker haplotype panel (out of the 67 marker panel) and their mutation rate constants employed for calculations timespans to the most ancient common ancestors, *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 4 (6) 1240-1256)
- Klyosov A A, **2011e**, DNA genealogy of the major haplogroups of Y chromosome. (Part 1), *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 4 (6) 1257-1282
- Klyosov A A, **2011f**, DNA genealogy of the major haplogroups of Y chromosome. (Part 2), *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 4 (7) 1367-1494
- Klyosov A A, Rozhanskii I L, **2011**, An archaic lineage of haplogroup A. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 4 (7).1495-1502
- Klyosov A A, **2011g**, «Finno-Ugric” and “South Baltic” branches of haplogroup N1c1 and their haplotypes. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 4 (8).1604-1626
- Klyosov A A, **2011h**, Haplogroup R1b as a carrier of Proto-Türkic languages, aka Dene-Caucasian languages, aka Erbin, that is a non-IndoEuropean language in its dynamics during 16,000 to 3,000 years before present. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 4(9), 1716-1773
- Klyosov A A, **2011i**, «An exit of modern humans out of Africa”: genetics and DNA genealogy disagree. *Proc. Russian Academy of Genealogy*, 4(10), 1908-1977
- Korenine (2001-2011): [www.korenine.si/zborniki/](http://www.korenine.si/zborniki/)
- Košak S, **1971**, *Kralj boja iz hetitske pismenosti*, Mladinska knjiga, Ljubljana.
- Košak S, **1994**, Klinopisni kulturni krog in Hetiti, *Raziskovalec (Researcher)*, 24(2/3), 21-33
- Krause J, Fu Q, Good J M, Viola B, Shunkov M V, Derevianko A P, Pääbo S, **2010**, The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia, *Nature*, **464** (7290), 894–897, doi:10.1038/nature08976

- Kuzmin Y V, Vetrov V M, **2007**, The earliest Neolithic complex in Siberia: the Ust Karenga 12 site and its significance for the Neolithization process in Eurasia, *Documenta Praehistorica*, 34, 9-20, <http://arheologija.ff.uni-lj.si/documenta/pdf34/DPkuzmin34.pdf>
- Laitinen V, Lahermo P, Sistonen P, Savontaus M-L, **2002**, Y-Chromosomal Diversity Suggests that Baltic Males Share Common Finno-Ugric-Speaking Forefathers, *Human Heredity*, 53: 68-78
- Lepre C J, Roche H, Kent D V, Harmand S, Quinn R L, Brugal J-P, Texier P-J, Lenoble A, Feibel C S, **2011**, An earlier origin for the Acheulian, *Nature* 477, 82-85
- Lie K-H, **1991**, *Verbale Aspektualität im Koreanischen und im Deutschen*, Niemeier, Tübingen
- Mallory J P, Mair V H, **2000**, *The Tarim Mummies: Ancient China and the Mystery of the Earliest Peoples from the West*, Thames & Hudson. See also:  
[http://en.wikipedia.org/wiki/Tarim\\_mummies](http://en.wikipedia.org/wiki/Tarim_mummies)  
<http://discovermagazine.com/1994/apr/themummiesofxinj359>
- Manfreda Vakar M, Vrečko D, **2010**, Slovenija v DNK bazenu sveta, *Zbornik osme mednarodne konference Izvor Evropejcev*, Jutro, Ljubljana, 29-51, [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik10/vakar\\_slo\\_dnk\\_bazen.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik10/vakar_slo_dnk_bazen.pdf)
- Mann C C, **2011**, Dawn of Civilization, *Natl. Geogr.*, June, 39-59
- Mikhailov N, **2001**, *Jezikovni spomeniki zgodnje slovenščine, rokopisna doba slovenskega jezika*, prevod H Ošlak, Mladika, Trst, pp. 79-94, 106-108
- Myres N M, Rootsi S, Lin A A, Järve M, King R J, Kutuev I, Cabrera V M, Khusnutdinova E K, Pshenichnov A, Yunusbayev B, Balanovsky O, Balanovska E, Rudan P, Baldovic M, Herrera R J, Chiaroni J, Di Cristofaro J, Villems R, Kivisild T, Underhill P A, **2011**, A major Y-Chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe, *Eur. J. Hum. Genet.* 19(1), 95-101. Published online 2010 August 25. doi: 10.1038/ejhg.2010.146
- Nowak M, **2006**, Transformations in East-Central Europe from 6000 to 3000 BC: local vs. foreign patterns, *Documenta Praehistorica*, 33, 143-158; <http://arheologija.ff.uni-lj.si/documenta/pdf33/nowak33.pdf>

Old English Anglo-Saxon Psalm # 23,

[http://www.youtube.com/watch?v=XgD4uxeZ2\\_w](http://www.youtube.com/watch?v=XgD4uxeZ2_w)

Pellegrini G B, Prosdocimi A L, **1967**, *La Lingua Venetica*, Vol. 1, 2, Istituto di Glottologia dell'Univ. di Padova, Circolo Linguistico Fiorentino, Padova-Firenze

Perdih A, **2000a**, Študijam o našem izvoru na rob (On the origin of Slovenes), *Tretji dan*, 2000 (2), XXIX (261), 90-97, reprinted in: *V nova obzorja z Veneti v Evropi 2000*, I. Tomažič, ed., Editiones Veneti, Wien, Ljubljana 2000, pp. 102-111; amended on: <http://www.veneti.info/sl/articles/critical/265-on-the-origin-of-slovenes>

Perdih A., **2000b**, Izvor Evropejcev v luči ugotovitev Tomažiča, Šavlija in Bora (Origin of Europeans in the light of findings of Tomažič, Šavli and Bor), *V nova slovenska obzorja z Veneti v Evropi 2000 - Tretji Venetski zbornik (Into new Slovenian horizons with Veneti in Europe 2000 - the Third Veneti Proceedings)*, I. Tomažič, Ed., Editiones Veneti, Wien 17-27

Perdih A, **2003**, Vplivi zadnje poledenitve na praprebivalstvo Evrope (The influence of the Last Glacial Maximum on the ancient settlers of Europe), *Zbornik posveta Praprebivalstvo na tleh Srednje Evrope (Proceedings of the conference Ancient Settlers of Central Europe)*, Jutro, Ljubljana, 41-50; <http://www.korenine.si/zborniki/zbornik02/perdih02.htm>

Perdih A, **2007**, Betacizem po tolminsko (Betacism in the Tolminski dialect), *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the fifth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 101-133; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/perdih\\_bet07.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/perdih_bet07.pdf)

Perdih A, Tomezzoli G, Vodopivec V, **2008**, Comparison of contemporary and ancient languages. *Zbornik šeste mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the sixth international topical conference, Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 40-87; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik08/comparison\\_languages.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik08/comparison_languages.pdf)

Perdih A, **2010**, Comparison of some methods of estimation of linguistic distances, *Zbornik osme mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the eighth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 78-86 [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik10/perdih\\_ling\\_comparisson.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik10/perdih_ling_comparisson.pdf)

Perdih A, **2011**, Linguistic analysis based on the frequency of sound pairs and triplets, *Zbornik devete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the*

- ninth international topical conference Origin of Europeans), Jutro, Ljubljana, 27-48
- Petrič R, **2007**, Venetska teorija in izvor Slovenov, *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the fifth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 65-85;  
<http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/petric07.pdf>
- Popowska-Taborska H, **2005**, *Zgodnja zgodovina Slovanov v luči njihovega jezika*, Založba ZRC, Ljubljana
- Price T D, **1996**, The first farmers of southern Scandinavia, in Harris D R, *The origins and spread of agriculture and pastoralism in Eurasia*, UCL Press, London, 346-362
- Proc. **2008-**, *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*,  
<http://aklyosov.home.comcast.net>
- Rant A, **2007**, Surnames in Swansea Area (Wales, Great Britain) and in Slovenia, *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the fifth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 207-212;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/a\\_rant07.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/a_rant07.pdf)
- Rant J, **2011**, *Imena odkrivajo zgodovino: Nekaj jezikovnih dokazov o avtohtonosti Slovencev v Vzhodnih Alpah in okolici*, Jutro, Ljubljana
- Reich D, Green R E, Kircher M, Krause J, Patterson N, Durand E Y, Viola B, Briggs A W, Stenzel U, Johnson P L F, Maricic T, Good J M, Marques-Bonet T, Alkan C, Fu Q, Mallick S, Li H, Meyer M, Eichler E E, Stoneking M, Richards M, Talamo S, Shunkov M V, Derevianko A P, Hublin J-J, Kelso J, Slatkin M, Pääbo S, **2010**, Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia, *Nature*, 468 (7327), 1053-1060; doi:10.1038/nature09710
- Roebroeks W, Villa P, 2011, *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 108(13) 5209-5214; advance online publication doi:10.1073/pnas.1018116108
- Roucek J S, **1949**, Autochthonism of the Slavs, *Slavonic Encyclopaedia*, University of Bridgeport, New York, 75 – 78
- Rozhanskii I L and Klyosov A A, **2009**, Haplogroup R1a1: haplotypes, lineages, history, geography. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 2(6), 974-1099
- Rozhanskii, I.L. and Klyosov, A.A. (2011) Mutation Rate Constants in DNA Genealogy (Y Chromosome), *Advances in Anthropology*, 2011. Vol.1, No.2, 26-34

- Serafimov P, **2006**, Celto-Slavic similarities, *Zbornik četrte mednarodne konference Evropski staroselci (Proceedings of the fourth international topical conference Ancient Inhabitants of Europe)*, Jutro, Ljubljana, 82-116;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik06/serafimov\\_celtoslav06.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik06/serafimov_celtoslav06.pdf)
- Serafimov P, **2007**. Translation of the Eteocretan Epioi inscription, *Proceedings of the Fifth International Topical Conference ORIGIN OF THE EUROPEANS*, Založništvo Jutro, Ljubljana, pp. 199-206;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/serafimov\\_epioi07.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/serafimov_epioi07.pdf)
- Serafimov P, Tomezzoli G, Evidence for early Slavic presence in Minoan Crete. New reading of the Linear A inscription on the Golden Signet Ring of Mavro Spelio, *Proceedings of the First International Congress: Pre-Cyrillic Slavic Scripts and Pre-Christian Slavic Culture*, State Leningrads University A.S. Pushkin, St. Petersburg, pp. 337-346 (Серафимов П, Томецоли Д Т, **2008**. Доказательства раннего славянского присутствия в минойский период на острове Крит. Новое прочтение Линеарной-А надписи на золотом кольце из Мавро Спелио, *Материалы Первого международного конгресса: Докириловская Славянская Письменность и Дохристианская Славянская Культура*, Ленинградский Государственный Университет имени А.С.Пушкина, Санкт Петербург, стр. 337-346)
- Serafimov P, Tomezzoli G, **2009**, New Reading of the Linear A inscription on the Golden pin Cr-Zf-1 from Crete, *Materials of the 2<sup>nd</sup> International Topical Congress: 12-14 May 2009, St. Petersburg*
- Serafimov P, Perdih A, **2010**. Translation of the Linear A tablet HT 13 from Crete. *Zbornik sedme mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the seventh international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 58-73;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik09/seraf\\_ht13.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik09/seraf_ht13.pdf)
- Serafimov P, Tomezzoli G, **2010a**, The inscription from Tell el-Dab'a, *Zbornik sedme mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the seventh international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 89-96;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik09/seraf\\_teleldaba.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik09/seraf_teleldaba.pdf)
- Serafimov P, Tomezzoli G, **2010b**, Slavic influences in the ancient Gaul, *Zbornik osme mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the eighth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 87-97;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik10/seraf\\_slavic\\_gaul.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik10/seraf_slavic_gaul.pdf)
- Serafimov P, Tomezzoli G, **2011**, Evidence for early Slavic presence in Minoan Crete, *Zbornik osme mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the*

*eighth international topical conference Origin of Europeans*), Jutro, Ljubljana, 219-229

Silvestri M, Tomezzoli G, **2005**, Linguistic Computational Analysis to measure the distances between ancient Venetic, Latin and Slovenian Languages, *Zbornik tretje mednarodne konference Staroselci v Evropi (Proceedings of the third international topical conference Ancient Settlers of Europe)*, Jutro, Ljubljana, 77-85; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik05/tomezzoli\\_venslolat.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik05/tomezzoli_venslolat.htm)

Silvestri M, Tomezzoli G, **2007**, Linguistic distances between Rhaetian, Venetic, Latin and Slovenian languages, *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the fifth international topical conference Origin of Europeans)*, Založništvo Jutro, Ljubljana, 184-190; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/tomezzoli\\_dist07.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/tomezzoli_dist07.pdf)

Skulj J, Sharda J C, **2002**, Indo-Aryan and Slavic affinities, *Zbornik prve mednarodne konference Veneti v etnogenezi srednjeevropskega prebivalstva (Proceedings of the First International Topical Conference The Veneti within the Ethnogenesis of the Central-European Population)*, Jutro, Ljubljana, 112-121; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik01/htm/skulj\\_indo.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik01/htm/skulj_indo.htm)

Skulj J, **2003**, Genetske raziskave in njihov pomen za preučevanje Venetov, *Zbornik posveta Praprebivalstvo na tleh Srednje Evrope*, Jutro, Ljubljana, 31-39; <http://www.korenine.si/zborniki/zbornik02/skulj02.htm>

Skulj J, Sharda J C, Sonina S, Jandaček P, **2004**, Linguistic and genetic correspondences between Slavs and Indians (Indo-Aryans) provide insights into their pre-history, *Zbornik mednarodnega posveta Sledovi evropske preteklosti (Proceedings of the international workshop Traces of European Past)*, Jutro, Ljubljana, 43-73, [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik03/skulj\\_relationship.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik03/skulj_relationship.htm)

Skulj J, **2005**, Etruscans, Veneti and Slovenians - a genetic perspective, *Zbornik tretje mednarodne konference Staroselci v Evropi (Proceedings of the third international topical conference Ancient Settlers of Europe)*, Jutro, Ljubljana, 20-30; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik05/skulj\\_etruscani\\_veneti.htm](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik05/skulj_etruscani_veneti.htm)

Skulj J, Sharda J C, Narale R, Sonina S, **2006**, 'Lexical Self -Dating' Evidence for a Common Agro-Pastoral Origin of Sanskrit 'Gopati', 'Gospati' and Slavic 'Gospod', 'Gospodin' Meaning Lord/Master/Gentleman more than 8,000 Years Ago, *Vedic Science*, 8(1), 5-24; and: *Proceedings of the Fourth International Topical Conference Ancient Inhabitants of Europe*, Jutro, Ljubljana, 40-58; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik06/skulj\\_sanskrt06.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik06/skulj_sanskrt06.pdf)

- Skulj J, **2007**, Y-Chromosome frequencies and the implications on the theories relating to the origin and settlement of Finno-Ugric, proto-Hungarian and Slavic populations, *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the Fifth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 27-42; <http://www.korenine.si/zborniki/zbornik07/skulj07.pdf>
- Skulj J, Sharda J C, Sonina S, Narale R, **2008**, Indo-Aryan and Slavic linguistic and genetic affinities predate the origin of cereal farming, *Zbornik šeste mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the sixth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 5-39; [http://www.korenine.si/zborniki/zbornik08/indo\\_aryan.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik08/indo_aryan.pdf)
- Szemerényi O J L, *Introduction to Indo-European Linguistics*, Oxford University Press, Oxford 1996
- Šavli J, **1981a**, Karantanski klobuk najpristnejši slovenski simbol, *Glas Korotana*, 7, 7-37.
- Šavli J, **1981b**, Črni panter - najstarejši karantanski grb, *Glas Korotana*, 7, 38-68.
- Šavli J, **1982**, Lipa drevo življenja, *Glas Korotana*, 8, 5-50.
- Šavli J, **1985**, Veneti naši davni predniki? *Glas Korotana*, **1985**, 10, 5-50.
- Šavli J, Bor M, Tomažič I, **1996**, *Veneti - First Builders of European Community Tracing the History and Language of Early Ancestors of Slovenes*. Editiones Veneti, Vienna, Austria; other editions: D 1988, SI 1989, IT 1991, RU 2002
- Šavli J, 2008, *Zlati cvet: Bajeslovje Slovencev, duhovna dediščina Karantanije*, Studio RO - Humar, Bilje (Slovenia)
- Šmitek Z, **2009**, Še pred kratkim so v nekaterih vaseh ženske hodile prosit drevo, naj jim pokloni sina, *Dnevnikov objektiv* - 31.12.2009; [http://www.dnevnik.si/tiskane\\_izdaje/objektiv/1042326808](http://www.dnevnik.si/tiskane_izdaje/objektiv/1042326808)
- The Lord's Prayer (Old English - Anglo-Saxon), [http://www.lords-prayer-words.com/lord\\_old\\_english\\_medieval.html](http://www.lords-prayer-words.com/lord_old_english_medieval.html)
- Tischler J, **1990**, Hundert Jahre *kentum-satem* Theorie, *Indogermanische Forschungen*, 95, 63-98
- Tomažič I, **1981**, Sklad za pospeševanje raziskovanja in uveljavitve slovenske zgodovine, *Glas Korotana*, 7, 1-6.

- Tomažič I, **1982**, Misli o stari zgodovini Slovencev, *Glas Korotana*, 8, 57-61.
- Tomažič I., **1990**, *Novo sporočilo knjige Veneti naši davni predniki*, Editiones Veneti, Wien/Ljubljana.
- Tomažič I., **1995**, *Etruščani in Veneti*. Editiones Veneti, Wien
- Tomažič I., **1999**, *Slovenci. Kdo smo? Od kdaj in odkod izviramo?* Editiones Veneti, Wien-Ljubljana.
- Tomažič I, **2006**, Staroselci Norika, *Zbornik četrte mednarodne konference Evropski staroselci*, Jutro, Ljubljana, 5-11;  
[http://www.korenine.si/zborniki/zbornik06/tomazic\\_norik06.pdf](http://www.korenine.si/zborniki/zbornik06/tomazic_norik06.pdf)
- Tomezzoli G, Kreutz J, **2011**, The linguistic position of the Tocharian, *Zbornik devete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the ninth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 67-86
- Villar F, **2000**, *Indoeuropeos y no indoeuropeos en la Hispania prerromana*, Salamanca
- Villar F, **2001**, *La complessità dei livelli di stratificazione indoeuropea nell'Europa occidentale*, in G. Bocchi e M. Ceruti (edd.), *Le radici prime dell'Europa. Gli intrecci genetici, linguistici, storici*, Bruno Mondatori, Milano, 209-234.
- Vodopivec V, **2011**, Zbir mesapskih napisov, delitev, prevod, slovar, *Zbornik devete mednarodne konference Izvor Evropejcev (Proceedings of the ninth international topical conference Origin of Europeans)*, Jutro, Ljubljana, 87-130
- Warnow T, Ringe D, Taylor A, **1996**, Reconstructing the evolutionary history of natural languages, *Proceedings of the ACM/SIAM Symposium on Discrete Algorithms*, [http://repository.upenn.edu/ircs\\_reports/11](http://repository.upenn.edu/ircs_reports/11)
- Watkins T, **2006**, Neolithisation in southwest Asia - the path to modernity, *Documenta Praehistorica*, 33, 71-88; <http://arheologija.ff.uni-lj.si/documenta/pdf33/watkins33.pdf>
- wikipedia, [http://en.wikipedia.org/wiki/Centum-Satem\\_isogloss](http://en.wikipedia.org/wiki/Centum-Satem_isogloss), 4. 10. 2007
- Zohary D, Hopf M, **2004**, *Domestication of plants in the Old World*, Oxford University Press



# Ladoga Astrobleme

Valery Yurkovets

valery.yurkovets@gmail.com

*The article deals with the geological, geomorphological, landscape, petrographic and other evidence that the trough of Lake Ladoga is a young astrobleme. It's estimated age - about 40 thousand years. Structural and geological data indicate that the fall of the cosmic body has broken the integrity of the Baltic Shield. This led to the appearance of local volcanism in the area. More than 1,500 cubic kilometers of ash were emitted into the atmosphere by the eruption. This has resulted in the so-called "nuclear winter" of the Paleolithic, which was interrupted by the existence of a paleolithic sites Kostenki-Borschevsky area. The article offers an explanation of some anomalies in the deep part of Lake Ladoga - the so-called "Barantidas" and gas emissions. They may be associated with the work of the Ladoga volcano in its fumaroles stage (subaqueous analog of Kamchatka's "Valley of Geysers" or "Yellowstone park" in America).*

Pressure on the rocks can reach several gigapascals, temperature - tens of thousands of degrees at impact of a massive cosmic body on Earth. This leads to the formation of the crater of the explosion, composed of impact breccias several types, and other impact rocks - impact melt glass, pumice and scoria, and impact melt rocks, that macroscopically similar to volcanic (effusive) rocks. Breccias to be contained more than 10% of impact glass and resembling volcanic tuffs are called suevite. In addition, the impact events is accompanied by shock metamorphism of minerals in the rocks of the target, that are fractures, planar elements, isotropization and shock-thermal decomposition. Special shock formations are shatter cones. Their finding reliably indicates the impact events.

