

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

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

**Volume 5, No. 3
March 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	161
Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the Legendary Aryans as Witnessed by the DNA of Their Current Descendants. <i>Anatole A. Klyosov and Igor L. Rozhanskii (Published in Advances in Anthropology, vol. 2, No. 1)</i>	162
Гаплогруппа Т в Азии и Африке. <i>А.А. Лабай</i>	199
Сравнение аккадской, лакской и арамейской лексики на основе урока для изучения сирияк – современного языка ассирийцев. <i>Р. Омариева</i>	241
Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии (Веды 14, 15). <i>Г. З. Максименко</i>	257
Материалы «в порядке дискуссии» (с Форума «Родство», январь-февраль 2012 г).....	277
1. О подлинности или фальсификации Велесовой книги. <i>Г.З. Максименко</i>	277
2. О временах образования субкладов Z283 (Европа) и Z93 (Азия) гаплогруппы R1a1. <i>И.Л. Рожанский</i>	282
3. О ветвях и датировках гаплогруппы Q и C. <i>И.Л. Рожанский</i>	283
4. Был ли Рюрик угро-финном? <i>И.Л. Рожанский</i>	285
5. Еще о популяционной генетике. <i>И.Л. Рожанский</i>	286
6. Комментарий к вопросу о происхождении киргизов гаплогруппы R1a1. <i>И.Л. Рожанский</i>	287
7. Куда делись гаплотипы миллионов предков? <i>И.Л. Рожанский</i>	290
DISCUSSIONS. <i>Anatole A. Klyosov</i>	292
Letters from the Readers: PERSONAL CASES Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии Part 37, letters 124-127.....	299

**Published in *Advances in Anthropology*, 2012 vol. 2, No. 1, 1-13
Copyright © 2012 SciRes**

**(with some additions – Figs. 2, 3, ref. Keyser et al (2009) and
associated text)**

Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the Legendary Aryans as Witnessed by the DNA of Their Current Descendants

Anatole A. Klyosov and Igor L. Rozhanskii

The Academy of DNA Genealogy
Boston – Moscow – Tsukuba

Received November 15th, 2011; accepted January 10th, 2012

This article aims at reconstructing history of R1a1 ancient migrations between 20,000 and 3,500 years before present (ybp). Four thousand four hundred sixty (4,460) haplotypes of haplogroup R1a1 were considered in terms of base (ancestral) haplotypes of R1a1 populations and timespans to their common ancestors in the regions from South Siberia and northern/northwestern China in the east to the Hindustan and further west across Iranian Plateau, Anatolia, Asia Minor and to the Balkans in Europe, including on this way Central Asia, South India, Nepal, Oman, the Middle East, Comoros Islands, Egypt, etc. This study provides a support to the theory that haplogroup R1a arose in Central Asia, apparently in South Siberia and/or neighboring regions, around 20,000 ybp. Not later than 12,000 ybp bearers of R1a1 already were in the Hindustan, then went across Anatolia and the rest of Asia Minor apparently between 10,000 and 9,000 ybp, and around 9,000-8,000 ybp they arrived to the Balkans and spread over Europe east to the British Isles. On this migration way or before it bearers of R1a1 (or the parent, upstream haplogroups) have developed Proto Indo-European language, and carried it along during their journey to Europe. The earliest signs of the language on passing of bearers of R1a1 through Anatolia were picked by the linguists, and dated by 9,400-9,600-10,100 ybp, which fairly coincides with the data of DNA genealogy, described in this work. At the same time as bearers of the brother haplogroup R1b1a2 began to populate Europe after 4800 ybp, haplogroup R1a1 moved to the Russian Plain around 4,800-4,600 ybp. From there R1a1 migrated (or moved as military expeditions) to the south (Anatolia, Mitanni and the Arabian Peninsula), east (South Ural and then North India), and south-

east (the Iranian Plateau) as the historic legendary Aryans. Haplotypes of their direct descendants are strikingly similar up to 67 markers with contemporary ethnic Russians of haplogroup R1a1. Dates of those Aryan movements from the Russian Plain in said directions are also strikingly similar, between 4,200 and 3,600 ybp.

Keywords: Y Chromosome, Mutations, Haplotypes, Haplogroups, TMRCA, STR, SNP, Indo-European, India, Aryans, R1a1

This study focuses on the origin of Indo-Europeans and the Aryans who entered India (the Hindustan), Iran (Iranian plateau), and Anatolia (Mesopotamia) approximately 3,500 years ago.

The research findings, described in this study, demystify the origin of the Aryans. For nearly two centuries, the “Aryan problem” (essentially – Who were the Aryans? Where did they come from? Where did they disappear? Were they a particular human race, different from others?) has posed many challenges, often controversial and conflicted, for researchers, archeologists and linguists; however, this study opens new ground for our consideration and is based on the data provided by DNA genealogical test results.

The methodology of DNA genealogy, including considerations of extended 67 marker haplotypes, is described in detail in the preceding paper in this journal (Rozhanskii and Klyosov, 2011) and in Materials and Methods section of this article. The 67 marker haplotypes have been introduced to the scientific domain and personal usage several years ago, and available databases containing tens of thousands of 67 marker haplotypes are listed in (Rozhanskii and Klyosov, 2011) and in this paper (Appendix).

First, the following two 67 marker haplotypes of haplogroup R1a1 are presented, belonging to the two authors of this paper:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 – 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16 16 – 11 11 19
23 15 16 17 21 36 41 12 11 – 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23
21 12 13 11 13 11 11 12 13

13 25 15 10 11 14 12 12 12 13 11 30 – 16 9 10 11 11 23 14 20 34 12 12 15 15 – 10 11 19
23 17 16 18 18 34 38 14 11 – 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13 8 13 25
21 13 12 12 13 11 11 12 13

Next, the following are two Indian R1a1 haplotypes, taken arbitrarily from the “Indian FTDNA Project” (the references to Projects are at the end of this paper):

13 24 16 11 11 **14** 12 12 10 13 11 **31** -- 16 9 10 11 11 24 14 20 **33 12 15 15 16** - **10 12 19**
23 15 **17 18 18 35 41 15 11** - 11 8 17 17 8 **12 10 8 11** 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13 23**
21 12 **12 11 13 10 11 12 12**

13 **23** 16 11 **12** 15 12 12 10 13 11 30 - 16 9 10 11 11 24 14 20 **30 12 16 16 16** - 11 **12 19**
23 15 16 **18 21 35 39** 12 11 - 11 8 17 17 8 **12 10 8 11** 10 12 22 22 **16 10 12 12 13 8 14 24**
22 13 13 11 13 11 11 12 12

Both Indian haplotypes contain 24 and 21 mutations with the first haplotype (mutations are shown in bold, and rules of their counting are explained in the paper cited above), and 28 and 36 mutations with the second one. This produces on average 27.25 ± 6.60 pairwise cross-mutations between all four haplotypes; that is, $27.25/0.12 = 227 \rightarrow 292 \pm 55$ conditional generations (25 years each) = $7,300 \pm 1400$ years between two haplotypes on average, or $3,650 \pm 700$ years to a common ancestor of all the four haplotypes (0.12 here is the mutation rate constant for 67 marker haplotypes, see the preceding paper cited above). According to all historical accounts, the Aryans arrived in India in the middle of the 2nd millennium BC, which is approximately 3,500 years ago.

This simplified calculation is based on these four haplotypes that belong to different subclades of R1a1 haplogroup (Z280, M458 and L342.2). However, considering each of the four haplotypes, the first two are from the current Russian-Ukrainian (Indo-European) group, and the second two are from the Indian (Indo-European) group. Both are similar and belong to the same R1a1 haplogroup. Currently, up to 72% of the upper castes in India belong to bearers of the same R1a1 haplogroup (Sharma et al, 2009).

This simplified calculation is given here for illustrative purposes, though four 67 marker haplotypes contain as many as 268 markers, which is quite statistically informative in a first approximation. A much more detailed analysis of Indian and ethnic Russian extended series of R1a1 haplotypes is given in (Klyosov, 2009b, 2011b), and principally the same results were obtained with respect to patterns of mutations in haplotypes, migration routes, and their chronology.

This brings closure to the question of the Aryans’ DNA-related origin and who entered India during the middle of the 2nd millennium CE. They belonged to the R1a1 haplogroup, which is the prevalent one in the present-day Eastern Europe (Russia, Poland, Ukraine, Belarus, in the first one up to 62% of total male population, in the latter three up to 55% of total male population [Klyosov, 2009b, 2011b and references therein]).

There is merit in comparing the Indian haplotypes with the R1b1a2 haplotypes - a group who populates ~ 60% of Europe, living primarily in the British Isles, Spain, France, Belgium, Germany, the Netherlands, and other Central and Western European countries. The typical ancestral haplotype in R1b1a2 haplogroup, dated about 4,800 years before present, is as follows (Klyosov, 2011a):

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 -- 11 11 19
 23 15 15 18 17 36 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22
 20 13 12 11 13 11 11 12 12

There are 48 and 44 mutations between the above and the Indian R1a1 haplotypes shown earlier. This formally places their common ancestor at more than 10,000 years before present and, in fact, much earlier, at least 15,000 years ago. R1b1a2 bearers were not among the Aryans coming to India, and it is very likely that they were not Indo-Europeans then. Specifically, there is no supporting evidence that 4,000 years before present (ybp) bearers of R1b1a2 spoke Indo-European (IE) languages. On the other hand, Central Europe was likely populated by R1b1a2 speakers of non-IE languages. Moreover, there are very few bearers of R1b haplogroup in India, mostly on its Arabian Sea coast, and there were none of the R1b haplogroup among the 367 tested Indian Brahmins (Sharma et al, 2009). Therefore, it is highly unlikely that bearers of the R1b1 (as well as R1b1a2) haplogroup were among the Aryans, and, hence, they were not among those carrying the Indo-European languages elsewhere in those times.

We are left holding two questions: first, from where did the R1a haplogroup arise and, second, what was their migratory route that brought them to (1) the Russian Plain (currently up to 62% R1a1, see above), (2) India and Iran (10-16% R1a1), (3) Anatolia (15% R1a1), (4) the Middle East (up to 7-13% R1a1), and (5) the Arabian Peninsula, where nowadays 2-10% of the population carries the R1a1 haplogroup (Abu-Amero, 2009; Underhill et al, 2009)?

As described in (Klyosov and Rozhanskii, 2011), Europeoids (Caucasoids) appeared ~ 58,000 ybp. They gradually branched to downstream haplogroups and migrated to the west, south and east. Haplogroup NOP, which was among them, arose ~ 48,000 ybp, and moved eastward, presumably towards South Siberia and/or adjacent regions. Haplogroup P arose ~ 38,000 ybp, apparently in South Siberia, and gave rise to haplogroup R and then R1 ~ 30,000 - 26,000 ybp (see the diagram in Klyosov and Rozhanskii, 2011). The timing of haplogroup R1a's appearance can be reconstructed from series of R1a haplotypes, made available from the databases (see the list in Materials and Methods and the

Appendix). The most ancient common ancestors of this haplogroup lived in: northern and northwestern China (in particular, Xinjiang region, which is the south Altai area), in southern Siberia, in the Eastern Himalayas, India and Pakistan, the Comoros Islands, and in Europe, where their bearers apparently migrated from the east during both the remote past and later, for example, with the Scythians.

Northern China R1a Haplotypes

Apparently, the most ancient source of R1a1 haplotypes is provided by the people now living in northern China. It was shown (Bittles et al, 2007) that for a number of Chinese populations, such as Hui, Bonan, Dongxiang, Salars, a percentage of R1a1 haplotypes reached 18-32%. Their haplotypes were not provided in the paper, but the author, Professor Alan H. Bittles, kindly sent us a list of 31 of five-marker haplotypes typed as R1a1, the tree of which is shown in Fig. 1. The haplotypes vary tremendously in their alleles, which already indicates that their common ancestor lived in ancient times. For example, values of DYS19 varied between 14 and 17, DYS388 between 12 and 14, and DYS393 between 10 and 13. It should be noted that mutations in the last two markers occurred on average once in 4,545 and 1,320 generations, respectively. With a correction for back mutations (Klyosov, 2009a) it occurs once in 8,500 and 2,400 generations. The 31 haplotypes contain 99 mutations from the deduced 5 marker base haplotype as shown here in the 12 marker FTDNA format with missing alleles indicated:

13 X 14 X X X X 12 X 13 X 30

This extent of mutations, which can be presented as $99/31/5=.639\pm.064$ mutation/marker, is a very high value. Actually, it is a measure of how ancient a common ancestor might be (for a comparison, contemporary European R1a1 and R1b1a2 haplotypes are separated by .250-.270 mutations from their common ancestors, see Klyosov 2011a, b). It can also be presented as $99/31/.00677 = 472 \rightarrow 683$ conditional generations; that is, it is $17,100\pm 2,400$ years to the common ancestor of these 31 haplotypes (explanations and examples of calculations are given in Materials and Methods). The value of .00677 mutation/haplotype for conditional generation is the mutation rate constant for the 5 marker haplotypes (Klyosov, 2009a).

Since these haplotypes descend from such an ancient common ancestor and contain numerous mutations, this makes their deduced base (ancestral) haplotype rather uncertain. Therefore, the quadratic permutation method was employed for the same set of haplotypes (Klyosov, 2009a). This method does not require either a base haplotype or a correction for back mutations. The obtained

timespan is $19,625 \pm 2,800$ years to a common ancestor (see Materials and Methods for calculations). This result is within the margin of error with that calculated by the above linear method.

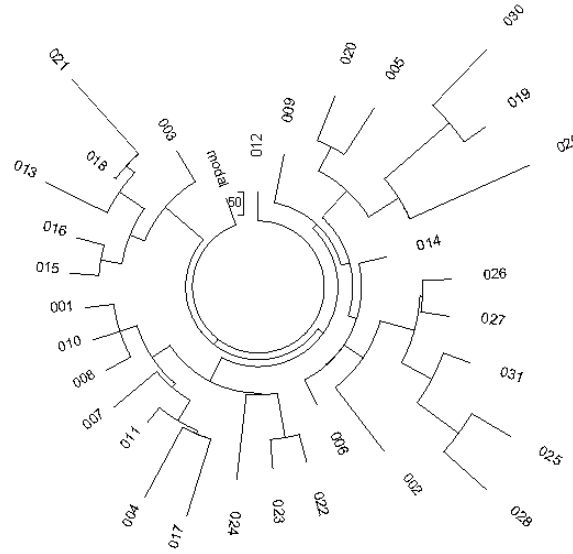


Figure 1. The 5-marker haplotype tree for R1a1 haplotypes in Northern China. The 31-haplotype tree was composed from data provided by Dr. A.H.Bittles and collected in ethnic communities Hui, Bonan, Dongxiang, and Salars (Bittles et al, 2007) (no haplotypes were provided in the referenced article). A fraction of R1a1 haplogroup in said populations is 18%, 25%, 32%, and 22%, respectively (ibid.)

Therefore, haplogroup R1a arose at approximately 20,000 ybp with the territory geographically belonging to Central Asia.

R1a1 Haplotypes from Altay

Thirteen Altay R1a1 haplotypes were listed in (Underhill et al, 2009), 12 of which showed a rather recent base haplotype (the last marker is DYS461):

13 26 16 11 X X X 12 11 14 11 31 – 10

These 12 haplotypes have only 7 mutations per 120 markers from the above base haplotype, which gives $7/120 / .0018 = 32 \rightarrow 33$ generations; that is, 825 ± 320 years to a common ancestor. The same set of the Altayan haplotypes in a different format is given in (Järve et al, 2009), with the base haplotype (not listed in the cited paper)

13 26 16 11 11 17 X X 11 14 11 31

and the same 7 mutations per 120 markers. Therefore, this exactly correlates to the same timespan to that of the common ancestor as given above. The same set of the Altayan haplotypes was given in (Järve et al, 2009) in a significantly more extended format, with the base haplotype (the second panel represents DYS 458, 437, 448, GATAH4, 456, 438, 594, 411S1 [two alleles], 596, 643, 645, 635, YPenta1, YPenta2):

13 26 16 11 11 17 X X 11 14 11 31 – 15 14 19 11 15 11 8 10 11 9 10 8 23 11 10

All 12 haplotypes in the extended format collectively contain the same 7 mutations. In other words, the added 15 “slow” markers did not produce mutations, and is an indicator of a quite recent common ancestor of the haplotype dataset. However, this base haplotype differs by 6 mutations from the base haplotype of the Russian Plain, which in the same format is

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 – 10

and by 12 mutations from the Russian Plain base haplotype in the extended format:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 – 15 14 20 12 16 11 10 10 11 10 10 8 23 11 10

(a more extended 67 marker base haplotype of the Russian Plain is shown below). These 6 and 12 mutations exactly fit the difference between the respective mutation rate constants for the two haplotype formats, equal to 0.020 and 0.0404 mutations per haplotype per generation, respectively (see Material and Methods). These mutation differences place a common ancestor of the Altayan and the Russian Plain haplotypes at 8,100 ybp.

An additional Altayan haplotype from the list

14 24 17 11 11 15 X 12 12 10 13 11 31 – 15 14 20 13 15 11 10 10 12 10 10 9 24 11 8

differs by as much as 20 mutations from the above base Altayan haplotype, and by 12 mutations with the Russian Plain base haplotype. This places their common ancestors at 10,400 and 7,300 ybp, respectively.

R1a1 Haplotypes in Tuva

Four R1a1 haplotypes from Tuva, the region which borders with Altay in Southern Siberia, north of Mongolia, were listed in (Underhill et al, 2009; Järve et al, 2009). Three of them are identical in all their 26 markers

13 26 15 9 11 14 X 12 10 13 11 30 – 18 14 19 12 16 11 10 10 11 10 10 8 23 11 8

and significantly differ, by as many as 20 mutations, from the fourth one, which belongs to the lineage found among the Altayans:

13 25 16 11 11 17 X 12 11 14 11 31 – 15 14 19 11 15 11 8 10 9 10 10 8 23 11 10

They also differ by 12 mutations from the Russian Plain base haplotype. This places a common ancestor of the Tuva R1a1 haplotypes at 10,000 ybp and also with the Russian Plain base haplotype by 7,300 ybp.

What emerges from the analysis of the data is that the Altayan and the Tuva haplotypes have apparently the same ancient R1a1 common ancestor, who lived 10,000 - 10,400 ybp. However, the surviving DNA lineages, which “surfaced” only recently, particularly in Tuva, are different in Tuva and in Altay, though all coalescent to said ancient common ancestor.

R1a1 Haplotypes in Andronovo, Tagar and Tahtyk Archaeological Cultures Dated 3800-3400 years ago (this section was added after the paper was published)

Archaeological studies have been conducted since the 1990's in the South Ural's Arkaim settlement and have revealed that the settlement was abandoned 3,600 years ago. The population apparently moved to Northern India. That population belonged to Andronovo archaeological culture. Excavations of some sites of Andronovo culture showed that nine inhabitants out of ten shared R1a1 haplogroup and haplotypes (Bouakaze et al., 2007; Keyser et al, 2009) as follows, the oldest dating between 3,800 and 3,400 years bp:

13-25(24)-16(17)-11-11-14-X-X-10-13(14)-11-31(32)

One can see that the ancient R1a1 haplotypes quite differs from the Altayan base haplotype (see above)

13 26 16 11 11 17 X 12 11 14 11 31

by deviating from it by 6-9 mutations. This places their common ancestor at 7,400-12,000 ybp. On the other hand, the ancient excavated haplotypes fit pretty well to the Russian Plain base haplotype in the same format

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30

and differ from the latter by only one mutation (in DYS389-1), which in fact is only a fractional mutation, and places their (that if the Russian Plain and the Andronovo R1a1) common ancestor at 4,550-4,800 ybp. This is the Russian Plain common ancestor himself. NOTE: one full mutation between two of 12 marker haplotypes translates to 1,325 years of the “lateral” difference between them, and 0.5 (fractional) mutation translates to 500 years between them.

In short, it looks quite plausible that the R1a1 bearers (the Aryans) who left the Russian Plain 4500 years bp had reached the regions of Andronovo archaeological culture by 3800-3400 ybp, that is 800-1,100 years later. It fits the archaeological data, it fits the pattern of mutations in the excavated R1a1 haplotypes and contemporary haplotypes of the ethnic Russians, it fits the reasonable timeframe for the eastward migration.

In a subsequent paper (Keyser et al, 2009) the authors have extended the earlier analysis and determined 17-marker haplotypes for 10 Siberian individuals assigned to Andronovo, Tagar, and Tashtyk archaeological cultures. The same nine of them shared R1a1 haplogroup (one was of CxC3 haplogroup). The authors have reported that “none of the Y-STR haplotypes perfectly matched those included in the databases”, and for some of those haplotypes “even the search based on the 9-loci minimal haplotype was fruitless”. However, as Figure 2 shows, all of the haplotypes nicely fit to the 17-marker haplotype tree of 252 Russian R1a1 haplotypes (with a common ancestor of $4,750 \pm 490$ ybp, calculated using these 17-marker haplotypes [Klyosov, 2009b]), a list of which was published (Roewer et al, 2008). All seven Andronovo, Tagar and Tashtyk haplotypes (the other two were incomplete) are located in the upper right-hand side corner in Figure 2, and the respective branch on the tree is shown in Figure 3. As one can see, the ancient R1a1 haplotypes excavated in Siberia, are comfortably located on the tree next to the haplotypes from the Russian cities and regions named in the legend to Figure 3.

The above data provides rather strong evidence that the R1a1 tribe migrated from Europe to the East between 5,000 and 3,600 years bp. The pattern of this migration is exhibited as follows: 1) the descendants who live today share a common ancestor of $4,800 \pm 500$ years prior, 2) the Andronovo (and the others) archaeological complex of cultures in North Kazakhstan and South and Western Siberia dates 4,300 to 3,500 years bp, and it revealed several R1a1 excavated

haplogroups, 3) they reach to South Ural some 4,000 years bp, is where they built Arkaim, Sintashta (contemporary names) and the so-called “a country of towns” on South Ural around 3,800 ybp, 4) by 3,600 ybp they abandoned the area and moved to India under the name of Aryans. The Indian R1a1 common ancestor of 4,050±500 years bp chronologically corresponds to the events (see below).

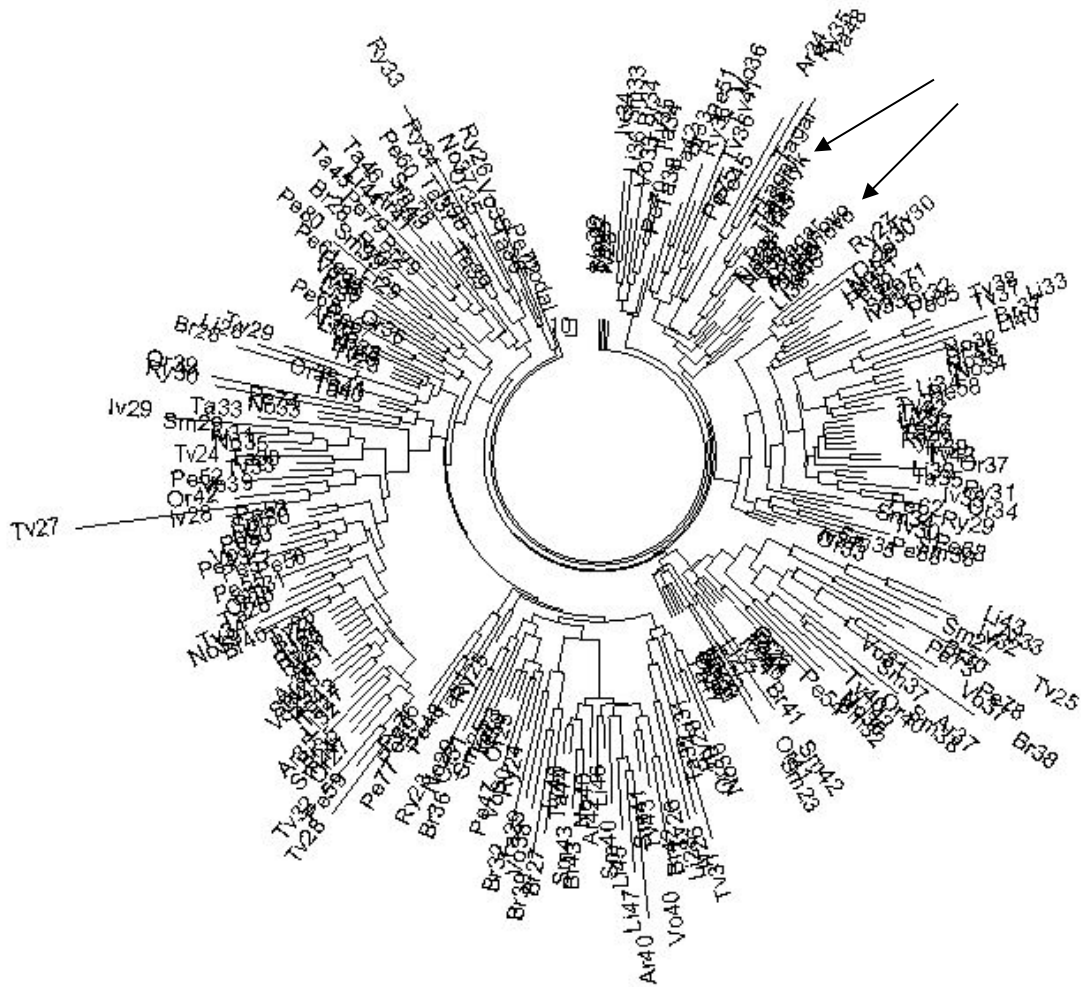


Figure 2. The 17-marker haplotype tree for R1a1 haplotypes of ethnic Russians, to which seven ancient (excavated) Andronovo, Tagar, and Tashtyk haplotypes were added (their positions are indicated with the arrows; two more haplotypes were identical with two from the selection. See also Figure 3). The 262-haplotype tree was composed from data of (Roewer et al, 2008) for the Russian haplotypes, and (Keyser et al, 2009) for the ancient R1a1 haplotypes.

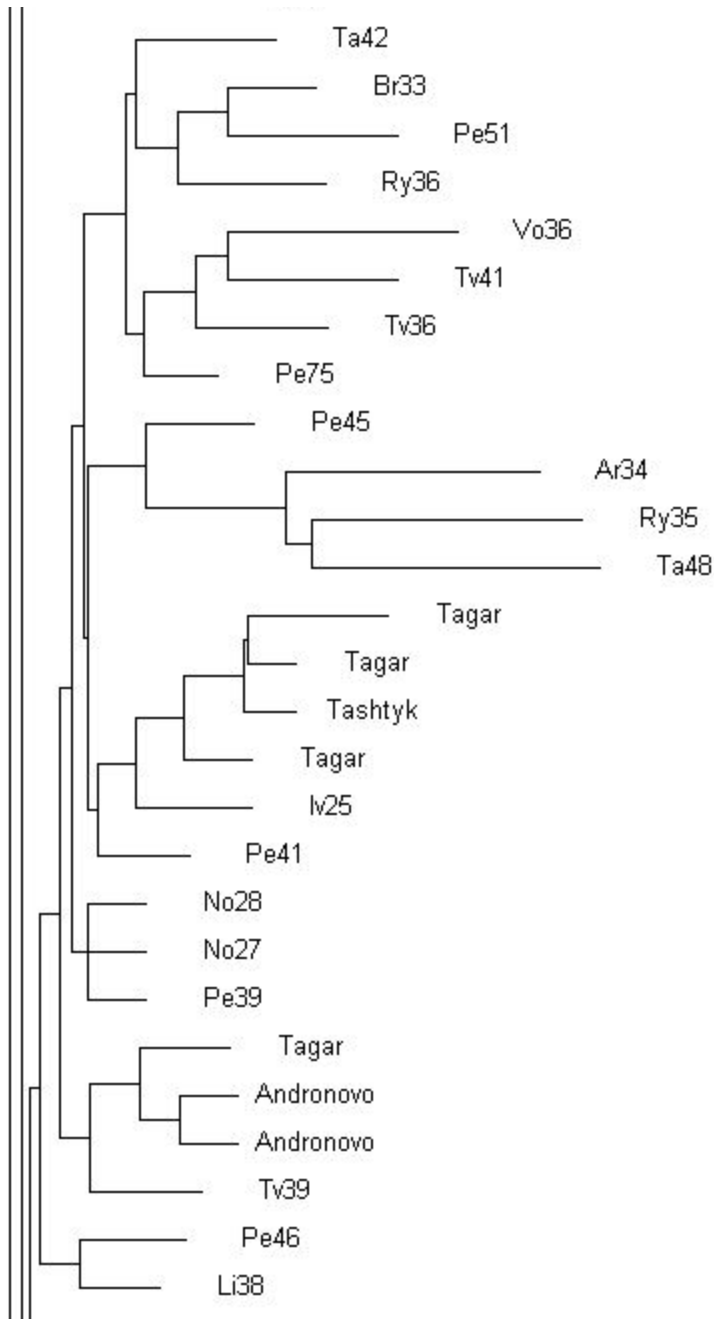


Figure 3. A fragment of the 17-marker haplotype tree for R1a1 haplotypes of ethnic Russians, to which seven ancient (excavated) Andronovo, Tagar, and Tashtyk haplotypes were added (Figure 2). Two-letter designations for the Russian regions are as follows: Ar - Archangelsk, Br - Bryansk, Iv - Ivanovo, Li - Lipezk, No - Novgorod, Pe - Penza, Ry - Ryazan, Ta - Tambov, Tv - Tver, Vo - Vologda.

R1a Haplotypes in the Eastern Himalayas

Five R1a1 haplotypes were listed in (Kang et al, 2011), which showed a rather recent base haplotype (the last two markers are DYS437 and DYS438):

13 25 15 10 11 14 13 14 10 13 11 30 – 14 11

These 5 haplotypes have only 4 mutations from the above base haplotype, which gives $4/5/.0215 = 37 \rightarrow 38$ generations; that is, 950 ± 480 years to a common ancestor. However, the above base haplotype has very unusual (for R1a haplogroup) alleles DYS426 = 13, and DYS388 = 14, and differs by 5 mutations with the Russian Plain base haplotypes. This places their common ancestor at 6,650 ybp. This is clearly a separate branch of ancient R1a haplotypes in Eastern Himalayas.

R1a Haplotypes in India and Pakistan

There are two principal sources of haplotypes of haplogroup R1a in the Hindustan. One was brought by the Aryans in the middle of the 2nd millennium BC, as it was described above, and supported below with more extended series of Indian haplotypes. A timespan to the most recent common ancestor of these haplotypes varies between 4,000 and 4,600 ybp, and often around 4,050 ybp, depending on a particular haplotype datasets. The base (ancestral) haplotype of the Aryan (Indo-European) haplotype in its 12 marker format is

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30

This haplotype is nearly identical to that of the Russian Plain base (see below), except the latter came from a common ancestor who lived between 4,600 and 5,000 ybp as determined using different haplotype datasets (Klyosov, 2009a; Klyosov, 2011b).

A more ancient source is presumably the South Siberian and/or Central Asian haplotypes brought to the Hindustan during the westward migrations of R1a bearers between 20,000 and 10,000 ybp. Some studies alleged that the most ancient common ancestors of R1a haplotypes were Indian; however, the results were flawed by erroneous calculations of timespans using incorrect “population mutation rates” (see their description and discussion in Klyosov, 2009a, c, and references therein), which routinely converted the actual 3,600-4,000 ybp (“Indo-European” R1a1 in India) into 12,000-15,000 ybp. This was erroneously claimed as the proof of “origin of R1a in India.” Furthermore, high percentages of R1a in some regions in India or in some ethnic and/or religious groups (such as Brahmins) were incorrectly claimed as the proof of the origin of R1a in India

(Kivisild et al, 2003; Sengupta et al, 2006; Sahoo et al, 2006; Sharma et al, 2009; Thanseem et al, 2006; Fornarino et al, 2009). The application of the flawed approach resulted in confusion amongst researchers in the field of human population genetics over the last decade. The course of research is hopefully corrected by the application of today's most recent developments of DNA genealogy, which utilizes a principally different methodology (Klyosov, 2009a,b,c; Rozhanskii and Klyosov, 2011; Klyosov, 2011b).

Forty-six of 6 marker R1a1 haplotypes of three different tribal population of Andra Pradesh, South India (tribes Naikpod, Andh, and Pardhan) listed in (Thanseem et al, 2006) and shown in the haplotype tree in Fig. 4, contain 126 mutations; that is $.457 \pm .041$ mutations per marker (the mutation rate constant equals $.0123$ mutation/haplotype/generation, Klyosov, 2009 a). It gives $7,200 \pm 960$ years to a common ancestor (see Material and Methods for calculations). The base (ancestral) haplotype of those south Indian populations in the FTDNA format is as follows:

13 25 17 9 X X X X X 14 X 32

This differs from the north-Indian "Indo-European" haplotype (see above) by four mutations on six markers, which places their most recent common ancestor to approximately 11,600 ybp (see Materials and Methods for calculations).