So, the impact events took place, if there are structural features of the crater of the explosion, shatter cone, impactites, elements of shock metamorphism in rocks.

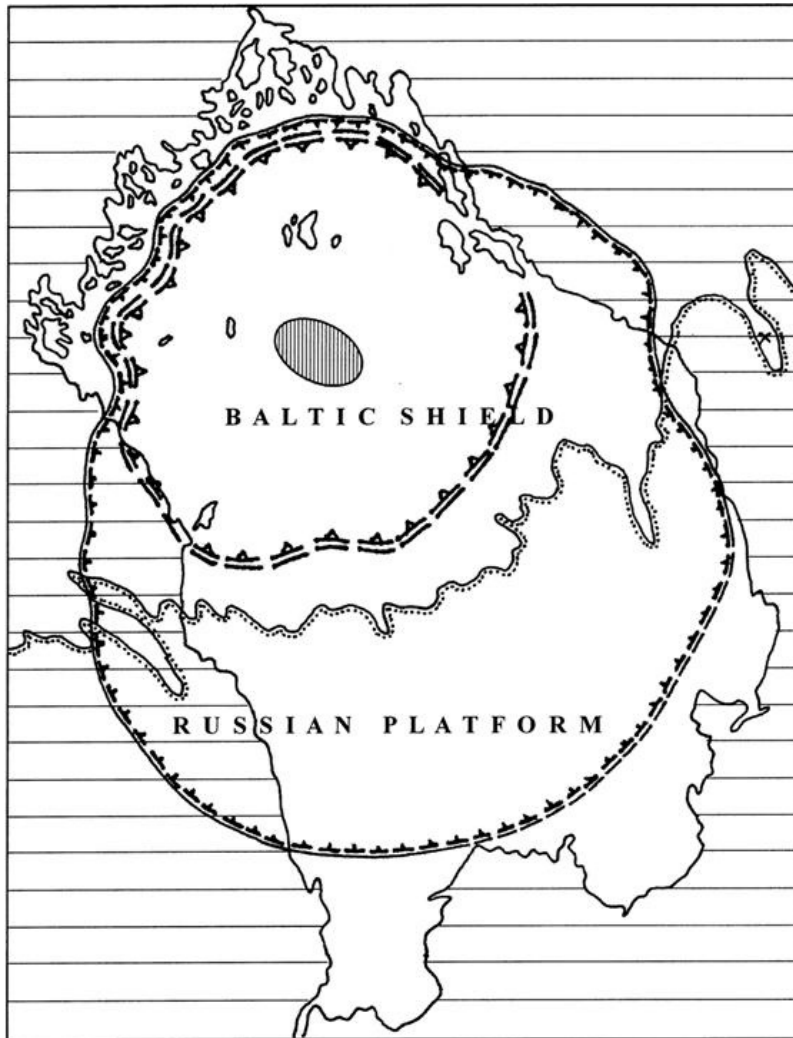
As shown in previous publications (Yurkovets, 2011b, 2011c), the structural elements of the crater of the explosion, shatter cones, impactites, impact metamorphism of the target rocks occur in the deep-water part area of Lake Ladoga.

## 1. Crater

Structural-tectonic scheme of the Ladoga astrobleme presented in Figure 1. It contains three structural elements - the crater of the explosion, subsidence

caldera and Ladoga lake, which is the result of superposition of these two structures to each other. Caldera subsidence is the result of a grand-scale volcanic event. This will be described below.

**A STRUCTURAL-TECTONIC SCHEME OF THE LADOGA ASTROBLEME**



*Made: V.Yrkovets*

**Legend:**


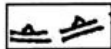
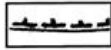

-  The geological boundary between rocks of the platform cover (Russian Platform) and the crystalline basement (Baltic Shield)
-  The boundary of crater of the explosion
-  The boundary of subsidence caldera
-  The epicenter of modern tectonics

Fig.1 A structural-tectonic scheme of the Ladoga astrobleme

The crater of the explosion is deep part of Lake Ladoga. It is interpreted by geologists of the Institute of Limnology RAS as a tectonic structure - "Riphean graben-syncline" (Atlas of Lake Ladoga, 2002). However, the proportions and details of the structure ideal coincide for astrobleme. While the suppositious tectonic nature of this depressions is in contradiction with the fundamental geological and structural characteristics of this area - it is stable tectonically (Russian Platform). In addition, the Riphean age of Ladoga basin is refuted as the theory (such local long-lived the structures are impossible), and the absence in the bottom of Lake Ladoga sediments older than Pleistocene age.

At the same time, the observed depression parameters - width and depth of the crater, the thickness of impact rock complex, perfectly coincide with the calculated model of impact events (Yurkovets, 2011b). Fragments of the outer wall of the crater is well preserved on the surface - Fig. 2 and 3.



Fig. 2 The inner side of the outer wall of the crater

Fragments of the outer ring of the crater are a chain of bluffs (on the inside) and steep slopes (from outside), stretching along the western shore of Lake Ladoga at a distance of about 35 kilometers from the start of the first bluff, located between the villages Cheremukhin and Vladimirovka until the end of the last, did not reach about 3 miles to the mouth of Vuoksi in Priozersk (Yurkovets, 2011c).



Fig. 3 External side of the outer wall of the crater

## 2. Explosive allochthon breccia.

Explosive breccia is present in the vicinity of Lake Ladoga in large quantities. Its main difference from the glacial formations is that it is not rounded, therefore, has not been transferred. Below are a expressive examples, that shows two large blocks. They was raised by the explosion and laid on the glacial deposits - Figure 4 and 5.



Fig.4. Lump weighing several tons (natural formation) Vottovaara. Karelia



Fig.5 Varashev stone. Ladoga, Pogrankondushi. Height of about 2 meters

### 3. Shatter Cones.

The shatter cones are found on Cape Vladimirovka in the western part of Lake Ladoga. The most representative sample is shown in Figure 6. Despite the fact that the cones were formed in the very solid rocks - slates, they have a classic look: flat "bottom" (left) and coming from it a "horse tail" (right).



Fig.6 Shatter cones. Ladoga, Cape Vladimirovka  
Shatter cones slightly rounded, as found in surf zone.

#### 4. High-temperature transformation of the target rocks.

They are impact melt rock - partially crystallized (Fig. 8) rock, that looks similar to the basalts (Fig. 7). But it contains, however, minerals of target rocks with features of shock metamorphism: fractures, planar elements in quartz, shock glass - Fig.9-10.



Fig.7 Impact melt rock from Cape Vladimirovka.  
The size of the long axis of 11 cm

This is only a sample impact melt rock. It is also found in the coastal zone of Cape Vladimirovka. Cape Vladimirovka located in the western deep part of Lake Ladoga. Since the entire coastal area in the region of Lake Ladoga is covered a layer of glacial deposits, the outcrops of impact melt rock (and cones) just is not identified, strictly speaking.

However, shock melt rock is more dense formation, located in friable mass of authigenic breccias. They are decoded (taking into account place of finding) in the chain of coastal anomalies. These anomalies trace its spread to the northwest and southeast from the place of occurrence - along the lake shore. These anomalies include a series of small capes jutting out into the water surface of Lake Ladoga, stretching parallel with the external wall of the crater.

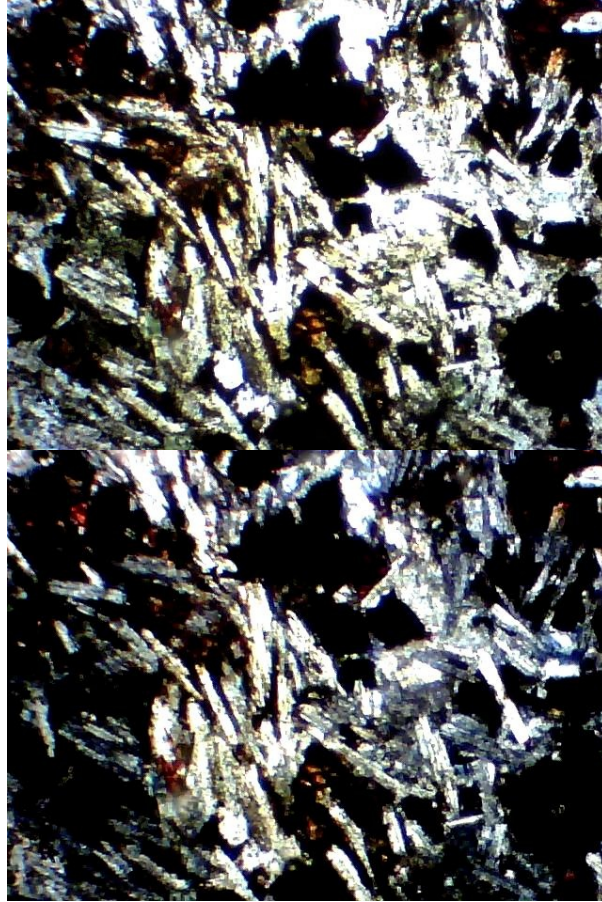


Fig.8 The basic matrix of the impact melt rock  
Horizontal size is 1.3 mm. Right - with the analyzer. Left - no analyzer.

### **5. Target rocks shock metamorphism.**

The metamorphism is represented by the necessary and sufficient for the classification of impact events, varieties - fractured rock components of the target minerals, the planar elements and diaplectic changes in quartz, shock-thermal decomposition.

**Inclusions in impact melt rock.** As mentioned above, the inclusions carry all of these features - fractures, the planar elements and diaplectic modifying in quartz, shock-thermal decomposition (conversion of minerals to the glass), Fig.9-10.



Fig.9 Inclusion in impact melt rock. The band of fractured quartz is in impact glass.  
Horizontal size is 1.3 mm. Right picture is taken with the analyzer, left picture - without the analyzer.



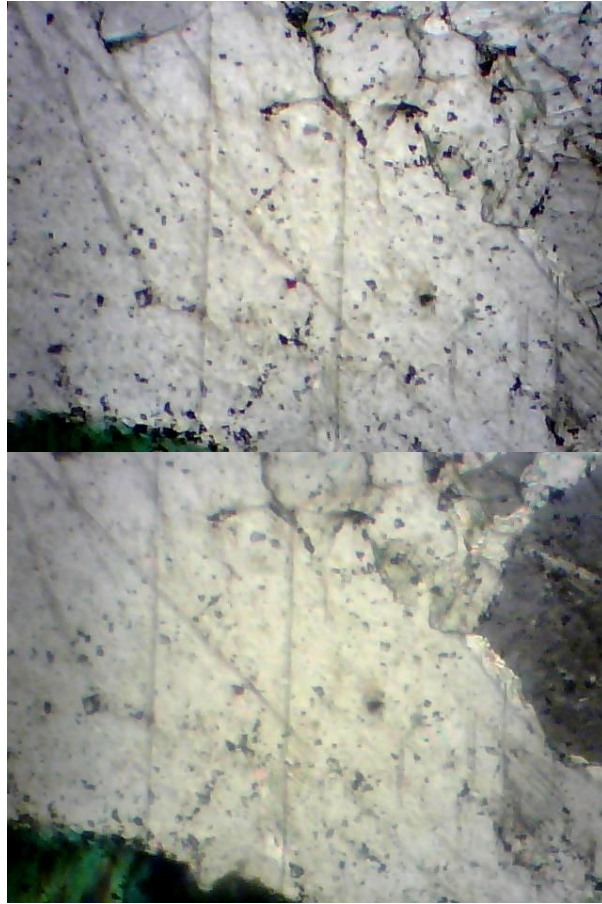


Fig.10 Inclusions in impact melt rock. Planar elements are in quartz. Horizontal size is 1.3 mm. Right picture is taken with the analyzer, left picture - without the analyzer.

**Allochthon breccias.** The impact complex must be mainly presented by breccias of Middle Riphean sedimentary rocks - sandstones, siltstones, grits, conglomerates. This follows from the Geological Map of the basin of Lake Ladoga, compiled by A.Amantov (Atlas of Lake Ladoga, 2002). These rocks are shown on the map in the deep part of Lake Ladoga. They are marked on the map as a "middle Riphean, undivided." Two samples of this breccia (of a few one found inside the crater) were selected for mineralogical analysis of thin sections. The first was found at Cape Vladimirovka, the second - at the mouth of r.Vuoksy in Priozersk (Yurkovets, 2011c). Both samples are quartz sandstones with interbedded gritstow.

In addition, the *first sample* (Cape Vladimirovka - Fig. 11) also has macroscopically distinguishable inclusions of impact glass - Fig. 12.



Fig.11 Riphean sandstone (first sample)  
The size of the fragment is 10 cm



Fig.12 Inclusions of impact glass in the Riphean sandstone.  
Horizontal size of 3 mm

Fracturing of quartz grains in this sample is very large. On the periphery of the grains and along cracks are diaplectic changes - Figure 13 (dark).

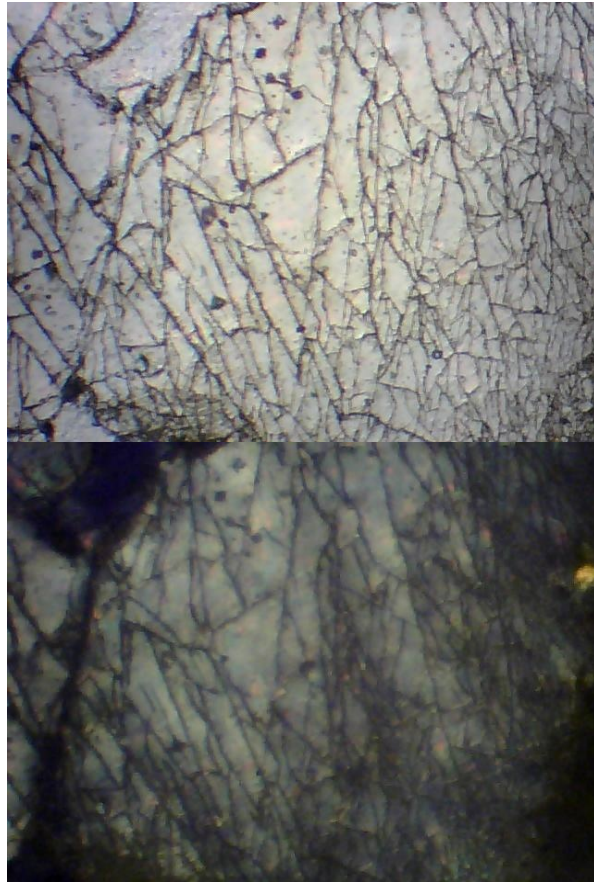


Fig.13 Fractured quartz grain with diaplectic changes.  
Horizontal size is 1.3 mm. Right picture is taken with the analyzer, left picture -  
without the analyzer.

Below is another piece of the thin section with a grain of quartz, in which besides fracturing and diaplectic changes you can see at least two sets of planar elements (parallel lines) - Fig. 14.

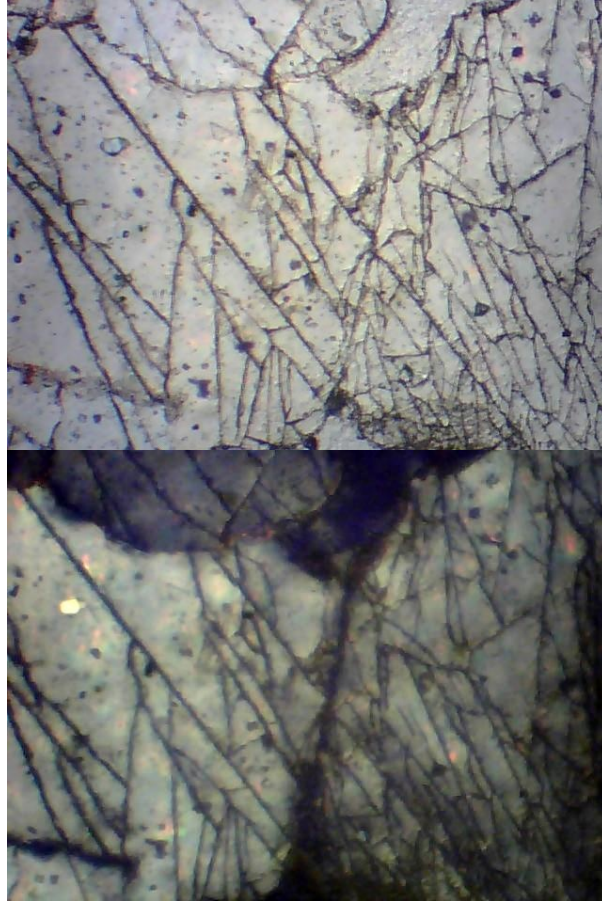


Fig.14 Fractured quartz grain with diaplectic changes and planar elements. Horizontal size is 1.3 mm. Right picture is taken with the analyzer, left picture - without the analyzer.

Some quartz grains almost completely converted to the diaplectic mass - Fig. 15.

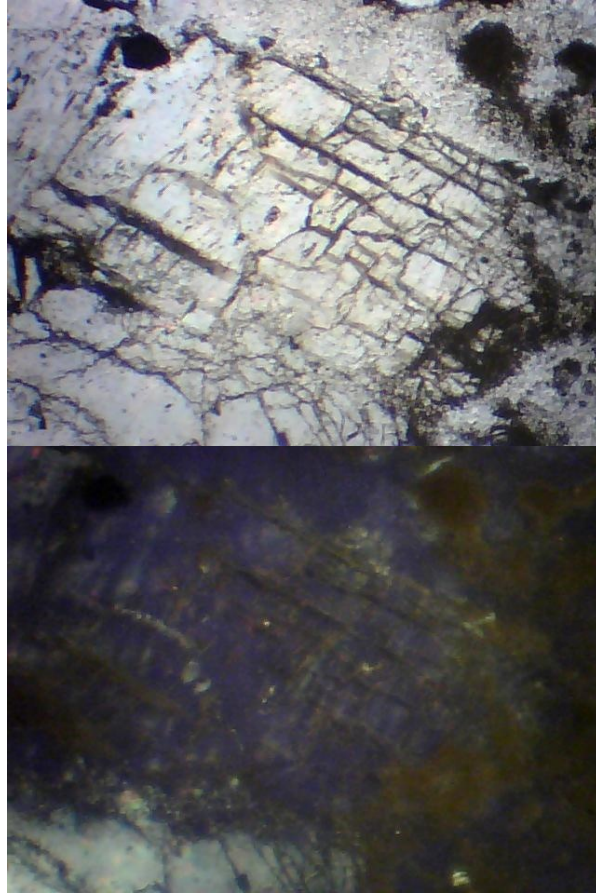


Fig.15 Fractured diaplectic quartz grain  
Horizontal size is 1.3 mm. Right picture is taken with the analyzer, left picture - without the analyzer.

*The second sample* (mouth r.Vuoksy) macro- and microscopically indistinguishable from the first sample - the same shock fractures, planar elements and diaplectic changes in quartz grains, from which (quartz grain) the selected samples of sandstone mainly consist - Fig.16-17.

It should be noted that under the microscope in crossed nicols diaplectic changes in quartz are visually have shades of dark gray to black, but the image sensor of camera shows shades of purple. Whatever its causes, they do not interfere in the diagnosis of impact changes.



Fig.16 Chip of Riphean sandstone (second sample)  
The size of the fragment is 10 cm

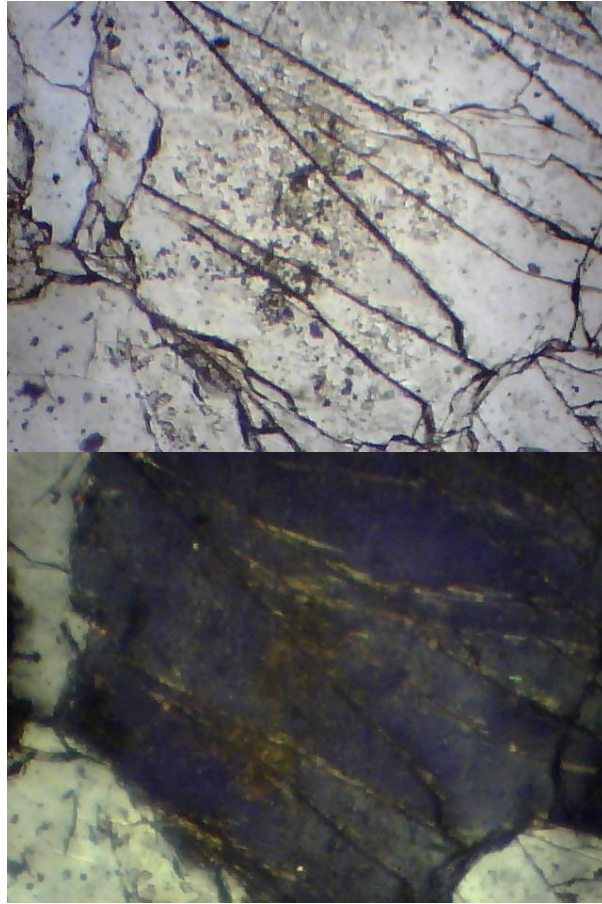


Fig.17 Fractured quartz grain with planar elements and diaplectic changes. Horizontal size is 1.3 mm. Right picture is taken with the analyzer, left picture - without the analyzer.

## 6. Other signs of astrobleme.

Another sign of astrobleme is the so-called «Impact spallation». It is related with rarefaction waves during impact cratering. Samples with evidence of impact spallation often found in the vicinity of Lake Ladoga (as well as of impact breccias). The mechanism of this cleavage is described in «Impact spallation in nature and experiment» (Ernstson Claudin Impact Structures, 2011). This phenomenon usually occurs in rounded boulders, which often have a spherical shape - Figure 17.



Fig.17 Example of "splitting of impact." The size of a boulder is about 40 cm

## 7. Subsidence caldera

As described in a previous article, the fall of the meteorite broke monolithic Baltic Shield. This led to the grand eruption at place of fall (Yurkovets, 2011b). As a result of the eruption into the atmosphere has been thrown out more than 1,500 cubic kilometers of ash. The ash fell on the vast territory. According to volcanologists I.V.Melekestsev and others (Institute of Volcanology FESC, Academy of Sciences) which have studied this ash, this area is 2.5 - 3 million square kilometers (Melekestsev et al, 1984).

These ashes are widespread on the Russian plain, especially in the southern part - in the Voronezh and Rostov regions. They are also found in the Ukraine, Bulgaria, Romania, Greece, Cyprus, and in marine sediments of the Eastern Mediterranean (Melekestsev et al, 2002). For the first time, these ashes were discovered and described in the sections of Kostenki and Duvanki (v. Aleksandrovka, Voronezh region). Their common name is «CI-tephra" (Campanian Ignimbrites), since the origin of the tephra was forcedly associated with the probable catastrophic ejection of Campanian ignimbrites by the so-called Campi Flegrei volcanoes in Italy. Because other volcanic centers that are suitable for the time of the eruption and ash composition was not known then. An alternative view, associated with the impact event proposed in article "Ladoga astrobleme" (Yurkovets, 2011b). It resolves all the contradictions and



explains, in particular, the unprecedented scale of the eruption, for which Campi Flegrei volcanoes are too small.

This eruption was so powerful that it caused a climate catastrophe on the Earth, known as the "nuclear winter" of the Paleolithic. This event destroyed the Palaeolithic settlements of Kostenki-Borschevsky area. More information can be found in the article.

The article offers an explanation of some anomalies in the deep part of Lake Ladoga - the so-called "Barantidas" and gas emissions. They may be associated with the work of the Ladoga volcano in its fumaroles stage. There is every reason to believe that at the bottom of the deep part of Lake Ladoga is working subaqueous analog of Kamchatka's "Valley of Geysers" or "Yellowstone park" in America (Yurkovets, 2011a).

**DNA genealogical aspect.** These kind catastrophic climate-events are the "bottleneck" for haplogroups, which were in the area of influence. And also they were the cause of migration and, consequently, cause of the formation new branches on the Phylogenetic tree of Y-chromosome.

An illustration of this statement is the articles of A. Klyosov and I.Rozhanskiy devoted to the calculation of the chronology of the emergence of male haplogroup of modern humanity. This calculation was based on the analysis of the underlying haplotypes of the slowest 22-marker Y-chromosome panel (Klyosov, 2011a,b; Klyosov, Rozhanskiy, 2011). Comparison of the phylogenetic tree of Y-chromosome, constructed from these data, with the climate curve (Yurkovets, 2011a) suggests that the formation of haplogroup C, I2 and R (or their parents' haplogroups, as P, or NOP, IJK) was a consequence of the event. This, in turn, provides not only time but also geo-referenced - that is, place of formation of these haplogroups. Such a place in this case is the south Russian plain, with high probability - Paleolithic parking Kostenki-Borschevsky area, are the only known, suitable for age and geography.

Another consequence has been a seismic wave from the explosion of enormous power that swept through the Earth's surface and its depths, multiply reflected and refracted at the boundary of media and geological structures of different order. This has caused tectonic shifts in the lithosphere and increased volcanic activity, at least in the Caucasus and the Mediterranean, for which there is evidence of the same age of Ladoga eruption (Gazeev, et al, 2011; Melekestsev, et al, 2002).

Thus separate (independent) contribution to the passage of haplogroups bottleneck could make volcanoes of Campi Flegrei of Italy and the Caucasus.

Perhaps this event (and this date - 40 thousand years ago) is also a key event in the tragic fate of the Neanderthals.

### *References*

- Institute of Limnology RAS, editor Rumyantsev, V.A.** 2002. "Ladozhskoe ozero" Atlas ["Lake Ladoga" Atlas] St. Ptereburg. (In Russian)
- Klyosov, A.A.** 2011a. DNK-genealogiia osnovnyh gaplogrupp muzhskoi poloviny chelovechestva (Chast' 1). Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii [DNA genealogy of major haplogroups of male half of humanity (Part 1). Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy] 4(5):988-1014. (In Russian)
- Klyosov A.A.** 2011b. DNK-genealogiia osnovnyh gaplogrupp muzhskoi poloviny chelovechestva (Chast' 2). Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii [DNA genealogy of major haplogroups of male half of humanity (Part 2). Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy] 4(7):1367-1494. (In Russian)
- Klyosov A.A. Rozhanskiy I.L.** 2011. Arhaichnaia (arhantropnaia v terminah antropologii) liniia gaplogruppy A. Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii [Archaic (archanthropines in terms of anthropology), the line of haplogroup A. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy] 4(7):1495-1502. (In Russian)
- Melekestsev, I.V., Kiryanov, V.Y., Praslov, I.D.** 1984. Katastroficheskoe izverzhenie v raione Flegreiskih polei v Italii - vozmozhnyi istochnik vulkanicheskogo pepla v pozdnepleistotsenovyh otlozheniiakh Evropeiskoi chaste SSSR [The catastrophic eruption in the Campi Flegrei (Italy) - a possible source of volcanic ash in late Pleistocene sediments of the USSR]. Volcanology and Seismology. Ed. USSR Academy of Sciences. Moscow. 3:35-44. (In Russian)
- Melekestsev, I.V., Gurbanov, A.G., Kiryanov, V.Y., Chernykh, V.I., Sulerzhitsky, L.D., Zaretsky, N.E.** 2002. Vulkanicheskie peply eksplozivnyh izverzhenii pozdnego pleistotsena na territorii Vostochnoi I Yuzhnoi Evropy. Katastroficheskie protsesy i ich vliianie na prirodnuuiu sredu [Volcanic ash explosive eruptions in the late Pleistocene in Eastern and Southern Europe. Catastrophic processes and their influence on the environment]. Ed. "Regional public organization of scientists on problems of applied geophysics." Moscow. 65-86. (In Russian)
- Yurkovets, V.P.** 2011a. Climatic Correlations. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy] 4(8):1633-1659.
- Yurkovets, V.P.** 2011b. Ladozhskaia astroblema. Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii [Ladoga Astrobleme. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy] 4(10):1997-2018. (In Russian)

- Yurkovets, V.P.** 2011c. Ladozhskaia astroblema. Prodolzhenie. Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii [Ladoga Astrobleme. Continued. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy] 4(12):1997-2018. (In Russian)
- Ernstson Claudin Impact Structures**, 2011. Impact spallation in nature and experiment, <http://www.impact-structures.com/category/impact-highlights/>

**Исследование славянских вед  
«Велесовой книги»  
как дополнительного источника информации,  
с позиции последних изысканий в области  
ДНК-генеалогии (Веды 12, 13)**

*Георгий З. Максименко*

*«Многие вещи нам не понятны  
не потому, что наши понятия слабы,  
а потому, что сии вещи не входят  
в круг наших понятий.»*

**Кузьма Прутков**

**Веда 12  
Дополнительная информация о перехвате  
власти на Руси в период правления  
Рюриковичей (IX в. н.э.).**

**Предисловие.**

В Вестнике Академии ДНК-генеалогии т.4 № 12 за 2011 г был опубликован материал: «Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии. Веда 11» (с. 2282) затрагивающий тему о перехвате власти на Руси. Был исследован период прихода к власти на севере Руси, в Новгороде – Рюрика, а Аскольда в Киевском княжестве - на юге, их роль в истории Руси. Для изучения были задействованы последние исследования, проведённые в области ДНК-генеалогии И.Л.Рожанским (2011) и А.А.Клёсовым (2008 а, 2009 б) по гаплогруппе R1a1, с выявлением генеалогических линий гаплотипов, путей миграции и географии расселения по Русской равнине. Данная информация дала общее представление об исследуемом периоде начала освоения Русской равнины, начиная с 4750±500 лет назад. Выявлено, что информация,

изложенная в летописях, повестях и хрониках христианского периода по дате образования Новгорода и Киева, носит крайне неопределённый и путанный характер. Исключение среди русских летописей составил первоисточник, проливающий свет на дату появления славян-ариев у озера Ильмень – «Сказание о Словене и Русе и городе Словенске» из Хронографа 1679 года. Летопись была изучена на предмет соответствия изложенной в ней информации в Вестнике Академии ДНК-генеалогии Т.3 № 11 за 2010 г (с.1943, Г.З.Максименко). Исследования дали положительные сравнительные результаты и были подтверждены другими первоисточниками - летописью Холопьяго монастыря на реке Мологе, хронографом академика М.Н. Тихомирова, “Записки о Московии” С. Герберштейна, где так же отмечается, что первая столица Руси был – город Словенск, основанный в 2409 г до н.э., т.е. 4419 лет назад.

Положительный результат дали археологические раскопки на Рюриковом городище произведённые археологом Н. И. Полянским показавшие наличие трёх культурных слоев. Первый период соответствует пребыванию племени ильмер из рода ариев на оз. Ильмень и основания там Ильмерии 4419 лет назад и города Словенска. Следующим, вторым этапом 3400 лет назад был воздвигнут Новгород. Исследования в области ДНК-генеалогии показали продвижение ариев – русичей к оз. Ильмень шло с юга на север, а не обратным порядком, как это представлено в «Норманнской гипотезе» образования Руси с севера. Исследования 11-й веды показали, что понятие Русь, Русколань, русы, русичи, было в употреблении за много веков до появления на Руси Рюрика, которому приписывается заслуга образования Руси в 862 году. Русь возникла намного ранее указанных в христианских летописях сроков. Ни Рюрик, ни Аскольд, возглавившие русские Новгородское и Киевское княжества в 862 (864) г, как оказалось, русичами не являлись, а были изначально воеводами, захватившими власть на Руси незаконно. Выявленная родословная гаплогруппа Рюрика N1c1 не является родственной гаплогруппе ариев-русичей R1a1a1, а является финно-угорской родовой группой, прибывшей из-за Урала к Балтийскому морю (возможно) с северного направления. Это даёт понимание почему несмотря на несостоятельность и жесточайшую критику, продолжает жить Норманнская гипотеза образования Руси с северной «прародины» русичей.

*(Прим. редактора: если члены Российского Дворянского собрания, образующие тесную группу N1c1, действительно являются потомками Рюрика, то это никакие не финны, и не имеют прямого отношения к обширной финно-угорской группе N1c1. Они на самом деле относятся к южно-балтийской группе, которой в Финляндии мало, но много среди славян - русских, поляков, литовцев. Так что*

*Рюрик был не норманном, а славянином, даже если имел гаплогруппу N1c1. Это – еще один веский аргумент против «норманской теории».*

Об Аскольде в ведах сказано, что он также не принадлежал к роду русичей и имел греческие корни. Если учесть, что Аскольд, так же как и Рюрик, был воеводой и взошёл на престол практически в одно и то же время с Рюриком, то в этом виден сговор между варягами и греками, с давних времён имевшими тесные торговые отношения, известные как маршрут «из варяг в греки». В таком случае можно говорить не только о сговоре, но и перехвате у ариев-русичей власти на Руси, которая в древнюю бытность простиралась от Балкан до Дании и на востоке - до Урала и Сибири включительно. Сговор Рюриковичей с греками просматривается и в истории замены славянской веры на христианскую, сопровождавшуюся разорением и уничтожением русских поселений и деревень. Об этом же говорит и вывоз в Византию русских письменных первоисточников, подвергшихся уничтожению и стиранию памяти о русской славяно-арийской истории.

Проведённые исследования позволили сделать следующий вывод:

*Период незаконного прихода на княжение Рюрика в Новгороде и Аскольда в Киеве (862-864 гг.) является сговором и захватом власти на Руси у ариев-русичей и не может являться датой периода образования самой Руси, существовавшей за многие века и тысячелетия до их прихода к власти. Предполагаемые даты периода образования Киевского и Новгородского княжеств являются бесосновательно заниженными и носят не исторический, а политический характер. (Вестник Академии ДНК-генеалогии т.4 № 12 за 2011, с 2319).*

Данное исследование 12-й веды, изложенной в «Велесовой книге», является дополнительным источником информации о перехвате власти у ариев-русичей на Руси, в начальный период правления Рюриковичей и дополнительным свидетельством о захвате земель на севере и юге Руси.

## **Содержание исследуемого первоисточника.**

### **Исходный материал 12-й веды переложённый на кириллицу.**

14-III

*Се инь враг Герьманарех иде на нои о полуноце он ижде внук внуцате Отореху и севржець на нои вое свои о розех на челы воронзе рещешуть намо ити о не и не съмехомь вражете обо пале иех якожде суте врзе якве перве. Не има родиеле промежде се бо ясь иде на нои о Танасу. Тамо торку моцецна комоньства. Рате нещещислена. Тьма о теме теце у такожде теццает о нои о се не имяхомь ина поможене якожде Бзе воляй намо и оудесентехомь сылы свои. Тиещехомь на нь се*

*Билебог венде наше рате и комоньства и тамо виждехомъ волшебницы о лиесех бытыце идуце о рате. Бероуце меца и зряхомъ кудеснице чюды велице твряще. Изопрсте верзене до Сврзе рате встащи Свразице. Тые тецахуть на врзе. Могылють ие и тамо зряхомъ птыце влки летяцуть до нои. Верзеть се на врзе биеть крыдлема матр Съва. Клищеть нои о якожды идехомъ за земе нашу и добихомся за огнище племы наши. Се бо суте русици тецете брате нашии племы о племы родъ о роди и бияцете врзе на земе наше яква належде нои и николижде уни тамо бо умрецете. Ни вернете зады сва ниче вамо не остроцесе ниче не стасецесе якожде есте в руцех свразице. Тоие вас вежде во всие дне до витезнецтве. Гординствы многаи. По недже се иде врг на не оберехом сме меце.*

*Одерзехомъ вещьена од Матер Сва словесы якожде бодоуцая наша и е славна и тецехом до смерти яко до праздовани. Рцена намо о щасы старе коды же яхомъ храние сва Карпенсте и тамо яхомъ госте старе верманое арабове и ини се бо те госте Радгоще цтены и тако ящехомъ одо ден овех гостецы сраще естены ихва бо еще Бозе намо повелеца и ццтемо о нои се бо то и яхом оуказицу на щасе нашии. Быхомъ не хыбедие яхомъ. Оцем пощесте оуложихомъ не прсте бездзяны тлцехомъ о древы не божьте ренцы наша оутренждена оралы свои. Мещема и яхомъ не легносте нашу и тая намо повеле ити на кромы наша. Сте гнете еие одо вражь се бо дымы се вздынуце течехуть до Сврзе тоя ознацете тугу велькоу на оце децкеа мате нашия и то есе щас борбе придоуць и не съмехомъ сен баявете о друзе дэлы инакожде об овы се бо приде ворягове до Ниепры. Таможде яхомъ земе нашу ие тои верьше людя и земе под селне брате то бо не смиехомъ о согласите ино якожде о меце нашием и Ерека отрицете одо земе наших. Трноуте до срящень окудва преде се бо кроме наша вразиема окроцены. Земе наша пеперещеть враг и то ие дьлженсте наше ина жеряте не хоцагешемъ*

### **Авторский перевод.**

Иной враг - Германарех идет на нас со стороны северных границ, он является внучатым племянником Отореху. Это варяжец на нас идёт с воинами своими и с рогами на голове. Воронженцы советуют нам идти на них. Не можем отличить оба поля их, они также ведь враги, как узнать которые из них первые. Не имеем разделения промежуточного, это на самом деле ясь идет на нас в Танаис. Там торку мощная конница. Рати бесчисленные. Тьма в тьме течет, продолжая течь на нас. Не нуждаемся в чужой помощи, когда Боги являются волей нам и удесятеряем силы свои. Течем на них, это Белобог ведет наши рати и конницу. Там выждем волшебниц наших в лисьих шкурах идущих в рати. Брали мечи они в руки и видели кудесниц чудеса велико творящих. Демонстрирующих движения мечей к Сварге. Они рати поднимают на бой Сварожи и текут на врага, уничтожая его. И там видим как птицы великие летят к нам. Действует это на врагов.

Бьет крыльями Матерь Сва. Кличет нам:

- Как всегда, идем защищать землю нашу и бьемся за огнище племен наших. Это ведь племена русичей. Течёте братья наши племенами, в племенах роды, родами и бейте врагов на земле нашей, которая принадлежит нам и никогда не будет принадлежать иным, там и умрете в ней. Не повернете зады свои, ничто вам не утрашится, ничего не станется, когда есть в руках ваших сварожица. Тем вас ведёт везде, во все дни к победе и гордости многой.

По невежеству своему ходит враг по земле нашей, поэтому сами собираем мечи свои. Усвоим завещанные от Матери Сва слова, будет будущее наше и ее славно, и придём к смертному дню как на празднование. Сказано нам было и о временах старых, когда имели храмы свои Карпатские и там имели гостей старых времен, арабов и иных. Те гости Радогощь чтили. Так ищем от старых дней и новых гостей, сравнивая истины их. Еще Боги повелевали нам чтить и славить рода свои, поэтому и имеем указицу на времена наши давние.

Былое не пустое имелось. Поэтому отцам почести уложим. Не просто бездеянны тлеем в дереве, не будут руки наши утруждёнными оралами своими и мечами. Имеем не легкость нашу, тайна нам повелела идти на границы наши и вместе гнете ее от вражды с другими народами. Дымы поднимаясь текли к Сварге. Это означает беду великую отцам, детям, матерям нашим и это есть тот час борьбы который пришёл. И не смеем мы все заботиться о других делах, иначе как об новых, пришли варяги к Днепру. Там имеем землю нашу, которой вершат варяги и землю под селения берут. Но мы не имели в соглашении ничего другого, кроме обеспечения мечём защиты нашей. Ерека отрешите от земель наших. Турните его под зад туда, откуда придет, это ведь границы наши врагами окружены. Земли наши попирает враг, и то его обязанность границы защищать, наша иная, жертвовать землями не хотим.

## **Комментарии к первоисточнику.**

Из опубликованного первоисточника видно, что речь в нём идёт о периоде появления на исторической арене Ерека (Рюрика) в середине IX века н.э., который был призван на Русь не для княжения, а по договорённости с ариями-русами на защиту границ, со своим войском варягов. Вместо обеспечения защиты границ, варяги пустили на Днепровские земли Руси своих «компаньонов» по торговым отношениям – греков, и стали заселять своими племенами территорию Руси, сначала придя на Русь гостями, потом заключив соглашение об обеспечении защиты границ. Параллельно,



минуя договорённости, варяги стали заселять русские земли и пропустили на юге войска, позволившие греческому воеводе Аскольду закрепиться в Киевском княжестве. Отсюда и недовольство варягами выразившееся вот в этих словах:

*Ерека отрешите от земель наших. Турните его под зад туда, откуда придет, это ведь границы наши врагами окружены. Земли наши попирает враг, и то его обязанность границы защищать, наша иная, жертвовать землями не хотим. (ВК-12)*

В первоисточнике имеется описание о постоянном притеснении ариев-русичей на северной территории. Указывается на постоянные войны с годью у северных границ, нападавших со стороны Северного и Балтийского морей. Среди враждебных племён отмечаются такие племена как ясь и торку. По идентификации данных племён ведутся дебаты историков не один десяток лет. Что нам известно о ясах и торку из других источников? В 1116 г. киевский князь Владимир Мономах послал на Дон с дружиной своего сына Ярополка. Н.М. Карамзин об этом пишет так: *"Третий сын Мономахов, Ярополк, воевал в окрестностях Дона; взял три города в области половецкой: Балин, Чешлюев, Сугров; пленил множество ясов, там обитавших, и в числе их прекрасную девицу, на коей он женился"*. А.В. Гадло здесь не согласен с летописанием и сообщением Н.М. Карамзина: *"Полагать, что в 1116 г. на Дону (т.е. на Северном Донце), - пишет он в примечании, - были яские/аланские поселения, на наш взгляд, нет оснований, во всяком случае, их существование археологически никак не засвидетельствовано"*.