The ancient north China R1a1 base haplotype (see above) differs from the Andra Pradesh R1a1 base haplotype by at least 5 mutations on the 5 available markers, which places their common ancestor at approximately 22,000 ybp. Within a margin of error, it can be deduced that this is the same common ancestor of the north China haplotypes. This mutational difference neatly fits the chronology and direction of the migration, which continues from the ancient (non Indo-European) Indian haplotypes to the Indo-European Indian haplotypes with their common ancestor (non-IE and IE) who lived approximately 11,600 ybp. Also, this data dovetails with the timing of the follow-up migration of R1a1 bearers from Hindustan via Asia Minor (with a detection of the proto Indo-European language in Anatolia with estimated divergence time of 9,400-9,600-10,100 ybp, see Gray and Atkinson, 2003; Renfrew, 2000; Gamkrelidze and Ivanov, 1995) to Europe (with the arrival 10,000-8,000 ybp, see below) and then to the Russian Plain (5,000-4,800 ybp, see below).

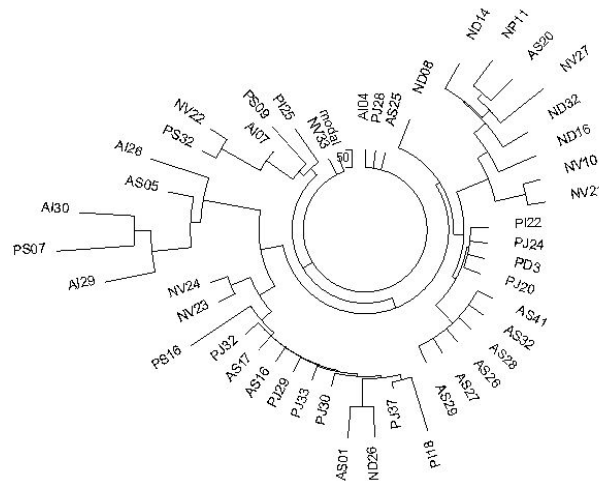


Figure 4. The 6-marker haplotype tree for R1a1 haplotypes in Andhra Pradesh (tribes Naikpod, Andh, and Pardhan), South India. The 46-haplotype tree was composed from data listed in (Thanseem et al, 2006). The designations of haplotypes are those used in the article.

The analysis of this data and of these findings essentially unites most, if not all, concepts of the “origin of Indo-European language” which have, at various times, placed the “origin” from India to Iran, Anatolia, the Balkans, to the Russian Steppes (Gimbutas, 1973, 1994; Mallory, 1989; Dixon, 1997; Anthony, 2007), except that they were related not to the “origin,” but to the passing areas of the R1a1 migration.

Population geneticists typically mix DNA lineages and branches in their analysis whereby “phantom common ancestors” emerge. This is exemplified with 110 of 10-marker R1a1 haplotypes of various Indian populations, both tribal and Dravidian and Indo-European castes, listed in (Sengupta et al, 2006). The resulting mixed haplotype tree is shown in Fig. 5. It contains 344 mutations, which is .313 mutations per marker, and results in a “phantom” 5,275 years to a “common ancestor,” just between the shown above 7,180±960 years for non-IE and 4,050±500 IE Indian haplotypes.

For a comparison, consider the Pakistani R1a1 haplotypes listed in the Sengupta (2006) paper (Fig. 6). Forty-two haplotypes contain 166 mutations, which give .395±0.031 mutations per marker, and 6,800±860 years to a common ancestor. This value fits within margin of error to the “south-Indian” 7,200±960 ybp; however, the base (ancestral) haplotypes differ significantly. The base Pakistani haplotype is as follows (in the FTDNA format plus DYS461):

13 25 17 11 X X X 12 10 13 11 30-- 9



Figure 5. The 10 marker haplotype tree for R1a1 haplotypes in India (mixed population, including tribes and castes). The 110-haplotype tree was composed from data listed in (Sengupta et al, 2006). The article contains 114 Indian R1a1 haplotypes, however, four of them were incomplete.

It differs from the south Indian “non-IE” and the north Indian “IE” base haplotypes by four and two mutations on six markers, respectively. This places a common ancestor of the Pakistani and the south Indian “non-IE” R1a1 populations at approximately 12,980 ybp which is within margins of error with the 11,600 ybp reported above as the migration time through the Hindustan westward. The two mutations place a common ancestor of the Pakistani and the “Indo-European” Indian populations more recently, at 7800 ybp. This chronological trend might also point in the direction of the ancient migration of R1a1 westward.

A more detailed consideration of the Pakistani R1a1 haplotypes, including separate calculations of each of the four branches in Fig. 6, results in a timespan of 8,650 years to a common ancestor for all of these branches (Klyosov, 2010a). In all, it does not change the principal conclusions of this section.

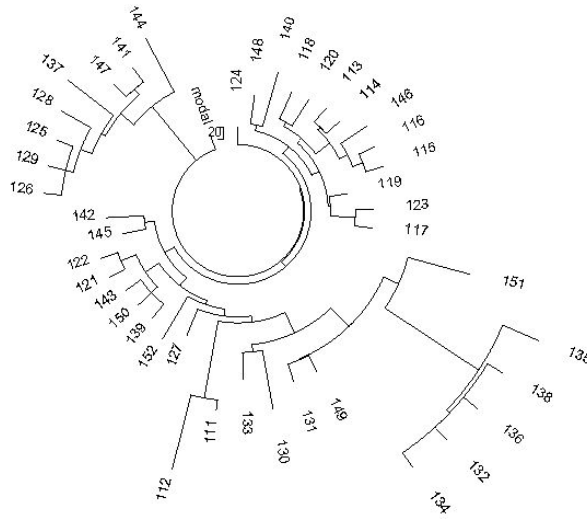


Figure 6. The 10-marker haplotype tree for R1a1 haplotypes in Pakistan. The 42-haplotype tree was composed from data listed in (Sengupta et al, 2006).

R1a1 Haplotypes in Central Asia

Ten 10-marker Central Asian haplotypes were listed in (Sengupta et al, 2006). They contain 27 mutations from the base haplotype

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 31-- 9

which gives $.270 \pm .052$ mutations per marker, and $4,300 \pm 940$ years to a common ancestor. It is the same value that we have found for the Russian Plain and "Indo-European" Indian base R1a1 haplotypes.

Both the Central Asian base haplotype and the dating of a common ancestor described above are supported by the latest data on extended 67 marker haplotypes that were collected in November 2011 in the R1a1 FTDNA Project. The Central Asian base haplotype was as follows:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 -- 11 11
 19 23 15 15 18 19 34 38 14 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8
 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

This is identical to the above-mentioned Central Asian 10-marker base haplotype in all the given alleles. A common ancestor for the series of the extended haplotypes lived 3650 ± 590 ybp. The Central Asian base haplotype differs from the Russian Plain base haplotype (Rozhanskii and Klyosov, 2009) by only 4

mutations in the 67 markers. This separates them in terms of the time of their common ancestors

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 16 18 19 34 38 13 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8
14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

by only $4 / .12 = 33 \rightarrow 34$ conditional generations; that is by ~ 850 years.

The result is compelling and provides an exact fit with the expected migration pattern of the R1a1 haplogroup from the Russian Plain ($\sim 4,600-4,400$ ybp) to Central Asia ($3,650 \pm 590$ ybp) on their way to the South Urals and to the Hindustan.

What these findings suggest is that there are two different subsets of the Indian R1a1 haplotypes. One was brought by European bearers known as the Aryans, seemingly on their way from the Russian Plain through Central Asia in the middle of the 2nd millennium BC. The other was much more ancient and migrated from South Siberia/northern China to India 12,000 years ago. This migratory wave continued through the Iranian Plateau westward (via Anatolia and the rest of Asia Minor), to the Balkans and then further into the European continent.

R1a1 Haplotypes of the Comoros Islands

Fifteen R1a haplotypes have been found among 381 tested men on the Islands. Three of them were R1a*-SRY10831a, and twelve were R1a1 (Msaidie et al, 2011). The cited study did not generate any chronological estimates based on the haplotypes, and considered only 8 marker haplotypes (for a typical "population genetics" analysis without separation of haplogroups) while, in fact, determined 17 marker haplotypes.

The base haplotype for said 12 R1a1 haplotypes is as follows:

13 24/25 15 11 12 14 X X 10 13 11 18 - 16/17 14 19 12 15 11 23

All have 104 mutations; that is, $.51 \pm .05$ mutation per marker. This high value points at a significantly more ancient common ancestor compared with the that in the Russian Plain, Central Asia and the Indo-European Indian R1a1 populations (.28, .27, .24 mutations per marker, respectively). Furthermore, it is more ancient compared with the old south Indian and Pakistani R1a1 populations (0.457 and 0.395 mutations per marker, respectively, see above).

Indeed, a common ancestor of the Comoros R1a1 haplotypes lived $.51/0.02 = 255$
→ 340 conditional generations; that is, $8,500 \pm 1,190$ ybp.

For a comparison, the Russian Plain base haplotype in the same format is as follows:

13 25 16 11 11 14 X X 10 13 11 17 - 15 14 20 12 16 11 23

It differs by as many as 7 mutations from the Comoros base haplotype. This places their common ancestor at 9,900 ybp. It is reasonable to suggest that this common ancestor was one of those R1a1 who were moving westward along the Iranian plateau and Asia Minor almost 10,000 ybp. Indeed, the dating around 9,900 ybp is rather typical for archaeological settlements in Asia Minor with known dates of 10,200, 9,900 and 9,000 ybp (Myres et al, 2010). It is not necessarily true that the bearers of R1a1 were in the Comoros Islands 9,900 ybp since it is known that the Persian traders had expanded their maritime routes to Madagascar by 700-900 AD (Msaidie, 2011).

R1a1 Haplotypes in the Arabian Peninsula

Sixteen R1a1 10 marker haplotypes from Qatar and United Arab Emirates were published (Cadenas et al., 2008). They split into two branches, and their base haplotypes

13 25 15 11 11 14 X Y 10 13 11 30
13 25 16 11 11 14 X Y 10 13 11 31

differed by only one mutation. Their common ancestor lived $3,750 \pm 825$ years bp. Since a common ancestor of R1a1 haplotypes in Armenia and Anatolia lived $4,500 \pm 1,040$ and $3,700 \pm 550$ years bp, respectively (Klyosov, 2008), the three dates do not conflict with each other. They were not part of the ancient migrations of 12-9 thousand ybp, but they were most likely on the military expeditions of the (Aryan) R1a1 from the Russian Plain southward through Anatolia, Mitanni, and to the Middle East and the Arabian Peninsula around 4,000-3,600 ybp. As mentioned earlier, today there are between 3% and 9% of R1a1 in those regions, among them members of famous tribes such as Quraish/Quraysh (Muhammad, the founder of the religion of Islam, was born into the Quraysh tribe), Al Tamimi (Banu Tamim) and others.

Much more reliable data are obtained with extended 67 marker haplotypes from the Arabic FTDNA project. Twenty-seven haplotypes from Qatar, Kuwait, Saudi Arabia, UAE, Oman, Bahrain and Syria form a separate branch on the haplotype tree and result in the following base haplotype:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 -- 11 11
 19 23 15 16 18 19 35 38 13 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8
 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Therein 499 mutations exist and $499/27/0.12 = 154 \rightarrow 182$ generations; that is, $4,550 \pm 500$ years from a common ancestor of the Arabic haplotypes - practically the same as that for the Russian plain R1a1 common ancestor (see above). The two differ by only 1.4 mutations in all the 67 markers; that is, $1.4/0.12 = 12$ generations apart, a ~ 300 year difference between the Russian Plane R1a1 common ancestor and the Arabic haplotypes common ancestor. The exception being that the Arabic haplotypes are typically coupled with the downstream L342 SNP mutation. The difference places their common ancestor at $\sim 4,825$ ybp, which is the Russian Plain base (ancestral) haplotype. This is the same Aryan haplotype that was brought $\sim 4,500$ ybp from the Russian Plain in a star-like manner to India, Iran, Anatolia, the Arabian Peninsula to arrive there a thousand years later, in the middle of the 2nd millennium BC.

Recent developments in the phylogeny of R1a1 haplotypes coupled with the DNA genealogy analysis have shown that the migrations of R1a1 from the Russian Plain in the described star-like manner were accompanied with the R1a1-L342 (around 4,400 ybp) and then its downstream L657 subclade. The L342 subclade is almost absent on the Russian Plain, and it appears in the Bashkir population in the east, in Kazakhstan (L342 \rightarrow L657) south-east, in India (L342 \rightarrow L657), and in the Middle East (including the Arabian Peninsula, L342 \rightarrow L657). It shows primary directions of the Aryan (R1a1) migrations after $\sim 4,800$ ybp.

The Arabian R1a1-L657 haplotypes along with all known Iranian, Indian and Kazakh L657 haplotypes have the following L657 base haplotype:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 31 -- 16 10 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 -- 11 11
 19 23 15 16 18 19 35 40 14 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 14 8
 13 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Its common ancestor lived $3,000 \pm 400$ ybp. The above base haplotype differs by 9.85 mutations from the Russian Plain base haplotype (some mutations are fractional ones), which places the R1a1-L657 and R1a1 Russian plain common ancestor at $5,000 \pm 600$ years bp.

R1a1-L342 Bashkir and Szekely/Seklers (Hungarian) Haplotypes

As noted in the preceding section, migrations of the ancient Aryans eastward (and in some cases westward, as illustrated below with the Szekely L342 R1a1

haplotypes) have resulted in the appearance of the downstream R1a1 subclades, such as L342, among the Bashkirs. The respective L342 base haplotype is as follows:

13 24 16 11 11 15 12 12 12 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 15 -- 11 10
19 23 16 15 19 19 35 38 14 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 10 22 22 15 10 12 12 13 8
14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Their common ancestor lived only $1,300 \pm 250$ ybp; however, the base haplotype differ by as many as 14 mutations from the Russian Plain base haplotype. This places their common ancestor, for the Bashkirs and the Russian Plain, at $4,700 \pm 500$ ybp. This is again the Aryan R1a1 common ancestor on the Russian Plain.

There is quite a distant L342 lineage among descendants of Hungarian Szekely servicemen, recorded in the first 1602 military census. The lineage is only 675 ± 260 years "old". However, its base haplotype

14 23 17 11 11 14 12 12 10 14 11 32 - 17 9 10 11 11 24 14 20 31 12 14 15 15 -- 11 12 19
23 16 15 20 19 34 38 13 11

contains as many as 15 mutations in the first 37 markers from the respective L342 Bashkir base haplotype. This places their common ancestor to $3,500 \pm 400$ ybp. It apparently reflects migrations of R1a1-L342 bearers from the Ural region westward to Transylvania along with Finno-Ugric migrations of those times.

R1a Haplotypes Along the Ancient Migration Path from South Siberia to Europe

Three principal studies have been published recently, that contain hundreds of R1a1 haplotypes from all over the world (Underhill et al, 2009; Zhong et al, 2010; Shou et al, 2010). Analysis of those haplotypes and the chronology of their common ancestors have not been undertaken by the authors of these studies. Figs. 7-9 show general views of R1a1 haplotype trees, that were calculated from the data. The purpose for including pictures of these trees was not to analyze their fine structure in detail (Klyosov, 2010a, b), but to demonstrate their complex multi-branch structure, hence, ancient origins. For example, relatively young trees (young "age" of their common ancestor) are often rather symmetrical and relatively uniform, such as the Russian Plain R1a1 haplotype tree with a common ancestor 4600 ybp (Fig. 10).

Analysis of R1a1 haplotypes and their branches on the trees in Figs. 7-9 shows that their ancient common ancestors lived in south Siberia and Altay (belonging

to both south Siberia and Central Asia). Their ancient descendants carried the R1a1 haplogroup while migrating from North and North-Western China, across Tibet and Hindustan, and then along the Iranian Plateau, from Asia Minor and finally into Europe. Some remnants of ancient R1a1 were left in Cambodia, Nepal, Oman, Israel, Iraq, Egypt, Crete, the Caucasus, Russia, Estonia (the respective haplotypes are recovered from data published in Underhill et al, 2009,

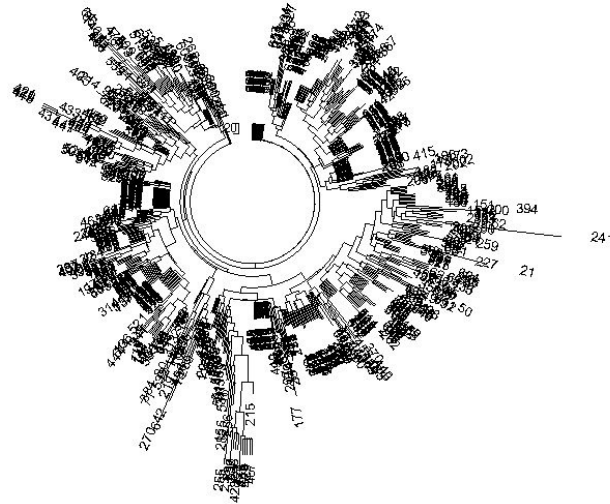


Figure 7. R1a1 10 marker 638-haplotype tree from all over the world, composed based on data published by Underhill et al (2009).

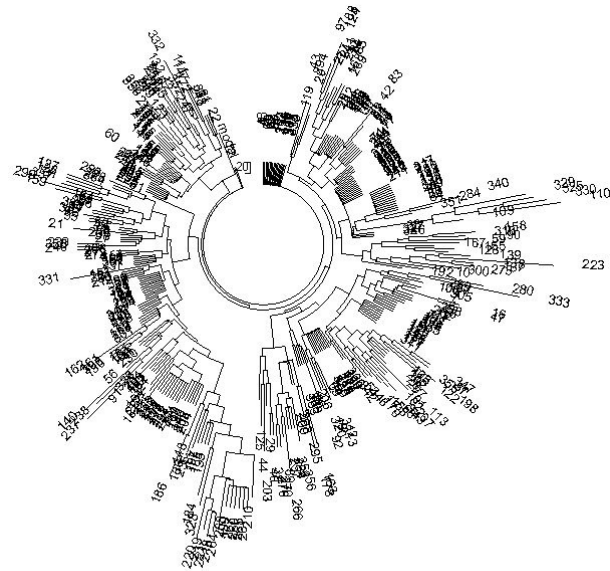


Figure 8. R1a1 8 marker 365-haplotype tree from all over the world, composed based on data published by Zhong et al (2010).

Zhong et al, 2010, Shou et al, 2010). Results of the dynamics of mutation in these haplotypes significantly differ from those in the contemporary European R1a1, except one ancient and distinct lineage of R1a1 in Europe (see below). Their common ancestors as thusly reconstructed, lived from 20,000 ybp in south Siberia/northern China through 12-11,000 ybp in Hindustan and 6,900 ybp in Uyghurs in north-western China.

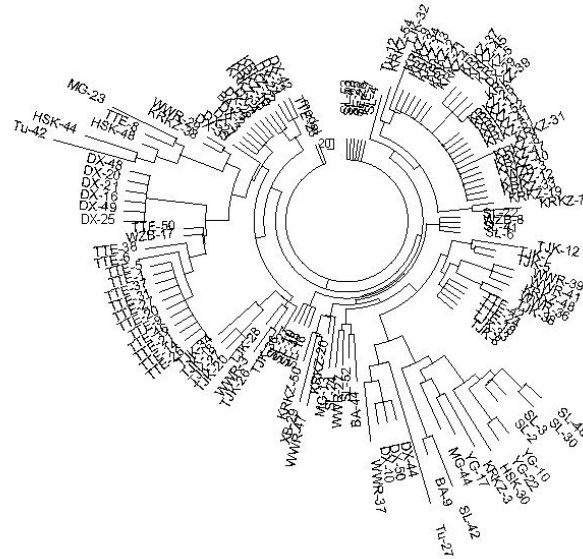


Figure 9. R1a1 8 marker 131-haplotype tree collected in North-Western China, composed based on data published by Shou et al (2010) . The lower right branch consists of R1* haplotypes.

Typically, ancient common ancestors are recognized by the distinct DYS392=13, unlike typical DYS392=11 in most of European (and elsewhere) R1a1 haplotypes. The study by Underhill et al (2009) listed four Egyptian R1a1 haplotypes, two of them having DYS393=13, and two DYS393=11. These four haplotypes have their common ancestor of ~ 13,275 ybp.

The very top of the tree (Fig. 8) contains 18 base haplotypes, which are identical to each other, and expressed in the 9 marker format as follows:

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 30

In this particular case these identical haplotypes are from Russia, Turkey, Ukraine, Slovakia, Iran, Nepal, India, and Hungary. The short haplotype format does not allow them to be resolved any further, but with the available 9 markers this base haplotype is an exact (albeit partial) reproduction of the base haplotype of the Russian Plain. Furthermore, the tree in Fig. 10 produces exactly the same

67 marker base haplotype of the Russian Plain. The whole tree contains 148 haplotypes with 2748 mutations from the base haplotype. It produces $2748/148/67 = .277 \pm .005$ mutations per marker, and $.277/.12 = 155 \rightarrow 183$ generations; that is, $4,575 \pm 470$ years to a common ancestor of the Russian Plain base haplotype.

The whole pattern of ancient migrations of bearers of R1a1 haplotypes shows that after they had arrived to Europe via Asia Minor, as it is described above, between 11,000 and 8,000 ybp (see below), they moved to the Russian Plain in the beginning of the 3rd millennium BC. It coincided time-wise with the arrival of bearers of R1b1a2 haplotypes in Europe. From there R1a1 split into three principal streams. One stream migrated south, over the Caucasus to Anatolia, the Middle East and the Arabian Peninsula. The second stream went eastward to South Ural, the Andronovo and Sintashta archaeological cultures in the 2nd millennium BC, between 4,000 and 3,000 ybp, and then split into two migration paths. One went south to India as the legendary Aryans, another went further east to Altay and the Northern China. This closed the loop of the ancient migrations of R1a1. Yet the third stream went south-east to the mountainous terrain of Middle Asia in $\sim 4,000$ ybp, and some 500 years later moved to Iran, otherwise known as the “Avesta Aryans.”

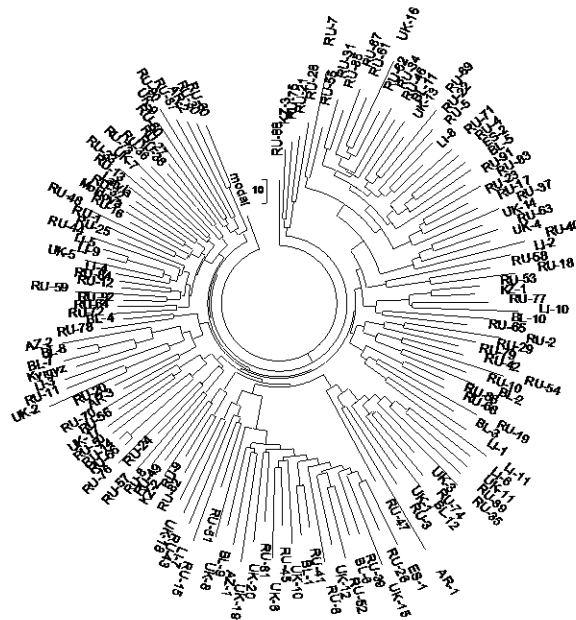


Figure 10. R1a1 67 marker 148-haplotype tree collected in Russia and Ukraine (the Russian Plain), published by Klyosov (2011b).

R1a1 Haplotypes of the Current Descendants of the Legendary Aryans in India

The R1a1 FTDNA Project in November 2011 contained 101 Indian haplotypes. Their base haplotype in the 25 marker format

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

contained only 1.4 mutations on average, compared with the Russian Plain base haplotype (see above). This translates into $1.4/0.046 = 30 \rightarrow 31$ generations, or ~775 years between their common ancestors. In terms of time, this is a close distance between the Russian Plain and the Indian base haplotypes, and it fits with the time spans for the Russian Plain R1a1 common ancestor (4,600-4,800 ybp) and the Indian common ancestor (~ 4,050 ybp), determined independently. This is the historical Aryan base haplotype.

Fig. 11 shows that the Indian R1a1 haplotype tree contains five principal branches. Their base haplotypes in the 25 marker format are as follows (clockwise from the top):

13 24 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 - 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

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

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

13 25 16 10 12 14 12 12 10 13 11 31 - 16 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 31 - 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16

A superposition of these five base haplotypes gives the above Indian "Indo-European", the Aryan R1a1 base haplotype. All five base haplotypes differ collectively by 12 mutations from their ancestral (see above) base haplotype, which translates $4,050 \pm 500$ years to their ancestral haplotype.

It should be noted that datasets of Indian R1a1 haplotypes are difficult to analyze, because they typically represent a superposition of haplotypes from various sources, including those from the ancient (pre - IndoAryan) ancestors, from the Russian Plain, Central Asia, the Middle East, etc. Since they all present in various amounts and proportions, only analysis of their haplotype trees can give meaningful results.

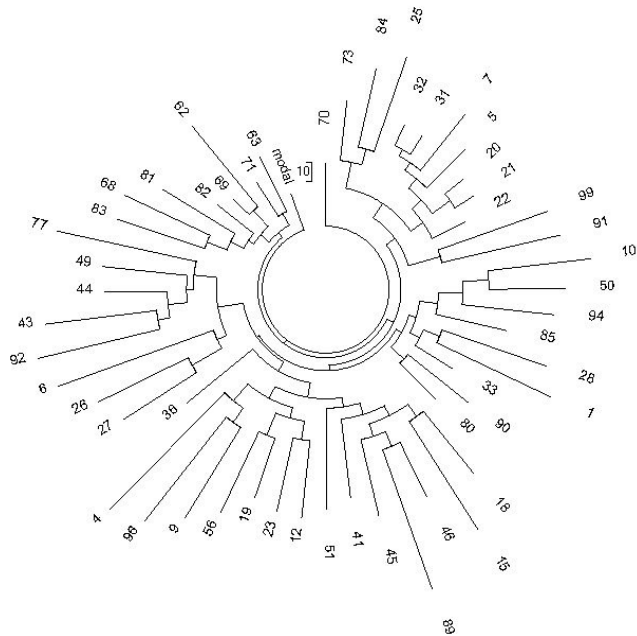


Figure 11. R1a1 53-haplotype 25-marker tree collected in the Indian FTDNA Project database (November 2011). The Project contained 101 of 12 marker haplotypes, but only 53 of them were in the 25 marker format.

Other Scattered Ancient R1a1 Haplotypes in Asia

A “patchy” pattern of R1a1 was created by the territorially blending of ancestors from the very ancient R1a1 (from more than 10-15,000 ybp) to the rather recent, the Aryan migrations. The tree in Fig. 7 presents some haplotypes from Nepal, which differ by 5 mutations from the Russian Plain base haplotype, pointing at a common ancestor of 7,200 ybp. Some Indian haplotypes show 7-mutation difference from the Russian Plain haplotype with a common ancestor of 10,200 ybp. A Cambodian haplotype makes 9 mutations, which places a common ancestor of the Russian Plain base haplotype and the Cambodian haplotype at 14,000 ybp. Some haplotypes from Pakistan, Iran, Oman and Arab Emirates show 5-6 mutations, pointing to a common ancestor of 7,000-9,000 ybp. A group of ethnic minorities from north- western China (Tu, Xibe, Tatars, Uyghurs, Yugurs, Salars, Bonan and others typically have their collective R1a1 common ancestor of 6,900 ybp (Klyosov, 2010b). All of them reportedly have the following base haplotype, obtained from the tree in Fig. 9:

13 25 16 11 X X X 12 X 14 12 31

The value of DYS392=12 is a suspect, because it is an unusual one for R1a1, including those from Central Asia. However, almost all Asian haplotypes in (Shou et al, 2010) are reported as having this “12” allele. The difference in 2.85 mutations with the base Russian Plain or with the IE Indian base haplotype (if DYS392=12 is correct) or 1.85 mutation (if DYS392=11 is correct) places a common ancestor of the north-western Central Asian R1a1 haplotypes and the Russian/Indian haplotypes to either 9,350 ybp or 7,925 ybp, respectively. In any case they are significantly more ancient compared with the majority of European haplotypes.

A Presumably Ancient (10,000-7,700 ybp) R1a1 Population in Europe

There is a distinct group of R1a1 bearers in Europe who have DYS392=13, while the overwhelming majority of R1a1 haplotypes in Europe and elsewhere has DYS392=11. The base haplotype of this group, coined “The Old European branch” (Rozhanskii and Klyosov, 2009) is as follows:

13 25 15 11 13 14 12 12 10 14 13 31 -- 16 9 10 10 11 25 14 19 31 12 15 15 15 -- 10 11
 19 23 16 16 17 17 36 38 11 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 12 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8
 13 23 22 12 12 11 13 11 11 12 12

This haplotype differs from the Russian Plain R1a1 haplotype by 6 mutations in the first 12 markers, 12 mutations in the first 37 markers, 20 mutations in the first 37 markers, and 24 mutations in all the 67 markers, which places a common ancestor of their haplotypes at 6,800 ybp. Besides, if compared to the so-called North-western base haplotype (Rozhanskii 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

the difference is 9, 14, 24 and 29 mutations, respectively. Their common ancestor lived ~ 7,400 ybp.

Lastly, there is an additional comparison worthy of consideration, and it regards the Central European branch (Rozhanskii and Klyosov, 2009) as follows:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 -- 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 -- 11 11
 19 23 17 16 18 19 34 38 14 11 -- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13 8
 14 25 21 13 12 11 13 11 11 12 13

Herein the difference is 9, 15, 25 and 34 mutations, respectively. Their common ancestor lived ~ 7,700 ybp.

A series of 67 haplotypes of haplogroup R1a1 from the Balkans was published (Barac et al., 2003a,b; Pericic et al., 2005). In print, there were presented in the 9 marker format, and the respective haplotype tree is shown in Fig. 12. Most of the tree contains typical European haplotypes with a common ancestor of $\sim 4,500$ ybp. However, the left branch is distinctive since it contains R1a1 haplotypes with DYS392=13, such as

```
12 24 16 10 12 15 X X X 13 13 29
12 24 15 11 12 15 X X X 13 13 29
13 24 14 11 11 11 X X X 13 13 29
```

This branch was calculated using the both linear and the quadratic permutation methods. It obtained $.598 \pm .071$ mutations on average per marker, which resulted in $11,425 \pm 1,780$ and $11,650 \pm 1,550$ years to a common ancestor, respectively (Klyosov, 2009a).

Calculations with short haplotypes are subject to high margins of error compared with extended 67 marker haplotypes. The authors of this study consider the timespans to a common ancestor of R1a1 haplotypes in Europe of 7,400-7,700 ybp to be more reliable in comparison to the 11-12,000 ybp. Haplotype databases continue to expand, and future studies will reveal the lower limit of “age” of haplogroup R1a in Europe. Thus, dismissing the data of Fig. 12 would be premature.

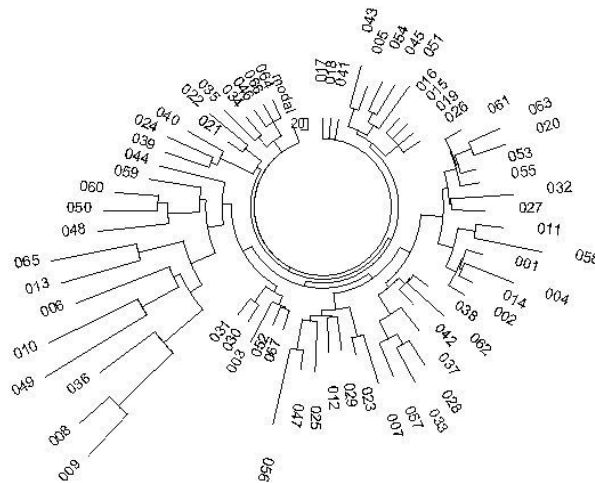


Figure 12. The 9-marker 67-haplotype tree for the Balkans, haplogroup R1a1. The tree was composed from data (Barac et al., 2003a, b; Pericic et al., 2005).

MATERIALS AND METHODS

Four thousand four hundred sixty (4,460) of R1a1 haplotypes were collected in databases from FTDNA, YSearch and SMGF (Sorenson Database), in the private databases by Martin Voorwinden (987 of the Tenth, DYS388=10 haplotypes) and the IRAKAZ (2018 of R1a1 haplotypes, regularly updated by Alexander Zolotarev and Igor Rozhanskii), and in peer review publications.

The methodology of haplotype datasets analysis was described in (Rozhanskii and Klyosov, 2011). In this study the linear and the quadratic permutation method were used, the latter when the base haplotype could not be decisively determined, as described in (Klyosov, 2009a). The mutation rate constants are listed in (Klyosov, 2009a; Rozhanskii and Klyosov, 2011), and for a number of cases are given in the text of this paper.

The mutation rate constant for the non-standard 25 marker haplotype discussed in the “Haplotype from Altay” was calculated using the respective father-son pair frequencies of transmissions listed in (Burgarella and Navascues, 2011). We have shown in (Rozhanskii and Klyosov, 2011) that for the 12 marker haplotype panel, the mutation rate constant equals 0.0200 mutation/haplotype/generation. Indeed, in the (Burgarella and Navascues, 2011) paper the sum of the respective ten frequencies (those for DYS385a,b were not determined) were equal to 0.0201 mutation/ haplotype/generation.