**О торках** известно, что это одно из тюркоязычных племён кочевавших в причерноморских степях, в районе Дона. По электронным данным в 985 г торки-наёмники принимали участие в походе князя Владимира на Болгар и хазар. В начале XI в, теснимые половцами с востока, торки прикочевали к Днепру, где столкнулись с русью: в 1055 г князь Всеволод ходил на них, чтобы защитить Переяславскую землю; в 1060 г против них был предпринят поход князьями Изяславом, Святославом, Всеволодом и Всеславом, окончившийся, по словам летописи, тем, что торки «убоявьшися, пробегоша и до сего дни; и помроша бегающе гоними, ови же от зими, други же голодом, инии же мором». В XII в торки опять появляются у Дона. В 1116 г торки и печенеги бились у Дона два дня с половцами и «придоша в Русь ко Володимеру» (Мономаху). В 1121 Владимир прогнал из Руси берендеев, а торки и печенеги бежали сами. Часть торков ещё в XI веке заняла местности по р. Роси и подчинилась местным князьям. Центром этих полуседлых торков был город Торческ. На левом берегу Днепра поселилась другая группа торков, признавших власть переяславского князя. По известиям XII века, эти торки занимали местность близ города Баруча. Часть торков перешла Дунай и приняла подданство Византии. Поселившиеся в

*Поросье и Переяславицине торки вошли в состав вассального объединения тюркских племен под названием чёрные клобуки. Торки в составе черных клобуков принимали участие в защите границ от половцев и в военных походах киевских князей. Во время нашествия хана Батые в 1240 г, в частности, во время осады Киева, погибла большая часть торков. Многих татаро-монголы переселили на Волгу, а остаток торкских колонистов ассимилировался с местным славянским населением.*

Такова вкратце история торков, упоминаемых в исследуемом материале как народе создававшим ариям-русичам проблемы в связи с вторжением на их земли и в последствии осевших на территории будущей Украины.. Сегодня от торков осталось немало следов в гидронимах Украины: речки Торец, Торч, Торский шлях вдоль реки Тетлиги, и топонимике: город Торческ, сёла – Торец, Торки, Торков, Горецкое, Торчин, Торчина.

**Германарех** - король восточных готов (из родов годи), основатель т.н. "империи Германареха" в IV в. н.э. Умер в 376 г. Хотел мирно объединиться с Русколанью в связи с тем, что годь претендовала на первенство некоторых земель Руси в районе Черноморского побережья Кавказа, для чего готов был жениться на славянке из рода русов. В ряде вед упоминается как Германрех и Герьманарех, среди зарубежных первоисточников, например римских, упоминается как Эрманарих, а в древнегерманских его относят к периоду Великого переселения народов. Тут следует обратить внимание на одну деталь указанную в ведах. По ряду данных Великое переселение народов длилось семь-восемь веков, а в исследуемой веде Дон описывается под греческим топонимом – Танаис, коим он назывался в период греческой колонизации Черноморского побережья с IV в до н.э., а не н.э. - это обращает на себя внимание и требует более внимательного изучения данного вопроса. Об Эрмонарихе упоминается так же в «Готике» Иордана и в «Деяниях» Амианна Марцеллина.

Иордан указал об Эрмонарихе следующее:

*«После того как король готов Геберих отошёл от дел человеческих, через некоторое время наследовал королевство Эрманарих, благороднейший из Амалов, который покорил много весьма воинственных северных племен и заставил их повиноваться своим законам. Немало Древних писателей сравнивали его по достоинству с Александром Великим. Покорил же он племена: гольтескифов (Golthescytha), тиудов (Thiudos), инаунксов (Inaunxis), васинабронков (Vasinabroncas), меренс (Merens), морденс (Mordens), имнискаров (Imniscaris), рогов (Rogas), мадзанс (Tadzans), атаул (Athaul), навего (Navego), бубегенов (Bubegenas), колдов (Coldas)».*

В ведах же сказано, что Германарех является внучатым племянником Отореху. Возможно Оторех, Алдорех, Олдорех и Алдарех описанные в ведах разных времён это одно и то же лицо, но для такого утверждения пока нет надёжных источников информации, поэтому можно только обратить внимание на схожесть этих имён и их историческую близость. Возвращаясь к теме возможной нестыковки датировок периода деятельности и жизни Германареха обращает на себя внимание монография Б.А.Рыбакова – Язычество Древней Руси, в которой сказано:

Многие историки (кто по германскому национализму, кто по непонятной доверчивости) восприняли эту "державу Германариха" как историческую реальность конца IV в., пренебрегая тем, что сочинитель, подробно повествовавший о пограничных войнах Германариха с соседними народами (герулами, венетами), даже не упомянул о том, каким образом и когда Германарих, отдаленный от эстов на 1500 км, завоевал всю Скифию и Германию (до пределов птолемеевской Германии от Меотиды по прямой - 2300 км). "Державу Германариха" изображали на картах, очерчивая на карте Европы государство, равнявшееся чуть ли не половине Римской империи времен ее расцвета. Наиболее свежим примером является карта "империи Германариха", изданная В. Н. Топоровым в 1983 г.<sup>35</sup> "Империя" простирается на этой карте от Куришгафа в Балтийском море до нижней Камы; отсюда ее граница идет на Северный Кавказ (примерно до уровня Сочи), охватывает Крым, Приазовье, все Северное Причерноморье до Днестра и затем поворачивает на северо-запад к низовьям Вислы. Выписав откуда-то перечень восточноевропейских народов, Иордан забывает о нем и, описав смерть Германариха от раны, нанесенной росомонами, ничего не говорит о судьбе обрисованной им "империи". Когда на остроготов в 375 г. напали гунны, то ни один из весьма воинственных народов, будто бы повиновавшихся Германариху, не был привлечен им для противостояния гуннам. Далее в труде Иордана идет лишь не очень достоверная генеалогия готских царьков, подчиненных гуннам вплоть до смерти Атиллы в 453 г. А после этого Иордан повествует лишь об остроготах, ушедших далеко в Паннонию за Дунаем. Все сказанное вызывает большое недоверие к толкованию перечня народов как описания готской империи.

Далее идет рассмотрение перечня покорённых племён и его анализ. После чего Б.А.Рыбаков отмечает следующее:

Е. Ч. Скржинской, исследовательнице труда Иордана, принадлежит очень интересная догадка относительно первоначального характера этого перечня. Исходя из того, что давно были расшифрованы имена чуди (тиуды), веси (васинабронки), мери (меренс) и мордвы (морденс), Скржинская, признав, что "остальные названия остаются неясными", добавляет: "...ряды этнических названий наводят на мысль об итинерариях, где области, по которым пролегал путь, нередко обозначались названиями населявших их племен"<sup>37</sup>.

Предположение Е. Ч. Скржинской о том, что Иордан для возвеличения Германариха использовал какой-то дорожник-итинерарий, написанный на греческом языке, чрезвычайно важно. Едва ли это был итинерарий в полном смысле слова, так как, кроме перечня больших народов, состоявших из многих племен, здесь нет ни одного намека на пути, на реки, на направление по странам света. Скорее всего это было описание какого-то однократного проезда, рассказ о путешествии по землям отдаленных северных народов без обозначения самого маршрута (рис. 1). Без труда давно уже были определены четыре народа из тринадцати (или из четырнадцати, как

увидим ниже). Нам предстоит предпринять попытку определения всех звеньев этого перечня и размещения их на карте. Судя по порядку перечисления (чудь - весь - меря - мордва) перечень упоминает эти народы в определенной последовательности с запада на восток.

1. Начинается перечень с гольтескифов, которые должны быть западными или (учитывая конфигурацию берега Балтийского моря) юго-западными соседями чуди - эстонцев. По всей вероятности, здесь обозначено прусское племя галиндов - голяди, известное Птолемию ("...ниже венедов - галинды, судины и ставаны...").

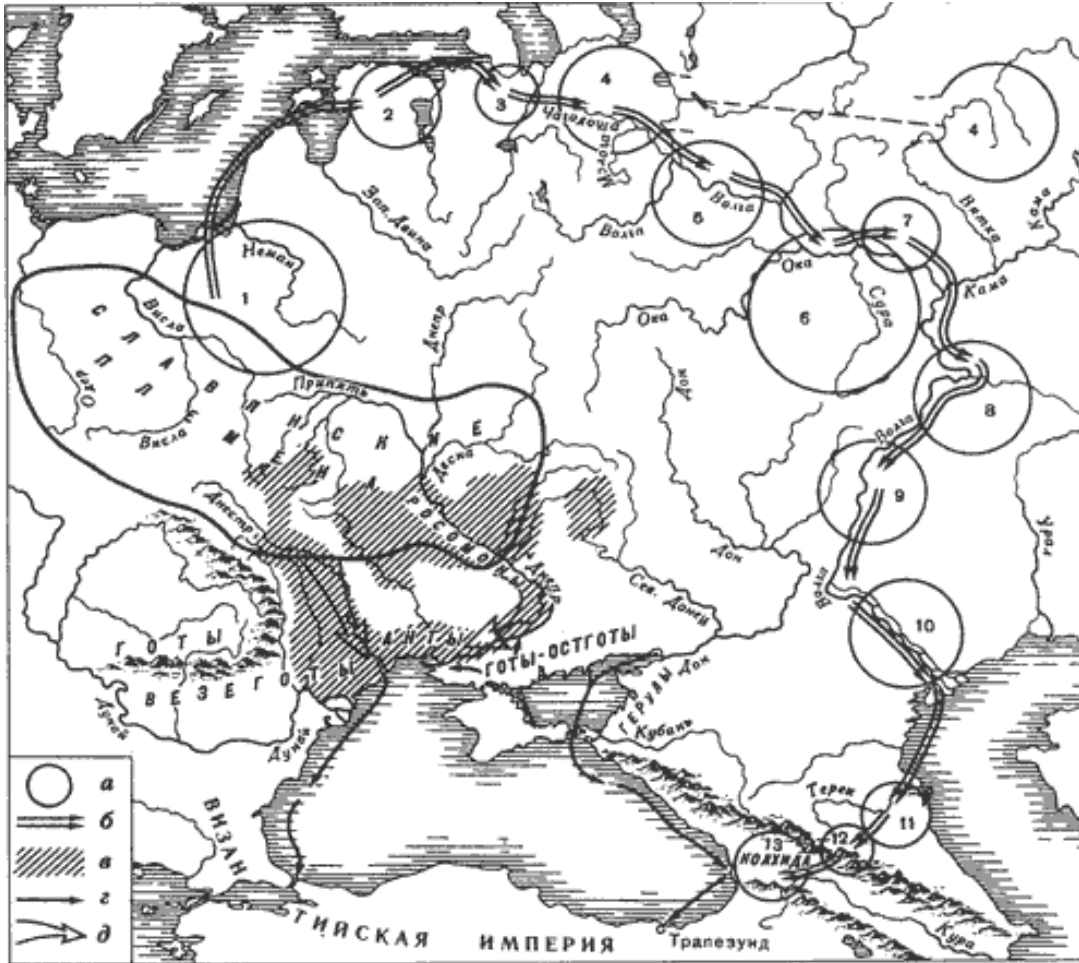


Рис. 1. "ИМПЕРИЯ ГЕРМАНАРИХА" IV В. Н. Э.  
И ПРЕДПОЛАГАЕМЫЙ ИТИНЕРАРИЙ III-IV ВВ. Н. Э. (схема)

а - народы, упомянутые в перечне Иордана; б - порядок перечисления народов;  
в - основные районы черняховской культуры II-IV вв.; г - направления морских походов III в.;  
д - направление славянской колонизации III-IV вв.

Происхождение дополнительного определения "скифы" можно объяснить стремлением автора отделить единственный индоевропейский народ перечня от последующих финно-угров. Античные географы включали в понятие "Скифии" не только землю настоящих скифов-степняков, но и обширное пространство славянской прародины вплоть до Скифского (Венедского - Славянского) океана.

Близость балтских племен пруссов к праславянам и обусловила дополнительное пояснение. Балтские галинды могли быть названы гольтескифами еще и потому, что они очень далеко распространялись на восток, перемешиваясь со славянами. На востоке они доходили до р. Москвы, оказавшись в дальнейшем окруженными славянами-вятичами. С летописной голядью связана так называемая мощинская культура IV-VII вв. н. э. Упоминание гольтескифов рядом с чудью-эстонцами говорит о том, что исходным пунктом было Балтийское побережье в районе устья Немана.

2. Тиуды не вызывают сомнений - это финно-угорское население южного берега Финского залива, предки современных эстонцев, всегда называемые в русских летописях "чудью".

3. Инаунксы помещены в списке между чудью и весью и, следовательно, должны были обитать в полосе, обозначенной Псковским озером с запада, Ладожским с севера и Белоозером с востока. Здесь древними племенами были водь и ижора. Землю ижоры немцы называли Ингрией или Ингерманландией. Археологические памятники води и современные ижорцы размещаются в одном и том же районе южнее восточной части Финского залива (близ Ленинграда).

Скржинская полагает, что в перечне Иордана к некоторым именам народов присоединился при переписке латинский предлог *in*; тогда *Inaunxis* должно пониматься в соединении с предыдущим так: "Чудь на (или в) Аунксе". Более вероятно, что здесь применен союз, равнозначный латинскому *et*, но выраженный на языке не составителя-грека, а его информатора. Эту соединительную частицу мы наблюдаем в трех случаях. Третий народ перечня, если отбросить этот союз (или предлог), имел, очевидно, начертание имени - *Aunxis*. Для сопоставления с инграми нужно допустить сильное искажение при переписке.

4. Васинабронки. Начало этого слова, как признано всеми, означает финно-угорский народ весь (совр. вепсы), указанный летописью на Белоозере, а по археологическим данным документированный для юго-восточного Приладожья. Двойное обозначение очень часто встречается у авторов эпохи переселения народов, когда складывалось много племенных союзов. В данном случае перед нами термин, охватывающий два соседивших народа - весь и пермь (совр. коми-пермяков). Другим наименованием перми было биармия. Это условное и расплывчатое название исследователи иногда значительно раздвигают на запад, приближая к Прибалтике. Васинабронки, по всей вероятности, - обозначение племенного союза "Весь - Пермь". Если это допущение верно, то средняя часть этого громоздкого слова, быть может, действительно означает союз "и": весь и пермь. Тогда в предыдущем случае чудь и загадочные аунксы (ингры - ижора?) тоже должны рассматриваться как обозначение объединения двух соседних племен.

5. Меренс - несомненно летописная меря, размещавшаяся в основном в междуречье Волги и Клязьмы. Внимание информатора переключается на точно локализованные народы, ориентиром для которых становится Волга.

6. Морденс - несомненно мордовские племена, расселившиеся по нижней половине Оки и на Волге в районе Нижнего Новгорода и далее вниз примерно до района верховий Хопра и Медведицы.

7. Имнискары. Вполне возможно, что начало этого слова тоже содержит предполагаемый союз. Тогда основой имени народа следует считать "искары", что естественно сопоставляется с наименованием столицы еще одного волжского народа - марийцев - Йошкар-Ола. Наличие соединительного союза (здесь несколько искаженного) снова говорит об объединении двух соседних народов:

мордвы и марийцев-черемисов, расположенных ниже мордвы по течению Волги, ближе к устью Камы.

8. Роги. Направление внимания автора перечня вполне определилось: он перечисляет народы вниз по течению Волги. Упомянутая им мордва до ходила в древности примерно до широты Саратова, где проходила граница лесостепи и далее начиналась степь. Наиболее вероятно, что под "рогами" Иордана следует понимать "ургов" Страбона. На самой восточной окраине восточноевропейских степей, за сарматами (восточнее их) лежит "страна ургов, по большей части кочевников, хотя немногие занимаются земледелием". Указание Страбона на сочетание кочевого скотоводства с земледелием у ургов вполне соответствует характеру природы в том месте, на котором обрывается перечень хорошо определимых народов Иордана. Мордва находится почти у границы степей Правобережья Волги. Роги Иордана должны быть южнее мордвы и, следовательно, страбоновская характеристика ургов вполне к ним подходит. Возможно, что урги-роги - первая волна угорских выселенцев, продвинувшихся из района Великой Унгарии на юг.

9. Тадзанс. Определению пока не поддается.

10. Атаул. Слово по облику тюркское и могло обозначать одно из авангардных гуннских племен ("Конская ставка"?). Впервые имя гуннов упоминает в связи с Каспийским морем и его "устьем" (дельтой Волги?) Дионисий Периегет, современник императора Адриана (118-138). Он называет "уннов", соседящих с каспийцами. На полвека позже Клавдий Птолемей называет "хунов" в соседстве с роксоланами и бастарнами, т. е. уже несколько западнее прикаспийских земель, где продолжали накапливаться гунны. Тюркский этноним в низовьях Волги не должен нас удивлять.

11. Навего. Народа с подобным именем мы у древних авторов не найдем. Направление поиска может дать только последнее звено перечня - народ "колды", в котором можно видеть отражение названия Колхиды. В таком случае наш предполагаемый путешественник, добравшись по Волге до Каспия, должен был пересечь Кавказ и через Аланские или Албанские Ворота попасть в Иберию и Колхиду. К Каспийскому морю ближе древние Албанские Ворота, к которым подходили истоки двух рек с одинаковым названием: одна Алазань (андийская Кобсу) текла от хребта на север, а другая Алазань - на юг. На этом пути обитали многочисленные народы нахской группы (вейнахи-ингуши, чеченцы и др.). Вероятнее всего, с этими племенами и следует сопоставлять "навего" Иордана.

12. Бубегены. Прямого соответствия мы в перечнях древних народов не найдем, но очень близкое имя среди народов Кавказа называет епископ Евсе-вий (перв. пол. IV в.). Перечисляя каспиан, албанов, арменов, иберов, он называет в соседстве с ними "бибранов", которые могут быть сближены с иордановскими бубегенами.

13. Этнография кавказских народов дает нам в непосредственном соседстве с грузинами (древними иберами) небольшую народность, относящуюся к нахской языковой группе - бацбийцев. Бацбийцы проживают близ древних Албанских Ворот Кавказа и должны были попасть в поле зрения путешественника, пересекавшего Кавказ едучи от Волги в Колхиду.

Обзор предполагаемого описания путешествия закончен. Оно начиналось в восточной Балтике, рядом с древней землей готов у низовий Вислы, откуда готы двинулись в свои долгие походы по Европе. Галинды-голядь - непосредственные соседи готских земель в начале нашей эры. Путешествие велось, очевидно, морем, так как следующее упоминание народа относится к союзу соседних и родственных

племен - чуди и води-ижоры на южном берегу Финского залива. Далее путь шел, по всей вероятности, Невою в Ладожское озеро, на берегу которого лежали западные владения веси, входившей, судя по словосочетанию "васинабронки", в союз с пермскими племенами. Дальнейший путь в землю мери мог идти, например, по р. Паше, протекавшей по хорошо обозначенной земле веси, а затем по Чагодоце и Мологе выводил к Волге, по которой и могло продолжаться движение мимо мери (в районе Костромы), мимо мордвы у устья Оки и черемисов-мари у устья Камы. Поскольку земли мордвы по правому берегу Волги доходили до границы лесостепи и степи левого берега, где-то здесь путешественник узнал о кочевниках рогах-ургах, затем миновал не поддавшееся нашему анализу племя тадзанс, видел какое-то тюркское племя атаул и достиг Каспийского моря, которое привлекало тем, что здешние сарматы-аорсы владели "почти что большею частью побережья Каспийского моря и поэтому они вели караванную торговлю на верблюдах индийскими и вавилонскими товарами, получая их в обмен от армян и индийцев".

Дальнейшее направление пути нашего путешественника уже было определено этими давними торговыми связями прикаспийских кочевников с Арменией и Ираном. Через Албанские Ворота он попал в Закавказье, отметив по пути два нахских (вейнахских) племени по ту и другую сторону перевала (нашего до перевала и бубегены за перевалом).

Конечной целью данного путешественника была Колхида, с которой готы хорошо познакомились со стороны Понта во время своих морских походов середины III в. н. э.

Все сведения Иордана говорят о пограничных войнах с непосредственными соседями у Азовского моря или на нижнем Днепре. Никакого имперского размаха здесь нет, радиус действий едва ли превышал 100 км. Никакого участия (хотя бы в виде информации о "внезапном" для готов приближении гуннов) "покоренных" остроготами племен мы не видим. Это и немудрено, так как народы, упомянутые в перечне, отстояли от Меотиды на значительное расстояние:

гольтескифы - 1400 км (по прямой)  
тиуды – 1600  
васинабронки – 1500  
меренс – 1300  
имнискары – 1300

Из всего сказанного ясно, что никакой грандиозной империи Германариха не было, что азовские остроготы действовали в очень ограниченном диапазоне и, кроме того, что нижний Днепр четко разделял два народа: на восток от него до Азовского моря (Меотиды) обитали остроготы Германариха и Винитария, а на запад от Днепра, вплоть до "Данастра" - Днестра и в "излучине моря", обитали, как пишет сам Иордан, многочисленные анты.