In other words, our calibrated mutation rate constant for the 12-marker panel fits fairly well to the sum of average frequencies in father-son pairs. For the 15-marker second half of the panel (from DYS458 to YPenta2) the sum of the frequencies of father-son pairs (Burgarella and Navascues, 2011) was equal to 0.0204 mutation/generation, which makes the mutation rate constant for the whole 25 marker haplotype of 0.0404 mutation/haplotype/ generation.

Haplotype trees were composed using software PHYLIP, Phylogeny Inference Package program (see Klyosov, 2009a,b and references therein). Corrections for back mutations were introduced as described in (Klyosov, 2009a; Rozhanskii and Klyosov, 2011). Margins of error were calculated as described in (Klyosov, 2009a). Explanations and examples are given in this section.

Base haplotypes in the dataset were determined by minimization of mutations; by definition, the base haplotype is one which has the minimum collective number of mutations in the dataset. The base haplotype is the ancestral haplotype or the closest approximation to the latter.

A timespan to the common ancestor of two base haplotypes is determined as follows: (1) count the number of mutations between the two base haplotypes, (2) divide the obtained number by the mutation rate constant, (3) introduce a correction for back mutations, calculated using the following formula (Adamov & Klyosov, 2008; Klyosov, 2009a).

$$\lambda = \frac{\lambda_{obs}}{2} (1 + \exp(\lambda_{obs})) \quad (1)$$

Where:

λ_{obs} = observed average number of mutations per marker in a dataset (or in a branch, if the dataset contains several branches/lineages),

λ = average (actual) number of mutations per marker corrected for back mutations,

(4) add the obtained value, multiplied by 25 (years), which represent the “lateral” timespan between times of appearance of the two base haplotypes, to TMRCA for the both base haplotypes and divide by 2. The result represents the TMRCA (time for the most recent common ancestor) for the two base haplotypes under study.

Example 1: Calculation of a timespan to a common ancestor when an average number of mutations per marker is equal to 0.395 (a series of Pakistani 10 marker haplotypes in this paper), and the mutation rate constant for the 10 marker haplotype is 0.018 mutation/ haplotype/generation (25 years), or 0.0018 mutation/marker/generation. $0.395/0.0018 = 219$ generations without a correction for back mutations. Since the observed number of mutations per marker is 0.395, we employ formula (1) and obtain

$$\frac{1}{2} (1 + \exp(0.395))$$

In order to calculate $\exp(0.395)$, that is $e^{0.395}$, we need to find a number, the natural logarithm of which is equal to 0.395. This number is 1.4844. Then we have

$$\frac{1}{2} (1 + 1.4844) = 1.2422$$

The obtained number of 1.2422 is the coefficient of the correction for back mutations. Therefore, by multiplying 219×1.2422 , we obtain that the corrected number of generations is 272, that it $272 \times 25 = 6,800$ years. This is usually designates as $219 \rightarrow 272$ (generations). Since for 166 mutations in the dataset the

margin of error is 12.66% (calculated as explained in Klyosov, 2009a), we at last obtain the timespan to a common ancestor of the Pakistani haplotypes is equal to $6,800 \pm 860$ years.

Example 2: Forty-six (46) of 6 marker haplotypes of Andra Pradesh, South India contain 126 mutations; that is, $126/46/6 = 0.457 \pm 0.041$ mutations per marker (the mutation rate constant equals 0.0123 mutation/haplotype/ generation; that is, 0.00205 mutation/marker/ generation, Klyosov, 2009a). The number of generations to the common ancestor equals to $0.457/0.00205 = 223$ generations (25 years each), without a correction for back mutations. As explained in Example 1, since the observed number of mutations per marker is 0.457, formula (1) gives us the exponent equal to 1.5794, the coefficient of the correction equal to 1.2897, the number of generations to the common ancestor $223 \rightarrow 288$; that is, 7,200 years before present.

Example 3: Thirty-one (31) of 5 marker haplotypes of northern China, calculated by the quadratic permutation method. For the given series the sum of squared differences between each allele in each marker equals to 10,184. It should be divided by the square of a number of haplotypes in the series (961), by a number of markers in the haplotype (5) and by 2, since the squared differences between alleles in each marker were taken both ways. This gives an average number of mutations per marker of 1.060. After division of this value by the mutation rate of .00135 mutation/marker/ generation (for 25 years per generation), $19,625 \pm 2,800$ years to a common ancestor is derived. This result is within the margin of error with that calculated by the linear method: $99/31/5/.00135 = 472 \rightarrow 683$ conditional generations; that is, $17,100 \pm 2,400$ years ago to the common ancestor of these 31 haplotypes. The values of .00677 and 0.00135 are the mutation rate constants for the 5 marker haplotypes expressed in mutation/haplotype and mutation/marker, respectively, for conditional generation of 25 years (Klyosov, 2009a).

Margins of error were calculated as follows. First, a standard deviation (SD, one sigma) was calculated for an average number of mutations per marker, which is a reciprocal square root of a total number of mutations in the dataset (Klyosov, 2009a). A square root of the sum of SD^2 and 0.10^2 (the last figure corresponds to the square of the standard deviation of the mutation rate constant) gives the margin of error of the timespan to the common ancestor of the haplotypes in the dataset, provided that all of them are derived from the same the most recent common ancestor. For the dataset with 126 mutations (see above) the standard deviation is 8.91%, and the overall margin of error for the timespan of 7,200 years is 13.4%; that is, $7,200 \pm 960$ years.

A detailed examination of many “classical” genealogies has shown that the above procedural results are the best fit with actual data.

The same calculations are generated for two base haplotypes when a timespan to their common ancestor is sought. For example, the two Indian base haplotypes in Fig. 11 (two upper right-hand side branches)

13 24 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 - 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

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

differ by 4 mutations in the 25 markers (the mutation rate constant equals 0.046 mutation/haplotype/generation). Therefore, we obtain $4/0.046 = 87 \rightarrow 96$ generations; that is, $96 \times 25 = 2,400$ years from the average “age” of the base haplotypes to their common ancestor. Since we have determined in a separate set of calculations that the common ancestors of the both branches lived 1,200 and 2,900 ybp, their common ancestor lived $(1,200+2,900+2,400)/2 = 3,250$ ybp.

Assignments of haplotypes to haplogroups and subclades were based on their SNP classification, as provided in the databases. In some instances it was additionally supported calculating their position on the phylogenetic trees from their respective STR data.

Conclusions

The results of this study lend a support to the theory that haplogroup R1a arose in Central Asia, apparently in South Siberia or the neighboring regions, such as Northern and/or North-western China, around 20,000 years before present. The preceding history of the haplogroup is directly related to the appearance of Europeoids (Caucasoids) ~ 58,000 ybp, likely in the vast triangle that stretched from Western Europe through the Russian Plain to the east and to Levant to the south, as it was suggested in the preceding article (Klyosov and Rozhanskii, 2011). A subsequent sequence of SNP mutations in Y chromosome, with the appearance of haplogroups NOP ~48,000 ybp and P ~ 38,000 ybp in the course of their migration eastward to South Siberia, eventually gave rise to haplogroup R ~ 30,000 ybp and R1 ~ 26,000 ybp, and then to haplogroup R1a and R1a1 ~ 20,000 ybp. The timeframe between the appearance of R1a and R1a1 is uncertain.

At some point in time, the bearers of R1a1 began migration to the west, over Tibet and the Himalayas, and not later than 12,000 ybp they were in the Hindustan. They continued their way across the Iranian Plateau, along Anatolia and Asia Minor apparently between 10,000 and 9,000 ybp. By 9,000-8,000 they

arrived in the Balkans and spread westward over Europe and to the British Isles. At that point, R1a1 still had DYS392=13 in their haplotypes, as did their brother haplogroup R1b1. This marker is very slow, and mutates on average once in 3,500 conditional generations. Somewhere on this extended timescale, bearers of R1a1 (or the parent, upstream haplogroups) developed Proto-IE language and carried it along during their journey from Central Asia to Europe. The earliest signs of the language in Anatolia were detected by linguists, and dated by 9,400-9,600-10,100 ybp, which coincides with the data of DNA genealogy that is described in this paper.

The arrival of R1a1 in Europe might be marked by known archaeological cultures in the Balkans and Central/Eastern Europe, dated back to 9,000-7,000 ybp. Yet they also can be attributed to other ancient haplogroups, such as I, J, E, G.

As the bearers of haplogroup R1b1a2 began to populate Europe after 4,800 ybp (the Bell Beakers and other R1b1 migratory waves to Europe, including perhaps the Kurgan people, though their identification and haplogroup assignment remains unclear), haplogroup R1a1 had moved to the Russian Plain around 4800-4600 ybp. From there R1a1 migrated (or moved as military expeditions) to the south, east, and south-east as the historic Aryans. Dates for these movements are strikingly similar, and they span 4200 and 3600 ybp. As a result, in Anatolia and Mitanni, South Ural, Iran, India, and beyond the Ural Mountains, in South Siberia, in all those areas today's linguists find the same languages: the Aryan, or the Indo-European language, or the Iranian family of languages. They all have the same Aryan roots. They founded common horse breeding terminology and shared essentially the same vocabulary for household items, gods and religious terms, although sometimes twisted due to "human factor" as found in India and Iran.

Currently, most of those with European R1a1 live in Eastern Europe, primarily in Russia (up to 62% of the population) and Poland, Ukraine, Belarus (up to 55% of the population in the last three countries). In depth reports on their haplotype branches and distinct SNP (characteristic mutations in the DNA) will be explored in forthcoming publications.

Acknowledgments

The authors are indebted to Laurie Sutherland for her valuable help with the preparation of the manuscript.

References

Abu-Amero, K.K., Hellani, A., Gonzalez, A.M., Larruga, J.M., Cabrera, V.M., Underhill, P.A. (2009). Saudi Arabian Y-chromosome diversity and its relationship with nearby regions. *BMC Genetics*, 10: 1959, doi: 10.1186/1471-2156-10-59.

Adamov, D., & Klyosov, A.A. (2008) Theoretical and practical evaluations of back mutations in haplotypes of Y chromosome. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 1, 631– 645.

Anthony, D.W. (2007) *The Horse, the Wheel, and Language* (Princeton University Press, Princeton and Oxford), p. 307.

Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Janicijevic, B., Parik, J., Rootsi, S. and Rudan, P. (2003a). Y chromosome STRs in Croatians. *Forensic Sci. Internat.* 138, 127 – 133.

Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Rootsi, S., Janicijevic, B., Kivisild, T., Parik, J., Rudan, I., Villems, R. and Rudan, P. (2003b). Y chromosomal heritage of Croatian population and its island isolates. *Europ. J. Human Genetics* 11, 535 – 542.

Bittles, A.H., Black, M.L., Wang, W. (2007) Physical anthropology and ethnicity in Asia: the transition from anthropology to genome-based studies. *J. Phys. Anthropol.* 26, 77-82.

Bouakaze, C., Keyser, C., Amory, S., and Crubezy, E. (2007). First successful assay of Y-SNP typing by SNaPshot minisequencing on ancient DNA. *Int. J. Legal Med.* 121, 493-499.

Burgarella, C., Navascues, M. (2011) Mutation rate estimates for 110 Y chromosome STRs combining population and father-son pair data. *Europ. J. Human Gen.* 19, 70-75.

Cadenas, A.M., Zhivotovsky, L.A., Cavalli-Sforza, L.L., Underhill, P.A., Herrera, R.J. (2008) Y-chromosome diversity characterizes the Gulf of Oman. *Eur J Hum Genet.* 16, 374-386.

Dixon, R.M.W. *The Rise and Fall of Language* (Cambridge University Press, Cambridge, UK, 1997).

Fornarino, S., Pala, M., Battaglia, V., Maranta, R., Achilli, A., Modiano, G., Torroni, A., et al. (2009). Mitochondrial and Y-chromosome diversity of the Tharus (Nepal): a reservoir of genetic variation. *BMC Evolutionary Biology*, 9, 154-170.

Gamkrelidze, T.V., Ivanov, V.V. *Trends in Linguistics 80: Indo-European and the Indo-Europeans* (Mouton de Gruyter, Berlin, 1995).

Gimbutas, M. (1973) The Beginning of the Bronze Age in Europe and the Indo-Europeans 3500-2500 B.C. *J. Indo-Eur.Stud.* 1, 163-214

Gimbutas, M. (1994) *The Civilization of the Goddess* (ed. J. Marler), Chapter 10. The End of Old Europe: the Intrusion of Steppe Pastoralists from N. Pontic and the Transformation of Europe. Harper, San-Francisco, ISBN 978-0062508041.

Gray, R.D., Atkinson, Q.D. (2003) Language-tree divergence times support the Anatolian theory of Indo-European origin. *Nature*, 426, 435-439.

Järve, M., Zhivotovsky, L.A., Rootsi, S., Help, H., Rogaev, E.I., Khusnutdinova, E.K. et al. (2009) Decreased rate of evolution in Y chromosome STR loci of increased size of the repeat unit. *PLOS One*, 4, e7276. doi:10.1371/ journal. pone. 0007276

Kang, L., Lu, Y., Wang, C., Hu, K., Chen, F., Liu, K. et al. (2011) Y-chromosome O3 haplogroup diversity in Sino-Tibetan populations reveals two migration routes into the Eastern Himalayas. *Annals of Human Genetics*. doi: 10.1111/j.1469-1809.2011.00690.x

Keyser, C., Bouakaze, C., Crubezy, E., Nikolaev, V.G., Montagnon, D., Reis, T., and Ludes, B. (2009). Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. *Hum. Genet.*, published online 16 May 2009, 16 pp. <http://www.springerlink.com/content/4462755368m322k8/fulltext.pdf>

Kivisild, T., Rootsi, S., Metspalu, M., Mastana, S., Kaldma, K., Parik, J., Metspalu, E., etc. The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations. *Am. J. Hum. Genet.* 72, 313-332 (2003).

Klyosov, A.A. (2008) Where Slavs and Indo-Europeans came from? *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 1, 400-477.

Klyosov, A.A. (2009a) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. *J. Genetic Genealogy*, 5, 186-216.

Klyosov, A.A. (2009b) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. *J. Genetic Genealogy*, 5, 217-256.

Klyosov, A.A. (2009c) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. *Human Genet.* 126, 719-724.

Klyosov, A.A. (2010a) Haplogroup R1a1 and its subclades in Asia. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, 1866-1896 (in Russian).

Klyosov, A.A. (2010b) Ancient (non-Indo European haplotypes of haplogroup R1a1 in North-Western China. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, 925-941 (in Russian).

Klyosov, A.A. (2011a) Haplotypes of R1b1a2-P312 and related subclades: origin and “ages” of most recent common ancestors. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 4, 1127-1195.

Klyosov, A.A. (2011b) Biological chemistry as a foundation of DNA genealogy: the emergence of “Molecular history”. *Biokhimiya (English transl.) ISSN 0006-2979*, 76, 517-533.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2011) Re-Examining the “Out of Africa” Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids) in Light of DNA Genealogy. *Advances in Anthropology*, 1, 1 (in press).

Mallory, J.P. *In Search of the Indo-Europeans: Language, Archaeology and Myth* (Thames and Hudson, London, 1989), 288 pp.

Msaidie, S., Ducourneau, A., Boetsch, G., Longepied, G., Papa, K., Allibert, C. et al. (2011) Genetic diversity on the Comoros Islands shows early seafaring as major determinant of human biocultural evolution in the Western Indian Ocean. *Eur. J. Hum. Genetics*, 19, 89-94.

Myres, N. M., Rootsi, S., Lin, A.A., Jarve, M., King, R.J., Kutuev, I. et al. (2010) A Major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe. *Eur. J. Human Genetics, advance on-line publication*, 26 August 2010; doi:10.1038/ejhg.2010.146.

Pericic, M., Lauc, L.B., Klaric, A.M. et al. (2005). High-resolution phylogenetic analysis of southeastern Europe traces major episodes of paternal gene flow among Slavic populations. *Mol. Biol. Evol.* 22, 1964 -1975.

Renfrew, C. in *Time Depth in Historical Linguistics* (eds. Renfrew, C., McMahon, A., Trask, L.) 413-439 (The McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge, UK, 2000).

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

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

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). *Advances in Anthropology*, 1, No. 2, 26-34.

Sahoo, S., Singh, A., Himabindu, G., Banerjee, J., Sitalaximi, T., Gaikwad, S., Trivedi, R., Endicott, P., Kivisild, T., Metspalu, M., Villems, R. and Kashyap, V.K. A prehistory of Indian Y chromosomes: evaluating demic diffusion scenarios. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 103, 843-848 (2006).

Sengupta, S., Zhivotovsky, L.A., King, R., Mehdi, S.Q., Edmonds, C.A., Chow, C.E.T., Lin, A.A., et al. (2006) Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian Pastoralis. *Human Genet.* 78, 202 - 221.

Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K, Bhanwer, A.J.S., Tiwari, P.K., Bamezai, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1 * substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. *J. Human Genetics*, 54, 47 - 55.

Shou, W.H., Qiao, E.F., Wei, C.Y., Dong, Y.L., Tan, S.J., Shi, H. et al. (2010) Y-chromosome distributions among populations in Northwest China identify significant contribution from Central Asian pastoralis and lesser influence of western Eurasians. *J. Human Gen. advance online publication* 23 April 2010; doi: 10.1038/jhg.2010.30

Thanseem, I., Thangaraj, K., Chaubey, G., Singh, V.K., Bhaskar, L.V., Reddy, M.B., Reddy, A.G., Singh, L. (2006). Genetic affinities among the lower castes and tribal groups of India: Inference from Y chromosome and mitochondrial DNA. *BMC Genet.*7, 42-53.

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, M.A., King, R.J. et al. (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Europ. J. Human Genet. online publication*, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194.

Zhong, H., Shi, H., Qi, X.-B., Duan, Z.-Y., Tan, P.-P., Jin, L. et al. (2010) Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. *Mol. Biol. Evolution, advance on-line publication*, 13 September 2010, 29 pp.

APPENDIX

The following DNA projects were selected as primary haplotype databases:

<http://www.familytreedna.com/public/sharifs/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/Arab%20Tribes/default.aspx?vgroup=Arab+Tribes§ion=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/R1aY-Haplogroup/default.aspx?vgroup=R1aY-Haplogroup§ion=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/R1a/default.aspx?section=yresults>

http://www.familytreedna.com/public/Hungarian_Magyar_Y-DNA_Project/default.aspx?section=yresults

<http://www.familytreedna.com/public/India/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/Turkic/default.aspx?section=yresults>

Reference data were selected according to SNP assignment from YSearch database:

(<http://www.ysearch.org>)

and public projects of FTDNA

(<http://www.familytreedna.com>)

Гаплогруппа Т в Азии и Африке.

А.А. Лабай
V12189@mail.ru

Резюме

По результатам анализа 199 (ста девяносто девяти) 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т, методами ДНК-генеалогии получены примерные даты проживания общих предков современных популяций гаплогруппы Т (табл. 1). Из таблицы видно, что потомки **Х, V, XII и III ветвей** расселились от Британских островов до Аравийского п-ова и от Пиренейского п-ова до Тибета, начиная с 7-6 тыс. до н.э.

Табл.1

Ветвь	Номера гаплотипов дерева	Лет назад до ОП	Субклады по базе FTDNA	Регион
Х:	66,72,83,133, 176,90,114, 177,178, 61-64,75,76,88	8400±1425	T1,T1a, T1a4a	РФ, Колумбия, Испания, Украина, Ирак, Сомали, Армения, Италия, Польша, Ливия, Турция, Эфиопия, Германия, Сирия
12В	82,170,183	8150	T,T1	Турция
V:	65,85,103,174, 113,117,207, 189,28,79,34-40,173	8050±1300	T1,T1a	Грузия, Турция, Марокко, Испания, Англия, Португалия, Армения, Чехия, Ирландия, Саудовская Аравия
XII:	171,172,197, 81,82,170, 183,149-151,	7650±850	T,T1,T1b, T1b1a	Армения, Иран, Турция, Германия, Нидерланды,

	180,155,181, 152-154			Норвегия, Дания, Южная Африка, Палестина, Саудовская Аравия
III:	1-20,22- 25,27,29-33, 91-98,104- 107,109,110, 122,184-187, 191,192,199, 201,211	7075±1350	T1,T1a2	Украина, Словакия, Польша, Англия, Франция, Литва, Латвия, Белоруссия, Испания, Армения, ОАЭ, Саудовская Аравия, Бахрейн, Кувейт, Индия, Турция, Азербайджан, Финляндия, Иран, Шотландия, Ирландия,
XI	80,125	6600±1200	T1	Португалия, Саудовская Аравия
12A	81,171,172, 197	6425±2125	T1	Иран, Саудовская Аравия
VII:	49-51,69,70, 74, 73,77, 78, 89,111,123, 174,175	6350±1150	T,T1,T1a	Англия, Дания, Франция, Испания, Армения, Турция,
VI:	52-60,71,84, 86,119,198	6275±1000	T1,T1a	Нидерланды, Литва, Словакия, Румыния, Украина, Германия, Армения, Ирак, Саудовская Аравия
3D:	2-4,7,8,10-12, 15-17,23- 25,27,29-31, 185-	6075	T1,T1a2	Азербайджан, Англия, Армения, Бахрейн, Испания, Кувейт, Ирландия,

	187,191,192, 199			Шотландия, Саудовская Аравия
XIII:	126-132,134- 148,156-162, 164,182,193, 195,202-206, 208,212	5900±650	T,T1,T1b	Армения, Англия, Шотландия, Польша, Швейцария, Франция, Германия, Молдавия, Чехия, Нидерланды, Испания, Италия, Саудовская Аравия
IX	67,68,87,112, 120,124	5800±750	T1	Англия, Франция, Германия, Палестина, Саудовская Аравия
3A1	13,32,33,201	5675±1600	T1,T1a2	Турция, ОАЭ
10A	66,72,83,133, 176	5600±850	T1,T1a	Турция, Ирак, Сомали, Эфиопия
3A:	13,32,33,91- 98,184,201	5550±950	T1,T1a2	Турция, ОАЭ, Украина, Латвия, Литва, Белоруссия, Словакия
5B	113,117,189, 207	5075±775	T1	Чехия, Саудовская Аравия
13E	132,137,147, 148,156,161, 162,193,208	4700±600	T1,T1b	Германия, Нидерланды, Испания, Франция, Молдавия, Италия, Швейцария
10B	90,114,177, 178	4350±700	T1,T1a4a	Германия, Польша, Ливия, Сирия
3C:	1,5,6,9,14,18- 20,104-107,	4300±850	T1,T1a2	Англия, Финляндия, Украина, Польша,

	109,110			Турция, Кувейт, Иран
3C2	6,5,19	4300±1125	T1, T1a2	Кувейт, Иран
3D2	7,8,191	4300±1125	T1,T1a2	Англия, Испания
5C	28,79	4300	T1	Грузия, Армения
5A	65,85,103,174	4200±675	T1	Англия
3D1	10,11,12,199	4050±1150	T1a2	
3D4:	2-4,15- 17,23,27	4050±650	T1,T1a	Англия, Шотландия, Азербайджан,
6B	86,119	4000	T1,T1a	Ирак
13C	130,131,138	3750±675	T,T1b	Польша
10C	61- 64,75,76,88	3575±500	T1,T1a	Армения, Италия, Испания, Украина, РФ, Колумбия,
6A	71,84,198	3500±500	T1,T1a	Германия, Армения, Саудовская Аравия
12D	152,153,154, 155,181	3500±525	T1,T1b, T1b1a	Норвегия, Дания, Нидерланды, Германия, Палестина
3D4a	2-4,15- 17,23,27	3375±600	T1,T1a2	Англия, Шотландия, Азербайджан
13F	126,145,146, 164,195	3350±525	T1,T1b	Англия, Чехия, Армения
13B	136,182,202- 206	3325±475	T1,T1b	Германия, Саудовская Аравия
13D	157-159	3225±575	T1	Англия, Шотландия
3C3b	1,20,110	3225±625	T1,T1a2	Украина

7A	70,77,78,89, 123	3150±500	T,T1	Дания, Испания, Турция, Армения
3B	22,122,211	3100±600	T1	Испания, Франция
IV	99-102,190	3075±500	T1,T1a2	Англия, Словакия, Италия, Турция
7C	49-51,74,111, 121	3025±450	T1,T1a	Англия
7B	69,73,175	2875±550	T1	Испания, Франция
3C3:	1,5,6,9,14,18- 20,104- 107,109,110	2725±525	T1,T1a2	Украина, Польша, Финляндия, Англия, Турция, Иран, Индия, Кувейт
первая и вторая	26,108,116, 179,200	2700	T1,T1a2, T1a3	Нидерланды, Армения, Турция, ОАЭ
3D3:	24,25,29- 31,185- 187,192	2700±600	T1a2	Ирландия, Мексика, Саудовская Аравия
13A	134,135,160	2700±550	T1,T1b	Англия, Франция
12C	149-151,180	2475±450	T1,T1b	Германия, Армения, Иран, Южная Африка
5D	34 – 40,173	2425±375	T1,T1a	Англия, Ирландия, Испания, Португалия, Марокко, Турция
VIII	41-48	2025±325	T1	
3D4b	2-4,17,27	1900	T1,T1a2	Англия, Шотландия, Азербайджан

3A3	95-98,184	1825±350	T1,T1a2	Словакия, Литва, Украина
3C1	9,14,18	1250±325	T1,T1a2	Финляндия, Турция, Индия
3A2	91-94	875±250	T1,T1a2	Латвия, Литва, Белоруссия, Украина
6C	52,53	775	T1	Румыния
3D3b	29-31	725±250	T1	Ирландия
6D	54-60	650±150	T1,T1a	Нидерланды, Словакия, Литва, Украина
3D3a	185-187	550	T1	Саудовская Аравия
3C3a	104-107,109	450±150	T1	Англия, Польша, Украина
3D3c	24,25	425±150	T1	Мексика
13G	127-129	275±150	T1,T1b	Шотландия
13H	139-144	250±100	T1,T1b	Англия

К сожалению, нет данных из таких регионов как Африка и Индия. А то, что имеется, это результаты поздних миграций.

Для чего были проведены эти расчёты? Ответ на этот вопрос находится в словах А.А. Клёсова (форум «Родство»): «ДНК-генеалогия нужна для решения ряда задач, довольно четко определенных. Это - метка для отслеживания древних миграций. Это - инструмент для ряда исторических исследований. Это - инструмент для ряда исследований в области "классической" генеалогии. Это - в ряде случаев - инструмент для исследований в области языкознания, опять же связанных с древними миграциями. Ни в одном случае нет "чистых" вариантов, без исключений.

И ценность ДНК-генеалогии - понять причины исключений...»

Для всех, кого интересуют эти аспекты в отношении гаплогруппы Т, надо понять одно, что лёгкого пути не будет. Исследование этой гаплогруппы находится в зачаточном состоянии и потребуются много времени для их решения, в отличии, например, от гаплогруппы R1a1, которой занимаются не один год. Но осторожные выводы, в качестве рабочей гипотезы, можно сделать.

Наиболее вероятным районом начала расселения была территория Закавказья (район оз. Ван). Именно здесь позиционируется общий предок **ветви 12В** с временем жизни примерно 8000 лет назад. А вот откуда он пришел в Закавказье - остаётся по-прежнему загадкой. Пока загадкой остаётся и время его прихода в этот регион. Следующим районом была Персия и Аравийский п-ов (**ветвь 12А**, 6425 лет назад). Учитывая, что данные по Аравийскому полуострову появились буквально «вчера» и здесь можно ожидать неожиданных открытий. Далее через Северную Африку на Пиренейский п-ов (**ветвь 13Е**, 4700 лет назад) и распространение по Центральной Европе до Молдавии. Примерно 5800 лет назад (**ветвь IX**) представители гаплогруппы Т проникли на Британские острова, но надёжно они фиксируются там примерно с 4300 лет назад (**ветви 3D2, 5А, 3D1**). Это были не армяне, не арабы, не персы, не христиане, не мусульмане... Это были одни из первых пионеров неолита и бронзового века. Возвращение их судьбы из тьмы веков, из забвения дело трудное и, возможно, не решаемое. Но, по крайней мере, эта статья один из шагов к решению этой проблемы.

Введение

В мае 2011 года я сделал анализ на определение своей гаплогруппы и узнал, что отношусь к субкладу Т. Редкий субклад, расплывённый по многим странам и континентам. Давным-давно, примерно 20.000 лет назад, появился предок этого субклада (2011b). По каким-то неизвестным причинам, наследники этого человека (или группы людей) не дали массового потомства и значительно уступают по численности многим другим гаплогруппам, составляющим большинство среди современных народов. Пример тому, состав армян, где представители гаплогруппы Т достигают в регионе Закавказья до 14% от всех исследованных гаплотипов, по сравнению с ~ 46% **R1b1b2** и ~ 40% **J2** (2011e). Более подробные

исследования 67-маркерных гаплотипов армян (2011f) показали, что современные популяции, имеющие наиболее древних общих предков (примерно 7600 лет назад), расположены в районе между озёрами Ван и Севан. Появление в базе данных FTDNA

(<http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=Y-Haplogroup-K2§ion=yresults>) гаплотипов с Аравийского полуострова, позволило (2012) определить, что это второй регион Азии, где наблюдается сосредоточение представителей гаплогруппы Т. Результаты, полученные при расчетах, показали, что Аравийский п-ов мог быть точкой появления гаплогруппы Т. Однако, небольшое количество гаплотипов не позволяет это утверждать с достаточной вероятностью. Для повышения достоверности результатов и уточнения картины расселения на планете представителей гаплогруппы Т, и была написана эта статья.

Дерево гаплотипов гаплогруппы Т

При помощи программ PHILYP и MEGA было построено дерево из ста девяносто девяти 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т. Это дерево изображено на рис. 1.

Структура дерева сложная. Ветви расположены не симметрично, что указывает на множество отдельных субкладов гаплотипов, прошедших бутылочное горлышко в разные времена и имеющих своих общих предков, слабо связанных друг с другом родством. Для лучшего восприятия на рис. 2 воспроизведена структура этого дерева гаплотипов.

На рис. 2 хорошо видно, что дерево состоит из одного одиночного гаплотипа и тринадцати ветвей разной плотности. Ветви обозначены цифрами от 1 до 13. В такой последовательности они и будут анализироваться.

Одиночный гаплотип 200.

Рассмотрение дерева гаплотипов начнём с одиночного гаплотипа 200. Этот гаплотип принадлежит, по всей видимости, арабу из ОАЭ. По данным из проекта FTDNA он значится как T1a2 при положительных SNP L208 и R77. Хотя по классификации ISOGG-2012 это субклад T1a1b. В дальнейшем субклады будут указываться так, как они записаны в базе FTDNA. Гаплотип 200 имеет вид (1):

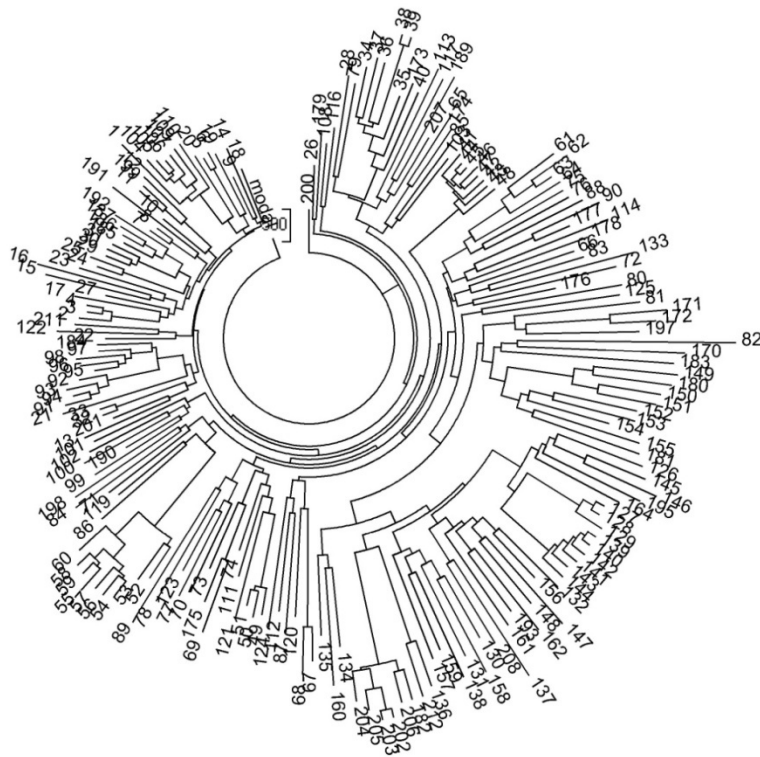


Рис.1 Дерево 67-маркерных гаплотипов из проекта FTDNA «Гаплогруппа Т (К2)».