Последний и самый важный для нас вопрос, связанный с повествованием Иордана, - это пересказ эпического сказания о вражде готов и росомонов. В готской и аланской среде слово "росомоны" (вариант "росоманы") означало "люди рос", что позволяет нам вспомнить свидетельство сирийского автора VI в. о народе "рос" где-то на северо-запад от земли амазонок, локализуемых в Приазовье, на месте остроготов. На северо-запад от реальных владений Германариха на другом (правом) берегу Днепра шли поселения носителей черняховской культуры, наибольшее сгущение которых наблюдается в днепровской луке по ту и другую сторону Порогов.

Теперь давайте посмотрим, к какому заключению приходит автор монографии:

1. Вычленение Среднего Поднепровья (а более точно - местности по Днепру и Роси) из всего лесостепного пространства как наиболее важного, полнокровного региона мы наблюдаем уже в скелотско-скифское время в VI-IV вв. до н. э. (подробнее см. ниже).

2. В сарматское время, несмотря на общий упадок всех праславянских земель, наибольшая густота населения и полнокровность жизни наблюдается все в том же киевско-росском регионе зарубинецкой культуры.

3. В римскую эпоху (II-IV вв. н. э.) при общем оживлении жизни земледельческих племен, сказавшемся и на днестровском участке (ближайшем к Дакии), одним из важных центров славянской (антской) черняховской культуры остается тот же киевско-росский регион, протянувший вниз по Днепру линию своих поселений до днепровской луки включительно.

4. "Люди росы" - "росомоны" Иордана - обитатели как киево-росского региона, так и заселенного отсюда района днепровской луки и Порогов.

5. На рубеже V-VI вв. н. э. основывается крепость Киев, ставшая как бы штабом начавшегося великого расселения славян и завоевания Балканского полуострова. Вокруг Киева складывается особая археологическая культура, получившая наименование "киевского типа".

6. В VI-VII вв. в Среднем Поднепровье складывается мощный поляно-русско-северянский союз, охвативший Среднее Поднепровье и Левобережье Днепра. Территория этого союза надолго вошла в память всех восточных славян как "Русская земля". Она стала ядром Киевской Руси.

Внутри этого довольно обширного союза выделяется все тот же древний регион Киев-Русь с преобладанием по рекам Роси и Россаве, с чем, очевидно, и следует связывать имя народа.

Поиск предков Руси завершился тем, что начинать историю древних русов как передовой части восточного славянства следует с середины I тысячелетия до н. э., когда праславяне-скелоты образовали в Среднем Поднепровье три царства и создали свою, во многом сходную, но во многом и отличную от скифской, культуру, свой эпос, свои обряды.

Б.А.Рыбаков писал монографию в своё время. На период её написания он намного ближе других историков-славистов приблизился к пониманию того, что на самом деле никакой Великой империи Германареха простилающейся по всей Европе от Балтики до Каспия в природе не существовало и якобы завоеванные им земли и народы на самом деле это описание Иорданом тех народов, которые встретились на пути Германареха во время водного похода годи на Кавказ. Чтобы до конца понять причины этого похода историку не хватало новых научных инструментов которые имеются в нашем распоряжении сегодня. В нашем распоряжении сегодня имеется такая наука как ДНК-генеалогия, с помощью которой можно более детально восстановить древнюю историю



славян и других народов. Автор монографии осторожно заявляет, что поиск предков Руси и её историю надо начинать с древних русов как передовой части восточного славянства с середины I тысячелетия до н. э. Сегодня благодаря ДНК-генеалогии и тщательному изучению славянских вед, удалось более точно углубиться в историю образования Руси корни которой просматриваются от Дуная до Северного моря в северо-западном направлении, Балтийского моря – в северном направлении, а так же по всей территории Русской равнины, включая не только Поднепровье, но и гораздо более обширную территорию, незаслуженно приписанную Великой империи Германареха. Империи которая в юго-восточном направлении простилалась до Б.Кавказа и в восточном за Урал до Горного Алтая и Южной части Западно-Сибирской равнины.

Исследования проведённые в области ДНК-генеалогии показали, что готы, а следовательно и готы принадлежат родовой гаплогруппе R1b, появление которой на Б.Кавказе было зафиксировано одной из первых 6500 лет назад (И.Л.Рожанский, 2011). А их появление у берегов Балтийского и Северного морей гораздо позже этого срока. Спустя 400 лет, 6100 лет назад готы уступили земли Б.Кавказа ариям, родовой гаплогруппе R1a1a1 (Г.З.Максименко 2011). Одним словом, места эти готам были известны с незапамятных времён и споры по ним приводили к постоянным конфликтам между готами и ариями, что собственно и описано в исследуемом материале (12-й веде), указывающем на то, что готы постоянно досаждали ариям с севера. Это вынудило ариев-русичей заключить соглашение и привлечь для охраны своих северных границ варягов финно-угорских племён гаплогруппы N1c во главе с воеводой Рюриком. Он нарушил договорённости и силой захватил власть в Новгороде, (предположительно) убив действующего князя Вадима Храброго и похитив власть у ариев в Новгородском княжестве. Данное событие вскользь описано в Никоновской летописи: *«В лето 6372 ... оскорбишася Новгородци, глаголюще: „яко быти нам рабом, и много зла всячески пострадати от Рюрика и от рода его“. Того же лета уби Рюрик Вадима Храброго, и иных многих изби Новгородцев съветников его.»*

Позже заслуги образования Новгорода и Руси в целом были приписаны самому Рюрику и его потомкам. Много сил к этому приложила христианская церковь, которая была призвана на Русь потомками Рюрика (киевским князем Владимиром) для подавления сопротивления ариев-русичей, уничтожения их истории и исконной родной славянской веры. Так была переписана история Руси и в летописях появилась нужная правящей династии Рюриковичей информация о призвании Рюрика на княжение в Новгороде.

Так Рюрик, благодаря христианским манипуляциям историей стал летописным основателем государственности Руси, - «первым» Новгородским князем и родоначальником княжеской, ставшей впоследствии царской, династии Рюриковичей. Многие славяно-арийские письменные первоисточники были вывезены пастырями за пределы России для изучения и уничтожения. А те, что вывезти не удалось, как например «Сказание о Словене и Русе и городе Словенске», где упоминается дата появления славян-ариев в районе оз. Ильмень и образования там первого города Словенска, попали в ряд сводов как не заслуживающие доверия. Само «Сказание ...» признано на академическом уровне позднелетописной легендой XVII в. Так обходились и историки, не желающие признавать более глубокой историю ариев-русичей.

## **Выводы:**

1. Двенадцатая веда дополнительно подтверждает вывод сделанный в Вестнике Академии ДНК-генеалогии т.4 № 12 за 2011 г (с 2319) о незаконном приходе на престол Рюрика в Новгороде в 862 г и является перехватом власти на Руси северных, территорий у ариев-русичей.
2. Приход к власти Рюрика не может служить датой отсчёта периода образования Новгорода и самой Руси, существовавших за многие века до его прихода к власти.
3. Предполагаемая дата периода образования Новгородского княжества в 862-864 гг является безосновательно заниженной, политизированной и не отвечающей действительности.

## **Веда 13**

### **Описание извержения вулкана Санторин в изложении славян - ариев**

Исследуемый материал 13-й веды, входящей в свод вед, известных в кругу исследователей древней славянской письменности под названием «Велесова книга» (ВК) обобщённо охватывает определённый период в жизни арийского рода. Это позволяет провести сравнительный анализ излагаемой в ней информации и взглянуть на описываемые события с точки зрения накопленных сведений по данному роду в ДНК-генеалогии и ряде других наук. Посмотрим на данную информацию с научной точки зрения и проверим указанные в ведах события, датировки и попытаемся

воспроизвести исторические события описываемых периодов. Возможно, это поможет нам лучше понять, насколько достоверно отражена изложенная в них информация.

## Содержание исследуемого первоисточника.

### Исходный материал 13-й веды переложенный на кириллицу.

19-III

*Се бо видэх сен в Нави и ту огне бо и влаце изыдете од оне змие щюдень и отоце земе и тецашете крв из не и тои лизяю и се прыдеть муж сылен и розтрице змие на двои и ста два и розтрицетъ еше и ста четвъры и се муж вопишете Божиемо до помще и тые идяшуть на комониех од Сварзе и тоие змие оубиуть се бо те сыла нэсть людва небо ще черня есь и се бо змие соуте въръзи идуци од полудене себ то Боспъру збыты яква дяде нашиие ратиема одтрицаше и се хотяшуть грце отоцете земе нашиу и ту не дахомъ яко жне соуте нашиие.*

*Не опоустем и стваре та змие есь погыбеле на нои имяхомъ сен пра те и животы полождете за земе нашиу и та тегне бо од нои до поляне и Дреговице и Русе стяжутъ до море и горе до ступе Поленде и се Русе соуте и од Роусе то кмо имяхомъ до помще яко же Дажьбы внуце соуте молихомъ Патаре Дяие яко тои изведе огонь и ждеть Матырь Сва Слава приесеть на крыдлиех све праоцем нашим и ту пиеснема поемъ о дле къстрбыцие веццерне и ежды повиехомъ старе словы слве наших о свенте Седьмицериекы нашиие и ждехомъ грады оце наше имах бияци и тоу земе опоустиишия до земе ине идця иде же смехомъ о щасы тои держве и за древлестъ имяхомъ кълоуне нашиие и грады и селы и огнице о земие оутворяцете себ то оумыемо телесы и душие наши да имяхомъ щасте русе кълуне ежде сыльна бяце шеть и на врзе страху изумете наведе се убо од Кысень овны ходяе томожде и та земе есь о день тые хыждена од нои ... о нои же творяшуть ина. Боисте нои од старе давнесте нои од сряцете и то зрим и ренку держаще на вои. Боисте виедели яко Зурень день иде и крве хочеть и ту пролиехомъ на земие све русу... се руса грда камене вопишуть на нои и се хомъ имамы гренте и сряте до смрте... поцте сыне ме. Оумре за не..*

### Авторский перевод.

Это видится всеми в Нави, оттуда огонь и влочёт. Изойдет из земли змей чудный и утончит землю. Течет кровь из нее и тот лижет её. Придёт муж сильный и расколёт змея надвое, станет два змея, расколёт еще и станет четыре. Муж вопит обращаясь к Богам за помощью. Боги идут на конях из Сварги, они змея убьют. Это те боги силы несут людям. Небо еще черное есть и этот змей ведь есть враги наши, идущие с юга. Поэтому у Боспора заботы такие же как у дедов наших ратями отрешенных. Это греки хотят отречь землю нашу, ту не дадим, так как жены у нас свои.

Окажем сопротивление и сотворит та змея погибель нам. Имеем все времена те и жизни свои положите за землю нашу. Та тянется от нас к полянам и дреговичам. Руси тянутся к морю до гор и до степи Поленди. Это всё Руси ведь и от Руси то коня имеем для помощи. Дажьбовы внуки, ведь молимся с проклятиями Патар Дья, так как тот изведет огонь и ждет Матерь Сва Слава огня этого. Пороется на крыльях своих предком нашим и тогда песни поем о дали костровищ вечерних, часто поведываем старые слова нашей Славы в свете Семиречья нашего и ожидаем. Города отцы наши имели и строили. Ту землю упустили к земле другой идя. Идём самостоятельно во время той державы. В древности имеем колуну наши, города, села, огнища в землях которые творили сами. Поэтому умываем тела и души наши, да имеем части русских колуней. Сильна была походка наша и на врага страху изумительно наводили, потому что от Кысень овцы ходили там же и та земля есть в тот день, так как хождение это было нашим.

О нас же сочиняют историю иначе.

Боятся нас за старую давность нашу и сорят нас. То наблюдаем и руку уже держат воинственно. Боятся нас, видели как Зурен день идет и крови хочет, ту прольем на земли свои русские. Это русов города каменные возведены были. Вопят чужие (народы) на нас и хомут имеем горестей. Сорят нас до смерти.

Почтите сына моего. Умрите за нее!

## **Комментарии к 13-й веде и поиск свидетельств.**

Веда освещает события давних лет происходившие за Босфором, в Средиземноморье, повлиявшие на миграционные процессы и вынудившие Средиземноморские племена к активному перемещению в поиске новых земель, что вынудило их идти на конфликт со славянами-ариями, с целью овладеть славянскими землями. Веда отражает события предшествующие колонизации Черноморского побережья. Достаточно полно для общего обозрения представлены древние земли и территории славян-ариев, сформированные границы Руси. Описаны и границы проживания на Азиатской части территории Руси.

### **Извержение вулкана за Босфором.**

В самом начале этой веды описаны исторические события из жизни ариев-русичей, которые были вызваны природными катаклизмами в Средиземноморском бассейне. Несмотря на их отдалённость от территории Руси они были настолько сильны и значимы, что были видны на небосводе в ночное

время огненным заревом, а позже - тянувшимся «змеем» из-за Босфора в виде чёрного дыма. Что это могло быть? Выбор для поиска не велик. Средиземноморский бассейн является довольно активной сейсмической зоной со сходящимися тектоническими плитами и разломами земной коры. События следует искать в доколониционном периоде Черноморского побережья, следовательно, глубже 2700 лет назад. «Изойдет из него змей чудный и оточит землю. Течет кровь из нее и тот лижет её.» Получается, что причиной этих катаклизмов послужило извержение вулкана с огненной лавой вытекающей из жерла вулкана. Извержение поделило «змея» на 4 головы. Исследовав глобальные потрясения и вулканические извержения, можно прийти к выводу, что ближе всего к описанным событиям подходит период извержения вулкана на острове Тира (Фера) в Эгейском море. Санторин является действующим щитовидным вулканом, и по данным сейсмологов, 3520 – 3380 лет назад разрушил все поселения не только на острове Тира, острове Крит, в эгейских городах, но и на побережье Средиземного моря.

Вот как описана история извержения этого вулкана в Интернете:

*Внезапное и катастрофическое извержение вулкана Санторин уничтожило столицу эгейцев Тиру. Начавшееся землетрясение предупредило жителей Тире и они, погрузившись на свои суда, ушли с родного острова. Извергнув колоссальное количество раскаленного пепла и пемзы, вулкан опустошил свое нутро и огромный вулканический конус, не выдержав собственного веса, вместе с опустевшими городами и дорогами на его склонах, рухнул. В образовавшуюся гигантскую пропасть хлынули морские воды. Образовалась гигантская волна цунами, которая смыла почти все прибрежные города и селения. Эгейская цивилизация прекратила свое существование. Гора Санторин исчезла. Огромную овальную пропасть — кальдеру вулкана заполнили воды Эгейского моря, что хорошо видно на космическом снимке. (Википедия)*

Ниже на снимке показана форма острова, которую он приобрёл после обрушения горловины вулкана и образования кальдеры. По снимку видно, что обрушение происходило не мгновенно, а по частям. И гора разрушалась поэтапно. Сначала рухнула одна часть, за ней ещё одна, потом - остальное. Отсюда в ведах и описание поэтапного разрушения:

*Придёт муж сильный и расколется змея надвое, станет два змея, расколется еще и станет четыре.*

В ведах так же сказано о том, что всё небо было покрыто чёрной гарью от землетрясения и извержения вулкана. Вслед за



«чёрным змеем» на земли ариев, из-за Боспора потянулись враги, идущие с юга. Поэтому от Боспора у ариев начались проблемы. Греки решили переселить часть своих племён и прибрать к рукам земли ариев-русичей вдоль Западных берегов Черноморского побережья.

С извержением вулкана Санторин связано ещё несколько исторических событий которые следовало бы отметить в данной работе. В движение были приведены не только народы Средиземноморья, но многие другие. Так, например, А.А. Клёсов в своей работе по исследованию путей миграций племён ариев гаплогруппы R1a1 «Откуда появились славяне и «индоевропейцы»? Ответ даёт ДНК-генеалогия» Часть 2. № 575 от 21.09.2008 г выдвинул свою гипотезу о причинах миграции ариев с Ю.Урала (Страны городов) в Индию и Иран 3500 лет назад. Он считает, что именно извержение вулкана Санторин на о. Тира вызвал волну землетрясений, докатившуюся до Ю.Урала и в результате закрытия солнца пеплом на длительное время, привёл племена в движение. Гипотеза эта была выдвинута на основе информации изложенной и достаточно описанной в «Махабхарате». Вот аргументы, которые он приводит в пользу этой гипотезы:

Итак, арии из Аркаима ушли в Индию примерно 3600 лет назад, покинув городище. Зачем они это сделали? 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 течение 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  $3615 \pm 15$  лет назад, по кольцам деревьев –  $3628-3629$  лет назад, по кернам льда -  $3644 \pm 20$  лет назад. Если все это усреднить, получается 3630 лет назад.

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

Становится ясно, почему арии в индийских ведах уделили столько внимания холодам, отсутствию восходов солнца и долгим ночам. Именно это ввело в заблуждение индийского ученого Тилака в начале прошлого века, кто принял эти описания ариев за якобы условия жизни в Арктике. Отсюда и произошла известная, но ошибочная «арктическая» теория появления как ариев, так и всего человечества.

Ариям, уделявшим столько внимания размеренной жизни, заданной высшими силами, столько внимания ритуалам, что видно из их системы захоронений, стало некомфортно. Этот в высшей степени дискомфорт они отразили в «Махабхарате» в столь свойственной ариям повествовательной, аллегорической форме. Арии вообще не оставляли исторических документов, они слагали гимны, в которых в иносказательной форме отражали реалии жизни.

Итак, вот что чувствовали арии (книга шестнадцатая «Махабхараты», изд. Наука, 2005):

*«С наступлением тридцать шестого года (правления) ... стали замечать недобрые предзнаменования. Подули резкие ураганные ветры, обрушивая камни вместо дождя, и птицы стали кружить слева направо. Вспять повернули великие реки, мглой заволокло стороны света, с неба на землю падали метеоры, рассыпая дождем раскаленные углы. Солнечный диск затянуло пеленой, и на восходе не было видно его лучей сквозь облака. И у луны, и у солнца появился зловещий трехцветный ореол с резкими черными краями, отливающими красным, точно зола. Эти и многие другие знамения появлялись из дня в день, предвещая беду и вселяя тревогу в сердце.*

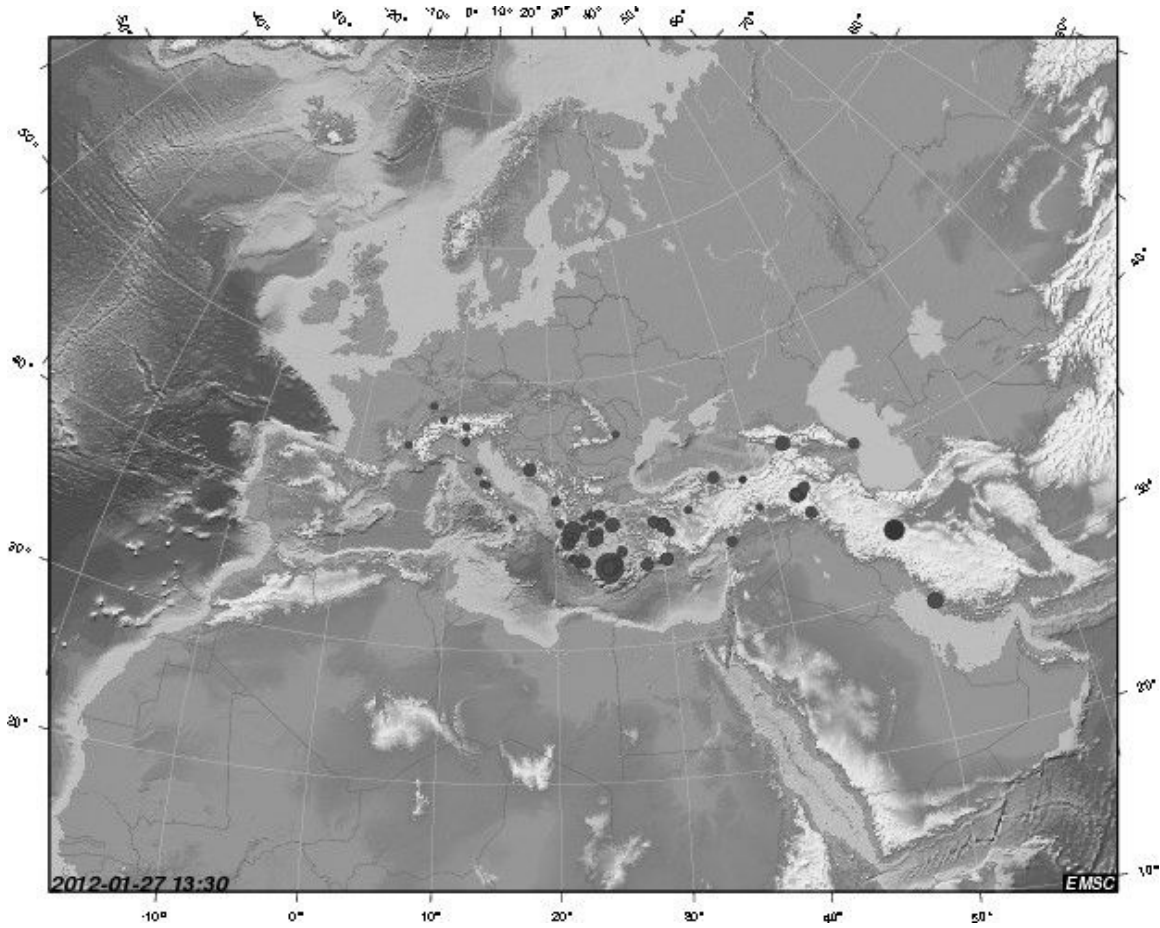
*... Меж тем вокруг домов... постоянно кружил (бог смерти), причем даже тех, которые крепились... Каждый день налетали страшные ураганы на погибель..., заставляя вздыматься от ужаса волоски на теле. На улицах... появились огромной величины крысы, в домах тревожно кричали птицы, и этот крик не смолкал ни днем, ни даже ночью. Журавли подражали уханию сов, а козы – вою шакалов! Белые красноногие птицы, посланцы Времени, бродили вместо голубей в домах. У коров рождались ослята, у мулов – верблюжата, у собак – котята, а у мангуст – крысята... жены обманывали мужей, а мужья – жен. Пылающее светило, обильное сиянием, двигалось по кругу слева направо, испуская по очереди то синие, то кроваво-красные лучи.*