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 10 12 12 15 8 11 22 19 15
 11 12 13 10 11 12 11 (1)

В маркере DYS425 мы видим аллель равную 0. Это нуль-мутация, которая и определила этот гаплотипа в отдельную ветвь. Если посмотреть с другой стороны, то мы видим классическое «бутылочное горлышко», когда, под воздействием каких-либо факторов, потомок получает характерную STR мутацию и может стать родоначальником нового субклада гаплотипов. Посмотрим на медленную 22-маркерную панель этого гаплотипа (2011a), которая имеет вид (1a):

11 12 13- 11 13 -9- 11 8 17 17 8 10 8 0 10 12 12 8 11 12 11 12 (1a)

Если сравнить гаплотип (1a) с «предковым» гаплотипом гаплогруппы T (2011b), то видно, что они идентичны, за исключением аллелей в маркере DYS425. Если считать нуль-мутацию за одну (2011c), то эти гаплотипы отличаются на одну мутацию, что соответствует мутационной (временнОй) дистанции в 4250 лет (2011d). А это, примерно, 2125 лет до общего предка. Конец прошлой, начало нашей эры. А сама нуль-мутация могла произойти и вчера и две тысячи лет назад.

Первая ветвь.

Эта ветвь состоит всего из двух гаплотипов. Гаплотип 26 принадлежит армянину из Армении (T1), а гаплотип 179 происходит из Турции (T1a3). Эти гаплотипы отличаются друг от друга на 14 мутаций. Казалось бы не много. Но, при более внимательном рассмотрении, приходишь к выводу, что это два одиночных гаплотипа. Это хорошо видно из таблицы сравнения этих гаплотипов в разных форматах записи (табл.2).

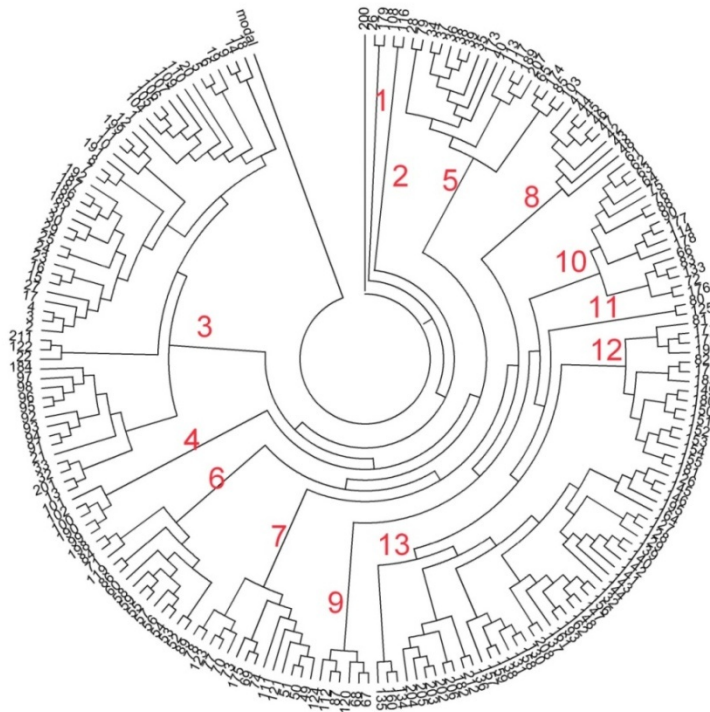


Рис.2. Структура дерева гаплотипов с рис. 1

Табл.2

1	Длина сравниваемых гаплотипов 26 и 179, в маркерах	22	25	37	67
2	Разница в мутациях	2	8	12	14
3	Скорость мутации на гаплотип	0.006	0.046	0.09	0.12
4	Мутационная дистанция в поколениях, без учёта возвратных мутаций	334	174	134	117
5	Мутационная дистанция в годах с учётом возвратных мутаций	8700	5275	3875	3325

Из этой табл. 2 видно, что гаплотипы разошлись уже по медленным маркерам и общий предок жил не менее 4350 лет назад.

Вторая ветвь.

В этой ветви тоже два гаплотипа. Гаплотип 108 принадлежит представителю Нидерландов. А гаплотип 116 - это армянин из Турции. Оба гаплотипа отнесены к субкладу T1. Проведём сравнение этих гаплотипов во всех форматах (см. табл.3).

Табл.3

1	Длина сравниваемых гаплотипов 108 и 116, в маркерах	22	25	37	67
2	Разница в мутациях	0	5	11	15
3	Скорость мутации на гаплотип	0.006	0.046	0,09	0.12
4	Мутационная дистанция в	----	109	123	125

	поколениях, без учёта возвратных мутаций				
5	Мутационная дистанция в годах с учётом возвратных мутаций	-----	3050	3525	3575

Из табл. 3 видим, что в медленной 22-маркерной панели расхождения нет, а в 37- и 67-маркерной форме результат практически совпадает. Таким образом, общий предок второй ветви жил примерно 1500-1700 лет назад. Это 4-6 вв. н.э.

Интересно, что в Нидерланды в 60 гг. прошлого века приехало много иммигрантов из Турции.

О сравнении двух гаплотипов.

В первой и второй ветвях проводилось сравнение двух гаплотипов. И в первой и во второй ветвях сравниваемые гаплотипы имели практически одинаковое количество мутаций (14 и 15). Но в первой ветви они принадлежали к разным субкладам (T1 и T1a3), а во второй к одному (T1). Анализ по маркерным панелям с 1 по 4 показал, что в первом случае надо признать гаплотипы одиночными со слабой родственной связью, а во втором – что гаплотипы из одной популяции, хоть и редкой. Таким образом, механическое сравнение двух гаплотипов не допустимо. Исходя из вышеизложенного, мы имеем:

Одиночный гаплотип 26, имеющий вид (2):

13 24 14 10 14 16 11 12 11 14 13 30–17 9 9 11 13 26 14 19 35 11 13 16 16–10 10 22
24 15 14 16 17 35 36 13 9--11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 16 10 12 12 15 8 11 22 19
14 11 12 13 10 11 12 11 (2)

Одиночный гаплотип 179, имеющий вид (3):

13 23 14 11 14 18 11 12 11 14 14 30–17 9 9 11 13 27 14 19 33 11 13 16 16--10 10 22
24 15 14 16 18 34 37 14 9 --11 8 17 17 8 10 10 8 12 9 12 20 20 16 10 12 12 15 8 11
22 19 14 11 12 13 10 11 12 11 (3)

Условный базовый гаплотип второй ветви, имеющий вид (4) (время жизни условного общего предка - примерно $1,600 \pm 450$ лет назад):

13 23 14 10 15 16,5 11 12 11,5 14 13 31 – 17 9 9 11 12 27 14 18,5 34 11 13 16 16 – 10
9,5 22,5 24 16 13,5 16 18 35 36,5 11 9 – 11 8 17 17 8 11 10 8 11,5 9,5 12 20 20 17 10 12
 12 15 8 11 22 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (4)

Если составить матрицу из четырёх гаплотипов (1)-(4), то получим условный базовый гаплотип, относительно которого все гаплотипы матрицы будут отличаться на 39,5 мутаций, что даст 90 поколений или 2250 лет мутационной дистанции, а значит примерно 2700 лет до условного общего предка первой, второй ветвей и одиночного гаплотипа 200. Это время расцвета Ассирии.

Третья ветвь.

Это самая большая ветвь дерева. В неё входят пятьдесят пять гаплотипов. **Третья ветвь** изображена на рис. 3. Форма ветви вселяет оптимизм, что гаплотипы подобрались корректно и расчёт времени жизни условного общего предка можно провести по всей популяции. Результаты расчётов отражены в табл. 4.

Результат довольно хороший. Всё в пределах погрешности. Общий предок третьей ветви жил примерно 4175 ± 625 лет назад. Его условный базовый гаплотип имеет вид (5):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31 – 17 9 9 11 13 26 14 19 33 11 13 16 16 – 10 10 23
 24 16 14 16 17 35 37 11 9-- 11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 11 22
 17 16 11 12 13 10 11 12 11 (5)

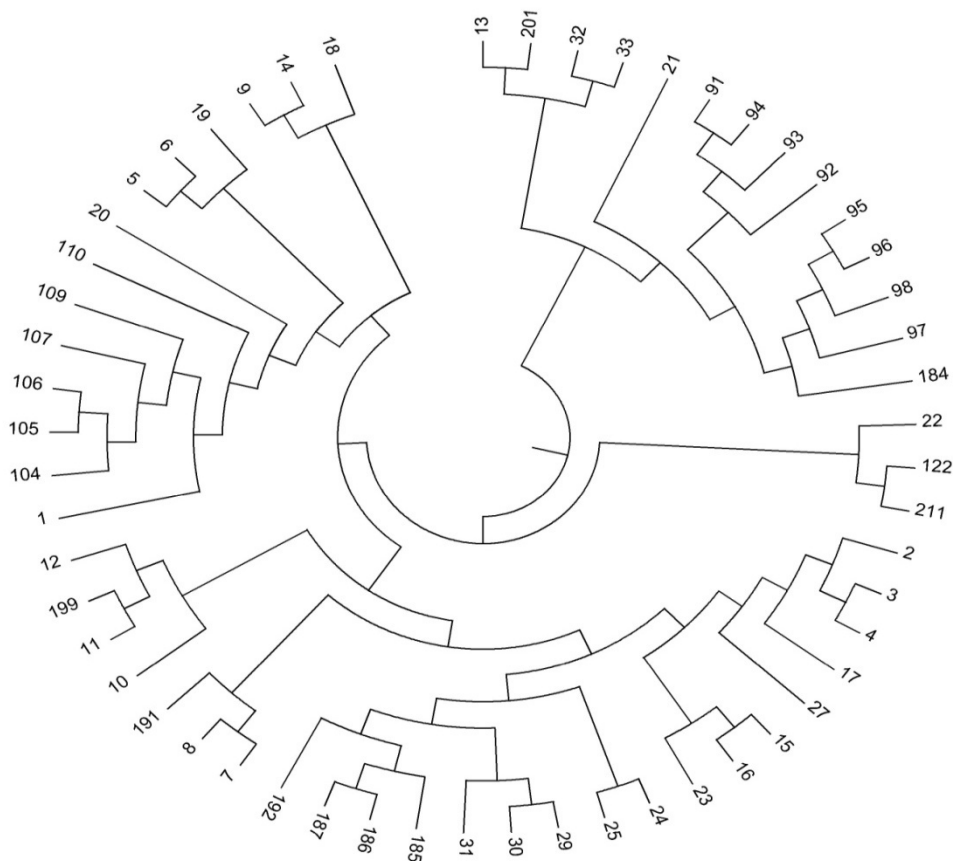


Рис. 3. Третья ветвь дерева 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т.

Табл.4

1	Длина сравниваемых гаплотипов ветви три, в маркерах	12	25	22	37	67
2	Разница в мутациях относительно базового гаплотипа	164	405	48	680	945
3	Скорость мутации на гаплотип	0.02	0.046	0.006	0,09	0.12

4	Время жизни общего предка в поколениях, без учёта возвратных мутаций	149	160	145	137	143
5	Время жизни общего предка в годах с учётом возвратных мутаций	4375	4750	4225	3975	4175

Для надёжности проверим результат логарифмическим методом (2009). Для этого перепишем гаплотип (5) в 22-маркерном формате. Он будет иметь вид (5а):

11 12 13 -11 13 -9 -11 8 17 17 8 11 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 (5а)

Такой вид на третьей ветви имеют гаплотипы

7,8,9,10,13,14,17,18,21,24,25,29,30,31,95,97,98,184,192,201. Всего двадцать гаплотипов.

Тогда время жизни общего предка будет $(\ln(55/20))/0.006=169$ поколений назад (без поправки на возвратные мутации). Сходимость 95%.

Но не будем спешить и пройдемся по малым ветвям. Как видно из рис. 3, их не менее четырёх крупных, которые в свою очередь состоят из более мелких. Понятно, что чем мельче ветви (по количеству входящих в них гаплотипов), тем менее точный результат мы будем получать. Но будет интересно узнать, как группируются гаплотипы, какие времена соответствуют жизни их общих предков, пусть и с большими доверительными интервалами.

Ветвь 3А.

Эта ветвь состоит из 14 гаплотипов, которые распределяются по трём малым ветвям.

Ветвь 3А1.

В этой ветви четыре гаплотипа. Гаплотипы 32 и 33 неизвестного происхождения (Г1) принадлежат родственникам. Между ними всего четыре мутации. Это даёт $4/0.12=34 \rightarrow 35$ поколений или 875 лет

мутационной дистанции. Их общий предок жил примерно 425 лет назад. Остальные два гаплотипа - 13 (T1a2 из Турции) и 201 (T1 из ОАЭ) отличаются друг от друга на 15 мутаций, что даёт $15/0.12=125 \rightarrow 143$ поколения или 4175 лет мутационной дистанции. Общий условный предок предок жил примерно 2100 лет назад. Для того, чтобы определить время жизни условного общего предка ветви 3A1 найдём мутационную дистанцию между базовыми гаплотипами миниветвей и добавим к ней усреднённую величину времён жизни общих предков этих миниветвей, которая составляет примерно 1275 лет. Между базовыми гаплотипами 18 мутаций, что даёт $18/0.12=150 \rightarrow 176$ поколений или 4400 лет мутационной дистанции. Тогда условный общий предок ветви 3A1 жил примерно $4400+1275= 5675 \pm 1600$ лет назад. Его условный базовый гаплотип имеет вид (6):

13 23 14 10 14 16,5 11 12 11 14 13 31,75 – 17 9 9 11 13 25,5 14 19,5 32,25 11 14 16
16,25 – 9 9,75 23 23,75 15,25 14 16,25 17 35,5 36,25 11 9 – 11 8 17 17 8 11 10,5 8 12 9
12 19,5 20 17,75 10 12 12 15,25 8 11 22 18,75 16,5 11 12,5 13 10 11 12 10,75
(6)

Ветвь 3A2.

Эта ветвь состоит из четырёх гаплотипов - 91 (T1a2 из Латвии), 92 (T1 из Белоруссии, 93 (T1 из Литвы) и 94 (T1 из Украины). Это один регион. Проведем расчеты для этих четырёх гаплотипов . Результаты занесены в табл. 5. Видно, что расхождений в медленной панели нет. Для длины в 37 и 67 маркеров результат один и тот же. Для длины 25 маркеров, из-за малой выборки, погрешность результата 50%. Большие сомнения вызывает отнесение гаплотипа 91 к субкладу T1a1. Или, скорее всего, не дотипированы остальные три. Общий предок евреев (?) этого субклада жил примерно 875 ± 250 лет назад. Условный базовый гаплотип ветви 3A2 имеет вид (7):

13 23 14 11 14 16 11 12 11 14 13 30 – 17 9 9 11 13 26 14 20 33 11 11 11 13 – 10 10 23
23 17 14 17 16 35 36 11 9 – 11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 14 8 11 22
19 15 11 12 14 10 12 12 11
(7)

Табл.5

1	Длина сравниваемых 4 гаплотипов ветви 3А2, в маркерах	25	22	37	67
2	Разница в мутациях относительно базового гаплотипа	11	0	12	16
3	Скорость мутации на гаплотип	0.046	0.006	0,09	0.12
4	Время жизни общего предка в поколениях, без учёта возвратных мутаций	60	-	34	34
5	Время жизни общего предка в годах с учётом возвратных мутаций	1600	-	875	875

Ветвь 3А3.

В эту ветвь входят еврейские гаплотипы 95 (Т1 из Украины), 96 (Т1а2 из Украины), 97 (Т1а2 из Словакии), 98 (Т1а2 из Украины) и 184 (Т1 из Литвы). От условного базового гаплотипа (8):

13 23 14 10 14 15 11 12 11 14 13 30 – 17 9 9 11 13 26 14 20 33 10 11 13 13 – 10 10 23
 24 17 14 17 16 35 37 11 9-- 11 8 17 17 8 11 11 8 11 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 11 22
 19 15 11 12 13 10 11 12 11 (8)

все пять гаплотипов отличаются суммарно на 41 мутацию, что даёт $41/0.12/5=68 \rightarrow 73$ поколения или 1825 ± 350 лет до общего предка **ветви 3А3.**

Время жизни общего предка ветви 3А.

Для того, что бы узнать время жизни общего предка ветви 3А, надо составить матрицу из одиночного гаплотипа 21 (Т1 из Ирландии) и трёх условных базовых (6), (7), (8). Условный базовый гаплотип ветви 3А будет иметь вид (9):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 30–17 9 9 11 13 26 14 20 33 11 11 14 15–11 10 23
 24 17 14 16 17 35 36 11 9 --11 8 17 17 8 11 11 8 11 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 11 22
 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (9)

По отношению к нему, все четыре гаплотипа имеют суммарно 58 мутаций, что даёт $58/4/0.12=121 \rightarrow 138$ поколений или 3450 лет мутационной разницы (для гаплотипов длиной 37 маркеров эта цифра буде 3625 лет – совпадение в пределах погрешности). Тогда общий предок ветви 3А жил примерно $3450+(0+5675+875+1825)/4=5550 \pm 950$ лет назад. Эта цифра совпадает с временем жизни общего предка ветви 3А1 и, по-видимому, он и есть предок ветви 3А. Это середина-конец 4 тыс. до н.э.

Ветвь 3В.

В этой ветви всего три гаплотипа. Гаплотипы 22 и 211 из Испании (Т1), а гплотип 122 из Франции (Т1). Условный базовый гаплотип этой ветви имеет вид (10):

13 23 15 10 14 16 11 12 11 14 13 31–17 9 9 11 13 26 14 19 34 11 13 16 16–10 10 23
 24 15 14 16 18 35 36 119–11 8 17 17 8 11 11 8 10 9 12 20 20 18 10 12 12 15 8 11 22 19
 16 11 11 13 10 11 12 11 (10)

Относительно базового гаплотипа (10) все три гаплотипа имеют суммарно 40 мутаций, что даёт $40/0.12/3=111 \rightarrow 124$ поколения или 3100 ± 600 лет до условного общего предка.

Ветвь 3С.

Эта ветвь состоит из 14 гаплотипов. Они распределяются по трём ветвям.

Ветвь 3С1.

Сюда входят гаплотипы 9 (Т1а2 из Индии), 14 (Т1 из Турции) и 18 (Т1а из Финляндии). Гаплотипы 18 и 9 имеют разницу в 8 мутаций. Гаплотип 14 удалён от 9 и 18 на 11 и 13 мутаций соответственно. Можно предположить, что цепочка тянется от гаплотипа 14 к гаплотипу 9 и далее к гаплотипу 18. Условный базовый гаплотип этой ветви имеет вид (11):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 32–17 9 9 11 13 26 14 19 33 11 13 16 16–10 10 23
 24 15 14 16 18 35 36 13 9 11–8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 11 22
 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (11)

Все три гаплотипа имеют суммарно от него 17 мутаций, что даёт $17/0.12/3=47 \rightarrow 50$ поколений или 1250 ± 325 лет до общего предка.

Ветвь 3С2.

Ветвь состоит из трёх гаплотипов – 6 (Т1 из Кувейта), 5 (Т1а2 из Кувейта) и 19 (Т1 из Ирана). Условный базовый гаплотип ветви имеет вид (12):

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

Все три гаплотипа имеют по отношению к базовому гаплотипу (12) суммарно 18 мутаций. Это даёт $18/0.12/3=50 \rightarrow 53$ поколения или 1325 ± 325 лет назад до общего предка ветви. На самом деле, между гаплотипами 6 и 5 всего одна мутация, что даёт примерно 100 лет до общего предка. Это родственники. Гаплотип 19 отстоит от них (или, точнее, от их условного базового гаплотипа) на 17.5 мутаций. Это отодвигает условного общего предка ветви примерно на 4300 лет назад. Здесь наглядно видно, как два молодых гаплотипа «омолодили» общего предка почти в три раза. Поэтому условным базовым гаплотипом ветви 3С2 будем считать гаплотип (13), который имеет вид:

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31 – 18.25 9 9 11 13 26.5 14 19 33 11.5 14 16 16 – 10
 10 23 23.5 15.5 14 16 19 35 38 10.5 9 11 – 8 16.5 17.5 8 11 11 8 11.5 9 12 20 20 18 10
 12 12 15 8 10.5 22 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (13)

с условным общим предком, жившим примерно 4300 ± 1125 лет назад.

Ветвь 3С3

Эта ветвь состоит из восьми гаплотипов. При детальном рассмотрении их можно разделить на две ветви.

Ветвь 3С3а

В эту ветвь собраны гаплотипы, преимущественно евреев субклада Т1. Гаплотип 104 из Польши, три гаплотипа 105-107 из Украины и один гаплотип 109 из Англии. Гаплотипы 106 и 107 родственники (2 мутации между ними). Скорее всего родственникам принадлежат гаплотипы 104 и 106 (те же 2 мутации). Между гаплотипами 107 и 104 три мутации, а между 109 и 107 – шесть мутаций. Их базовый гаплотип имеет вид (14):

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 11 20 20 17 10 12 12 15 8 11 22
19 15 11 12 13 10 11 12 11 (14)

Эти пять гаплотипов имеют относительно условного базового гаплотипа (14) 11 мутаций, что даёт $11/5/0.12=18$ поколений или 450 ± 150 лет до общего предка ветви 3С3а.

Ветвь 3С3б

Здесь собраны три гаплотипа – гаплотип 1 (Т1а2 из Украины) и гаплотипы 20 и 110 (Т1 неизвестного происхождения). Их базовый гаплотип имеет вид (15):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31–16 9 9 11 13 27 14 19 33 11 13 16 16–10 10 23
25 16 13 16 18 35 37 12 9 11–8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 20 20 17 10 12 12 15 8 12 22
19 16 11 12 13 10 11 12 11 (15)

Три гаплотипа суммарно имеют относительно гаплотипа (15) сорок одну мутацию, что даёт $41/3/0.12=114\rightarrow 129$ поколений или 3225 ± 625 лет до общего предка ветви 3С3б.

Общий предок ветви 3С3.

Условные базовые гаплотипы (14) и (15) различаются на 4 мутации, что даёт $4/0.12=34\rightarrow 35$ поколений или 875 лет мутационной дистанции. Для того, что бы узнать примерное время до жизни общего предка, складываем мутационную дистанцию в годах с усреднёнными годами до общего предка ветвей 3С3а и 3С3б и получаем $875+(450+3225)/2=2725\pm 525$ лет до общего предка ветви 3С3.

Общий предок ветви 3С.

Составим матрицу из условных базовых гаплотипов (11), (13), (14) и (15). Они суммарно имеют 34.75 мутаций по отношению к условному базовому гаплотипу (16), имеющему вид:

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31–17 9 9 11 13 27 14 19 33 11 13 16 16–10 10 23
24 16 14 16 18 35 37 12 9 11–8 17 17 8 11 11 8 11 10 12 20 20 17 10 12 12 15 8 12 22
19 16 11 12 13 10 11 12 11 (16)

Это даёт $34.75/4/0.12=72\rightarrow 78$ поколений или 1950 лет мутационной дистанции между базовыми гаплотипами матрицы.

Тогда общий условный предок ветви 3С жил примерно $1950+(1250+4300+450+3225)/4=4300\pm 850$ лет назад.

Похоже, что эта ветвь распространялась с территории Персии. По крайней мере, гаплотип 19 происходит из Ирана и именно он даёт такое время в ветви 3С2.

Ветвь 3D.

В этой ветви 24 гаплотипа, которые можно разделить на четыре основные ветви.

Ветвь 3D1.

На этой ветви три гаплотипа субклада T1a2 (10 из Армении, 11 из Бахрейна и 12 из Кувейта) и один гаплотип (199 из Бахрейна) неизвестного субклада.

Общий предок гаплотипов 11 и 12 жил примерно 425 лет назад (между ними 10 мутаций), а общий предок гаплотипов 12 и 10 жил примерно 1275 лет назад (между ними 11 мутаций).

Условные базовые гаплотипы этих пар отличаются на 13.5 мутаций, что даёт мутационную дистанцию в $13.5/0.12=113\rightarrow 128$ поколений или 3200 лет. Общий предок ветви 3D1 жил примерно $3200+(425+1275)/2=4050\pm 1150$ лет назад и имел условный базовый гаплотип (17):

13 23 14 10 14 15,75 11 12 11 14 13 31,25--- 16,75 9 9 11 13 26,5 14 19 33,75 11 13
15,5 16--- 9,75 10 23,75 24 15 14 16,75 17 36 38,25 11,25 9--- 11 8 17 17 8 11 11,5 8 12
9 12 20 20 17,75 10 12 12 15,75 8 11,75 22,25 19 17 11 12 13 10 11 12,75 11,25
(17)

Точность расчётов из-за малочисленности гаплотипов в ветвях желает быть лучшей, но результаты дают представление о масштабе событий. Остаётся надеяться, что база данных будет пополняться и белых пятен станет меньше.

Ветвь 3D2.

В этой ветви гаплотипы 7 и 8 (T1a2 из Испании) образуют родственную пару с разницей в 2 мутации. Их общий предок жил примерно 225 лет назад и имеющий условный базовый гаплотип (18):

13 23 15 10 14 16 11 12 11 13 13 30,5-- 18 9 9 11 13 26 14 19 33 11 13 16 16-- 10 10 23
24 15 14 16 18 37 38 11 9--11 8 17 17 8 11 11 8 12,5 9 12 20 20 17 10 12 12 16 8 11 22

19 16 11 12 13 10 11 12 11

(18)

Гаплотип 191 (Т1 из Англии) отличается от (18) на 17 мутаций, что даёт мутационную дистанцию в $17/0.12=142 \rightarrow 166$ поколения или 4150 лет.

Общий предок ветви **3D2** жил примерно $4150+(225+0)/2=4300 \pm 1125$ лет назад.

Ветвь 3D3.

Эта ветвь состоит из одиночного гаплотипа 192 (Т1а2 из Саудовской Аравии) и трёх ветвей.

Ветвь 3D3а

Три гаплотипа (185-187) субклада Т1 из Саудовской Аравии от условного базового гаплотипа (19):

13 23 15 11 14 16 11 12 11 14 13 32 – 17 9 9 11 13 25 14 19 34 11 13 16 16 – 10 10 23
23 16 14 17 18 35 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 (19)

имеют 8 мутаций, что даёт $8/3/0.12=22$ поколения или 550 лет до общего предка. Этот же результат получается и для гаплотипов длиной в 37 и 25 маркеров. Сходимость 100%. Настоящая арабская популяция.

Ветвь 3D3б

Эта ветвь субклада Т1 состоит из гаплотипа 29 из Ирландии и гаплотипов 30 и 31 неизвестного происхождения. Они отличаются друг от друга на 6 мутаций и на 10 мутаций суммарно от условного базового гаплотипа (20), имеющего вид:

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

Общий предок ветви **3D3б** жил $10/3/0.12=28 \rightarrow 29$ поколений или 725 ± 250 лет назад.

Ветвь 3D3с

Гаплотип 24 (Т1 неизвестного происхождения) и гаплотип 25 (Т1 из Мексики) отличаются друг от друга на 4 мутации, что даёт примерно 425 ± 150 лет до общего предка с базовым гаплотипом, имеющим вид(21):

13 23 16 10 14,5 16 11 12 11 14 13 31 – 16 9 9 11 13 26,5 14 19 34 12 13 16 16 – 11 10
23 23 16 14 17 18,5 36,5 37 11 9 11 – 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 17 8
11 22 20 16 11 12 13 10 11 12 11 (21)

Общий предок ветви 3D3.

Для ветви 3D3 составляем матрицу из одиночного гаплотипа 192 и трёх базовых гаплотипов (19)-(21). Условный базовый гаплотип матрицы имеет вид (22):

13 23 15 11 14 16 11 12 11 14 13 32 – 17 9 9 11 13 26 14 19 34 11 13 16 16 – 10 10 23
24 16 14 17 18 36 38 11 9 11 – 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 17 8 11 23
19 16 11 12 13 10 11 12 11 (22)

Все четыре гаплотипа имеют по отношению к гаплотипу (23) сорок мутаций, что даёт мутационную дистанцию в $40/4/0.12=83 \rightarrow 91$ поколение или 2275 лет. Условный общий предок ветви 3D3 жил примерно $2275+(0+550+725+425)/4=2700 \pm 600$ лет назад.

Ветвь 3D4.

В ветви собраны восемь гаплотипов, которые можно разделить на две ветви.

Ветвь 3D4a

Состоит из гаплотипа 15 (T1a2 неизвестного происхождения), гаплотипа 16 (T1 неизвестного происхождения) и гаплотипа 23 (неизвестного происхождения, субклад не определён). Гаплотипы 15 и 16 различаются на 30 мутаций. А гаплотип 23 различается с 15 и 16 гаплотипами на 22 и 28 мутаций соответственно. Таким образом имеем: неизвестна территориальная и национальная группировка; различные субклады; мутационные дистанции большие. По сути это три одиночных гаплотипа. При расчёте вместе, дают $43/3/0.12=119 \rightarrow 135$ поколений или 3375 ± 600 лет до общего предка. При расчете в 37-маркерном формате результаты отличаются на 22%. Это действительно три отдельных гаплотипа, три «бутылочных горлышка».

Ветвь 3D4b

К этой ветви относятся гаплотип 2 неизвестного происхождения, гаплотип 3 из Англии (оба T1) и гаплотип 4 (T1a2 из Англии), гаплотип 17 из Азербайджана и гаплотип 27 из Шотландии (оба T1). Гаплотипы 2,3 и 4

образуют группу, которая имеет по отношению к условному базовому гаплотипу (24):

13 23 16 10 14 17 11 12 11 13 13 30—18 9 9 11 13 26 14 19 35 11 14 16 16--10 10 23
24 15 14 16 17 36 38 11 9-- 11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 16 6 12 22
19 16 11 12 13 10 11 12 11 (24)

суммарно четыре мутации, что даёт 11 поколений или 275 ± 150 лет назад. Если составить матрицу из базового гаплотипа (24) и одиночных гаплотипов 17 и 27, то по отношению к базовому гаплотипу (25):

13 23 15 10 14 15 11 12 11 14 13 30—18 9 9 11 13 26 14 19 35 11 13 16 16--10 10 23
24 15 14 16 17 36 38 11 9-- 11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 16 8 12 22
19 16 11 12 13 10 11 12 11 (25)

все три гаплотипа будут иметь суммарно 24 мутации, что даёт мутационную дистанцию в 72 поколения или 1800 лет. С учётом усреднённого возраста ветвей, время жизни общего предка **ветви 3D4b** будет примерно 1900 лет назад.

Общий предок ветви 3D4.

Составим матрицу из одиночных гаплотипов 15, 16, 23 и базового гаплотипа (25). Условный базовый гаплотип (26) этой матрицы имеет вид:

13 23 15 10 14 15 11 12 12 14 13 31—18 9 9 11 13 26 14 19 34 11 13 16 16--10 10 23
24 16 14 17 17 35 37 11 9-- 11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 9 20 20 17 10 12 12 16 8 12 22 20
15 11 12 13 10 11 12 11 (26)

Все четыре гаплотипа имеют суммарно 59 мутаций по отношению к базовому гаплотипу (26). Это даёт $59/4/0.12=123 \rightarrow 143$ поколения или 3575 лет мутационной дистанции между ними. Тогда условный общий предок **ветви 3D4** жил примерно 4050 ± 650 лет назад.

Общий предок ветви 3D.

Для расчётов времени жизни общего предка ветви 3D составим матрицу из четырёх условных базовых гаплотипов (17), (18), (22) и (26), для которой условный базовый гаплотип имеет вид (27):

13 23 15 10 14 16 11 12 11 14 13 31—17 9 9 11 13 26 14 19 34 11 13 16 16--10 10 23
24 15 14 17 18 36 38 11 9-- 11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 16 8 11 22
19 16 11 12 13 10 11 12 11 (27)

Относительно базового гаплотипа (27) все четыре гаплотипа суммарно имеют 40.25 мутаций, что даёт $40.27/4/0.12=84 \rightarrow 92$ поколения или 2300 лет мутационной дистанции, а с учётом усреднённого времени жизни общих предков – 6075 лет до общего предка **ветви 3D**.

Общий предок третьей ветви.

Составим матрицу из условных базовых гаплотипов ветвей 3A, 3B, 3C и 3D. Это будут гаплотипы (9),(10),(16) и (27). Все четыре гаплотипа имеют суммарно 41 мутацию относительно условного базового гаплотипа, имеющего вид (28):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 31 – 17 9 9 11 13 26 14 20 34 11 13 15 16 -- 10 10 23
 24 16 14 17 17 35 37 11 9 -- 11 8 17 17 8 11 11 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 11 22
 19 16 11 12 13 10 11 12 11 (28)

Это даёт $41/4/0.12=85 \rightarrow 93$ поколения или 2325 лет мутационной разницы. Тогда общий предок **третьей ветви** жил примерно $2325+(5550+3100+4300+6075)/4=7075 \pm 1350$ лет назад.

Четвёртая ветвь.

В четвёртой ветви собраны гаплотип 99 (T1 неизвестного происхождения), гаплотип 100 (T1a2 из Италии), гаплотип 101 (T1 из Англии), гаплотип 102 (T1 из Словакии) и гаплотип 190 (T1 сефардик из Турции). Это ветви, родство которых достаточно размыто временем. Условный базовый гаплотип имеет вид (29):

13 23 14 10 14 16 11 12 11 14 13 30 – 17 9 9 11 13 27 14 19 34 11 13 16 16 -- 10 10 23
 24 16 14 16 17 35 38 11 9 -- 11 8 17 18 9 11 10 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 11 21
 19 15 11 12 13 10 11 12 11 (29)

По отношению к гаплотипу (29) все четыре гаплотипа имеют суммарно 66 мутации, что даёт $66/5/0.12=110 \rightarrow 123$ поколения или 3075 ± 500 лет назад до общего предка **четвёртой ветви**.

Пятая ветвь.

Пятая ветвь довольно сложная. Представляет собой минидерево (см. рис 5) из восемнадцати гаплотипов, распределённых по 4 основным ветвям.

Ветвь 5А.

Это симметричная ветвь из четырёх гаплотипов – пара 85 (Т1, предок из Турции) и 103 (Т1 из Англии) и пара 65 (Т1а неизвестного происхождения) и 174 (Т1 неизвестного происхождения). Условный базовый гаплотип (30) имеет вид:

13 23 14 10 14 18 11 12 11 14 13 31 – 18 9 9 11 13 26 14 19 36 14 14 16 16--10 10 23
24 16 14 15 18 36 36 11 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 20 20 16 10 12 12 15 8 11 23
19 15 11 12 13 10 11 12 11 (30)

По отношению к гаплотипу (30) все четыре гаплотипа имеют суммарно 69 мутаций, что даёт $69/4/0.12=144 \rightarrow 168$ поколений или 4200 ± 675 лет до общего предка **ветви 5А.**

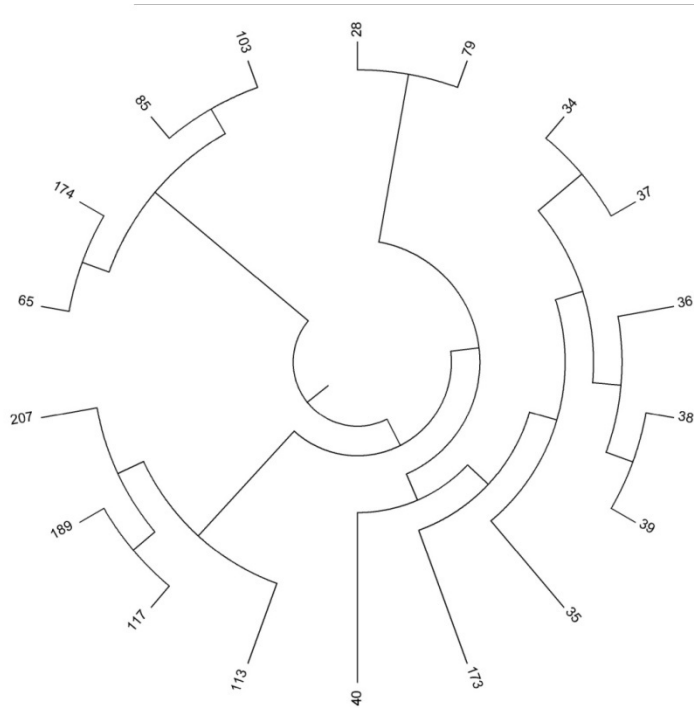


Рис. 4 Пятая ветвь гаплогруппы Т.

Ветвь 5В.

Ветвь объединяет четыре гаплотипа субклада Т1. Это гаплотип 113 (из Чехии), гаплотип 189 (из Саудовской Аравии) и гаплотипы 117 и 207

неизвестного происхождения. Условный базовый гаплотип (31) имеет вид:

13 23 14 10 13 15 11 13 11 13 14 30–17 9 9 11 13 26 14 19 34 11 12 16 17--10 10 23
23 16 14 16 19 35 37 11 9-- 11 8 17 17 8 12 10 8 12 9 12 20 20 16 10 12 12 15 8 11 23
19 16 11 12 13 10 11 12 11 (31)

Относительно гаплотипа (31) все четыре гаплотипа имеют суммарно 81 мутацию, что даёт $81/4/0.12=169\rightarrow 203$ поколения или 5075 ± 775 лет до общего предка **ветви 5B**.

Ветвь 5C.

В этой ветви всего два гаплотипа субклада T1. Гаплотип 28 принадлежит грузину, а гаплотип 79 – армянину. Грубая оценка даёт 4300 лет до общего предка, так как эти гаплотипы отличаются друг от друга на 31 мутацию. Условный базовый гаплотип этой пары имеет вид (32):

13,5 24 14 10 14 18 11 12 11 13 14 28,5--16,5 9 9 11 13 26,5 14 18,5 33,5 13,5 14 15
16–10 10 23 23 15 14 16 18 37 38 11 9--10,5 8 17 17 8 11 10 8 12,5 9 12 20 20 16 10
12 12 16 8 10,5 22 19 14,5 11 12 13 10 11 12 11 (32)

Ветвь 5D.

На этой ветви собраны гаплотипы субклада T1 (34 (Турция), 35 (Марокко), 37 (Испания), 39 (Англия), 40 (Португалия) и 173 (Ирландия)) и гаплотипы субклада T1a (36 (неизвестного происхождения) и 38 (Англия)). Условный базовый гаплотип имеет вид (33):

13 24 16 10 13 16 11 12 11 12 14 27–16 9 9 11 13 25 14 19 34 10 12 16 16--10 10 23
23 15 14 18 16 35 37 11 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 15 10 12 12 14 8 11 24
19 17 11 12 13 10 11 12 11 (33)

Относительно этого гаплотипа (33) все восемь гаплотипов имеют суммарно 84 мутации, что даёт $84/8/0.12=88\rightarrow 97$ поколений или 2425 ± 375 лет до общего предка **ветви 5D**. Похоже, это гаплотипы субклада T1a.

Общий предок пятой ветви.

Составим матрицу из четырёх условных базовых гаплотипов (30)-(33). Тогда условный базовый гаплотип этой матрицы имеет вид (34):

13 24 14 10 14 17 11 12 11 13 14 29–16 9 9 11 13 26 14 19 34 12 13 16 16--10 10 23
23 16 14 16 18 36 37 11 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 16 10 12 12 15 8 11 23
19 16 11 12 13 10 11 12 11 (34)

Так как все четыре условные базовые гаплотипы по отношению к гаплотипу (34) имеют 66.5 мутаций, то мутационная дистанция будет равна $66.5/4/0.12=139\rightarrow 162$ поколениям или 4050 лет. Тогда время жизни общего предка **пятой ветви** примерно равно $4050+(4200+5075+4300+2425)/4=8050\pm 1300$ лет назад.

Шестая ветвь.

Шестая ветвь представлена на рис.5. Четырнадцать гаплотипов этой ветви распределяются по четырём основным ветвям.

Ветвь 6А.

Гаплотип 71 (Т1а из Германии), гаплотип 84 (Т1а из Армении) и гаплотип 198 (Т1 из Саудовской Аравии) имеют условный базовый гаплотип (35):

13 23 14 10 14 15 11 12 11 13 13 29 – 17 9 9 10 13 27 14 19 34 11 13 16 16--10 9 22 24
 15 14 15 17 34 35 11 9-- 11 8 17 17 8 12 10 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 11 24 19
 14 11 12 13 10 11 12 11 (35)

В трёх гаплотипах суммарно набежало 44 мутации, что даёт $44/3/0.12=122\rightarrow 140$ поколений или 3500 ± 550 лет до общего предка **ветви 6А.**

Ветвь 6В.

Гаплотип 86 (Т1) и гаплотип 119 (Т1а2), оба из Ирака, отличаются на 29 мутаций, что даёт, грубо, 4000 лет до общего предка. Условный базовый гаплотип имеет вид (36):

13 23,5 14 11 14 16 11 12 11 14 13 30 – 17,5 9 9 11 13,5 25 14 18,5 33 13 14 16 16--10
 10 22 24,5 15,5 14 16 17 35 35 11,5 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 11 9 12 20 20 16,5 10 12 12
16,5 8 12 24,5 19,5 17 11 11 13 10 11 12 11 (36)

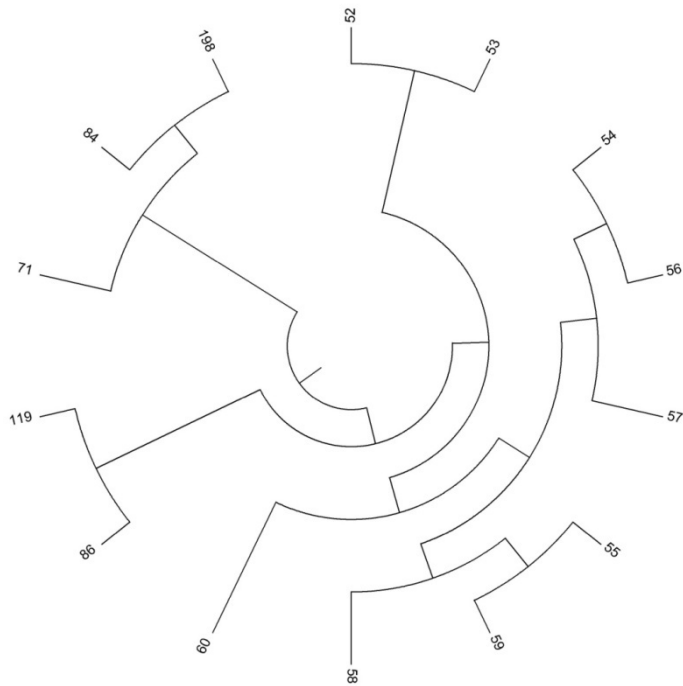


Рис.5 Шестая ветвь гаплогруппы Т.

Ветвь 6С.

Гаплотип 52 (Т1 неизвестного происхождения) и гаплотип 53 (Т1 из Румынии) отличаются на 7 мутаций, что даёт , грубо, 775 лет до общего предка. Условный базовый гаплотип имеет вид (37):

13 23 14 10 15 16 11 12 11 12 13 29—17,5 9 9 11 13 26 14 18 34 11 13 15 18--10 9 21,5
 23 15,5 14 17 17 37,5 39 11 9-- 11 8 16 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 14 8 12
 23 19 13,5 11 11 13 11 11 12 11 (37)

Ветвь 6D.

В эту ветвь вошли гаплотипы евреев из Европы. Гаплотипы 54 (Т1а) и 58(Т1) из Нидерландов , гаплотип 56 (Т1) из Словакии, гаплотипы 55(Т1) и 59(Т1) из Литвы, 57(Т1а) и 60(Т1а) из Украины. Их условный базовый гаплотип имеет вид (38):

13 23 14 10 15 16 11 12 12 12 13 27—17 9 9 11 13 26 14 18 33 11 13 15 19--10 9 22 23
 16 14 17 16 38 39 12 9-- 11 8 16 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 14 8 12 23 19
 14 11 11 13 11 11 9 11 (38)

По отношению к гаплотипу (38) все семь гаплотипов имеют суммарно 21 мутацию, что даёт $21/7/0.12=25 \rightarrow 26$ поколений или 650 ± 150 лет до общего предка **ветви 6D**. Похоже, все эти гаплотипы из субклада T1a.

Общий предок шестой ветви.

Для шестой ветви составим матрицу из четырёх условных гаплотипов (35)-(38). Эти гаплотипы отличаются суммарно на 66.5 мутаций от условного базового гаплотипа матрицы, имеющего вид (39):

13 23 14 10 15 16 11 12 11 13 13 29 – 17 9 9 11 13 27 14 19 34 11 13 16 17--10 9 22 24
 15 14 16 17 36 37 11 9-- 11 8 17 17 8 12 10 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 12 24 19
 14 11 12 13 11 11 12 11 (39)

Это даёт $66.5/4/0.12=139 \rightarrow 162$ поколения или 4050 лет мутационной дистанции. Тогда получаем примерно $4050+(3500+4000+775+650)/4=6275 \pm 1000$ лет до общего предка **шестой ветви**.

Седьмая ветвь.

Четырнадцать гаплотипов седьмой ветви разошлись по трём основным ветвям (см. рис 6).

Ветвь 7А.

В эту ветвь собраны гаплотипы: 70 (Т из Турции), 77 (Т1 из Армении, предок из Турции), 78 (Т1 из Дании), 89 (Т1 из Испании) и 123 (Т1 неизвестного происхождения). Все пять гаплотипов имеют 67 мутаций по отношению к условному базовому гаплотипу, имеющему вид (40):

13 24 14 11 14 16 11 12 12 13 13 29 – 17 9 9 11 13 28 14 19 34 11 13 15 16--11 10 22
 22 16 14 16 18 37 39 10 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 20 20 16 10 12 12 15 8 11 24
 19 15 11 12 13 10 11 12 11 (40)

Это даёт $67/5/0.12=112 \rightarrow 126$ поколений или 3150 ± 500 лет до общего предка **ветви 7А**.

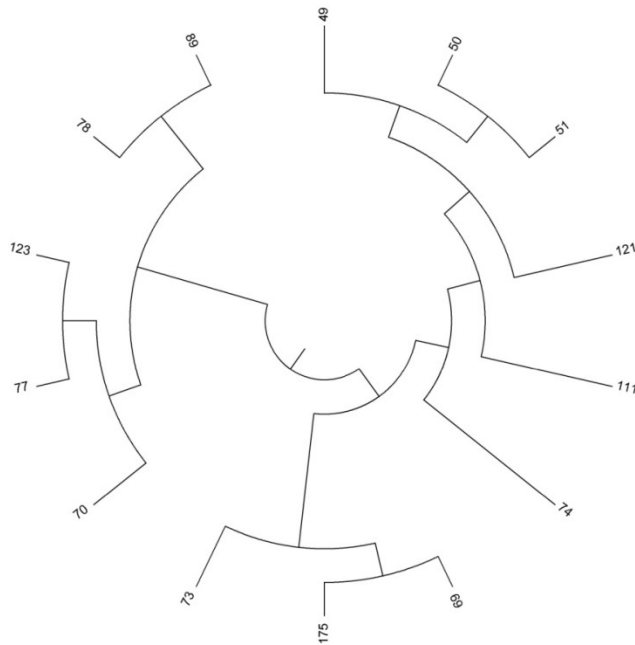


Рис. 6 Седьмая ветвь дерева гаплотипов.

Ветвь 7В.

Гаплотип 69(Т1 из Испании), 73(Т1 из Испании), и 175(? из Франции) имеют суммарно 37 мутаций относительно условного базового гаплотипа, имеющего вид (41):

13 23 15 11 15 16 11 12 11 13 13 30–16 9 9 11 13 27 13 19 32 11 13 15 16--11 10 23
 24 14 14 14 17 35 37 11 9-- 11 8 16 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 18 10 12 12 13 8 11 23
 19 15 11 11 13 10 11 12 11 (41)

Это даёт примерно $37/3/0.12=103 \rightarrow 115$ поколений или 2875 ± 550 лет до общего предка **ветви 7В.**

Ветвь 7С.

В эту ветвь вошли шесть гаплотипов: 49 (Т1а неизвестного происхождения); 50 (Т1 из Англии); 51,74 и 111 (все Т1 неизвестного происхождения); 121 (Т1 из Ирана). Все гаплотипы имеют суммарно 78 мутаций по отношению к условному базовому гаплотипу (42), имеющему вид:

13 23 15 11 13 15 11 12 12 13 13 28–16 9 9 11 13 25 14 19 34 11 13 16 16--11 10 22
 23 15 14 15 17 37 39 11 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 16 10 12 12 14 8 12 25

19 15 11 12 13 10 11 12 11

(42)

Это даёт $78/6/0.12=108 \rightarrow 121$ поколение или 3025 ± 450 лет до общего предка ветви 7С.

Общий предок седьмой ветви.

Составим матрицу из трёх условных базовых гаплотипов (40)-(42). Условным базовым гаплотипом этой матрицы будет гаплотип (43), имеющий вид:

13 23 15 11 14 16 11 12 12 13 13 29—16 9 9 11 13 27 14 19 33 11 13 15 16--11 10 22
23 15 14 15 17 36 38 11 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 16 10 12 12 14 8 11 24
19 15 11 12 13 10 11 12 11 (43)

Относительно гаплотипа (43) набегает 42 мутации, что даёт $42/3/0.12=117 \rightarrow 133$ поколения или 3325 лет мутационной дистанции. Это позволяет подсчитать примерное время жизни общего предка седьмой ветви: $3325+(3150+2875+3025)/3=6350 \pm 1150$ лет назад.

Восьмая ветвь.

Восемь гаплотипов № 41-48 субклада T1 неизвестного происхождения имеют условный базовый гаплотип (44), который имеет вид:

14 23 15 11 13 15 11 12 12 13 13 28—16 9 9 11 13 25 14 19 34 11 13 16 16--11 10 22
23 15 14 15 17 37 39 11 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 16 10 12 12 14 8 12 25
19 15 11 12 13 10 11 12 11 (44)

Относительно этого гаплотипа имеется суммарно 78 мутаций, что даёт $78/8/0.12=81 \rightarrow 89$ поколений или 2225 ± 325 лет до общего предка восьмой ветви.

Девятая ветвь.

В этой ветви собраны шесть гаплотипов: 67(T1 неизвестного происхождения, 68 (T1 из Англии), 87 (T1 из Палестины), 112 (T1 из Франции), 120 (T1 из Саудовской Аравии), 124 (T1 из Германии). Их условный базовый гаплотип имеет вид (45):

13 23 15 10 14 17 11 12 12 14 13 29—17 9 9 11 13 26 14 20 34 11 13 16 17--11 11 22
23 15 14 15 18 36 38 11 9-- 11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 18 10 12 12 15 8 11 23
19 15 11 12 13 10 11 12 11 (45)

Относительно этого гаплотипа имеется 136 мутаций, что даёт $136/6/0.12=189 \rightarrow 232$ поколения или 5800 ± 750 лет до общего предка **девятой ветви**.

Десятая ветвь.

В этой ветви собраны шестнадцать гаплотипов, распределённых по трём основным ветвям.

Ветвь 10А.

Гаплотипы 72 (Т1а из Сомали, предок- еврей из Ирака), 176 (Т1 из Эфиопии), 83(Т1 неизвестного происхождения), 133 (Т1 армянина из Турции), 66 (Т1а ассирийца из Ирака) отличаются суммарно на 110 мутаций по отношению к условному базовому гаплотипу (46), имеющему вид:

13 23 14 10 13 17 11 12 11 13 13 29--16 9 9 11 13 24 14 19 35 11 13 14—15 10 10 23
24 15 14 16 16 36 37 11 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 17 10 12 12 14 8 11 23
19 15 11 12 13 10 11 12 11 (46)

Это даёт $110/5/0.12=183 \rightarrow 224$ поколения или 5600 ± 850 лет до общего предка **ветви 10А**.

Ветвь 10В.

Гаплотипы 90 (Т1, еврей из Польши), 177 (Т1а4а, еврей из Германии) , 114 (Т1 из Ливии) и 178 (Т1а4 из Сирии) отличаются суммарно на 71 мутацию от условного базового гаплотипа (47):

13 22 14 10 14 16 11 12 12 14 14 30--16 9 9 11 12 26 14 19 33 12 13 15—17 11 10 23
24 15 14 15 17 37 38 10 9—11 8 17 17 8 11 10 8 13 9 12 20 20 15 10 12 12 15 8 11 24
20 17 11 12 14 10 11 12 11 (47)

Это даёт $71/4/0,12=148 \rightarrow 174$ поколения или 4350 ± 700 лет до общего предка **ветви 10 В**.

Ветвь 10С.

Гаплотипы 61(Т1из РФ), 62 (Т1 из Колумбии), 63 (Т1 из Испании), 64 (Т1а из Украины), 75 (Т из Армении), 76 (Т1, армянин из Турции) , 88 (Т1 из Италии) имеют суммарно 105 мутаций по отношению к условному базовому гаплотипу (48), имеющему вид:

13 23 13 10 13 15 11 12 12 13 13 28--17 9 9 11 13 26 14 19 34 13 13 15—16 11 10 23
24 16 15 15 17 35 37 11 9—11 8 17 17 8 11 10 8 11 8 12 20 20 16 10 12 12 14 8 11 23

19 15 11 12 14 10 11 12 11

(48)

Это даёт $105/7/0.12=125 \rightarrow 143$ поколения или 3575 ± 500 лет назад до общего предка **ветви 10С**.

Время жизни общего предка десятой ветви.

Для того, чтобы узнать время жизни общего предка десятой ветви, составим матрицу из трёх условных базовых гаплотипов (46)-(48). Базовый гаплотип этой матрицы имеет вид (49):

13 23 14 10 13 16 11 12 12 13 13 29--16 9 9 11 13 26 14 19 34 12 13 15—16 11 10 23
24 15 14 15 16 36 37 11 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 9 12 20 20 16 10 12 12 15 8 11 23
19 15 11 12 14 10 11 12 11

(49)

От гаплотипа (49) все три базовых гаплотипа имеют суммарно 43 мутации, что даёт $43/3/0.12=119 \rightarrow 135$ поколения или 3900 лет мутационной разницы. Тогда общий предок **десятой ветви**, жил примерно $3900+(5600+4350+3575)/3 = 8400 \pm 1425$ лет назад.

Одиннадцатая ветвь.

Гаплотип 80(Т1 из Португалии) и гаплотип 125 (Т1 из Саудовской Аравии) отличаются на 42 мутации, что даёт как минимум 6600 ± 1200 лет до общего предка.

Двенадцатая ветвь.

В эту ветвь (рис.7) сошлись шестнадцать гаплотипов, которые можно разделить на четыре небольшие ветви.

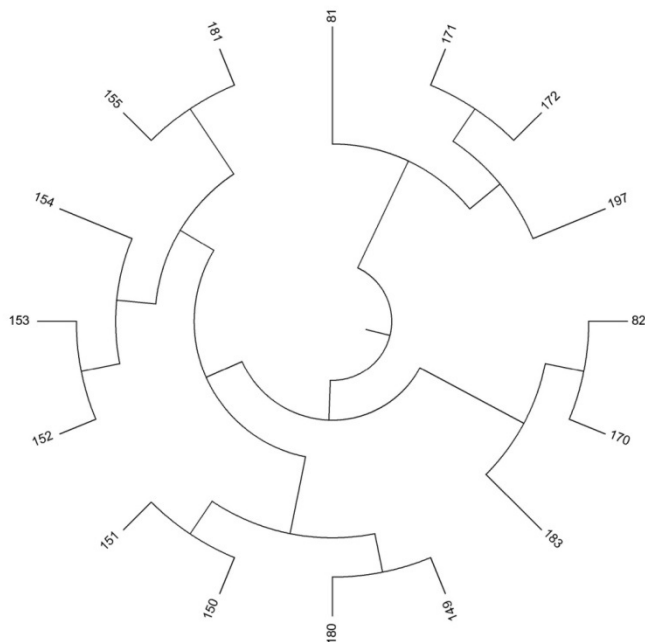


Рис.7 Двенадцатая ветвь дерева гаплотипов.

Ветвь 12А.

Здесь сгруппировались четыре гаплотипа: 171(Т1 из Ирана), 172 (Т1 из Ирана) , 197 (Т1 из Саудовской Аравии) и 81(Т1 неизвестного происхождения).

Гаплотипы 171 и 172 образуют пару с дистанцией в 10 мутаций. Это даёт минимум 1150 лет до общего предка.

Гаплотипы 81 и 197 образуют пару с дистанцией в 32 мутации. Это даёт минимум 4525 лет до общего предка. Мутационная дистанция между базовыми гаплотипами этих пар равна 3575 годам. Тогда время жизни общего предка **ветви 12А** будет примерно $3575+(1150+4525)/2=6425\pm 2125$ лет назад. Условный базовый гаплотип ветви 12А будет иметь вид (50):

13 23 13 10.25 15.5 16.5 11 12 10.75 13.75 13 30 – 13.75 9 9 11 11.75 25.25 14.25 17.75
32.75 13 13.75 14.5 – 15.75 11 10.75 22.75 24 15 12.5 16.75 13.75 34.5 36.75 12
9 – 11.25 8 17 17 8.25 11 10 8 11.5 8.75 12 20 20 17.25 10 12 12 15 8 11.5 22.75 19 16
11 11.75 14 11 11 12 11.5 (50)

Ветвь 12В.

Гаплотипы 82 (Т1 неизвестного происхождения), 170 (Т из Турции) и 183 (Т1 неизвестного происхождения) это совокупность одиночных гаплотипов, общий предок которых теряется в глубине тысячелетий. Если сравнивать их попарно, то получается 59 мутаций между гаплотипами 82 и 170 (до общего предка не менее 11250 лет), 57 мутаций между гаплотипами 82 и 183 (это примерно 10625 лет) и 55 мутаций между гаплотипами 170 и 183 (это не менее 10000 лет). Если провести расчёт по 22 маркерному формату, то все три гаплотипа имеют 7 мутаций, что даёт $7/0.006/3=389 \rightarrow 618$ поколений или 15450 ± 5875 лет назад до общего предка **ветви 12В**.

Ветвь 12С.

Это плоская симметричная ветвь из четырёх гаплотипов: 151 (Т1 из Ирана), 150 (Т1b из Армении), 149 (Т1b, предположительно, армянина из Германии) и 180 (Т1b неизвестной национальности из Южной Африки). Все четыре гаплотипа имеют суммарно 43 мутации по отношению к условному базовому гаплотипу (51), имеющему вид:

14 23 15 10 14 18 11 12 11 14 15 32--17 9 10 11 12 26 15 19 31 11 11 15—16 11 10 22
23 15 13 17 18 34 37 12 9—11 8 17 17 8 12 10 8 11 9 12 20 20 17 10 12 12 13 8 11 27
20 15 11 12 13 11 11 12 11 (51)

Примерное время жизни общего предка **ветви 12С** (субклада Т1b) – $43/0.12/4=90 \rightarrow 99$ поколений или 2475 ± 450 лет назад.

Ветвь 12D.

В этой ветви причудливым образом переплелись субклады Т1, Т1b и Т1b1a. Между гаплотипами 155 (Т1 из Дании) и 181 (Т1b1a из Палестины) 30 мутаций, а это примерно 4150 лет до общего предка. В 22-маркерной панели расхождения у них нет.

Между гаплотипами 152 (Т1 из Германии) и 153 (Т1b1 из Нидерландов) 15 мутаций, что даёт 1800 лет до общего предка. В 22-маркерной панели расхождения у них тоже нет.

Если сравнить гаплотипы субклада Т1 с номерами 155 и 152, то между ними 25 мутаций и, соответственно, примерно 3275 лет до общего предка. Для гаплотипов 153 и 154 (Т1b1 из Норвегии) те же 25 мутаций и 3275 лет до общего предка. Гаплотип 181 отличается от 155 и 152 гаплотипов соответственно на 25 и 30 мутаций, а от 153 и 154 на 31 и 30 мутаций.

Условный базовый гаплотип всех пяти гаплотипов имеет вид (52):

13 23 13 10 14 18 11 12 12 14 14 30--15 9 9 11 12 26 15 19 33 11 11 16—16 11 10 22
23 15 13 17 18 35 35 12 9—11 8 17 17 8 11 10 8 11 9 12 20 20 18 10 12 10 15 8 11 27
20 14 11 12 13 10 11 12 11 (52)

На пять гаплотипов приходится 73 мутации, что даёт $73/0.12/5=122\rightarrow 140$ поколений или 3500 ± 525 лет до общего предка ветви 12С. Ту же цифру, только с бОльшей погрешностью, даёт и расчёт по 22-маркерным панелям – 3850 лет.

Составим матрицу из двух базовых гаплотипов пары 155 и 152, пары 155 и 152 и одиночного гаплотипа 181. Эта матрица имеет условный базовый гаплотип (52а), имеющий вид:

13 23 13 11 14 17 11 12 12 14 14 30--16 9 9 11 12 26 15 19 33 11 11 16—16 11 10 22
23 15 13 18 18 35 36 12 9—11 8 17 17 8 11 10 8 11 9 12 20 20 18 10 12 10 15 8 11 26
20 14 11 12 13 10 11 12 11 (52а)

Во всех трёх гаплотипах имеется 43 мутации, что даёт $43/0.12/3=119\rightarrow 135$ поколений или 3375 лет мутационной дистанции. Тогда общий предок ветви 12С жил примерно $3375+(3275+3275+0)/3=5550\pm 1000$ лет назад. Это с учётом того, что палестинский гаплотип омолаживает результат.

Если всё-таки забыть об палестинском гаплотипе и считать его совершенно отдельной ветвью, то мутационная дистанция будет равна $19/0.12=158\rightarrow 187$ поколениям или 4675 годам. Тогда общий предок западно-балтийской популяции жил примерно $4675+(3275+3275)/2=7950\pm 1425$ лет назад. Если расчёты провести по 22-маркерным панелям, то эта цифра будет 12600 лет назад.

Общий предок двенадцатой ветви.

Шестнадцать гаплотипов двенадцатой ветви имеют условный базовый гаплотип (53):

13 23 13 10 14 17 11 12 12 14 14 30--15 9 9 11 12 26 15 19 32 11 11 15—16 11 10 22
23 15 13 17 17 35 36 12 9—11 8 17 17 8 11 10 8 11 9 12 20 20 17 10 12 12 15 8 11 25
20 15 11 12 13 11 11 12 11 (53)

Все гаплотипы суммарно отличаются от базового на 452 мутации, что даёт $452/0.12/16=235\rightarrow 306$ поколений или 7650 ± 850 лет до общего предка. Но

здесь мы выходим в хронологический отрезок, где расчёты по 67-маркерной панели дают ненадёжные расчёты (И.Рожанский, форум «Родство»). Плюс малая статистика. Для 22-маркерной панели мы получаем $30/0.006/16=313 \rightarrow 450$ поколений или 11250 ± 1250 лет до общего предка. Из 16 22-маркерных гаплотипа 2 имеют вид базового. Это даёт $LN(16/2)/0/006=347 \rightarrow 522$ поколения или 13050 лет до общего предка. Сходимость 90%. Эта ветвь ждёт дополнительного исследования при поступлении новых данных.

Тринадцатая ветвь.

Сорок гаплотипов этой ветви имеют условный базовый гаплотип (54):

13 23 13 10 13 16 11 12 11 14 13 30--16 9 9 11 12 26 15 19 32 11 14 15—16 10 10 23
 24 15 13 18 18 33 36 13 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 20 20 17 10 12 12 16 8 11 27
 20 14 11 12 14 11 11 12 11 (54)

От этого базового гаплотипа имеется 915 мутаций, что даёт $915/0.12/40=191 \rightarrow 236$ поколений или 5900 ± 650 лет до общего предка тринадцатой ветви. В 22-маркерном формате мы имеем $44/0.006/40=183 \rightarrow 224$ поколения или 5600 ± 850 лет до общего предка. Из 40 22-маркерных гаплотипа 11 имеют вид базового. Тогда имеем $LN(40/11)/0.006=215$ поколений (без учёта возвратных мутаций) до общего предка. Сходимость 96%. Теперь посмотрим на структуру ветви.

Ветвь 13А.

Гаплотипы 134 (T1b из Франции), 135 (T1b из Англии) и 160(сомнительное T1 неизвестного происхождения) образуют небольшую ветвь субклада T1b в Европе. Их базовый условный гаплотип имеет вид (55):

13 23 14 10 13 17 11 12 11 14 13 30--16 9 9 11 12 27 14 19 32 11 14 14—16 10 10 23
 24 14 13 17 18 33 38 14 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 11 12 20 20 16 10 12 12 16 8 11 27
 20 15 11 12 15 11 11 12 11 (55)

Всего набирается 35 мутаций, что даёт $35/0.12/3=97 \rightarrow 108$ поколений или 2700 ± 550 лет до общего предка.

Ветвь 13В.

В эту ветвь собраны 8 гаплотипов, которые могут претендовать на субклад T1b. Гаплотипы 136 (T1b) и 212(-) из Германии и шесть гаплотипов 182(T1b) ,

202(T1)-206(T1) из Саудовской Аравии имеют 112 мутаций относительно базового гаплотипа (56):

14 23 13 10 16 17 11 12 9 14 13 29--16 9 9 11 11 25 15 19 32 11 14 14—15 10 10 23 23
15 13 19 19 30 39 12 9—11 8 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 (56)

Это даёт $112/0.12/8=117\rightarrow 133$ поколения или 3325 ± 475 лет до общего предка ветви 13В. Причём, немецкие гаплотипы 136 и 212 имеют разницу в 10 мутаций, что даёт 1150 лет до их общего предка, а вот арабские гаплотипы имеют на шестерых 24 мутации, что даёт 850 лет до общего предка. Так и встаёт перед глазами доблестный крестоносец из Германии, отправившийся освобождать Гроб господень, но так и оставшийся на Ближнем Востоке, да ещё и сменив веру.

Ветвь 13С.