*... Едва подавали приготовленную на кухне с великим тщанием чистейшую пищу, как в ней заводились черви... слышался топот бегущих, но никого не было видно. Все наблюдали, как планеты снова и снова сталкиваются друг с другом, налетая на созвездия, и людям никак было не отыскать свое собственное, под знаком которого они родились....*

*... Васудева повелел горожанам отправиться в паломничество по святым местам.... По велению Кешавы слуги провозгласили: «надлежит вам, быки-мужи, совершить поход к океану».*

Если посмотреть на сейсмическую активность в районе схождения тектонических плит, вдоль Средиземноморья до Кавказа, то можно заметить, что эта сейсмическая зона находится в постоянной активности и сегодня. Сопоставим сведения опубликованные в European-Mediterranean Seismological Centre в данном регионе за последние сутки, неделю и две недели:

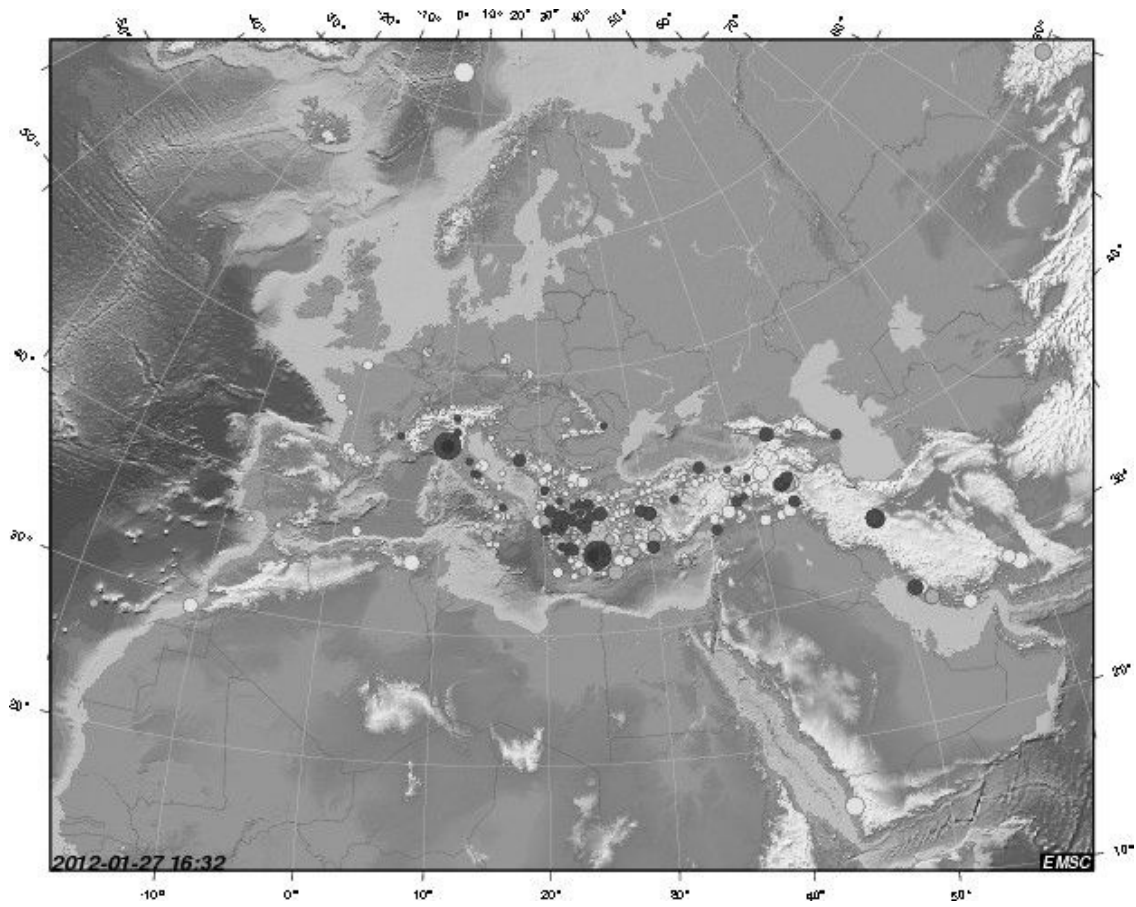
Ситуация за сутки.



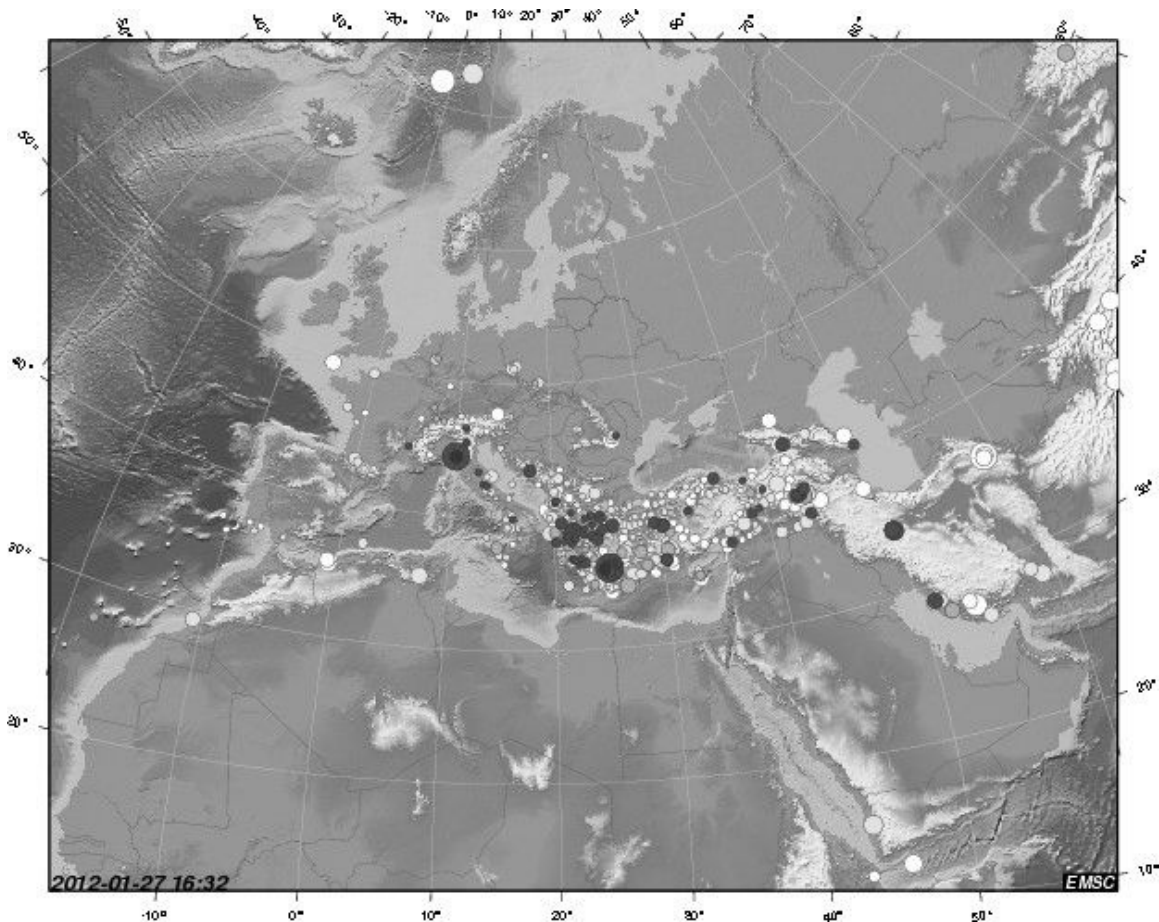
(Толчки отмечены жирными точками по величине в зависимости от силы толчка.)

За неделю.





За две недели.



Из приведённых данных видна активность земной коры приходящаяся на Средиземноморский бассейн и её протяжённость до Передней Азии и Кавказа.

События произошедшие на о. Крит и Тира некоторые историки пытаются сопоставить с трагическими событиями описанными древнегреческим автором Диалогов «Тимей» и «Критий» - Платоном, предполагая:

1. *К гибели Атлантиды привёл именно взрыв Санторина и погружение Тир в воды Эгейского моря;*
2. *Атлантида и есть остров Тира, где находилась столица Эгейской цивилизации.*

Если последнее утверждение не выдерживает элементарной критики, т.к. по своим параметрам не подходит к описанной Платоном территории, то первое заслуживает внимания и исследования. Эта тема косвенно уже рассматривалась в Вестнике Академии ДНК-генеалогии Т 2 №2 за 2009 г (с. 212) в подзаголовке «Большой Кавказ – «остров» славян - русов.» с приведением доказательной базы о том, что Платон под названием

«Атлантиды» описал арийскую территорию под названием Антлань (Великая Антия). Помимо диалогов Платона «Тимей» и «Критий» по данной теме были исследованы первоисточники имеющиеся в арабо-персидской литературе Ибн Русте и сочинениях историка XI века Гардизи «Зайн ал-ахбар», составленном в Афганистане в начале 50-х годов XI века, египетского историка и географа Ибн Ййса (1448-1524 г.г.) в труде «Аромат цветов из диковинок округов» и славянские веды. Всё это позволило прийти к выводу, что все следы этого описания ведут на Б.Кавказ и там обрываются. Гибели и разрушению Антлани (Атлантиды в греческой транскрипции) предшествовало всё то же извержение вулкана Санторин, вызвавшее волну землетрясений докатившуюся до Б.Кавказа, спровоцировавшее наводнение из-за вышедших из берегов Каспийского моря и затопления Прикавказской равнины вдоль Кумо-Манычской впадины по которой устремились воды Каспия. Произошло это в период расцвета на Б.Кавказе дольменной культуры, которая именно в этот период 3500 лет назад прекратила своё существование по данным археологии. Арии как Б.Кавказа, так и Ю.Урала покинули свои обжитые территории и переместились с них в Индию и Иран, о чём и свидетельствуют данные полученные в области ДНК-генеалогии.

## Существовала ли Русь 3500 лет назад?

*Окажем сопротивление и сотворит та змея погибель нам. Имеем все времена те и жизни свои положите за землю нашу. Та тянется от нас к полянам и дреговичам. Руси тянутся к морю до гор и до степи Поленди. Это всё Руси ведь и от Руси то коня имеем для помощи. (ВК-13)*

О чём идёт речь? 3500 лет назад Русь как держава уже существовала. И это не начало, а продолжение существующей на данный период Руси и её территорий. Христианские летописи нас убеждают в том, что Русь образовались в IX веке н.э. с приходом Рюрика. Где правда? «Идём самостоятельно во время той державы...» гласят славянские веды. Вот как нам преподносят в средствах массовой информации историю:

*Историки, серьезно занимающиеся изучением прошлого славянских племен, населявших территорию современных России, Белоруссии, Украины, утверждают, что русская нация возникла вовсе не в языческие времена. Возраст формирования нашей нации менее тысячи лет.*

*А что же было раньше?*

*Были сколоты, которые пришли на Приднестровье за полторы тысячи лет до Рождества Христова, были анты, венеды и другие племена, о которых не осталось упоминания. Все они – наши отдаленные предки, это верно. Но они – не русские, так как это понимается сейчас. Они не русские ни культурно, ни духовно, ни даже антропологически.*

*Все они верили в каких-то своих богов, о коих нет подробных сведений сейчас. Только лишь краем что-то упоминается в различных летописях, составленных на заре формирования древнерусского народа различными христианскими хронистами. И как бы там ни было, это не русские боги. Это боги племен, растворившихся в реке времени, и они не имеют никакого отношения к нам сегодня.*

*Все, на что ссылаются ревнители современного идолопоклонства, не более, чем новодел. И так называемая «Книга Велеса», и «русские веды», и обряды – все это изобретение новейшего времени. Особенность российской истории в том, что формирование государства Российского началось одновременно с принятием новой веры – христианства. До этой поры на территории, к которой географически сейчас относится Россия и бывшие союзные республики Беларусь, Украина, никогда не было единобожия, или единого пантеона богов, который позволил бы сформировать единые мифы, обряды, традиции. Каждое племя, каждый род имели свой собственный пантеон. Свое особое капище, куда не было доступа чужим богам. Более всех популярен был Велес, к примеру. Перун почитался среди воинов. Но это совсем не значит, что существовали какие-то всеобщие, единые обряды для всех славянских племен, из которых потом и сформировалась земля Русская.*

*Псевдоисторики, или просто люди, стремящиеся к известности или власти над ближним, ловко орудуя словами «традиции», «Русь», «народные корни», вводят в заблуждение тысячи людей, подавая им свой собственный вымысел как нечто исторически достоверное. Правда, которой совершенно незачем стыдиться, в том, что историческая идентичность русского народа началась с крещения. Кстати, вовсе не огнем и мечом, как любили говорить пламенные ленинцы. (Л. Журавская)*

Всё это преподносится автором с констатацией фактов, что возрождение славянского язычества идёт неожиданно большими темпами и на сегодня уже переваливает в России за один миллион человек и с этим надо как-то бороться, например - путём распространения исторической «правды» об образовании русского народа, показывая заслуги православия в его образовании. Всё это сопровождается обвинениями авторов исследующих историю русского народа в псевдонаучности, националистических настроениях и русофобстве.

Посмотрим, насколько соотносится информация изложенная в славянских ведах с данными ДНК-генеалогии на примере того же Б.Кавказа. По

последним исследованиям И.Рожанского мы имеем следующие данные:

*Согласно расчетам, сделанным несколькими перекрестными методами, общий предок субкладов Z283 (Европа) и Z93 (Азия) попадает на 5500±500 лет назад, причем он ни в какую не хочет сдвигаться глубже. Время образования снипа Z93 втиснуто в довольно тесные рамки, что задаются временем до общего предка юго-восточной, киргизской и башкирской ветвей гаплогруппы R1a1, с одной стороны, и близостью (на грани неразличимости) базовых гаплотипов Z93 и Z283, с другой. Все это отображено на текущей версии дерева-диаграммы.*

*Что касается эпохи 6100 лет назад, то она предшествовала времени, когда начали расходиться ветви с метками Z93 и Z283. Носители R1a1a1 (M417) той поры представляли генеалогические линии, потомки которых не дожили до настоящего времени, за исключением уже упомянутых субкладов, образовавшихся несколькими столетиями позже.*

*Одним из реликтов, восходящих той эпохе, можно считать северо-западные ветви (DYS388=10), что имеют общего предка с Z93 и Z283 примерно 6200 лет назад.*

*Другой возможный реликт - это загадочная ветвь, найденная среди алтайцев, что дает общего предка с европейскими и азиатскими R1a1a1 6300-7000 лет назад. Ее базовый гаплотип реконструируется в усеченном 19-маркерном варианте, потому ее пока не удастся позиционировать более-менее точно. Вот он в формате FTDNA-12 --*

13	26	16	11	11	17	X	12	11	14	11	31
	--	15	14	19	10	15	11	8	23		

*Очевидно, должны существовать и другие мини-ветви или даже единичные гаплотипы, что восходят к столь же давним временам, но их можно опознать только по снипам. Пока таких данных нет, но наверняка подобные реликты рано или поздно объявятся.*

Речь идёт о возможности появления первых предков ариев на Б.Кавказе во временном периоде 6100 лет назад. То, что Z93 не хочет сдвигать глубже 5500 в Азию это как раз, на мой взгляд, нормально. Если посмотреть расклад в предыдущих проведённых исследованиях, то вырисовывается следующая картина: исход с Балкан на Б.Кавказ состоялся 6200 лет назад. 6100 лет назад арии появились на Кубани и Б.Кавказе, что соответствует образованию Майкопской культуры. Это ещё Европа, 5500 лет назад ветвь Z93 покидает Б.Кавказ и уходит в Азию. Поэтому её раньше этого срока в Азии не видно. На смену им приходят дольменники (вторая волна), но это уже не Z93, а другая ветвь, сделавшая петлю с Балкан по Европе в северном направлении. Скорее всего, это и есть та ветвь, что в последствии 3500 лет назад ушла с

Ю.Урала и Б.Кавказа в Индию и Иран. Причину мы уже рассмотрели в первой теме. Для уточнения этой гипотезы требуются дополнительные исследования. Привели же в движение ариев природные катаклизмы, включая извержение вулкана Санторин.

## **Выводы:**

1. Исследуемая веда описывает подлинные исторические события периода 3520 – 3380 лет назад во время одного из мощнейших извержений вулкана Санторин в Эгейском море, на острове;
2. Выявлен факт существования Руси как державы и миграционных процессов славян-ариев вызванного природными катаклизмами в промежутке 3520 – 3380 лет назад;
3. Тринадцатая веда излагает достоверные факты истории исторических событий, которые находят своё подтверждение ДНК-генеалогией и не противоречат данным этой науки.

## ***Литература.***

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

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

Глазычев В. Л. Гемма Коперника. — Москва: Советский художник, 1989.

Драчук В. С. Дорогами тысячелетий. — Москва: Молодая гвардия, 1977.

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

Клёсов А.А. Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племен? (дополненная и исправленная версия). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии т. 2 №5 2009

Клёсов, А.А. Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии , т. 1, №5, 2008

Классен Е. И. Новые материалы для древнейшей истории Славян вообще и Славяно-Руссов до Рюриковского времени в особенности (446КБ)

Максименко Г.З. Велесова книга. Веды об укладе жизни и истоке веры славян, НОУ «Академия управления», 2-е изд., М., 2010.

Максименко Г.З. Вестник Академии ДНК-генеалогии Т 2 №2 за 2009 г (с. 212) в подзаголовке «Большой Кавказ – «остров» славян - русов.»

Максименко Г.З. Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии. Веда 11. О греческой колонизации Черноморского побережья, и перехвате власти на Руси. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии т. 4 № 12, 2011.

Максименко Г.З. Как сочетается информация в славянских ведах с последними изысканиями в области ДНК-генеалогии? «Велесова книга» - веды славян. Ч. 5 Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии т. 4 № 2, 2011.

Мавродина Р.М. Киевская Русь и кочевники (печенеги, торки, половцы): Историографический очерк. Отв. ред. Панеях В.М. Ленинградское отделение Института истории СССР АН СССР. Наука, Л-д. 1983.

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

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

Рожанский И., Клёсов А. Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии т.2 №6, ноябрь 2009

Рыбаков Б. А. Из Монографии - Язычество Древней Руси. 2003

Резанов И.А. Извержение Санторина. «Великие катастрофы в истории Земли»

Смирнов Б.Л. Махабхарата. Перевод.

Шахматов А.А. Разыскания о русских летописях, академический проект, Шахматов А.А. 1908,1938, Кучково поле 2001

## **Интернет**

Вулкан Санторин

<http://ru.wikipedia.org/wiki/>

Клёсов А.А. «Откуда появились славяне и «индоевропейцы»? Ответ даёт ДНК-генеалогия» Часть 2. № 575 от 21.09.2008 г  
<http://www.lebed.com/2008/art5386.htm>

Рожанский И.Л. Дискуссия на форуме.  
<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showtopic=2050&st=60&start=60>

European-Mediterranean Seismological Centre  
<http://www.emsc-csem.org/#2>



## Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

### LETTERS FROM THE READERS: PERSONAL CASES

#### Part 36

#### Anatole A. Klyosov

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

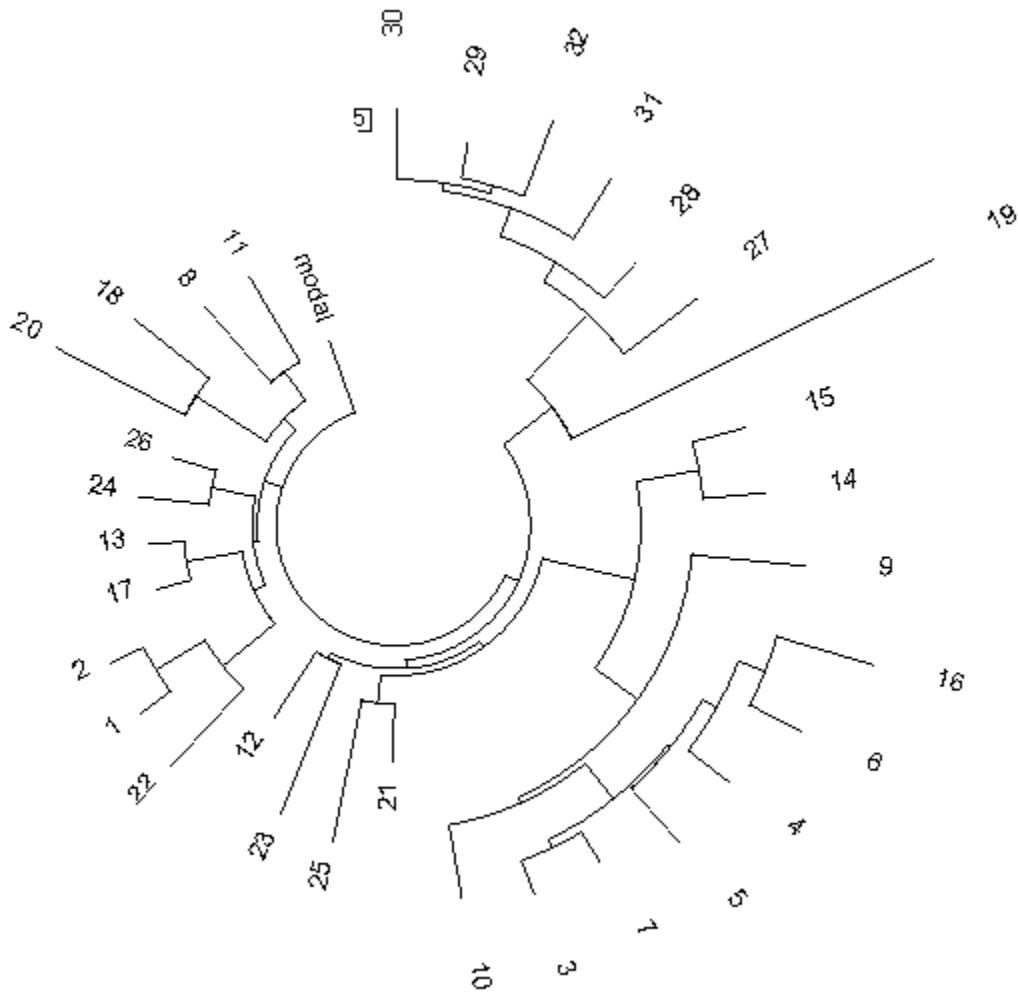
#### LETTER 120

Clan Donnachaidh is a Scottish Highland Clan. 15% of the 750 Donnachaidh DNA available belong to the **R1b L21+ M222+** subclade (tested or predicted based on their haplotypes). A dataset of 32 haplotypes typed in the 37 marker format is enclosed (not shown here), which belong to five different surnames. Some of those men live in Scotland, some in the United States and elsewhere. Nearly all claim Scot or Scot-Irish heritage. Some have well documented genealogies back into the 1600's and 1700's. A few claim genealogies back to the 1500's. Some have genealogies confirmed only a few generation. We suspect that the ancestors of these men descended from related progenitors. Can you confirm it and establish when their common ancestor, if any, had lived?

#### MY RESPONSE:

Certainly.

Below in a haplotype tree composed of those 32 haplotypes in the 37 marker format. As you see, the tree is a rather complex one, and represent three principal lineages. One, the most "clean" one, is the upper right "corner". Also, all haplotypes in that branch (numbers 27-32) belong to the same surname. Haplotype #19 is an outlier, and not only it is not associated with the same surname on the tree (his supposed to be relatives are sitting at the opposite side of the tree), it is apparently not a M222 haplotype. It seems to be one of those "non-paternal events".



**A haplotype tree composed of 32 of 37 marker haplotypes of some members of Clan Donnachaidh**

The base haplotype of that branch is as follows:

13 25 14 11 11 13 12 12 11 13 14 29 - 18 9 10 11 11 25 15 18 29 15 16 16 17 - 12 11 19  
23 17 16 17 18 37 37 12 12

All six haplotypes (that is 222 alleles) contain only 7 mutations (4 of them in the multi-copy markers), which gives  $7/6/0.09 = 13$  conditional generations (25 years each), that is  $325 \pm 130$  years to a common ancestor. It is around 1690 plus-minus a century. Such a wide margin of error is because of only a few mutations in the branch.

The next branch (clock-wise) is that of eight haplotypes (3-7, 9, 10, 16). Haplotypes 9 and 10 look as they might stay separately, however, they do belong to the same branch, as their pattern of mutations closely followed other from the same branch. Their base haplotype is

13 25 14 11 11 **12** 12 12 11 **12** 14 28 - **17** 9 **11** 11 11 25 15 18 **30** 15 **15** 16 17 - **11** 11 19  
23 17 16 **19 17 38 40** 12 12

All eight haplotypes contain 11 mutations (only two of them in the multi-copy markers), which gives  $11/8/0.09 = 15$  conditional generations, that is  $375 \pm 120$  years to a common ancestor. It is around 1640 plus-minus a century.

Haplotypes 14 and 15 belong to the same surname, which is - as the haplotypes - thrown around the whole tree (9, 10 and 16 are in fact belong to the preceding branch, 8 and 11 are on the opposite side of the tree as parts of other surname branches). It seems that their common ancestor with the preceding branch lived 675 years ago, however, a common ancestor of these two haplotypes lived  $425 \pm 250$  years ago, which is the same thing within margin of error. These two haplotypes in an averaged way (between the two) are as follows (mutations from the preceding base haplotype are marked):

13 25 14 **12** 11 12 12 12 11 **13** 14 29 - 17 9 11 11 11 25 15 18 30 15 **16** 16 17 - 11 11 19  
23 17 16 19 17 **39** 40/43 12 12

The next separate branch (haplotypes 12, 21, 23, 25) all belong to the same surname, which, however, is scattered in the next large branch (haplotypes 22, 24, 26). It arose ~ 800 years ago, as the base (deduced ancestral) haplotype

13 25 14 11 11 13 12 12 11 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11/12  
11 19 23 16/17 15/16 18 17 39 39/40 12 12

11 mutations from this base haplotypes gives  $11/4/0.09 = 31 \rightarrow 32$  generations, that is  $800 \pm 250$  years from a common ancestor.

The last wide branch of 11 haplotypes (22 through 11 on the left-hand side of the tree) represent a combination of all the five surnames, randomly mixed with each other.

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11 11 19  
23 17 16 18 17 38 39 12 12

They contain 34 mutations from the above haplotype, which gives  $34/11/0.09 = 34 \rightarrow 35$  generations, that is  $875 \pm 170$  years from their common ancestor. By the way, their 25 marker haplotypes contain 16 mutations, which is  $16/11/0.046 = 32$

→ 33 generations, which is practically the same thing.

The three major branches with their base haplotypes

13 25 14 11 11 13 12 12 11 13 14 29 - 18 9 10 11 11 25 15 18 29 15 16 16 17 - 12 11 19  
23 17 16 17 18 38 39 12 12 (325±130 years)

13 25 14 11 11 12 12 12 11 12 14 28 - 17 9 11 11 11 25 15 18 30 15 15 16 17 - 11 11 19  
23 17 16 19 17 38 40 12 12 (375±120 years)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11 11 19  
23 17 16 18 17 38 39 12 12 (875±170 years)

have 12 mutations between them, which gives  $12/3/0.09 = 44 \rightarrow 46$  generations, that is 1,150 years down from their averaged base haplotypes. This date should be summed up with an average “age” of the base haplotypes, that is 525 years. **Therefore, a common ancestor of all the three branches lived 1675 years ago.** Its haplotype was the closest one to the last base haplotype, of 875 ybp, since it contains only one mutation from the most ancestral haplotype (see non-mutated alleles above):

13 25 14 11 11 13 12 12 11 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11 11 19  
23 17 16 18 17 38 39 12 12

In order to verify the result, and include two small branches into calculations, let us to conduct an “overall” calculation of all mutations in all 31 haplotypes of the tree (the outlier #19 is removed). In this particular case it is justified, since all the three major branches are comparable in size (that is, in a number of haplotypes). The base haplotype of the whole tree is as follows:

13 25 14 11 11 13 12 12 11 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11 11 19  
23 17 16 18 17 38 39 12 12

It is exactly the same haplotype as calculated above (as the set of non-mutated alleles). All 31 haplotypes contain 171 mutations from the base haplotype, which gives  $171/31/0.09 = 61 \rightarrow 65$  generations, that is  $1625 \pm 200$  years to the common ancestor. It is the same timespan as 1675 ybp, calculated above by the separate branches.

## LETTER 121

Our origin (Surname) is from the Flanders area of Belgium near the modern city of Ghent. Our ancestor traveled with William the Conqueror from Normandy during his Conquest of England in 1066. In 1102 his son Philip obtained large property in Western Wales. His son or grandson Maurice joined Strongbow in the Invasion of Ireland in 1169. He is the progenitor of our Irish family.

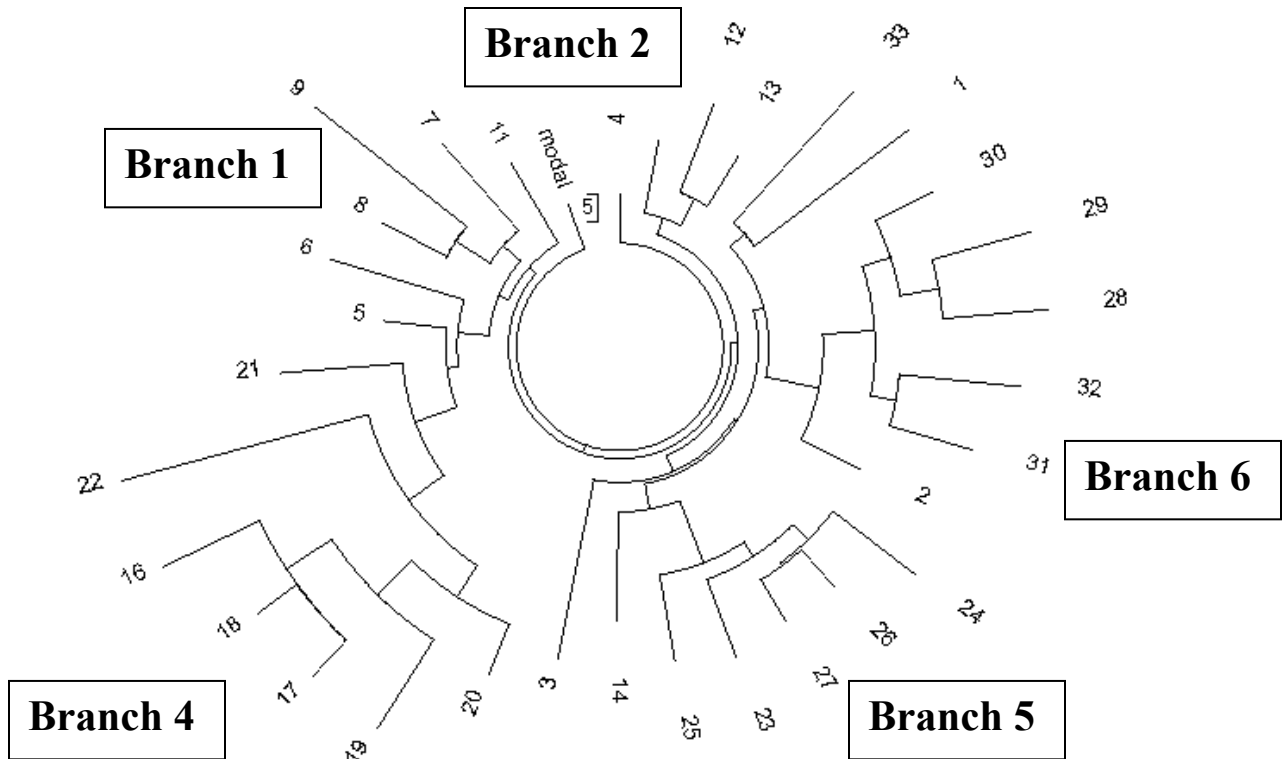
The primary purpose of this message is to ask if you can take a look at the 33 R1a1a haplotypes in our Project and help us confirm the age of the Group's common ancestor. The R1a1a group is broken down into five Irish County Mayo branches, one Tipperary (Province Munster in Ireland) branch and one Belgium branch. We have been unable to further divide it into clusters/branches. The haplotypes of two members who have a published, documented and proven 25 generation paper trail record back to our progenitor are present in the dataset. The average yrs/Gen is 30-33 yrs.

Our progenitor was born about 1130-40 and died in Ireland in 1205. His family grew and prospered in two major geographical branches. One was formed in the East in the Tipperary/Wexford County area and other in the West in the County Mayo area. The common ancestor of the two geographical branches was son of our progenitor, and was born about 1170 to 1180 and died in 1226.

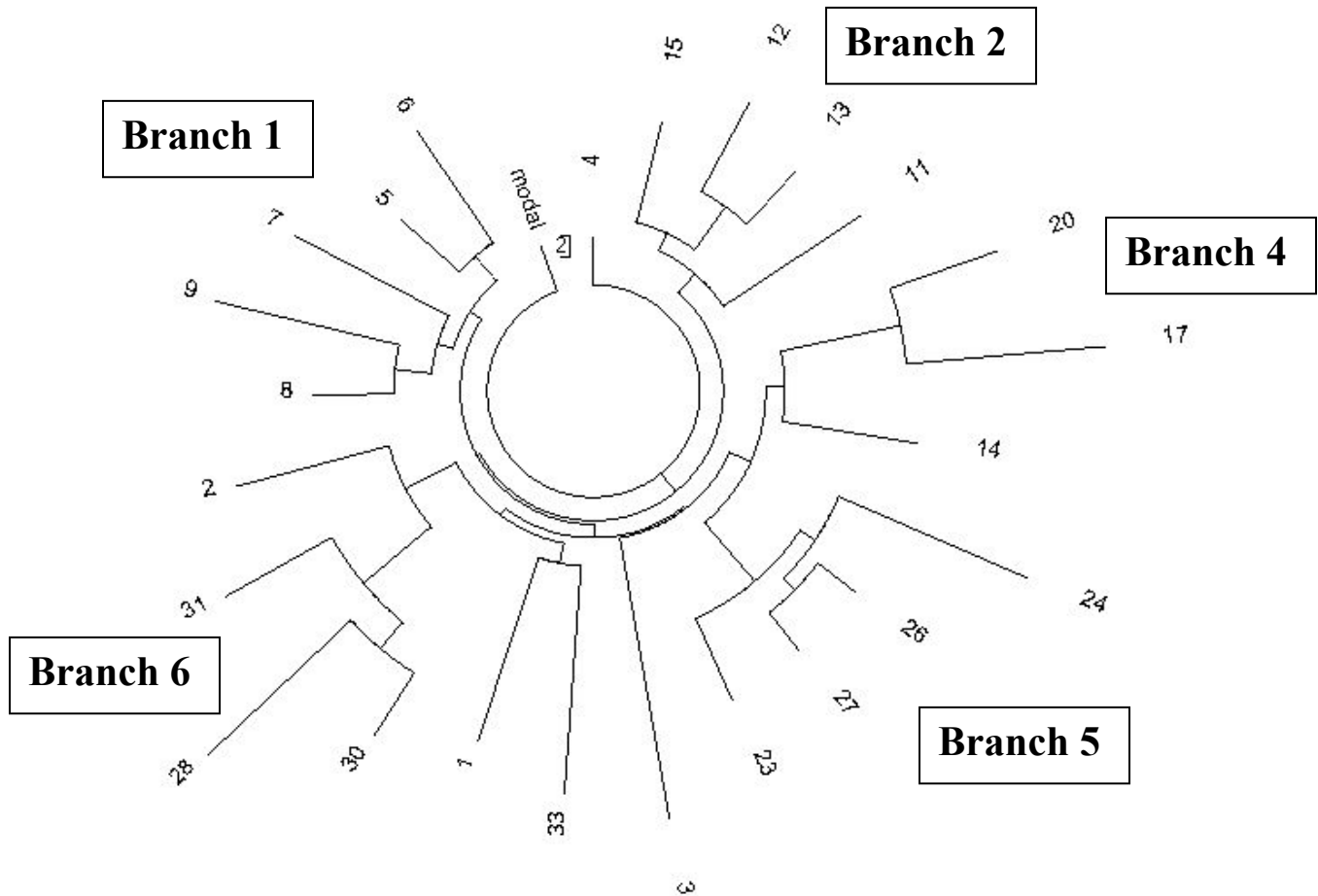
I sure would appreciate your comments and calculations of the distance to our Common ancestor and any other branch differences you notice. Your help will be greatly appreciated. Thanks so much.

### MY RESPONSE:

The respective haplotype trees in the 37 an 67 marker format are shown below. Indeed, said branches are located on the haplotype trees, except branch 3 (haplotypes 14 and 15) which are located on different sides of the both trees. Haplotype 14 tends to join Branch 5 (37 marker tree) or Branch 4 (more accurate 67 marker tree), and haplotype 15 joined Branch 2 in the both trees. It should be taken into account that 67 marker haplotypes add as many as 30 alleles each, and the 67 marker tree is much more accurate, though it contains fewer haplotypes. Fifteen haplotypes, almost half of those you have collected, were determined in the 111 marker format.



37 marker 32-haplotype tree of alleged descendants of the progenitor of the family (he lived around 1066 CE), his son Philip (lived around 1102 CE) and his grandson Maurice (lived around 1169 CE). The documented genealogy was interpreted as grouped into five Irish Mayo branches (Branches 1-5 below), one Tipperary Irish branch (Branch 6), and one Belgium branch (haplotype 33): Branch 1 (haplotypes 1-10), Branch 2 (11-13), Branch 3 (14-15), Branch 4 (16-22), Branch 5 (23-27), Branch 6 (28-32). Haplotype #10 has only 25 markers and not shown on the tree.



**67 marker 24 haplotype tree of alleged descendants of the progenitor of the family (he lived around 1066 CE), his son Philip (lived around 1102 CE) and his grandson Maurice (lived around 1169 CE). 25 and 37 marker haplotypes are not shown on the tree. Other explanations are given in the preceding Figure.**

***Branch 1 (haplotypes 1-10)***

The branch contains 6 haplotypes in the 67 marker format (including the base haplotype 4, which does not have mutations in all the 67 markers, and including haplotype 2, which fell out from the branch on the 67 marker tree, however, as is shown below, it still goes well with the other haplotype of the branch), and nine 37 marker haplotypes (including haplotype 2). The 37 marker haplotype tree is not fine-tuned compared to the 67 marker tree, and serves only as a secondary, supporting information.

The 37 marker base haplotype of the branch is as follows:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
24 16 15 18 20 33 39 12 11

All 9 haplotypes contain 23 mutations from the base haplotype, which gives  $24/9/0.09 = 30 \rightarrow 31$  conditional generations (25 years in each), that is  $775 \pm 180$  years to a common ancestor of the Branch 1. The arrow here shown a correction for back mutations. Haplotype 2 adds only two mutations, and if it is removed, we have  $22/8/0.09 = 31 \rightarrow 32$  generations, or  $800 \pm 190$  years, which is practically the same thing as  $775 \pm 180$  years.

The 67 marker base haplotype of the same branch is:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
24 16 15 18 20 33 39 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14 23  
22 12 13 11 13 11 11 12 13

All 6 haplotypes (including haplotype 2) contain 18 mutations from the base haplotype, which gives  $18/6/0.12 = 25 \rightarrow 26$  conditional generations, or  $650 \pm 170$  years to a common ancestor, which is within the margin of error with the above estimates for Branch 1. In the 111 marker format the branch contains 35 mutations, which gives  $35/6/0.198 = 29 \rightarrow 30$  generations, or  $750 \pm 150$  years to a common ancestor. Haplotype 2 adds six mutations in the 111 marker dataset, and if it is removed, we have  $29/5/0.198 = 29 \rightarrow 30$  generations, or (again)  $750 \pm 150$  years to a common ancestor.