Гаплотипы 130 (Т1 из Польши), 131(Т1b, предок Хусейн Булгаков), 138 (Т1b из Эквадора, национальность неизвестна) образуют небольшую ветвь субклада Т1b и имеют 47 мутаций от условного базового гаплотипа (57):

13 23 13 10 13 16 11 12 11 13 13 29--16 9 9 11 13 26 15 19 33 11 14 15—16 10 11 23
25 15 14 18 16 33 36 13 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 20 21 17 10 12 12 16 8 11 26
20 13 11 11 14 11 11 12 11 (57)

Это даёт $47/0.12/3=131\rightarrow 150$ поколений или 3750 ± 675 лет до общего предка ветви 13С.

Ветвь 13D.

Гаплотипы 157 (Т1, ирландец из Англии), 158(Т1 неизвестного происхождения), 159 (Т1 из Шотландии) образуют небольшую ветвь, тяготеющую к субкладу Т1b и имеют 41 мутацию от условного базового гаплотипа (58):

13 23 13 10 13 16 11 12 11 14 13 30--16 9 9 11 13 26 15 19 34 11 11 15—16 11 10 23
25 15 14 17 15 34 36 13 9—11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 20 21 17 11 12 12 15 8 11 26
20 13 11 12 14 11 11 12 11 (58)

Это даёт $41/0.12/3=114\rightarrow 129$ поколений или 3225 ± 575 лет до общего предка ветви 13С.

Ветвь 13Е.

Ветвь собрала гаплотипы 132 (Т1b из Швейцарии), 137 (Т1b из Молдавии), 147 (Т1b из Германии), 148(Т1 из Франции), 156 (Т1 из Нидерландов), 161 (Т1 из Испании), 162 (Т1 из Германии), 193 (Т1 из Италии), 208 (Т1, араб). Скорее всего это субклад Т1b L131+. Этот субклад имеет условный базовый гаплотип (59):

13 23 13 10 13 16 11 12 12 14 13 30--16 9 9 11 12 26 15 19 32 11 14 15—16 10 10 23
 25 15 13 17 18 32 36 13 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 20 20 16 10 12 12 16 8 11 26
 20 14 11 12 15 10 11 12 11 (59)

Все девять гаплотипов имеют 172 мутации, что даёт $172/0.12/9=159\rightarrow 188$ поколений или 4700 ± 600 лет до общего предка ветви 13Е.

Ветвь 13F.

В этой ветви пять гаплотипов: 126 (Т1b из Англии, 145(Т1 неизвестного происхождения), 146 (Т1 из Чехии), 164(Т1 из Англии), 195(Т1 из Армении). Всё сходится к тому, что это субклад Т1b. Их условный базовый гаплотип имеет вид (60):

13 22 13 10 13 15 11 12 11 14 13 30--16 9 9 11 12 26 15 19 33 11 11 15—16 11 11 23
 25 15 13 18 18 34 36 12 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 11 12 20 20 17 10 12 12 16 8 11 26
 21 14 11 12 14 10 11 12 11 (60)

Относительно базового гаплотипа, все пять гаплотипов имеют суммарно 71 мутацию, что даёт $71/0.12/5=118\rightarrow 134$ поколения или 3350 ± 525 лет до общего предка ветви 13F.

Ветвь 13G.

В этой ветви всего три гаплотипа: 127 (Т1 из Шотландии), 128(Т1 неизвестного происхождения) и 129 (Т1b из Шотландии). Предположительно это всё тот же субклад Т1b. Их базовый гаплотип имеет вид (61):

13 23 13 10 14 15 11 12 11 14 13 30--17 9 9 11 12 24 15 19 35 11 11 15—16 10 11 23
 23 15 13 18 18 31 34 13 9—11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 20 20 17 10 12 12 16 8 11 28
 21 14 11 11 14 10 11 12 11 (61)

Здесь 4 мутации на 3 гаплотипа. Это даёт $4/0.12/3=11$ поколений или 275 ± 150 лет до общего предка, причём гаплотипы 127 и 129 принадлежат к одной фамилии.

Ветвь 13Н.

В этой ветви собрались шесть гаплотипов: 139 ,140и 142 (все- T1 неизвестного происхождения), 141и 144 (оба T1 из Англии) и 143(T1b неизвестного происхождения). Их базовый гаплотип имеет вид (62):

13 22 13 10 13 14 11 12 12 14 13 30--16 9 9 11 12 26 15 19 32 11 11 15—15 10 11 23
24 15 13 17 18 35 36 13 9—11 8 16 17 8 11 10 8 12 10 12 20 20 17 10 12 12 16 8 11 27
21 13 11 12 14 10 11 12 11 (62)

На шесть гаплотипов имеется всего 7 мутаций, что даёт $7/0.12/6=10$ поколений или 250 ± 100 лет до общего предка. При этом три гаплотипа-140,141 и 144 принадлежат к одной фамилии. И судя по всему, это тоже субклад T1b.

Сравнение ветвей 13G и 13Н.

Несмотря на то, что общие предки ветвей 13G и 13Н жили примерно в одно и то же время, это разные ветви. Если сравнить базовые гаплотипы, то видно, что они отличаются на 22 мутации, что даёт $22/0.12=183\rightarrow 224$ поколения или 5,600 лет мутационной дистанции, а значит примерно 5,800 лет до общего предка. Это время общего предка всей тринадцатой ветви.

Заключение

Проведённые расчёты подтвердили основные выводы сделанные в предыдущих работах (2012, 2011b, 2011e, 2011f). Это подтверждает правильность методик ДНК-генеалогии, которые были разработанные и усовершенствованные за последние годы А.А.Клёсовым, Д.С. Адамовым, И.Л. Рожанским и другими действительными членами и активистами Академии ДНК-генеалогии. Опираясь на их открытия, удалось приоткрыть завесу не одной тайны, которую хранят гаплотипы реальных людей. Что же касается гаплогруппы T, то при всей своей малочисленности, эта гаплогруппа за 8,000-10,000 лет интегрировалась во многие национальности и религии мира. И это говорит о том, что у этого рода был свой, пусть сейчас и малопонятный, путь в борьбе за своё выживание.

Литература

Лабай А.А. (2012) Гаплогруппа Т в Азии и Африке. Вестник Российской Академии ДНК-Генеалогии (,ISSN 1942-7484), 5, No. 2, 2-19

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

Igor L. Rozhanskii and Anatole A. Klyosov (2011c) Mutation Rate Constants in DNA Genealogy (Y Chromosome). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, No. 12, 2202-2226.

Клёсов А.А. (2011d) 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. (2011e) Гаплогруппы и гаплотипы Армении (гаплогруппы J2, R1b-L23, R1b-M269 и T-M184). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 4, No. 10, 1985-1993.

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

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

Сравнение аккадской, лакской и арамейской лексики на основе урока для изучения сирияк – современного языка ассирийцев

Р. Омариева

Просматривала в интернете видеоматериалы - «Сны о Сирии». Часть 6, видео сопровождается женским пением, своего рода фон картинке, и это пение создает поразительное ощущение, что слушаешь поющую представительницу одного из дагестанских этносов. Зная, что территория Сирии была частью древней Месопотамии, и что немало дагестанцев ушло в Сирию во время революции и гражданской войны, смотрю в Википедии (англоязычная версия) на каких языках говорят в Сирии, кроме арабского. Среди прочих - язык сирияк. Нахожу сайт с уроками для желающих учить сирияк. Все становится на места: поразительно похожий по звучанию на дагестанские языки - это древний арамейский и современный ассирийский язык с письменностью на основе финикийского письма, имеющий два диалекта- западный, палестинский, на котором говорил Иисус, и восточный, сирияк, на котором говорят современные ассирийцы. Они очень гордятся тем, что на их языке говорил Иисус. Арамейский язык заместил аккадский после того, как последний сошел с исторической арены, вернее, потерял статус имперского языка в Месопотамии.

В начале урока приводится знаменитая фраза Иисуса- обращение его богу при смерти на кресте. Представляется, что фраза имеет несколько иное звучание, чем то, что приводит Библия, - об этом позже. Ниже я привожу слова из урока сирияк, сопоставляя их с аккадскими и лакскими вариантами этих слов, для определения сходства, различий и взаимосвязи лексики всех трех языков. Слова записаны в том порядке, в каком они идут в уроке. Буквами латиницы а, b, c, курсивом обозначены три варианта слов:

Вариант *a)* -слово из арамейского -сирияк.

Вариант *b)* -родственное слово из Чикаго -Ассирийского словаря, где латинской буквой указан том словаря на эту букву, числом - страница словаря.

Вариант *c)* -идентичное по значению арамейскому слово из лакского языка.

a). **Ashura, Ashureta**- «народ Ашура, нашего бога до Христа. Оригинальное и точное имя нашего народа (ассирийцев и халдеев)». *b)* A-2, 471, **Assuru** - прил. (жен.-**assuritu, assuraitu**) –ассирийский; из города Ашура. *c)* Родовое имя **Ashura**, имя женское **Ashura**.

a) **Ata**- флаг. **Baydagh** –флаг; пояснение, что слово турецкого происхождения. *b)* A-2, 479, **ata** -«нар. почему, для чего». Связь слов недостоверна. Слово скорее связано с наванием ассирийцами своей страны- **Ator**. *c)* **bairakh, tugh** -флаг.

a) **Lishana d Aramaya**- арамейский язык.

a) **Burja d Babil** -Вавилонская башня. b) В, 9, **Babil** -Вавилон. c) Следов топонима **Babil** мной пока в лакском языке и топонимике не обнаружено.

a) **Bet nahren** -Месопотамия. b) В, 282, **bitu (betu)** -«сущ. 5.место, участок земли, пространство, регион». c) **bit-an**, гл. ставить, оставить, поставить.

a) **Nahra** -река. b) N, 150, **nehru** -«сущ, (значение неизвестно)». c) **neh, neh-ru**-река, реки.

a) **Beta, binyana** -здание. b) В,282, **bitu (betu)** -«сущ. 1.дом, храм, дворец. 2.поместье, имение, лагерь.3.комната.4.вместилище,хранилище, укрытие.5.место, пространство, регион.6.дом, хозяйство,семья.7.имущество, собственность всякого вида». c) **bita, bitu** в указанных смыслах не применяется. Но приведенные в CAD примеры из клинописных текстов относятся к лакскому языку и означают: **bitan-u** -оставить что-нибудь, кого-нибудь, поставить, посадить- на сиденье, на трон; **bit abi** -поставил бы; **sa bitu sani** -посади на постели; **bitu sanu** -расстели постель; **sa muhhi bitu** -посади на спину. (b) M-2,172, **muhhu-** «сущ.череп, верх головы, верхняя часть». c) **muhha** -верх спины. b) M-2,175, «...**ina muhhi lasme, ana muhhi lasmuma...**», c) -о ношении на спине, обычно детей).

a) **Baina** -создание. b) В, 87, **banu**, А «гл. 1.строить, формировать (город) 2.производить, делать;3.созидать». c) **ban** соответствуют все значения-1.2.3.

a) **Gikha** -улыбка, смех. в) H,7, **habasu** -«сущ. счастье». b) H,7, **habasu**, А -«гл. быть в приподнятом настроении, чувствовать себя хорошо; шумно приветствовать, одобрять». b) K,31,**Kadasu** -«сущ. радость. Слово **kadasu** может быть формой от **hadasu**».b) H,23, **haddu-** «прил. счастливый». c) **khan** -смеяться, **khakhabu** -смех. Связь слов вероятна.

a) **Gbara, gbarta** -храбрый, достойный. b) G, 3, **gabbaru** -«прил. -решительный, сильный, достойный. (встречаются только личные имена)». c) **.kabir** -достойный, устаревшее, только в именах -**Kabir, Kabirat**.

a) **Genyati tilye** -висячие сады. a) **Genta** -сад. b) – не найдено. c) сад -**bagh..**

a) **Doura-** период 100 лет. b) D,107, **dar, dari** -«сущ. всегда, продолжительно». c) **dari** -временной отрезок (**chumul dari**).

a) **Datid** -будущее. b) D,122, **datu** -«нар. впоследствии, потом». c) **buchanmur** -то, что не свершилось, то что наступит, придет в будущем.

a) **Dawar** -прошедшее. b) –не найдено. c) **lauguchun** -прошедшее (время).

a) **Qaim**-настоящее. b) –не найдено. c) **tsanamur** -настоящее.

a) **Darwaza d Aishtar** -ворота Аштар. b) H, 84, **haphappu** -«сущ.часть двери; нижняя часть дверного косяка». c) **darwaza, happu** -ворота. **Ishtar** -имя женское и **Ishtara** -родовое имя в Кули.

a) **Hasanay** -простой, легкий. b) H,122, **hasanu**, «гл. (значение неизвестно)». c) имя **Hasan**, возможно связано.

a) **Hajyat** -произношение, **haji** -произносить. b) – не найдено. c) **Haji** -имя мужское. Возможно, ранее -религиозный деятель, произносящий священные тексты -**аяты**.

a) **Zahmat** -проблема, досада. b) S-1, 30, **sahamu** -«гл.1. быть под гнетом, быть несчастным; 2. угнетать, делать несчастным; сделать жизнь невыносимой». c) **zahmat** -работа, труд.

a) **Chatun** -трудный, тяжелый. b) –не найдено. c) **zahmat-sa** -трудный, тяжелый.

a) **Hanaguta** -шутка, сказанное в шутку. b) N, 189, **nakuttu** -«сущ.страх, тревога, волнение»; b) N,153, **nakadu (naqadu)** -«гл. бояться, трепетать; вызвать трепет, боязнь». c) **nakuta, ha- nakute** при шуточной угрозе, обычно детям.

a) **Warda** –роза. c) *роза* -**khunqul tuti** - цветок шиповника, **khanaq** –шиповника. Нахожу в CAD слово **hanaqu**. b) H, 77.-«сущ.-удушение, удушье».И пример в приведенном тексте: « PN ina **wardim ha-na-qi-im** ubtirru» - здесь, скорее всего, речь о цветке шиповника -розе.

a) **Bibla** -цветок. b) B,219, **biblu** А«сущ.1. свадебный подарок». Связь слов недоверверна. c) цветок -**tuti**.

a) **Wahshi** -дикий. b) U-W, 1-411. Слово не найдено. c) **wahshi** -дикий.

a) **Waraqa**- бумага. b) W, 404, **waraqū** «см. **araqū**». b) A-2, 231, **araqū**-«гл.становиться зеленым, становиться желтым, делаться бледным; 2. делать зеленым, делать желтым, делать бледным; 3.Зеленеть, желтеть, бледнеть». Связь слов возможна. c) бумага- **chaghar**, обозначает также письмо как письменное послание.

b) S-1, 80, **saharru** -«сущ.1 сеть для перевозки ячменя, соломы и др.2.Сельскохозяйственный рабочий этой сети». Упоминается, что слову **saharru** в тексте предшествует слово **saparru**. Последнее обозначает и в лакском, и в аккадском и в сирийск «путешествие». В приведенных из клинописных табличек отрывках текстов идет перечисление товаров, грузов с указанием единиц и количества. Сопровождающий груз человек имел с собой, очевидно, глиняное письмо со списком груза –**saharru**. Выявляется этимология слова: c) **uchin**-сказать, **cha, ucha** –скажи, **harru**-линии, строки. b) **Sa-harru** –сказанное, весть в строках.

a) **Qalama** -ручка. b) Q, K, слово не найдено. c) **qalam** –инструмент письма, карандаш. Уверена, что это тоже одно из древнейших слов, появившееся вместе с пиктографическим, предшествовавшим клинописному, письмом, входит в тюркские языки, есть в языке хинди. Не все слова из подготовительных статей, например, И. Гельба - вошли в САД, я их не нахожу там. Они просто упущены - работа многолетняя, авторов много. Возможная этимология: b,c) **qa, qat** кисть руки; b,c) **lamu** –мост; связующее между кистью и материалом, на котором пишут; **qa-lamu**- инструмент письма.

a) **Bidyuta** -чернила. b) –не найдено. c) **sheqi** -чернила, также черная краска и синоним для обозначения иссиня-черного цвета. b) S-2,308, **sequ** -«гл. (значение неизвестно). **Sequ**, прил. (значение неизвестно). **sequ**- сущ. сосуд (в списке посуды)». Возможно, сосуд для наливания чернил, краски.

a) **Zuze** -деньги. b) –не найдено. c) **arsu** –деньги, серебро и металл серебро. b) E,315, **ersu**, -«сущ.ж.р.1. кровать,2.(поднос для еды). В списке предметов домашнего инвентаря». Судя по тому, что в текстах речь идет о предметах с богатой ювелирной обработкой из золота и слоновой кости, речь, видимо, идет все же о серебре. Традиция обработки серебра очень древняя и не прекращалась у лаков никогда, и название могло остаться неизменным. Теперь исследуем происхождение слова **zuze** в сирияк -арамейском..b) Z,170, **zuzam** -«нар. половина рабочего времени»; b) Z,170,**zuzilu**- «сущ.(значение неизвестно), примечание:1/2 sila **arsu** (или **arqu**) **zu-zi-il** (в списке медицинских материалов)»; b) Z,170, **zuzu** A -«сущ. половина, пол-шекеля, пол-сила» (sila-мера веса); **zuzu** B -«сущ. синоним для «золото»: sassu, **arqu**, **zu-zu**, liqtu, pasallu=hurasu (Malku, словарь синонимов)». Вот и встретились лакское **arsu**-деньги, металл серебро и сирияк-арамейское **zuze** -деньги, золото.

a) **Mudaiata** -цена, такса. b) M-1, 5 **madadu**, A «гл.1.измерять, используя меру объема или длины, платить, передавать в мерах объема или длины; 2 (значение неизвестно), 3.соответствовать, соотноситься; 4.рассчитывать время». c).**mutta** -временной отрезок (**chumul mutta**).

a) **Zraqa d shimsha** –восход солнца. b) Z,65, **zraqu** -«гл. кропить, разбрызгивать (жидкости)»; b) Z,167, **zuruqqu (zaruqqu)** -«сущ. простейшее устройство для забора воды для орошения». c) **zuruqen** -сосулька ледяная. Представляется, что в основе арамейского **zraqa d shimsha** лежит аккадское слово **zraqu**, переведенное в САД как «кропить, разбрызгивать», может, в смысле «заливать светом», как происходит при восходе солнца.

a) **Gneta d shimsha** -закат солнца. b) G,39, **ganandu (ganaddu)** -«сущ. (значение неизвестно), вероятно, касситское слово». В тексте- ga-na-an-di. САД считает характерным для касситских слов суффикс -andi. Связь между арамейским «**gneta**» и аккадским «**ganandu**» возможно установить только путем изучения клинописных текстов, если она вообще существует. c) закат солнца -«**bargh lagabu**», буквально -уход, отход солнца.

a) **Zmarta** -песня, **zamara, zamarta** -певец. b) Z, 35, **zamaru** -«сущ. песня, текстовая композиция для исполнения с- или без- музыкального

сопровождения»; Z, 36, **zamaru** А -«гл.1.петь песню с- или без- музыкального сопровождения».с) **zama**, сущ.-ритуальное причитание нараспев, оплакивание умершего, погибшего. **Zama tun** -гл. оплакивать, произнеся причитания.

а) **Khuyada** -единство, единственность, исключительность. *b,c)* слова не найдены

а) **Khiruta** -свобода. **Khirra** -свободный, **khirta** -свободная. *b)* Н,199, **hirru** -«сущ.борозда, мн.число **-hirretu**». Далее. после примеров текстов с данным словом: «...(Неясно. Возможно, другое слово)».Наличие в приведенном предложении слова **azzizma**, синонима слова **hirrama**, позволяет предположить идентичность данного слова лакскому **hirra-sa** -дорогой, **hirra-ma** -дорогой, любимый.с) **Hirra-tu**, **hirra-mur**-дорогая, любимая. Связь с арамейским **khirra** -неясная.

а) **Khabnisan** -Начало весны, ассирийский Новый год, 21 марта по грегорианскому календарю. *b)* N, 265, **nisannu** -«сущ.2.название первого месяца года». *c)* «**Int derikhu**» -Начало весны и праздник Начала весны, также 21 марта, встречают выпечкой «**abarta**» для каждого члена семьи индивидуально, -это фигурки животных или человека из сдобного теста, украшенные сладостями, и с запеченным внутри фигурки яйцом (символ плодородия) и ритуальными огнями. Это -костры в каждом доме и на горах вокруг села, ночью. Дети и молодежь забираются на окружающие вершины гор с материалом для огненного шоу. Старые крыши от автомобилей закатывают на вершину, чтобы поджечь и скатить, их поджигают и скатывают вниз, и они огненными кольцами, подпрыгивая, живописно катятся вниз. Из ветоши, привязанной в виде узла к концу веревки или проволоки и пропитанной керосином, делают «**ruhali**»,-их крутят, образуя огненный обруч. Берут с собой «**urun**» -заранее заготовленные из глины метательные снаряды с трубочкой из сухого полого стебля, набитого порохом для поджигания. Их тоже крутят вокруг себя, как молотобоец молот, и мечут глиняный с огненным хвостом снаряд. За недели до наступления и после дети под впечатлением этого праздника, делятся, кто какую **abarta** получил, готовят **ruhali** и **urun**.

Ассирийцы считают, что их празднику Нового года 6750 лет, 2000 после Христа и 4750 лет со дня основания города Ашура.

а) **Mizelta** -парад. *b, c)* - не найдены.

.**Tdurrane** -горы, **tdurra** -гора, **tdurraya** -горец. *b)* D,115, **darru (tarru)** -«прил.бородатый». В тексте: «**tu-ra-a-nu, da-ri-i-ru, a-na-da-ru =dar-ru**». *c)* **.dara** -горный склон, долина, **darar -du** -горные склоны, долины. *c)* **Zuntu** -гора, **zuntal chu** -горец. *b)* Z,162, **zuntu**-«сущ.(тип двери); список синонимов»

а) **Ramta** -холм, высота, **ramyate** -холмы. *b)* –не найдено. *c)* **baku** -холм, куча, высота, **bakur-du** -холмы. В топонимике территории бывшей Месопотамии

сохранились названия, имеющие в основе лакское **baku**: например, **Kibaku** - двойной, или двуглавый холм.

a) **Talana** –игрок. Аналоги *b, c)* не найдены.

a) **Tlanita** -тень, полумрак. *b)* –не найдено. *c)* **hut** –тень.

a) **Zulqala** –альбом. **Zulqizwa** -видео.

a) **Niqde** -приданое. *b)* N, 252, **niqu (niqhu, niqiu)** -«сущ. подношение, пожертвование». Возможно, есть связь между словами. *c)* приданое –**sunchi**.

b) S, 381, **sumsu (zumsu)** –«сущ. (значение неизвестно)». Связь слов не определена.

a) **Munshuqyati** -поцелуи, **betwati** -дома, -примеры образования множественного числа. **Nukhraye** - странники, иностранцы.

a) **Ishou Mshikha** -Иисус Христ. Из текста урока: «Христ происходит от греческого слова «Христос», означающего Мессия -помазанник.. **Mishkha** -масло, от этого слова произошло слово **Mshikha** -помазанник.**Mshikhaya, mshiketa**, -последователи Христа». *b)* M-2, 120, «**mishu (mishahu)** - «сущ.святиющееся явление на небе, вызванное обычно звездами, метеором». *c)* **Isa** -Иисус. **Idausi** -пророк. **Isa Idausi** -Иисус пророк.

a) **Yalupa** -студент, учащийся, ученик. *b)* E,136, **elupatu** -«сущ. (значение неизвестно)». Связь слов не установлена. *c)* **mutalim** -ученик.

a) **Rabi** -учитель, наставник, господин. *b)* R, 14, **rabatu (rabiату, rabbату)** - «сущ.величие, могущество»; *b)* R,15, **rabbu**,А -«прил. кроткий, добрый»; *b)* R,16, **rabbu** -«прил. обширный, великий»; *b)* R,17, **rabianu (rabenu,rabanu)** –«сущ. мэр, глава». Судя по тому, что толкование слова и его производных занимают страницы с 14 до 57, слово имело частое употребление и имело важное значение для характеристики уклада жизни, социальных слоев и их места в жизни общества Месопотамии. *c)* имена: мужское **Rab bani**, и женское **Rabiату** сохранились в лакском языке. *c)* **alim** -учитель, наставник, **alim-su**-ученый. *b)* A-1,349, **alimu** -«сущ. из высших чинов, уважаемый».

a) **Malpana**, м.р. **malpanta**, ж.р.-учитель, наставник. *b, c,)* -не найдены.

a) **Yaqura** -тяжелый, значимый. *b)* Q, 288, **qu**, В -«сущ. 1.мерный сосуд стандартного объема; 2. измерение объема; 3.измерение плотности; **si-la=qu-u**». *c)* **qu-sa** -тяжелый, весомый.

a) **Qalula** –легкий, незначительный. *b)* Q, 296, **qalalu** -«сущ.мн.ч. лишенный доверия, опозорившийся». *c)* **kuklu** -легкий, небольшого веса; *c)* **qula** -тонкий, невесомый.

a) **Chara** -лекарство; выход из положения. b) S-2,50, **saranu** -«сущ. 2.лекарственное растение. Среди лекарственных растений и минералов для прикладывания в качестве лечебной мази». c) **chara** -лекарство; выход из положения.

a) **Ktava, katava** -книга, письмо. b) K, 465, **kitabtu** -«сущ.(значение неизвестно)». Возможно, обозначало письмо. Слово есть в хинди, **kitab** означает «книга». c) книга **-lu**, письмо **chaghar**. Лакское слово для обозначения книги **lu** означает также овечью шкуру, руно. Видимо, этимология слова связана с изготовлением из овечьей кожи свитков для письма, -следующий после глиняных табличек этап развития письменности, и это название книги, идентичное названию руна, овечьей шкуры,-сохранилось в лакском языке. Существует версия, что миф о золотом руно, заимствованный греками у аккадцев, ошибочно интерпретировал аккадское слово как «руно» вместо «книга». Имелась в виду «золотая книга», с очень ценной информацией, а овечья шкура, даже золотая, не имеет практической ценности, чтобы ради нее жизнью рисковать.

a) **Bet urke** -архив, библиотека. B, 282, **bitu (betu)** -«сущ.4.вместилище, хранилище, укрытие», U, 232, **urku**, B -«прил. принадлежность к Уруку, или из Урука». Очевидным является происхождение слова, обозначающего архив либо библиотеку на арамейском языке (сирияк). c) слово - заимствование **библиотека**.

a) **Kaldaya, Kaldita** -Халдей.

a) **Lughata** -словарь. b) –не найдено. c) **lughat** -говор, диалект.

a) **Lishana** -язык, как речь и физиологический орган. b) L, 209, **lisanu** -«сущ.4. «язык, технический язык, особый язык или диалект, персоне или народ, говорящий на (иностранным) языке». c) **lishan, lishan-nu** -знак, символ, знаки, символы. c) **Maz, maz-ru** - язык, языки -как речь и как физиологический орган. Находим b) M-1, 438, **maziru**-«сущ. (значение неизвестно)»; «**mazkutu (maskutu, mastaru)** -«сущ. (значение неизвестно)». В тексте; **ma-as-KUD**, следует примечание, что чтение последнего знака как **-kut** является неточным. На самом деле речь идет о **maz-khuk**, буквально «язык-сердце», специфический продукт при заготовке баранины, часть головы с языком и сердце животного. Лакцы это подвергают сушке (вялению).

a) **Luaza** -диалект. b) –не найдено. c) **lughat** -диалект.

a) **Ritma** -произношение. b) –не найдено. c) **chabu, uhabu** -произношение.

a) **Hamzamta** -речь, разговор. b) T-2, 85, **temu** -«сущ.1.сообщение, новости, информация; **gal.ga** = mil-ku, **te-e-mu**». c) **ghalgha** -речь, разговор; **temu** -обсуждаемое, высказываемое; приказ.

- a) **Lukha** -табличка для письма, рисунка. b) L,39, **lahannu (lahiannu)** -«сущ. бутылка для воды, молока, пива (в списках посуды)». Представляется, что речь идет о глиняном сосуде для этих целей. c) **lah** -зола, пыль, **luhha** -грязнуля, «Золушка».
- a) **Lup u malip** -учиться и преподавать. b) –не найдено. c) учить **-dars dikhlan**, учиться **-dars lakhlan**. Буквально -«задавать урок» и «учить урок». **Dars** -урок. b) D, 115, **darsu** -«прил.смещенный, свергнутый». Связь слов не установлена.
- a) **Barnasha** -человек, человечность. b) E, 170, **ensu** A,-«сущ.богослов, духовное лицо. **En-su-u ...= su, sa-hi-lu**». c) **insan**- человек, **insan-shibu** -человечность; **chu** -муж, мужчина, **shahil** -молодой человек.
- a) **Murakhas** -каникулы, отпуск. b) M-2, 222, **murruqu** -«гл. освобождать (проданное имущество) от незаконных притязаний». c) **murakhas** -освобождение кого-либо, чего -либо от кого- или чего-нибудь.
- a) **Sapar** -путешествие. **Saparchi** -путешественник. b) S-1, 480, **saparu** -«гл. посылать кого-либо; сопровождать имущество, животных; отправлять обратно». c) **sapar** -путешествие. **Saparchi** -путешественник.
- a) **Madnkha** -восток. b) M-1, 11 **madaru** -«гл. (значение неизвестно) ...=**ma-da-rum, tur-ru-bu**». Вот это последнее тождество в толковании позволяет предположить, что речь идет о слове, обозначающем Восток. На востоке Месопотамии - горы, Иранское нагорье, **Turan**. Если бы лаки называли горы **turra, tur-ru-bu** означало бы «в стороне гор, в горах». Возможно, отсюда этимология лакского слова **tur-lu**-облако, туча. **Tur** -гора, **lu** -внизу. Облака -то, что выше гор, над горами. Специального слова, обозначающего Восток как сторону света, в современном лакском языке нет. Лаки говорят **bargh bukke chul**, буквально «сторона, откуда восходит солнце».
- a) **Garbia** -Север. b) Q, 216, **qerbu (qarbu)** -«сущ.1.середина, внутренняя часть, центр страны, города, земного или космического пространства, толщи воды, здания, объекта». В текстах применено в основном с географическими названиями: «**qereb mat Assur... qereb mat Elamti...**» Возможно, обозначало также Север как сторону света. c) разгар зимы **-qurukhi (khi-зима)**, более прохладная комната для хранения припасов в доме **-qurub-alu**, указывают на связь аккадского **qerbu** с обозначением севера. В современном лакском языке Север обозначают словом **Ukhsau**, буквально «основание неба».
- a) **Maarwa**- Запад. b) M-2,157, **muarriru** -«сущ.наемное или союзное войско». b) M-1, **magarru (mugarru)** -«сущ.1.колесо повозки, колесницы. 2.повозка, колесница». Связь между словами пока установить не удалось. **Magrib** -название территории, находящейся западнее Месопотамии, возможный ключ к

толкованию слова. *c)* Запад **-bargh lage chul**, буквально «сторона захода солнца».

a) **Taymna** -Юг. *b)* T-1, 56 **tahumu (tuhumu, tahhummu)** -«сущ.1.граница, межа; 2.пограничная зона, территория». Тексты с применением этого слова изобилуют географическими названиями. Слово рассматривается как ассирианизм. Связь слов недостоверна. *c)* **Qebla** -Юг. *b)* Q, 201, **qeberru** - «гл. сжигать покойника; сжигать предметы, объекты». В текстах образование слов: **qe-be-ri-im** -«в направлении», **qe-be-ri-ja** - «из , с», **qe-be-ri-su** -«выходец из» с данным словом и наличие географических названий позволяет предполагать, что слово или его производное могли применяться для обозначения Юга.

a) **Mishtuta** -прием гостей, праздник.*a)* **Knushya d Atoraye** -Ассирийская ассоциация. *a)* **Pitka**-билет.

a) **Nagishtan** -внезапно. *b)* N-1, 108, **nagasu-** «гл. покинуть, уйти, бродить, странствовать». Связь между словами недостоверна. *c)* внезапно **-sakun**, - буквально «на счет раз», быстро.

a) **Nekha** -медленно. **Nehu -(nehtu)** -«прил.спокойный, тихий, медленный»;

b) N,143, **nahu** А (**nuahu**) -«гл.2.смягчаться, стать мирными, успокоиться (говоря о людях, народах и странах)» *c)* **nahu-sa** -спокойный, ласковый - говоря, например, о тоне голоса для успокоения кого -нибудь.

a) **Jalde** -быстро. *b)* S,410, **surri (surru, surramma)** -«нар.1.незамедлительно, в момент». *c)* **sur khun** - гл. действовать предельно быстро, не теряя времени.

a) **Nustdurnaya** -несторианцы.*a)* **Suraya, Sureta** -ассириец, «но это неправильное толкование, -говорится в уроке. Вернее будет сирияко - говорящий христианин». *a)* **Surit** -сирияк. *b)* -не найдено.*c)* словосохранено в языке ив в виде женского имени **Suraya**.

a) **Sahda** -мученик. **Sahduta** -мученичество. *b)* S, 20, **sahdu (sahadu)** -«гл. (?) (значение неизвестно)». *c)* слово сохранилось в виде родового имени **Saghda**. Соответствие недостоверно. **Youm d sahdi** -день мученика, связан с историей ассирийцев.

a) **Sahra** -луна. *c)* **barz** -луна и месяц, в том числе календарный. *b)* B,107, **barasu** -«гл. сверкать, сиять ярко».

a) **Shimsa** -солнце. *b)* S, 332, **samsatu (sansanatu)** -«сущ.1.солнечный диск; 2.ложное солнце (паргелий) или луна (парселен)» *c)* **chani** -свет, **tsanchani** - рассвет. Солнце **-bargh**. *b)* B, 103, **baraqu** -«гл.1,2,3.сверкать, говоря о молнии; бить светом, сиять, сверкать, излучать свет».

a) **Kakhwa** -звезда. *b)* K,45, **kakkabu** -«сущ.1.звезда.2.метеор,

Падающая звезда.3.звездовидный объект, образование». *c)* **kakkabu** - видение, появление (например, небесных тел на небосводе, позволяющее наблюдать). **Tsuku** -звезда, **tsurtti** -звезды (**tsu** -огонь).

a) **Ida**- время празднеств.*a)* **Ida gura** -Пасха. *a)* **Ida zura** -Новый год. *b)* E,23, **eddesu** -«прил. постоянно обновляющийся, вечно блистательный». *b)* E, 30, **edesu** – «гл.1.быть или стать обновленным; 2.обновить; 3.возобновляться». В текстах речь идет о космических и земных процессах, о возрождении природы. *c)* Новый год -**Tsu-sa shin**, калька с этих слов.

a) **Aziz** -дорогой, вещь или персона. *b)* E,429, **ezib** -«союз -кроме, не считая».В текстах присутствуют слова, подтверждающие иное, подобное арамейскому, значение этого слова: **e-zi-ib ...hi-ra-tu, ...sub-ba = e-zi-ib**. *c)* **ezi-sa, ezi-ma** -любимый, драгоценный. **Aziz-sa** -любимый, дорогой. Не употребляется по отношению к вещам.

a) **Ashiq** -любовная страсть, любовь. *b)* E,231, **esequ (eseku)** -«гл.1.чертить, делать насечки на поверхности; 2.тянуть жребий. **Sa-ab sab = na-ka-su, sa-ra-tu,ha-ra-su, ha-ra-rum, e-se-tu, e-se-qum, e-ze-qum...sab = esequ**». В приведенных синонимах мной выделены также слова **harasu** -«очень близкая», «находящаяся под рукой» у мужчины (про жену) и **hararu - hirara, hira-sa** -любимый, -ая, сохранившиеся в лакском языке для обозначения человеческой любви. *c)* **eshqi** -любовь, страсть, **chebu** -любовь, желание.

a) **Pushakmile** -словарь. **Kunamile** -лексика. *b)* **Malku sarru** -толковый словарь. **Maklu** -словарь, лексика. *c)* словарь -словарь, заимствование из русского языка.

a) **Pushakta** -объяснение, перевод. *b)* P, 536, **pussuru** -см. **bussuru**». *b)* B,347, -**bussuru** -«гл. 2.доносить, докладывать новости, приятные для слушателя». *b)* P, 536, **pussu** -«гл.(значение неизвестно); **ta-ar =sa, al-ta-ru, sa, pu-us-su,sa...pu-us-su =sum, Malku**». *c)* **busan** -рассказать, **busuru** -донесение, **tar** -сказал, от **tun** -говорить, **cha** -скажи, **chin** -высказать. Связь слов очевидна.

a) **Mila** -слово. *b)* M-1, 34, **magaru** -«гл.1. исполнять просьбу, соглашаться, дать разрешение кому-нибудь или на какое-нибудь действие; 2.дать согласие, согласиться с просителем, принять просьбу. **Se-e = se-mu-u-u, ma-ga-ru**». *c)* **maq, maq-ru** -слово, слова.**Che maq, chemu** -высказываемое.

a) **Kunasha** -коллекция, сбор. *a)* **Khashkhati** -старинное название словаря. *a)* **Prasta**-распространение. *a)* **Prasqala** -передача звуков, радио. *a)* **Praskhizwa** -передача изображения, телевидение.

- a) **Pariq** -спасать. a) **Parqana** -спаситель. b) P,153, **paraku** -расположить поперек, положить крестообразно». c) **aparaq** -ругательное, (заслуживающий распятия?)
- a) **Sliwa** -крест. a) **Zqipa** –распятие, крест.
- a) **Supra** -скатерть. b) S,392, **supiratu** -«сущ. мн.ч. (полотняная вещь)». c) **supra** -скатерть, мн.число -**suprar-du**.
- a) **Sayada, seda** -охотник. b) S,10, **sadadu** А –«гл. делать облаву (?), преследовать». b) S,17, **saddu** -«сущ. набег, облава (?)». b) S,17, **sadeja** -«сущ. животное, возможно, носорог». c) Слово в виде родового имени **Seda** (в Кули), которое, возможно, имеет отношение к данному слову. c) охотник- **awchi**, **aw** -добыча, трофей.
- a) **Qadusa** -например. **Tdusa** -пример. b) T-2,85, **temu** -«сущ.5.довод, изображение». c) **ti-sa** (от **tun**–говорить) -сказанное как пример, довод.
- a) **Quwat** -могущество. b) Q,291, **qubbatu** -«сущ.(значение неизвестно)». c) **quwat, qubat**- могущество.
a) **Khela** -сила. b) G, 143, **gussuru** -«прил. превосходящий в силе». c) **gush** –сила.
- a) **Zabun** -слабость, нехватка физической силы. b) Z,150, **zu** А -«сущ.1 испражнения; 2. отходы». 2. из медицинских текстов: «**se =ze...se.in = il-tu**». Речь об истощении болезнью. c) **zeib-sa** -слабый, физический ослабший, **iltu** -худой, потерявший вес.
- a) **Qartdesa** -диплом, степень. c) заимствованные из русского языка слова.
- a) **Rawaya, raweta** -пьяный. b) R,1 **ra abu** -«сущ. посуда для- или вид пива». b) R,1.**ra abu** -«гл.1. быть раздраженным, злым; 2.сердиться, провоцировать». a) **Salila, salilta** –пьяный. b) S,88, **salalu** -«гл.махать, колыхаться, дрожать». c) пьяный -**uchu khuma**, выпивший –**hauchuma**.
- a) **Rhuznama** -газета. a) **Prasqala** -телевизор. c) слова, заимствованные из русского языка.
a) **Razi** -приемлемый, подходящий. b) R, 180, **rasabu** -«гл.ошибаться, заблуждаться, напутать». b) R, 181, **rasanu - tu-u, su, sim.ir =su-u, ra-sa-nu**.
c) **tun, chin** -высказать, выразить согласие; **razi khun** -принять, согласиться..
- a) **Rdayta** -удовлетворение, одобрение. b, c,) –не найдены.

- a) **Shapira, shapirta** -красивый. b) S, 453, **sapiru** -«сущ. надсмотрщик, ответственный за людей, персонал, имущество; 2. правитель области, префект». c) слово сохранилось в виде мужского имени **Jabir**.
- a) **Shitranj** -шахматы. a) **Daman** -шашки. a) **Nardtakhtha** -трик-трак. b)-слова не найдены. c) Шахматы, шашки -заимствования из русского языка; **nard-tahta** –нарды (**tahta** -доска).
- a) **Shlama** -мир, приветствие. b) S, 89, **salamu** -«сущ. дружеские отношения, мир, союз» c) **salam** -привет, приветствие.
- a) **Shlama lukh, shlama lakh** -мира вам. b) L,45, **lakku (laqqu)** -«сущ. посуда, изготовленная из серебра». b) L,130, **lequ** -«сущ. приемный ребенок, приемыш». b) L,131-137, **lequ, (laqau, laqu)**. Слово приводится как глагол, много разных интерпретаций; a.e =le-qu-u, tar-butu; bu-lu-ug = tarbutu, le-qu-u; e.ba.ra.=le-qu-u; ti-i =le-qu-u; su-ti =le-qu-u. Из текстов: «lequsu... lequsuma...» (c) **laquchu** –лакец, **laquchu-ma** –«тот, который лакец») определенно указывают, что речь идет о представителях лаков. Видимо, в этом причина многозначности «глагола» **lequ**. В лакском языке эти значения данного слова передаются совершенно другими словами. c) **salam alak, salama lak** -привет, приветствую (лаков?).
- a) **Shlama umakh, shlama umukh** -мира между вами. b) U,102, **ummanu** –«сущ. 1. военная сила, отряды, армия; 2. население, рабочая сила, персонал», c) **ummat** -много, достаточно, **salam ummakh** -мира обществу, мира всем. В современном лакском языке нет такого приветствия.
- a) **Tora gulpina** -крылатый бык. a) **Tora** -бык. b) –не найдено. c) **tura** -дикий горный козел. Бык -**nits**.
- a) **Gulpa** - крыло, **gulpane** -крылья. b) –не найдено. c) крыло, крылья – **kha, kharru**.
- a) **Tawirta** -корова. b)-не найдено. c) корова, коровы –**ul, ul-lu**.
- a) **Tashita** - история. b) –не найдено. c) **khawar** –история как рассказ о случившемся.
- a) **Talmide** -ученики. **Polus shlikha, Pilipus, Tuma, Tuidy, Bartolme, Andreush, Shimon, Mete, Yokhanan, Yaqu, Ihuda** –имена последователей Иисуса.
- a) **Siprayuta** -литература. **Sipraya, sipreta** -образованный человек. c) **aqlu -chu, kul-chu, alim-chu** –образованный человек.
- a) **Btulta** -девственница. **Btula** -целомудренный. **Maryam btulta** -дева Мария. **Marya yima** -мать.

- a) **Madrashtha** -школа, учебное заведение. **Madrashtha elita** -высшая школа. b) M-2,163, **mudu** –«прил.знающий, знаток в каком-нибудь ремесле, образованный»
 c) **madrasa** -учебное заведение.
- a) **Stdar** –писать. b) S,122, **sisitu** А (**tisitu**) -«сущ. 2.судебная повестка, воззвание». c) **chichru**-то, что предписано; **chichlan** –писать.
- a) **Orhay** –Эдеса (город). b) **Orhay** –греческое название Урука. c) **Urughi** –кубачинцы; имя мужское **Hadis** возможно, от **Edesa**.
- a) **Alaha** -Бог, **Ala** -старинное название бога. b) M-1,151 **malahu** С –«сущ.бог; в списке имен бога». c) **Alah** -Бог.
- a) **Aninqaya, aninqeta** –необходимый, важный. b) -не найдено. c) **arkin-sa** необходимый, важный.
- a) **Dayana** –судья, **Dyanta** –суд. b) D, 28, **dajanu (dianu)** -судья. c) **diwan** -суд.
- a) **Qanun** -закон. b) D, 150, **dinu** -«сущ. 1.решение, приговор, суд, наказание.2. юридическая практика, статья закона». c) **din** –закон; религия.
- a) **Sneghra, sneghreta** –адвокат. b) – не найдено. c) заимствование из русского языка.
- a) **Darba** -рана, разрыв тканей. b) S, 246, **seberu (sabarur)** -«гл. 1.разбить, разорвать, расколоть». c) **shabu** –рана, разрыв тканей.
- a) **Daikana** –склад, магазин. b) T-1, 493, **tusinnu** -«сущ. торговец с преимущественным правом, выкупатель». c) **tuchan** -магазин.
- a) **Hakim** -врач. b) H,32, **hakamu** -«гл. 1.знать, понимать; 2. доводить, объяснять, предписывать». c) **hakim** -врач.
- a) **Betkrihe** -госпиталь. b) –не найдено. c) **azerhana** -госпиталь.
- a) **Hujra** -офис, маленькое помещение. b) H,261, **husaurutu** –«сущ.заключение, тюрьма». Связь слов недостоверна. c) **hujra** -маленькое помещение.
- a) **Hudama** -основная часть чего-либо, один из сообщества. b) H, 68, **hammatu** -«сущ.А -хозяйка, глава семьи; В -целое, все количество».c) **hunamu, hummu** -основная, большая часть чего-либо.
- a) **Mhudyama, mhudyamta** -лидер, руководитель. b) H,234, **hummadu** -«сущ. официальное лицо, крупный чиновник». c) **hunama, humma** -лидер, руководитель.

- a) **Mdabrana, manshuqta** -поцелуй. a) **Bache** -детский поцелуй. b) –не найдено. c) **pa (ba** -детский) поцелуй. **pachin** –поцеловать.
- a) **Mdita** -город. b) M-1, 5, **madadu** A –«гл.1. измерять (используя меры объема или длины); **ma-da-du...**(=**am-ma-tu**)». c) **shahrū** -город. b) S-2,35, **sar (saru)** -«сущ.тридцать шесть сотен;2.все количество». b) S-2,76, **sarru** - толкование слова идет до 113-й страницы и требует отдельного изучения. Интересный момент –и в аккадском, и в арамейском языках слова, обозначающие населенный пункт, похоже, образованы из числительных или слов для обозначения очень большого количества.
- a) **Mata** -поселок, **matwani** - поселки. b) M-1,414, **matu** - «сущ.1.страна (как политическая общность)». c) **huku-mat** -страна, как политическая общность. c) поселок - **sharabalu**; поселки - **sharabal-tu, sharhur-du**.
- a) **Ukhdana** -государство. b) U, 56, **ukkudu** –«гл. вести себя агрессивно, помыкать, злоупотреблять». c) **ukhtan-sa** - дерзкий, неуважительный в общении, поведении. Связь слов возможна.
- a) **Atra** -страна. от **Ator**, я полагаю. c) соответственно, **Lakialu, Lakku bilajat**-страна лаков.
- a) **Rukha** -дух, привидение. b) R, 408, **ruhu** -«сущ.мн.ч.(вид колдовства)». c) **ruh** -дух, привидение.
- a) **Gana** -душа. b) G, 79, **gananu** -«гл. ограничить (человека), заключить в тюрьму». Связь слов недостоверна. c) **jan** -душа.
- a) **Raya** -пастух. b) – не найдено. **raijat** –рабы. c) Пастух -**uhchu**.
- a) **Irbe** -овца. b) A-2, 521, **atudu (etudu, dudu)** -«сущ. дикий баран. Sa-ар-ра-гу, **a-tu-du =sa-hu-u. Malku**». c) **ettu** –общее название овец, баранов, коз; **chakhu** -овца.
- a) **Rukikha** -мягкий. b) R,167, **raqaqu** –«гл.1.стать тонким; 2.истончать, выравнять, разглаживать». c) **qiqlan, lu qiqlan** –выделывать, смягчать шкуру, **quqlu** –мягкий.
- a) **Raq** -жесткий. b) R,168, **raqqatu** A -«сущ.2.(металлический предмет)». b) R,172, **raqqu** –«сущ. черепаха». c) **qanqa-sa** – жесткий.
- a) **Talga** -снег. b) T-1,93, **talgab** -«сущ. (значение неизвестно). Касситское слово». Связь слов недостоверна. c) **marhala** -снег.
- a) **Gdila** -лед. b) –не найдено. c) **mikh** –лед.
- a) **Mitdra** -дождь. b)-не найдено. c) **gharal** -дождь.
- a) **Tarba** -жирный. b) –не найдено. c) **aghu-sa** –жирный.

a) **Taklat** -я желаю. b) –не найдено. c) **na che ura (bura)** -я желаю.

Возвращаюсь к фразе Иисуса, которая приведена в начале урока: E-LEE E-LEEL-MAA NAA SAA-,BACH-TAA-NEE или **Eli elilma na sa-bastani**. Урок рассчитан на англоязычную аудиторию и слова записаны с удвоением букв для правильного отображения звуков. Перевод – «Мой Бог, мой Бог, почему ты покинул меня». В уроке утверждается, что Иисус говорил на арамейском языке. Бог по арамейски - **Allaha**, обращение к Богу- **Ja Allah**. Это тоже из урока. В фразе Иисуса, знакомой всему человечеству, этих слов нет. Согласно исследованию доктора философии Джекоба Коннера (*Д. Коннер, , 1930 г; на русском языке -Москва, 1995г.*) Иисус не был евреем - ни по отцу, ни по матери, ни по религии. Родился в «языческой» Галилее, как ее называли иудеи за отсутствие там иудаизма. В Галилее жили представители вавилонских племен, которых царь Саргон переселил с северных территорий. Д. Коннер полагает, что Иисус мог быть представителем одного из Вавилонских племен или, возможно, даже греком.

Я пробую разобрать фразу Иисуса, опираясь на слова аккадского языка. Разделим фразу на слова: 1.**eli** 2.**elilma** 3. **na** 4.**sa(n)** 5. **bastani**. Перевод фразы тоже состоит из пяти слов. Если исходить из аккадской лексики, получаем: 1.Е, 89,**eli** –«нар. более, чрезвычайно». Лак. Слово **ела (яла)** используется для образования превосходной степени, например, **аьзиз-** дорогой, **яла аьзиз-ма** – самый дорогой. А, 348, **alilu (elilu, aliltu, eliltu)** –«сущ. храбрец, воин. а) эпитет для богов». Е, 95, **elis** –«нар. наверху, в вышине, на вершине; **e-lu-u sa e-lis**». Е,98, **elitu (alitu, ilitu)** –«сущ. б. высоко расположенная местность, нагорье» Лак. **elu** –наверху, **elu-ma** – тот, который наверху. Так лаки говорят, обращаясь к Богу. 3.**Na**-означает Я, в САД слово не выделено и не переведено. Судя по текстам, в САД оба местоимения «я» и «ты» слились в одно, **ina**, которое повторяется во все текстах. Лак. **na-** означает я, **ina** – ты.4.Слово **sa(n)** – означающее «почему», звук «н» в конце слова приглушается и мог быть не воспринят не понимающими язык Иисуса.(Слово в САД не удалось найти).5.В,142, **bastu (baltu)** - «сущ.1.Достоинство. красота (как качество человеческих существ и богов); 2.Чувство собственного достоинства, олицетворенное в защитительной моральной силе, силе духа». Приведены отрывки текстов молитв: «... ina zumur belisu **ba-as-tu** in-ne-es-sima (text-ba) LAMA-su **isannima** illahib...». Выделенные мной слова- **bastu, isanima** из текста молитвы в САД относятся к обозначению смерти. В,251,**bustu (bultu)** –сущ.1.замешательство, затруднительное положение.; горе, страдание, лишение свободы». В толковании: «...sa **bu-us-tum i-su-u...**» также слова о смерти. В лакском языке слово **bashtani, bashtan khun** применяется, говоря о кончине человека и означает –«скончался». **Ichan** -означает «умереть» или «убить». Первые два слова Иисуса–обращение к Богу: **eli elilma-** «Тот, кто выше всех», или «Всевышний». Следующие два слова: **na sa(n)** –вопрос, «я», «почему». Пятое слово Иисуса: **bastani** - «терплю страдания» или «умираю».

Вырисовывается вполне правомерный вопрос к Создателю живого, страдающего человека из плоти и крови, который стремился внести в человеческие отношения

тот разум и гармонию, создающие справедливость, которой жаждет поколениями большая часть человечества, и подвергся за это жестокой и мучительной казни. Общий смысл фразы такой же, каким его донесли до нас библейские тексты, но исходя из аккадской лексики, и с помощью лакского языка оказался возможен его дословный перевод. Какими бы языками ни владел приземной жизни Иисус, последняя фраза перед вечностью произнесена им на чистейшем аккадском языке. И именно этот язык мог быть его родным языком.

Некоторые слова урока языка сирияк мной пропущены, как новые и не имеющие значения при сравнении лексики. Для некоторых других еще не найдены соответствующие варианты, но это уже не столь важно. Результат этого сравнения лексики трех языков довольно неожиданный для меня. Аккадский -лакский как древний и современный вариант единого языка, и арамейский язык оказались более близкими, чем я предполагала.

В конце урока приведена таблица с разными группами слов, она еще не завершена составителями урока. Просмотр одной, уже готовой из тем -«животные» - обнаруживает абсолютную идентичность некоторых названий животных, птиц в лакском и арамейском -сирияк языках. Привожу эти слова: **haiwan** -животное, **ketu** (Лак.**chitu**)-кошка, **jeiran** – газель, **tutiqush**- попугай, **pila** –слон, **meimun** –обезьяна, **bulbul** – канарейка (лак. –соловей), **ashdaha** – дракон, **bihmut** –носорог, **laglag** –аист, **lula** –теленка (лак. детское название волка), **baqlan** -фламинго, **qaqa** - пеликан. Но это, можно сказать, почти «интернациональные» названия животных, входящие во многие языки. Гораздо более интересными являются другие темы таблицы, и я бы хотела еще вернуться к ним в дальнейшем.

**Исследование славянских вед «Велесовой
книги»
как дополнительного источника информации,
с позиции последних изысканий в области
ДНК-генеалогии (Веды 14, 15)**

Георгий З. Максименко

**Фрагменты истории Руси арийской
и её территориальных образований**

Веда 14

«Век разума сменяется веками непробудного умственного сна, продолжавшегося почти без перерыва полторы тысячи лет. В истории человечества не найдётся более грандиозного и ужасающего по своим проявлениям бедствия, чем это.»

В.А. Стеклов

Суть вопроса

Четырнадцатая и пятнадцатая веды раскрывают историю образования арийских святынь Руси и её территориальных образований, приоткрывают тайну образования и место расположения таких святынь как «Птица мать Сва», описывает территории заселённые славянами –ариями – русичами, указывая топонимы и место их расположения. Когда в работах по ДНК-генеалогии пишется о том, что род ариев гаплогруппы R1a1 образовался на Балканах надо понимать правильно, что речь в них идёт об ареале пребывания данного рода и на самом деле местом их пребывания 11000 лет назад могли быть не только Балканы, но и прилегающие к ним регионы. Например, такие как Среднедунайская низменность, верхнедунайская горная часть, Альпы, Карпаты и ряд других регионов. Арии были не одни, обитали по соседству и другие народы, имеющие свои родовые гаплогруппы, например: I1, I2, G2, имеющие свои племенные этнонимы. Несмотря на достаточно большое количество повреждений в тексте, его удалось перевести практически без потерь, благодаря чему его содержание стало доступным для обработки информации изложенной в данной веде.

Содержание исследуемого первоисточника.

Исходный материал 14-й веды переложенный на кириллицу.

20

Ро По све тако же идце птыцю комоньствы ставяшия. Врзе ту иу крыдлема сакроста. Главоу бия из ни(х) часть бяша тые комоньце. Ум истьягнув обрзаца ренди сеца. То виедша колем пару..... хом такожьде деяте абы хоцсте досталве побиеды н... о нэжяцете ова яко Сва имехом. Ту бо дне жряхом яко овця биегоуца перед н(ои) ства Скуфе. Сурьме родице десетн сет ляты скотя пасэхом. Кмете роем. Грьце наше житва обереста. Мене на сва дыба благоденте. ... во Влесо науцаи земе раяти працури такожьде дея.....тому врезм од огница трвы. Клевви Влеса славити.. трикрате Русь погнебшия встане... Иегуните до цэле сеца нои од Иньске отрещете. Нои н... здэсе и.....ко востате има се крате. Тако стара пря озникне. Тако имяхом трава тамо многая племы идьша до степны наша од стрэлы не видяи суме... Русь есь едина вопяце те до Свазе о помоце Бжьска гряхате мещы не сленхате гласы ... иа...к... Не стане и един ден(е) испрягоша оце сыл(ы) ...ва овщек ми...рэщеху о нои дэтем безте до куще. Та(м) (т)ако боде злая щас(ы)...по... а...ерва пощяхом гради окреняте. Кромэх бо тои не имяхомь ... потому стужь не поимемо по(тму). Ту в пару на прде. Се и верь же на о...н... а... ту бо слва влека. Ту вэщяяше матырьва крыдлема бящь..ко тако вреззи тэскоша од нои (т)ые мужи суге просте ... а лвы не гобзяцуться з(оне) я(сен)

Авторский перевод.

Реки Ро и По к своим также причисляются птицею каменной становясь. Враги в этом месте её крыльями закрываются. Головою была часть из них той самой каменной. Ум исторгнув, обрежай границы нагорий рядами сеча. То видится кругом разрушением горным. Так же делается когда хочется добиться победы новой, так как Птицу Сва имеем.

Тем днем жертвуем, так как те овцами бегут, перед нами став Скуфью.

Сурьмы родичи наши десятки сотен лет. Скотину свою пасем и память роем. Греки наши урожаи забирали и меняли на свои изделия, благословляя их. У Велеса научились землю пахать наши пращуры, также делаем и мы, потому вырезаем во избежание пожаров травы и ветви. Велеса славьте троекратно, Русь погнутая встанет. Иегунов от целого разделяя, нас от Иньска отречете. Нас нет здесь и некому восстановить имя это украденное.

Так старая пора возникнет. Имеем травы там, многие племена шли в степи наши, от стрелы не видели света. «Русь есть единая» - вопили те до Сварги

призывая помощь божескую и грохотали мечи при этом так, что мы не слышали голосов. Не станет и единства одним днем, иссякнут силы отцов, что тогда скажут о нас детям – «бежите все в одной куче». Такое будет злое время поры. Сначала начнем города укреплять, так как границы своей не имеем. Потом стужу не поймем из-за этого. В ту пору пойдём впереди. Это и вера же на то будет у нас Славянская, тут Слава Великая будет! Вещая Матерева крыльями бьется, так вырезали эти записи, таская их у нас. Тогда ведь мужи простые были, нанося текст на ясень, левой стороны при записи не придерживались.

Славянские святыни и их поиски.

Птица мать Сва с привязкой к рекам Ро и По.

В первой главе исследуемого материала упоминается некая славянская святыня каменной птицы Сва. Что же это за объект к которому обращена 14-я веда, повествуя, что на этой святыне реки Ро и По причисляются к своим рекам расположенным на её голове, а крыльями её враги в этом месте покрываются. Чтобы найти эту каменную птицу, веда призывает нас внимательно отнестись к её поиску обрезаю границы нагорий рассекая их рядами вокруг гор, образованных в результате разрушений в указанном месте. Помимо хорошо идентифицируемой привязки сохранившегося без изменений гидронима реки «По» и некой, пока неизвестной реки «Ро», даётся грубая временная привязка, в которой говорится о том, что речь идёт о давних событиях, произошедших задолго до образования Скуфи Киевской. Т.е. ранее переселения ариев с места их предыдущего обитания - на Днепр, исход на который состоялся в 1300 г. по древнеславянскому календарю 6200 лет назад (Вестник РА ДНК-генеалогии Т2 №7 2009, с 1234).

Зная о том, что зарождение ариев (гаплогруппы R1a1) произошло на Балканах 11000 лет назад (А.А. Клёсов 2008), искать реки Ро и По следовало в данном регионе с подсказкой в ведах на то, что они расположены в пределах этого района, либо рядом с ним. В конечном итоге они были обнаружены в предгорьях Альп. Река По сохранила своё название до наших дней, а река Ро оказалась современной Роной (Вестник АДНК-генеалогии Т2 №2 за 2009 г. Г. Максименко, с.200). Пребывание славян - ариев в данной местности сомнений не вызывает, т.к. детально описано в других ведах. Таким образом, было выявлено, что Птицей Сва является ряд горных нагорий: Альпы, Балканы, и Карпаты, вместе напоминающие форму птицы в полёте. Выполнив рекомендации, указанные в первоисточнике, получаем результат, который представлен ниже.



На снимке представлена славяно-арийская птица Мать Сва (балканская), являющаяся священным символом древних славян и символом их прародины. Этот символ у славян сохранился до настоящих дней и отражён во многих славянских рисунках, былинах, сказках, песнях отражающих древность культуры славян - ариев.

В поисках подтверждения того, что Альпы входили в состав ареала обитания ариев посмотрим, что по этому поводу говорится в других независимых первоисточниках. Следы ариев под названием вендов (венедов, венетов) мы находим в среде группы племён, населявших северное побережье Адриатического моря, к северо-востоку от реки По. Как известно из современной истории - Венеция (Венето) в старые времена

носила название Венетия. Следы обитания прослеживаются археологами приблизительно 3200-3100 лет назад по Атестинской археологической культуре.

Д. Бонфанте (1931) рассматривал вендский язык в качестве самостоятельного языка промежуточного между: балтскими, италийским и фрако-фриго-иллиро-албанским. В своих исследованиях он находил между этими группами языковые связи. Х. Крае (1950), специалист по иллирийским языкам, провёл свое исследование по вендам и усмотрел в их языке самостоятельный индоевропейский язык, занимающий промежуточное положение между латинским, иллирийским и германским. В 1966 г. Л.Нидерле продвинулся в данном вопросе дальше своих коллег и выдвинул свою гипотезу выделив прямую взаимосвязь адриатических и балтийских вендов, отметив их славянскую принадлежность: *«Что же касается моей точки зрения, то я не сомневаюсь в том, что венеды Плиния, Тацита и Птолемея, так же как венеды Иордана, Прокопия и более поздних историков, всегда были славянами.»* В 1988 г. в спор вмешался В. Хенсель, выдвинувший свою гипотезу о непричастности славян к венетам (вендам). Он подчеркнул в своей гипотезе, что на самом деле они были славянизированы в I тыс. до н. э., в результате чего якобы произошло разделение на две части. Как видим из поэтапного развития гипотез, все они крутятся вокруг того, что имеется прямая связь языка с индоевропейской группой максимально приближённая к славянам. И тут возникает вопрос. О каких славянах или прославянах идёт речь 3200-3100 лет назад и почему мнение лингвистов не учитывается при исследовании славян в целом. Почему их мнение «академическая» наука не берёт во внимание и не рассматривает в качестве гипотезы? Это не единичный случай, таких примеров можно привести массу при отслеживании истории славян в археологии, лингвистике. Новая наука – ДНК-генеалогия как раз и даёт ответы на многие вопросы и разрешает многие споры. Сегодня проведено и опубликовано множество исследований в этой науке. Опровергнуты ложные утверждения и исправлены ошибки в понимании путей и направлений миграционных процессов. Это помогает внести коррективы и двигаться дальше.

Что нам известно о Роне в контексте исследуемого материала? Она впадает не в Адриатическое, а в Средиземное море, через Лионский залив. Между реками По и Роной существует большой водораздел, но в верховьях Роны на Западной границе славяно-арийских территорий сходятся три реки достаточно хорошо описанных в ведах. Это собственно Рона, Рейн и река Инн. В этом смысле привлекает к себе внимание территория Баварии. Река Инн в ряде славянских вед упоминается как река под названием Инь, и её место нахождения именуется как Инь и Инея. Территория вдоль Рейна

упоминается как Рейнсколань. Вся эта информация позволяет выдвинуть следующую гипотезу: искомая долгие годы и столетия территория под названием – Ария, находится на стыке этих рек, в районе современной Баварии. Либо она имеет более широкие территориальные границы в ареоле обитания ариев, заселивших Балканский полуостров и Среднедунайскую низменность 11000 лет назад и расширивших свой родоплеменной ареал до указанных выше границ. В пользу таких предположений может свидетельствовать тот факт, что обитатели древних баварских земель упоминаются как «винделики», что напрямую связывает данный этноним как с рекой Инь, так и с вендами, расширившими свои территории до верхнего Дуная. В этом смысле интерес представляют дополнительные исследования древнего центра которым принято считать Манхинг в Баварии где было найдено укрепленное пространство, охватывающее площадь около 380 га и Пфаффенхофен-на-Ильме. Район входит в земли Баварии. Последний требует изысканий на предмет отношения данной территории к арийской ветви рода ильмеров, одними из первых покинувшими данные территории и продвинувшимися на север к оз. Ильмень.

Не меньший интерес в данном регионе вызывает и топоним Богемия, рассматриваемый как один из первых топонимов ареалов места обитания чехов. Так ли это на самом деле? В этой связи следует заметить, что в ведах имеется достаточно убедительное повествование о том, что у этого топонима имеется ещё более древнее название уходящее в глубину истории примерно в 6250 лет назад. Дело в том, что данная территория в этот период носила название Бограденц, а его основное городище – Богов град, которое принадлежало племени вендов. От него, очевидно, и произошло чешское название Богемия. Давайте посмотрим, что по этому поводу сообщают веды:

Орей отец идет перед нами. Кий ведет за Рушь, Щеко ведет племена свои. Хорев хорват своих. И земля Бограденц на то. Каковы это мы внушаемые, Богов от его деда, Хорев и Щехо относятся к Ини. Расселились до Карпатских гор. И там будем иные города творить. (ВК-1. дощечка 2.б-1)

Таким образом становится понятно, что при расхождении племён Щек увёл свои племена с Инеи в Бограденц, т.е. Богемию, где их и зафиксировали историки.