***Branch 2 (haplotypes 11-13) and Branch 3 (haplotypes 14 and 15)***

Branch 2 contains three haplotypes. The 67 marker base haplotype of the branch is as follows:

13 **26** 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
24 16 15 18 20 33 39 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14 **25**  
22 12 13 11 13 11 11 12 13

It differs from the base haplotype of the Branch 1 by two mutations (marked). The three haplotypes contain 5 mutations from the base haplotype, which gives  $5/3/0.12 = 14$  conditional generations, or  $350 \pm 170$  years to a common ancestor of the Branch 2. If we add haplotype 15, which sits in the same branch on the tree, we have  $8/4/0.12 = 17$  generations, that is  $425 \pm 160$  years; if we add haplotype 14 as well, it gives  $10/5/0.12 = 17$  generations again. In other words, Branch 3, which does not have its own distinct place on the tree, can be merged with Branch 2 without altering the estimated time to a common ancestor.



Two mutations between two 67 marker haplotypes sets apart common ancestors of the two branches by  $2/0.12 = 17$  generations, that is 425 years, and THEIR common ancestor lived  $(425+750+425)/2 = 800$  years ago, around 1212 CE plus-minus the margin of error.

***Branch 4 (haplotypes 16-22)***

This branch of seven haplotypes is presented mainly in 37 marker haplotypes. Its base haplotype:

13 24 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 14 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
23 16 15 17 20 33 40 12 11

All seven haplotypes contain 17 mutations from the base haplotype, which gives  $17/7/0.09 = 27 \rightarrow 28$  conditional generations, or  $700 \pm 180$  years to a common ancestor of Branch 4. However, this figure is uncertain for the 37 marker haplotypes, since haplotypes 21 and 22 are sitting between branches 1 and 4, and they are absent in the 67 marker tree. Without them, the 37 marker branch contains only 5 mutations from the base haplotype, which translate to  $5/5/0.09 = 11$  conditional generations, or  $275 \pm 130$  years to a common ancestor, who might have lived around 1737 CE, plus-minus a century.

***Branch 5 (haplotypes 23-27)***

This branch of five haplotypes in the 37 marker and four haplotypes in the 67 and 111 marker format has the following base haplotype

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 12 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
24 16 15 19 20 33 41 12 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14  
23 22 12 13 11 13 11 11 12 13

This branch is so “young” that we will not round up the number of conditional generations to show how close the figures are. In the 37 marker haplotypes five haplotypes contain 3 mutations, so we have  $3/5/0.09 = 6.7$  generations, that is 167 years to a common ancestor. In the 67 marker haplotypes four haplotypes contain 4 mutations, and we have  $4/4/0.12 = 8.3$  generations, that is 208 years to a common ancestor. In the 111 marker haplotypes four haplotypes contain 6 mutations, and we have  $6/4/0.198 = 7.6$  generations, or 189 years to a common ancestor. On average, it is  $7.5 \pm 0.8$  generations, or  $188 \pm 20$  years, or rounded  $190 \pm 20$  years to a common ancestor. In reality the margin of error will be somewhat wider.

### **Branch 6 (haplotypes 28-32)**

This branch of five haplotypes is presented in the 37 marker haplotypes, and there are only three haplotypes in the 67 marker format. Its base haplotype is:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 10 19  
24 15 15 19 21 33 39 12 11-- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 17 10 12 12 14 8 14 23  
22 12 13 11 13 11 11 12 13

All five haplotypes in the 37 marker format contain 8 mutations from the base haplotype, which gives  $8/5/0.09 = 17.8$  conditional generations, that is 444 years to a common ancestor of Branch 6.

In the 67 haplotype format we have  $5/3/0.12 = 13.9$  generations, that is 347 years to a common ancestor. In the 111 marker format we have  $10/3/0.198 = 16.8$  generations, that is 421 years to a common ancestor. On average, it gives  $404 \pm 51$  years, or, in a rounded form,  $400 \pm 50$  years to a common ancestor of the branch.

Haplotype 2 is sitting on this branch, however, calculations show that it falls out at the extension of the haplotypes: if haplotype 2 is included, the timespan would be 463, 521 and 600 years in the 37, 67, and 111 marker format. Therefore, haplotype 2 belongs to the Branch 1.

### **A timespan to a common ancestor of the whole haplotype tree**

There are two principal ways to calculate a timespan to the overall common ancestor – either to average the whole tree, or to calculate each branch separately (as it was done above) and to determine the overall timespan most accurately. If the tree is symmetrical, that is, if all the branches have the same weight, the two approaches should give the same value.

The 67-marker base haplotypes for Branches 1, 2, 5, and 6, which encircle the tree, differ by 12 mutations (marked):

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
24 16 15 18 20 33 39 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14 23  
22 12 13 11 13 11 11 12 13 (750±150 ybp)

13 **26** 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
24 16 15 18 20 33 39 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14 **25**  
22 12 13 11 13 11 11 12 13 (350±170 ybp)

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 **12** 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
 24 16 15 **19** 20 33 **41** 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14 23  
 22 12 13 11 13 11 11 12 13 (190±20 ybp)

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 **10** 19  
 24 **15** 15 **19 21** 33 39 12 11-- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 **17** 10 12 12 14 8 14 23  
 22 12 13 11 13 11 11 12 13 (400±50 ybp)

It gives  $12/4/0.12 = 25 \rightarrow 26$  generations, or 650 years to a common ancestor from an average age of the base haplotypes. It is 420 years. Therefore, an overall common ancestor lived  $1070 \pm 150$  years before the present, around 940 CE, plus-minus one-two centuries.

In the 111 marker format three available branches (1, 5 and 6) differ by 14 mutations, that is  $14/3/0.198 = 24$  generations, or 600 years plus an average age of the tree branches, which is 450 years. Therefore, an overall common ancestor when analyzed in the 111 marker format lived  $1050 \pm 150$  years ago, which is practically the same figure as above.

If we count all the mutations in the 32 haplotypes in the 37 marker format and in the 24 haplotypes in the 67 marker format, then the overall base haplotype is

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16 – 11 11 19  
 24 16 15 18 20 33 39 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 14 8 14 23  
 22 12 13 11 13 11 11 12 13

and the whole tree contains 121 mutations in the 37 marker format, and 101 mutations in the 67 marker format, which gives  $121/32/0.09 = 42 \rightarrow 44$  generations, or  $1,100 \pm 150$  years to a common ancestor, and  $101/24/0.12 = 35 \rightarrow 36$  generations, or  $900 \pm 130$  years to a common ancestor. All these figures are within the margin of error.

In conclusion, the overall common ancestor of the dataset of 32 Prendergast haplotypes lived between 910 and 1110 CE, plus-minus the margin of error. It is around 1010 CE. It conceptually fits with his participation in the British invasion in 1066.

CONTINUATION:

Please note there has been a much higher mutation rate noticed for the results posted for some members grouped in the Branch 2. It seems it may have some impact on the TMRCA when running the calculations through 37 markers. Your thoughts?

I am having difficulty understanding how to calculate the error % for each TMRCA calculation, using your method. Can you run through an actual calculation for me.

MY RESPONSE:

Now, a few words of explanations regarding your question on calculations of the margins of error. The procedure is based on the assumption of random distribution of mutations in haplotypes. This assumption was proven to be a fact and demonstrated on many father-son pairs studies, and on large haplotype datasets. People who do not have good knowledge on the subject often confuse themselves and misled other by casual observing that mutations in haplotypes in a given dataset are not symmetrical, as supposed to be at their random distributions. However, what they observe is a consequence of a non-symmetrical proliferation of different sub-lineages in the dataset.

Here is an example. We have a dataset, a common ancestor of which had DYS388=12, a very typical allele in this particular marker. However, at some point one of his descendants obtained a mutation DYS388=12→13. Since the marker is very "slow", there was no enough time for other people in the dataset to have a symmetrical mutation 12→11, or a number of mutations 12→13, 12→11, 13→14, 11→10 or whatever (it is like flipping a coin, it is never "symmetrical"). Therefore, the dataset has haplotypes with DYS388=12 and DYS388=13, and nothing else. "12" are descendants of the initial "12" in various sub-lineages in the dataset, and "13" are descendants of the mutated "12". Furthermore, in some situations "13" is much more abundant compared to "12", dues to population bottlenecks, etc. Now, those folks who do not have a professional education in the area, and – more important – who do not want to think in depth, they say – "look, those are not random mutations!" In fact, mutations ARE random, it is evolution of haplotypes which makes a difference. In large datasets, and with extended haplotypes, that "coin flipping" game occurs in EACH marker, and the whole system is mutually compensated. That is why calculations using 25, 37, 67, 111 marker haplotypes typically results in the same TMRCA values, and the larger is the dataset, the tighter are the values, the smaller is the margin or error.

Now, the margin of error is calculated as follows. First, one needs to prove that the whole dataset (or its branch) has one common ancestor. That is why I compose haplotype trees. A tree shows immediately, is it a "symmetrical" one or falls into separate branches. In the last case all calculations must be done for each branch, unless the branches are of the same weight (that is symmetrically encircle

the tree and are of about the same size). An example is shown above, with the Prendergast tree. These calculations using separate branches and the whole tree gave the same overall results, however, if one calculates the whole tree only, he/she is missing data on separate branches-lineages. There are some other criteria how to determine if the dataset has only one (in terms of DNA genealogy) common ancestor, or it has a "phantom common ancestor". The main criterion (besides composing a haplotype tree) is that the "linear" and "logarithmic" methods should give the same TMRCA results. It was published not once, and with many examples.

Back to your main question. The last example given with the Prendergast dataset, when the whole haplotype tree was considered (see above) says: the whole tree contains 121 mutations in the 37 marker format, and 101 mutations in the 67 marker format, which gives  $121/32/0.09 = 42 \rightarrow 44$  generations, or 1,100±150 years to a common ancestor, and  $101/24/0.12 = 35 \rightarrow 36$  generations, or 900±130 years to a common ancestor. This is how those margin of error were obtained:

- (1) Take a reciprocal square root of 121 (mutations), it is 0.0909
- (2) Take a square of it:  $0.0909^2 = 0.0082645$
- (3) Add 0.01 (this is a square of the assumed 10% margin of error in the mutation rate constant), you get 0.182645
- (4) Take a square root of it. You get 0.135.

It means that when a dataset contains 121 mutations, the obtained TMRCA is determined with the margin of error equal to 13.5%. 13.5% of 1100 (years) is 148.5, or 150 (years), when rounded. That is why 1100 years is in fact 1100±150 years to a common ancestor.

This was for the results obtained in the 37 marker format. In the 67 marker format the dataset contained 101 mutations (there were fewer haplotypes in the dataset), so the margins of error will expectedly be wider. Indeed,

- (1) A reciprocal square root of 101 is 0.0995
- (2) A square of it: 0.009901
- (3) Add 0.01: 0.19901
- (4) A square root of it: . You get 0.141.

The margin of error in this particular case is 14.1%, that is slightly higher than that in the former case. It gives 900±130 years to a common ancestor.

Regarding "a much higher mutation rate noticed for the results posted for some members grouped in the Branch 2" and "It seems it may have some impact on

the TMRCA when running the calculations through 37 markers", it is the same illusion as described above with "symmetry of mutations". You look not at "mutation rate" directly, you look at alleles which reflect history of mutations in different lineages without separating them into different branches. As soon as the branches are separated, each of them has a rather stable pattern of mutations. Unfortunately, "academic literature" in population genetics does not separate branches in datasets, this simple concept still did not reach their scientific community. Therefore, their "studies" are full of errors, artificial and naïve "mutation rates" (such as "population mutation rates"), and eventually totally wrong historical descriptions. Alas.

## LETTER 122

If I mail you my DYS (111 segments) and another male DYS (37 segments), with whom I share some 32 markers, will you be kind enough to help me what is the generation range of me and his common ancestor? Both of us are Jewish, Levis, different surname. Both fathers were born in Poland pre-WWII in towns 100KM apart, but had no knowledge of being related. **Both of us are R1a1a-M198.** I am L342 Positive, he does not know (probably yes).

## MY RESPONSE:

All right, there are only 5 mutations between you two in the 37 marker haplotypes. 5 mutations translate to  $5/0.09 = 56 \rightarrow 60$  "conditional" generations (1500 years) between you two, therefore, your common ancestor lived ~ 750 years ago, approximately in the middle of the 13th century. However, with only 5 mutations and in only 37 marker haplotypes a margin of error is rather wide. 111 marker haplotypes will be much more accurate with the dating. The most likely that he also has L342.

## CONTINUATION:

Can you explain please why you did divide the 5 mutations by 0.09? Why the 0.09 figure?

Also, how will the margin of error narrow by obtaining his 111 marker haplotypes?

## MY RESPONSE:

The mutation rate constant for the 37 marker haplotypes is 0.09 mutations per haplotype per a conditional generation of 25 years.

Since there are only 5 mutations between your and his two 37 marker haplotypes, the margin of error is plus-minus 49% (this is ridiculously precise number in this particular case; generally it serves in such a form for large datasets).

In the 111 marker haplotypes the expected number of mutations is 11. The margin of error in this case would be 32%.

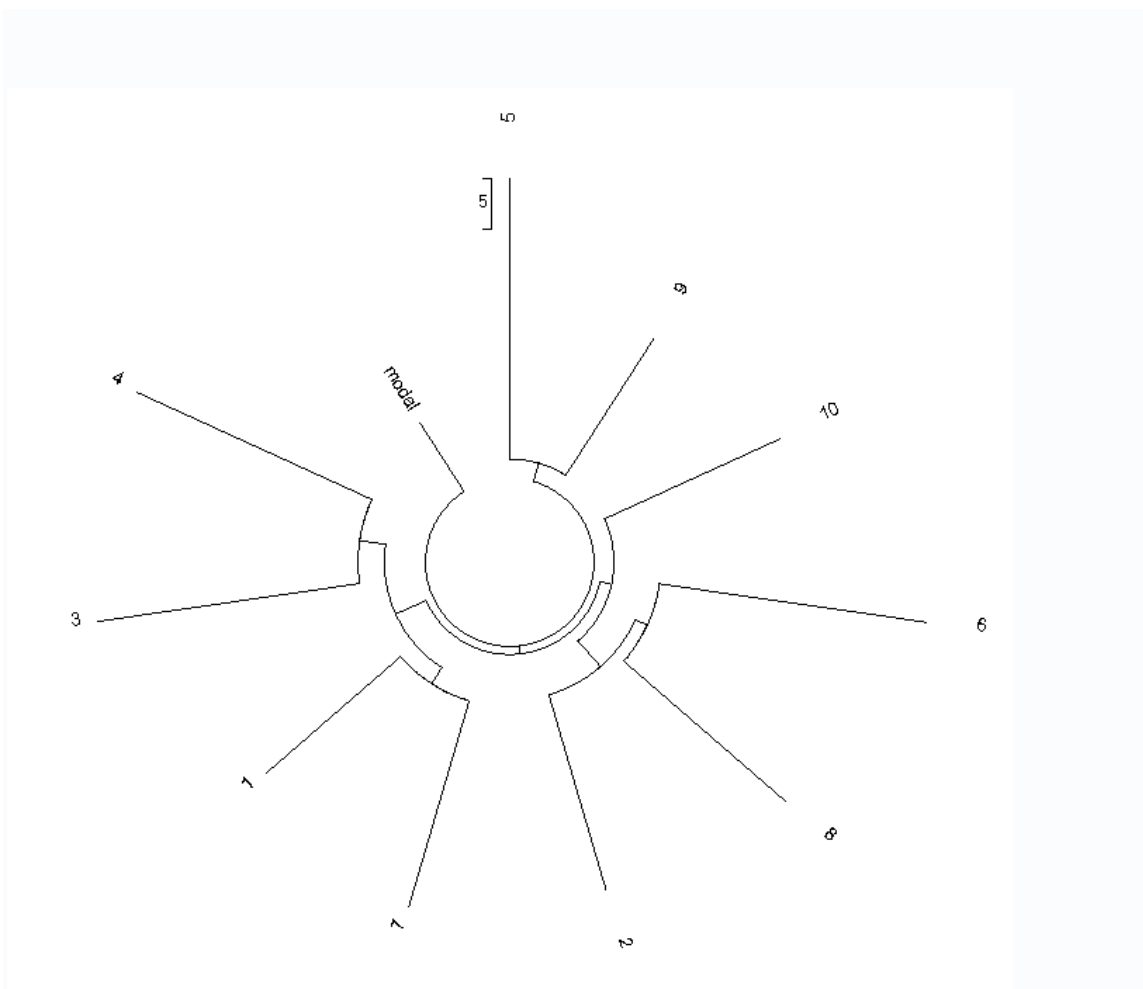
### **ПИСЬМО 123**

Я - башкир, гаплогруппы R1a1, и свой анализ ДНК заказывал через "Родство". У нас существует родословная и начинается она от Майки бия-бия Чингисхана, но насколько она правильная я решил проверить через анализы ближайших родственников и одного человека, предок которого составил эту родословную, он прямой наследник Майки. Направляю наши данные, десять 67-маркерных гаплотипов (здесь не показаны - АК). Как вы оцениваете наши данные по степени родства?

### **МОЙ ОТВЕТ:**

Это - отличная база данных башкирских гаплотипов R1a. Все десять человек в самом деле родственники, с общим предком жившим  $1125 \pm 190$  лет назад, то есть примерно в районе 890 года, плюс-минус пара веков. Я не знаю насчет Чингиз-хана, для этого нужны дополнительные сведения, например, о связи с кланом Борджигинов или что-то подобное, но направление поиска крайне интересное.

Вот как выглядит ваше дерево 67-маркерных гаплотипов. Из немного, но для общего вида и этого достаточно. Ваш гаплотип - номер 5, а потомок предполагаемого основателя рода - номер 3. Вы с ним в разных ветвях, и в частности, потому, что у вас в гаплотипе есть нуль-мутация.



#### ПРОДОЛЖЕНИЕ:

Спасибо! Речь не о родстве с потомками/с самим Чингисханом. Просто есть родословная и в нём начало родословной идёт от Майки бия. Майки бий был старейшиной башкирского рода Табын и жил в 1105-1225 годах и по легенде был очень близко знаком с Чингиз ханом. У Майки бия по разным источникам было 17 сыновей-наследников. Я уже писал, что носителя гаплотипа 3 пра-пра-родитель оставил эту родословную и жил он в современном Татышлинском районе Башкирии. Носитель гаплотипа 4 - из родового подразделения кельсер-табынцев, из Гафурийского района. Можно ли сказать, действительно ли наши родственные связи с носителем гаплотипа 5 образовались после жизни Майки бия, или наши пра-родители жили раньше его?



МОЙ ОТВЕТ:

Вы с гаплотипом 3 расходитесь с самого начала R1a родословной, и принадлежите разным ветвям. У вас - нуль-мутация, у него нет. Нуль-мутации наследуются, но кроме вас ее ни у кого нет. Так что ваша ветвь пока представлена только одним человеком - Вами. Но она не меняет общей картины датировки. Это означает, что либо эта нуль-мутация - ошибочная, либо она образовалась совсем недавно.

В принципе, рядом с вами есть гаплотип 9, но это якобы близкое родство кажущееся, между вами 8 мутаций, то есть общий предок жил  $900 \pm 330$  лет назад, то есть опять расходитесь из глубины веков. Но все-таки ближе, чем от носителя гаплотипа 3, с ним у вас 13 мутаций.

ПРОДОЛЖЕНИЕ:

Меня тоже этот нулевой показатель смущает - я как-то выпадаю из всего ряда. А если это ошибочно или поздняя мутация и у меня тоже 10? или чудес на свете нет?- мы на разных ветках в любом случае?

МОЙ ОТВЕТ:

Нуль-мутация при подсчетах не имеет значения, это всего одна мутация. А между вами и гаплотипов 3 их 13, и разница уходит к самому началу башкирских R1a.

Посчитайте сами, сколько между вами мутаций, разделите на 0.12 (на 67-маркерных гаплотипах), и это будет примерно число 25-летних отрезков времени (условных "поколений"), пробежавших от него до общего предка и обратно к Вам. Это и есть время накопления мутаций. Ясно, что его нужно разделить пополам. Это - без поправок на возвратные мутации, но в первом приближении подойдет. А с поправкой получается  $13/2/0.12 = 54 \rightarrow 57$  поколений, то есть  $1425 \pm 420$  лет.

Если нуль-мутация это ошибка тестирующей компании (это значит, что аллель в этом месте просто не сумели определить), то вы с ним ближе, ер все равно на 12 мутациях друг от друга. Если нуль-мутация есть - то ветви разные, если только нуль-мутация это не буквально 50-100 лет назад. Тогда ветви только сейчас расходятся. Чтобы это узнать, надо больше гаплотипов. Тогда можно рассчитать, когда появилась нуль-мутация.

ПРОДОЛЖЕНИЕ:

Спасибо! Вроде всё понял!

Да, есть кое-какие исторические тексты движения нашего рода, но я думаю, что найти своих будет непросто. Надо примерно три района протестировать, хотя бы человек 20 из всех трех районов, но как всех отследить? В общем, задача.