Выводы:

1. Птицы Сва – это славяно-арийские святыни отражающие комплекс нагорий имеющих форму разных птиц расположенных в регионах Б.Кавказа, Урала, Горного Алтая.
2. Птица Мать Сва представляет из себя ряд нагорий: Альпы, Балканы, и Карпаты, напоминающие форму птицы и является местом зарождения арийского рода.
3. река Ро идентифицирована как современная река Рона.
4. Понятие «Ария» относится к топонимическим и местом её расположения является территория расположенная в верховьях трёх сближающихся рек: Рона, Рейн и река Инн. Следовательно располагалась она на территории современной Баварии. Откуда и был образован этноним «арии».

Кто такие - сурьмы?

Веды повествуют нам о племенах под названием – сурьмы, отмечая, что они на протяжении десяти тысячелетней истории являлись родственниками арийским племенам. Обитали с ними на одной территории, совместно пасли скот и делились историей. Попробуем разобраться кто такие сурьмы и что нам о них известно? Рассмотрим данный вопрос в нескольких направлениях: образовано название от

- гидронима
- топонима
- религиозного термина
- имени предка или вождя
- другого варианта, связанного с этнонимом.

Гидронимы.

Наиболее близкими гидронимами к этнониму «сурьмы» можно отнести реку - Сурь в Свердловской области, протекающую по левому берегу реки Вагран. Длина реки составляет 15 км. По данным государственного водного реестра России относится к Иртышскому бассейновому округу у деревни Морозково, речной подбассейн реки – Тобол. Сурь-Яха – протекает в Ханты-Мансийском АО. Устье реки находится в 39 км по левому берегу реки Сакын-Яха. Длина реки составляет 53 км, площадь водосборного

бассейна 297 км². По данным государственного водного реестра России водохозяйственный участок реки Обь от города Нефтеюганска до впадения в Иртыш.

Напитки.

Сурья – в славянских ведах напиток, на основе меда с водой сброженный на солнце. **Сурьца** – в славянских ведах напиток, на основе молока с травами сброженный на солнце.

Сурияница – исследователь русских верований и обычаев Юрий Миролубов записал рецепт приготовления этой сурьи: *«Для приготовления этого напитка требовалось около килограмма высевок, которые варили на воде, затем сваренный настой пропускали через сито, и это действие называлось "сеять сурияницу"»*. (Ю.В. Евдокимов).

Топонимы.

Сурожд град – Расположен на берегу Чёрного моря. Название Сурожд является славянским. Часто переходил из рук в руки и имел ряд других названий: Сугдея (греч. Σουγδαία), Солдаия (итал. Soldaia), славянское название города – Сурож. Современное название – Судак. По древнерусскому названию получили имена Сурож – город в бывшем Витебском уезде; Сурож – населённый пункт в бывшей Черниговской губернии. **Суренж** – более позднее название Русы (Северо-Кавказской). Информация изложена в славянских ведах.

Сурами – посёлок городского типа в Грузии, Расположен у южного подножья Лихтского хребта. Является местом «ворот» и проходом между Большим и Малым Кавказом. Поселение известно со времён Бронзового века и являлось стратегическим объектом, контролирующим проход с Чёрного в Каспийское море, между реками Риони и Курой и их перешейком. Плиний Старший отмечает на границе Колхиды с Иберией населённый пункт *Surium*.

Сури – город в индийском штате Западной Бенгалии. Административный центр округа Бирбхум.

Религия.

Среди религиозных мировоззрений в славянской вере, которые позднее частично передались в другие арийские верования, сурья являлась источником солнечного света и в качестве требы напитка из сурьи приносилась на жертвенник, во время праздников и торжественных мероприятий наряду с другими подношениями. Сурьи пелись славения

наряду со славлением богов. Она рассматривалась как видимая первой, что позволяет идентифицировать её с солнцем и солнечным светом.

Сурье посвящается и одна из упанишад в древнеиндийских трактатах религиозно – философского характера, являющихся частью индийских Вед, относящихся к священным писаниям индуизма- Сурья-упанишада (Атхарваведа группа упанишад – чистая веданта):

Сурйа – (есть) Атман, Постоянство Вселенной. От Сурйи родились все эти существа, От Сурйи (произошли) жертвоприношение, дожди, пища, Самость.

... От Сурьи произошли существа, Сурьей они поддерживаются, в Сурье обретают растворение. Тот Кто есть Сурья Тот есть Я. Око наше – Бог Савитар, око наше и вершина. Да наделит нас зрением Поддержатель! Почитаем Адитью, Созерцаем тысячелулистого! Тот Сурья да направит нас!

Этнонимы.

В этническом отношении, очевидно, что речь в славянских ведах идёт об одной из арийских ветвей, так как напрямую сказано, что сурьмы - дальние родичи арийских племён. В этой связи интерес вызывает описанные Геродотом – савроматы, следы которых просматриваются на пути арийского ареала от Дуная через Б.Кавказ до Ю.Урала и далее в Афганистане вплоть до Индии и Ирана.

Пребывание сурьмов (сури) на Б.Кавказе зафиксировали и славянские веды: *Иная Тора идет за ними, как шла за отцами наша на Ромею, до Трояновой земли. Ведь немо будем, если бы варензи вели наших воинов, на то и акр, сами можем вести, тысячелетие бились от ромеев и годи. Сури антов которые будут с нами, нежели упомянем как годь соединилась с егунами на нас. (ВК-7)*

Опять видим упоминание племени **сури** уже на Б.Кавказе среди ариев – антов:

Свои требования вождей от Орея родов. Сильны, такова же была старина о (племенах) Сури, в то же время не имели единства, оттого бывало стало как овощ без Велеса. Тогда рассказывали о нас, как именно ходить прямо и никуда криво. Того не слушаемся. Теперь убрали великое время Русы, Набсуру починя, не стережется либо тайна от врагов.

Налезли вновь, к морю зовут идти клонить головы свои под вражеские бичи, та-то сильна в решении, не пошли внутрь. Те-то ходят с говядиной до захода солнца. Там это наши люди дали до подола набсур с Ар. Затем те дали. Суре огненное долго было стараниями те годы, данью травной. Так пришли дни, русы уходят от Набусара и парой не текут за ними. Так идя и до краев наших. Там сложены песни наши об Интре. (ВК-6)

О чём идёт речь? Была договорённость о продвижении вперёд на прародину – Алтай. Сурьмы (сури) повернули с Ю.Урала и Б.Кавказа в Индию и Иран, изменив маршрут продвижения (хотя некоторая часть к тому времени продвинулась к Алтаю). Отвернули от Руси и ушли в сторону земель южных около 3600 лет назад. 2600 лет назад Набсур обратился к ним за помощью в своих землях и она была оказана. Где эти земли вычислить труда не составляет. Князь Набсур (Набусар) относился к халдейской династии и правил Новоавилонским царством в период 605-562 г.до н.э. В энциклопедических и библейских источниках он известен под именем Навуходоносор II (аккад. *Набу-кudurри-уцур*). В период его правления происходили войны с Египтом и Иудеей, в которых, как следует из вед, участвовали и призванные Набсуром воины ариев.

Известны племена сури и под именем гуридов в Афганестане. В БСЭ по этому поводу сказано следующее:

Гуриды, династия султанов Гура из дома Сури, основавших в верховьях рр. Герируд и Гильменд самостоятельное государство (1148–1206), центром которого была горная обл. Гур (на территории современного Афганистана), а столицами гг. Фирузкух и Газни.

Из других первоисточников известно, что гуриды – суннитская афганская династия, правившая в Афганистане, Иране и Пакистане. Возникает вопрос требующий дальнейших исследований - не является ли **суннитская** на самом деле **сурнитской** династией принадлежащей гуридам. В этой связи заслуживает внимания мнение И.Л. Рожанского, сообщившего следующее:

Представители субклада R1a1a1-L342 занимают наибольший процент как раз среди племен, занимающих верхние места в негласной арабской иерархии. В первую очередь, это племена Курейш и Бану Тамим. В отличие от собратьев из J1c3d2, арабы-арии не показывают бутылочное горлышко 2,5-тысячелетней давности, их предок жил 2-мя тысячелетиями раньше. То есть, это был не единичный «вброс» R1a1 в среду арабов, а достаточно давний след ариев в том регионе. Либо они представляют из себя (i) остатки прежнего, до-авилонского населения севера Аравийского полуострова, что растворились среди бедуинов J1c3d2, двигавшихся предположительно с севера; либо (ii) их переселили в Аравию вавилонские цари, последовательно проводившие этнические чистки на покоренных территориях; либо (iii) они были представителями персидских племен, что сокрушили Вавилон, а затем оказались на одной из ведущих ролей в заселении опустевших тогда земель. Все 3 варианта предполагают, что своего общего предка будущие арабы R1a1 "принесли с собой", как мы и наблюдаем.

На первый взгляд и пророк Магомет, отмечаемый одним из основных пророков в мусульманской религии, и относящийся к этим народам, мог иметь гаплогруппу R1a1. На такую мысль наводит Коран в котором он отмечен не только по имени, но и как ан-Наби, вестником Расул и слугой Бога. К тому же пророк Магомет (Мухаммед) отличался от других арабов более светлым цветом кожи. Был широкоплеч, рост у него был средний, кисти рук и ступни крупные, борода густая, рот и глаза большие, как его описывают исследователи разных времён. Но это предположение было опровергнуто при "Калибровки скоростей мутаций" И.Л. Рожанским, отметившим:

Родословная Мухаммеда, изложенная в хадисах (арабских преданиях), настолько четко ложится на дерево субклада J1c3d2, что любая другая версия выглядит заведомо проигрышной. К примеру, при расчете гаплогрупп арабских племен только J1c3d2 дает ветвь, состоящую из одних сейидов, причем все они из племени Курейш, и с общим предком, попадающим на время жизни Абд аль-Мутталиба (деда Мухаммеда) или Хашима ибн Абд Манафа (прадеда). Все другие гаплогруппы и даже другие субклады той же J1c3 не вписываются в датировки, что дает ДНК-генеалогия.

Носители R1a1 в племени Курейш есть, но они явно разрозненны, и сходятся к предку, общему для всей юго-восточной ветви R1a1a1h1 (L342). Более компактные линии есть в родственном племени Бану Тамим, но они моложе - 1000 и около 300 лет, соответственно.

Своё предположение на форуме Академии ДНК-генеалогии по этнониму «сурьмы» выдвинул Ю.В. Евдокимов, попытавшийся разобраться в таких этнонимах как: меоты, скифы и савроматы. Ссылаясь на Догона он отмечает что, возможно, савроматы играли важную роль в распространении господства скифов в Европе и Азии. Имя савроматов, по его словам, И. Маркварт сблизил с авестийским именем народа sairima, sarima. (Авеста, Яшт XIII, 143, XXI, 52) как вариант имени «савромат». Авеста воспекает «мужей праведных сайрима» и «жен праведных сайрима», но не указывает их место пребывания. В источнике есть упоминание реки Ранги (Яшт XXIII и XXIV), которую И. Маркварт сопоставляет с Волгой (авест. Ranha, Араке Геродота, греч. Rha из скифского Raha). На Кубани отмечается множество меотских курганов. Попытка привязать меотов к карте выдала интересный дубль рек - Южный Буг и Кубань на карте римской империи обозначены одинаково-Nuronis. И меоты и сарматы - допустимо одно племя, меоты/сар-меоты. То есть отличаются искомым нашим словом. Далее он пишет:

Сурьма имеет и черный и красно-коричневый цвета. Но одно племя вряд ли будет различаться по цвету кожи или другим внешним признакам.

Поэтому предполагая, что они отличаются расположением и учитывая названия рек, которые тоже именуются Сурь -по цвету , предположил, что это обозначение связано со сторонами света (в частности с югом). Смысловое содержание цитат из вед не противоречит - южные, красные. Не противоречит и цветовой гамме - красно-коричневые по цвету напитка сурьи. То есть в ведах, возможно, применено цветное обозначение. И савро/саро-маты - те же меоты, аналогично сури - анты.

Выводы:

1. Сурьмы - племена одной или нескольких ветвей рода ариев проделавших свой миграционный путь на временном отрезке времени 6200 - 3500 лет назад с Балкан через Азов - Б.Кавказ - Ю.Урал - Афганистан в Индию и Иран.
2. Сурьмы могут иметь прямую причастность к таким этническим родоплеменным образованиям как: сури - савроматы - меоты - гуриды и имеет основную родоплеменную гаплогруппу R1a1.

Веда 15.

Об арийских святынях и верованиях На Руси и за её пределами.

Содержание исследуемого первоисточника.

Исходный материал 15-й веды переложённый на кириллицу.

21-III

Се бо херьбер оборенцетъ тую сылоу злую обесентъ опояшенъсть вае имехомъ себ то урвы хранящете и сень хране Бозем ставиехомъ и грядихомъ стиене о дубие и за освы щасто по другоу стиеноу и тамо хранихомъ Бозе нашиех подобы имяхомъ мнози храние о Новугрду на Волхъву риецие имяхомъ о Кые градие по бго лясиех и се имяхомъ на Волыни Дулебстие храние и о Суренже на морие Сурьстием и Сынием и се велька о уразье на нои якожде хране Суреньстие обыты вразема и Бози нашие о прах тицены валяхуться имуть се бо русищи не имуть сылы одерзете на вразе вытенжсте и се бо имяхомъ урвы екожде стран межъ иже иде в ношии по лисех усе урве одиегы сва на коусе такожде русице имяхомъ урвы на русицем тиелеси и не брежиехомъ о томо и тицихомъсе на храниех славите Бозе якове не приемлоуть жартве нашие се бо оураздены суге о наше леносте леже

птыця Матырь Сва славу жеце на нои и моли насо о техма оцеву славу ущецете и то не имяхомь дерзесте стате на ратеа и мецема свема брате земе нашу од воразием отценоу себ то тысенци триесет храниемо свенты наша и дне се жены нашии рекицуть якось ме благовие и оутратихомь розумство нашии и семо якве овча мало передо онои и не смимо овлецетесе брание и мецем разете вразие нашии себ то Коупаль грендеть до нои и рещеть нои яко имяхомь стате грде и щисты телесы и душии нашии и то вргнехомь до стопы еие се абых сен гредл по нои и насо захрянниц ведуоушь до пре зурие и тамо сен стахомь бы до Сварзие ликы и се до сеце шедьще хвалохомь Бозе нашии о брание яко о мирны дне и се бо Коупалиц жеце нои яко достыхомь се до она щаса и бендиехомь о славоу своу печестены и такожде со оцы соприцастены.

Авторский перевод.

Герб оберегает нас силой злою обеспечивая. Поэтому опоясанных воинов имеем и порывы на теле своём. Все вместе ставим храны Богам своим и воздвигаем стены дубовые. За основными стенами, часто по другую сторону стены воздвигаем и там храним Богов наших подобие. Имеем храны многие в Новгороде на Волхове-реке, имеем в Киев-граде по божьим лесам, имеем на Волыни Дулебской храны, в Суроже на море Сурожском и Синем. Это великое оскорбление нам, когда храны Сурожские разбиты врагами и образы богов наших, в разные времена точеные, могут валяться на земле осквернёнными. Значит русичи не имеют силы одержать над врагами победу свою. Поэтому имеем порывы такие же странные, между которыми идем в лохмотьях по лесам, имея порванные одежды свои на куски. Также русичи имеем порывы на русском теле своём и не заботимся об этом. Тащимся для защиты и сохранения своего к святилищам славить Богов, которые не принимают жертвы наши потому, что породили мы сами свою лень. Лежит в хране образ птицы Матерь Сва, славу предсказывает нам и обращает внимание своё на то, чтобы отцову Славу ощутили, так как разучились держаться статно на рати и мечами своими брать землю нашу, от врагов отощенную.

Для себя тысяча триста лет храним святыни наши, и дни эти жены наши пересказывают, какие мы блаженные, утратили разум свой. Сами стали как овцы малые, перед врагами, не смеем сопротивляться брани, и мечом разить врагов своих. Себе то напомним. Купала грядет к нам и говорит какую имеем стать гордую, чистые тела и души наши, приклоняемся к стопе его, чтобы все равнялись на нас и нас защищая, Купало ведет к поре Зуровой. Приняли бы Зур - все стали бы к Сварге лицом. На сечу шедши хвалим Богов наших. О времени брани рассуждаем как о мирных днях, поэтому Купалец ругает нас, так как додержали всё это до другого времени

и будем теперь Славою своею причащаться и также будем с отцами своими сопричастны.

Дополнительная информация к арийским святыням и их поискам изложенным в 14 веде.

Зороастризм

Характерной чертой данной веды является описание ряда исторических событий в жизни ариев. Можно ли определить о каком периоде идёт речь имея достаточно хорошую временную привязку. В ведах сказано, что тысяча триста лет храним святыни наши, до прихода поры Зуровой. Очевидно, что речь идёт о приходе на Русь зороастризма спустя 1300 лет после образования славянской веры. Что нам сегодня известно об этой вере?

Зороастризм, согласно Авесты, является благой верой почитания мудрости (Мудрого). На персидском языке «نڀدهب» звучит как «Благая Вера» и считается одной из древнейших религий мира, что, на мой взгляд, не соответствует действительности и требует своего подтверждения. Принято считать, что эта вера берёт своё начало в откровении пророка Спитамы полученного им от Бога - Ахура Мазды. В основе учения Заратуштры лежит свободный нравственный выбор человеком благих мыслей, благих слов и благих деяний. В древности и раннем средневековье зороастризм, по данным исследователей, был распространён преимущественно на территории современного Ирана и частично - Индии, который позднее был вытеснен исламом. Принято считать, что Зороастризм является термином европейской науки, происходящий от греческого произношения имени основателя религии. Трудно с этим не согласиться, зная, что изначально он звучал как Зурово учение, т.е. учение основанное на письменном первоисточнике - Зуре. Так, очевидно, называлась древняя Авеста. Учёные и исследователи Авесты отмечают:

Зороастризм является догматической религией с развитой теологией, сложившейся во время последней кодификации Авесты в Сасанидский период и отчасти в период исламского завоевания. При этом в зороастризме не сложилось строгой догматической системы. Это объясняется особенностями учения, в основу которого положен рациональный подход, и историей институционального развития, прерванного мусульманским завоеванием Персии. Современные

Зороастрийцы обычно структурируют своё вероучение в виде 9 основ.

Перечислять эти основы нет нужды, т.к. они изучены и достаточно описания общего представления о данной религии без углубления в её догматическую часть. При этом следует отметить, что Авестой принято считать собрание разновременных текстов (гатов), составившихся в зороастрийской общине в архаичный период на древнеиранском языке, именуемом авестийским. Основным способом передачи текстов была устная его передача хранителями текста, священнослужителями. Время жизни пророка Заратуштры является предметом многочисленных споров среди ученых, т.к. сама зороастрийская традиция не обладала развитой хронологией. Ей известен год когда Заратуштра впервые был удостоен лицезреть Ахура Мазду и беседовать с Ним, но чёткого его положения относительно других событий в традиции нет. Известно, что между Заратуштрой и Александром Македонским было 300 лет. Дарий I вступил на престол в 522 г. до н. э. речь может идти о жизни Заратуштры около 2760 лет назад. Последнее время всё чаще наблюдается сходство и архаичность языка гимнов Авесты сходного с языком Ригведы датируемой второй половиной II тыс. до н. э, и общих деталей жизнеописания пророка, что позволяет отнести его жизнь к 3000 лет назад. Иранский астроном З. Бехруза сделал свои вычисления начала образования зороастризма отнеся его к периоду 3750 лет назад.

В Авесте обращает на себя внимание широко используемое имя «airya» в качестве этнической самоидентификации создателей самой Авесты:

Airyanaṃ - из ариев;

airyaṃ dairaṃ hāwō - арийские страны;

airyābyō rādaēbyō - от арийских мест;

airyō.šayanəm - обиталище ариев;

airyanəm vaējō - Арьяна Ваэджо;

airyō.xšiva- гора Арийское удовлетворение и т.д.

Перечисляются пять народов, среди которых отмечаются airya- (арии) – как самоназвание создателей Авесты и противопоставляемые им другие народы tūrya- (туирьи), sairima- (саиримы), sāini- (саини) и dāna- (даха), при этом они также относятся к ираноязычным народам арийской группы языков.

Нередко современные среднеазиатские исследователи выражают своё недовольство, считая, что столь широкое освещение племён арийской группы языков в совокупности с иранскими незаслуженно оттесняют роль тюркской группы принижая роль тюркоговорящих племён не оставляя ничего древним тюркам обитавшим в Великой степи. Их мнение

опровергает А.А.Клёсов подчёркивая: *Авеста* тоже немало места уделяет борьбе ариев с их извечными конкурентами. Кто они были? Да те же прототюрки. Даже переводчики *Авесты* на русский язык это понимают, и вкладывают в их уста тюркские выражения и восклицания. А это было еще до переселения ариев в Иран, 4000 лет назад. Ну, и кто, по- Вашему те их враги были? Да тюрки и были. Эрбины. Возможно, правда, что и носители группы Q, но мы не знаем. Потому что Q там мало, и мы о них почти ничего не знаем.

Теперь посмотрим как укладывается информация, изложенная в ведах и откуда зороастризм известен на Руси? Если взять во внимание тот факт, что авторами этой религии являлись арии или одна из ветвей этого рода, то ничего удивительного в этом нет. Зороастризм мог зародиться ещё на Ю.Урале, распространится по Русской равнине и вполне мог быть принесён в Иран при исходе ариев с Ю.Урала на данную территорию. Т.е. сама зороастрийская вера может быть несколько старше чем это представлялось ранее и её возраст может быть около 4000 лет. Если образование зороастризма принадлежит племенам ариев, его следы должны быть видны в славянских ведах. И такие следы имеются и не в одной, а нескольких ведах. Вот выдержки из них:

Быстро сотворились земли наши та. Хазары больше на земле потели и на Колке, и Волге, Русколуны боялись, утверждали годи, многие вооружались идя с нами, также трудились вместе. Оттого были они вольны. Зуровяне (по вере) в пращухах, пока Велес обучил тех землю пахать. (ВК-6)

Тот и юношей ведет наших к сечи Зуровой, то ромиены понаблюдали. Замыслили злое на нас и прошли с возами своими.

...Ромеи ведали как сами рисковали жизнью нашей. Понесли нас на такое греки, хотели дани нашей в Хорсуне. Прячем Зур против рабства нашего. Была борьба и пора великая тридцать лет. Та понесла всех на нас.

... Да будет мирный день его вечно. Сами ставим на место его. Прячем Зур. Будем поднимать Славу, там идем как овцы ...

... Моментом стали, послушайте! Хотите брани зуровой за Русь нашу? Просвещенность наша, Матери слова сияют до блеска, как солнце. Вещает нам победы.

(ВК-7)

Сеча была великая в походе, была до последнего. Наши воины, наблюдая, говорили:

- Боги наши ждут врагов наших, себе те, Вышень грядет на марицех к нам.

Говорит:

- Идите, гадятся града ваши, укрепите их, либо будет Зура. Крепка. То Сварог меня пошлет к вам, это темные те силы небесные. (ВК-9)

*Боятся нас от старой давности, нас ссорят, то зрим и руку держат воинственно. Боятся, видели как **Зурен день идет** и крови хочет, ту прольем на земли свои русские. Это руса города каменные, вопяют на нас и это хомут имеем горестей и ссорят до смерти нас. Почтите сына моего. Умрите за нее! (ВК-13)*



Разобравшись в том, что зороастризм возник в арийских племенах ранее периода их прихода в Иран, есть основания полагать, что зарождение зороастризма произошло на Азиатской территории (за Уралом). На сегодня известно - первыми Урал пересекли арии гаплогруппы R1a1a1 с маркером Z93 около 5000 - 4800 лет назад (А.А.Клёсов,

И.Л.Рожанский, 2011). Если ко времени образования Зороастризма прибавить те самые 1300 лет, указанных в ведах, получим хорошую сходимость ранее выдвинутой гипотезы о древности славянской веры. (Вестник АДНК-генеалогии T2 №5, 2009, Г.З.Максименко) где мы отмечали, что с Карпат на Днепр 6200 лет назад арии шли славянами по вере.

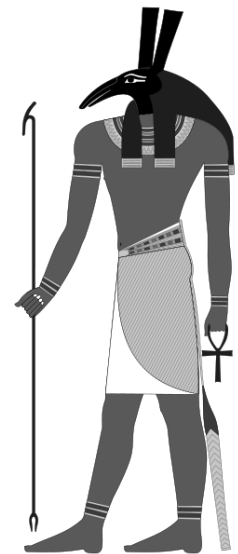
В пользу зарождения Зороастризма на Южном Урале говорят и такие свидетельства: «Оттого будет пора великая за **Сет**. **Зуры** те на обе стороны: от Даниу до гор Русских. До хопров Карпатских» (ВК-3). Мы видим здесь упоминание Сета, который, в свою очередь, выбит на фресках Египетских храмов и является олицетворением Уральских гор. Следует отметить, что и основной символ зороастризма свидетельствует о том же. Он передаёт в стилизованном виде форму Уральских гор, рассматриваемых ариями как



одну из своих святынь - птицы Сва (ворона), а священная птица Симург в зороастризме указывает на древнюю прародину ариев - Балканы.

Исследователями принято рассматривать несколько гипотез зарождения зороастризма. Наиболее вероятным местом возникновения зороастризма является Северо-

Восточный Иран и часть Афганистана, однако есть научные теории о возникновении зороастризма в Западном Иране, Средней Азии и на Южном Урале. При этом большинство из исследователей сходятся в одном, зороастризм возник в среде арийских племён, до завоевания ими иранского плоскогорья. (ru.science. Наука. Зороастризм). Известно, что в Иран арии пришли с Южного Урала 3800-3600 лет назад (А.А. Клёсов, 2008). Таким



образом, все показатели исследований сводятся к Ю.Уралу, о чём свидетельствует и сама символика зороастризма, указывающая на происхождение с Урала. Что же касается древности веры, веды свидетельствуют о порождении веры ариями в период своего массового расселения. Сам Зур как религиозное учение на 1300 лет оказывается моложе саяно-арийской веры и не может претендовать на одну из самых древних религий мира.

Выводы:

1. Славянская вера является предшественницей Зороастризма и была образована за 1300 лет до его образования.
2. Местом зарождения Зороастризма является Южный Урал. Зарождение произошло в промежутке между 4800-3800 лет назад и первоначально распространился на территории ареала пребывания ариев, после чего переместился по пути следования ариев в Индию и Иран, закрепившись на территории Ирана.

Литература.

Абаев В. И., Скифский быт и реформа Зороастра, "Archiv orientální", 1956, v. 24, № 1;

Бенвенист Э. Словарь индоевропейских социальных терминов. М. 1995

Бози Ф. Античные источники о савроматах. Статистическая обработка погребальных памятников Азиатской Сарматии. Савроматская эпоха. Вып. 1. М., 1994. С. 19.

Бонфанте Д. Заметки о родстве европейских языков. К истории постановки вопроса в период с 1200 по 1800 гг., "Вестник истории мировой культуры", 1957, № 4.

Геродот. История (скифские фрагменты). Скифы. Хрестоматия. М. 1992 (с. 38-83)

Клёсов, А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Т1 No.3, 2008

Клёсов, А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Т1 №. 4, 2008

Кавказ и Дон в произведениях античных авторов. Ростов-на-Дону, 1990.

Коган, А. И. Дардские языки: Генетическая характеристика. М.: Восточная литература РАН, 2005.

Лукашевич Ю. С. Гаты. Священные гимны Заратуштры. Минск 2004

Мачинский Д. А. О времени первого активного выступления сарматов в Поднепровье по свидетельствам античных письменных источников . АСГЭ. 1971. № 13. С. 37.

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 РА ДНК-генеалогии Т2 №2 за 2009 г. «Как сочетается информация в славянских ведах с последними изысканиями в области ДНК-генеалогии? «Велесова книга» - веды славян.» (с.200)

Максименко Г.З. Вестник РА ДНК-генеалогии Т2 №7 2009, «Как сочетается информация в славянских ведах с последними изысканиями в области ДНК-генеалогии? «Велесова книга» - веды славян.» ч. 3 (с 1234)

Нидерле Л. Славянские древности. Перевод с чешского Ковалёвой Т., Хазанова М. Алетейа, 2000

Рыбаков Б.С. Геродотова Скифия. М. 1979

Рак И. В. Зороастрийская мифология. М., 1998

Струве В. В. Родина Зороастризма, "Советское востоковедение", т. 5, 1948

Соколова В. С. Авеста.(перевод), М., 2005

Уотерхауз Д. В. Катехизис зороастризма. Древняя религия магов. 2002

Хенсель В. Венеты, венеды и их связь с населением Северной Италии и Польши. Древности славян и Руси. М. 1988, с. 161.

Чунакова О. М. , Пехлевийский словарь зороастрийских терминов. 2004

Bnfante G. I dialetti indoeuropei. ANnali del Reale Istituto Orientale di Napoli.
Vol. IV, fasc. IX. 1931. S. 69 ff

Krahe H., Das Venetische. Sitz.-Ber. D. Hedelberger Akademie der
Wissenschaften, phil.-hist. Klasse, 1950, 3

Интернет

Адриатические венеты:

http://ru.wikipedia.org/wiki/%C0%E4%F0%E8%E0%F2%E8%F7%E5%F1%EA%E8%E5_%E2%E5%ED%E5%F2%FB

Сурь: <http://ru.wikipedia.org/wiki/%D1%F3%F0%FC>

Сурь-Яха: <http://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%A1%D1%83%D1%80%D1%8C-%D0%AF%D1%85%D0%B0>

Сурья - Упанишада: <http://upanishads.ru/surya.htm>

Сунниты: <http://ru.wikipedia.org/wiki/%D1%F3%ED%ED%E8%F2%FB>

Авеста:

<http://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%90%D0%B2%D0%B5%D1%81%D1%82%D0%B0>

Зороастризм:

<http://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%97%D0%BE%D1%80%D0%BE%D0%B0%D1%81%D1%82%D1%80%D0%B8%D0%B7%D0%BC>

Материалы «в порядке дискуссии» (с Форума «Родство», январь-февраль 2012 г)

1. О подлинности или фальсификации Велесовой книги

Вопрос (читателя): И всё - таки, где найти правильный перевод текста "ВК"? Мною прочитано три варианта перевода дощечек, двух известных лингвистов и одного непонятно КОГО? И поверьте мне, трактовка текста идёт в кардинально противоположных направлениях, как в той басне, где лебедь, рак и щука. Где доказательства и обоснования правильности перевода? К примеру, Умнов - Денисов, основываясь на своих выкладках, ВК вообще называет её "Приникание" и он достаточно убедителен, во всяком случае, для меня. Здесь же, у вас, выдаётся "на гора", текст за текстом, без объяснения принципа ваших переводов. Где же исходная точка? От чего вы отталкиваетесь?

Г. З. Максименко

(автор двух изданий переводов Велесовой Книги, 2008 и 2010)

Я не знаю на каких таких выкладках делает заключение Умнов - Денисов давая ВК название "Приникание", но это свидетельствует о том, что слабо владеет содержанием текста ВК, ибо в самой ВК вписано её название и в пояснительной части сказано "Велес книгу сию посвящаем Богу нашему, который есть прибежище скрытых сил". Т.е. Велесова книга посвящается Богу мудрости и знаний - Велесу, от того Велесовой книгой и называется. И что там надо доказывать и обосновывать понять трудно, т.к. об отом написано в самой книге. А вот домысливания авторов переводов о всевозможных "Приниканиях" о которых нет ни одного слова в ВК как раз и ставят под сомнение её подлинность.

Проверить правильность перевода не сложно. Достаточно взять одну дощечку с оригиналом текста, сделать самостоятельную разбивку и на её основе сделать дословный перевод. Потом сравнить его с авторскими переводами. У кого будет иметься не авторский, а дословный перевод сравнивать будет ещё проще, но авторов с дословными переводами считанные единица. Мне известно всего два, а вот авторских "пруд - пруди". Если же вы сами сделать этого не в состоянии, тогда лучше и не браться за эту работу.

Можно выучить древнеславянский язык и письменность, научиться читать

текст и только после этого приступить к разбивки текста и дословному переводу. А вот авторский перевод делать не следует, до той поры пока переводчик не изучит содержание дословного перевода и не поймёт о чём там вообще идёт речь, о каких событиях и временных периодах там описано. Это тяжёлая работа, требующая не одного года работы над текстом.

Профессиональные лингвисты, в работе с этим текстом, к сожалению, пока не на высоте. Они совершают изначально одну и ту же ошибку, пытаются перевести текст, уже разбитый любителями. Это большая и грубая ошибка, ведущая по нарастающей к последующим. К слову сказать, А.А. Зализняк попался на ту же удочку. Опровергал слова полученные в результате неверной разбивки, которых в ВК на самом деле как оказалось нет и на основе этих несуществующих слов строил свои опровержения подлинности самой ВК. По сути это очередная попытка доказательства фальсификации ВК в отсутствие самой доказательной базы. Поэтому все его старания легко опровергаются и сводятся на нет.

Вопрос: Откуда можно скачать зарисовки дощечек? Фотографий, как я понял всего одна?

Г.З. Максименко

На самом деле их не одна, а как минимум две. Имеется точная прорисовка и обратной стороны дощечки 16-II. Но там текст был сильно повреждён, поэтому мало кто на неё обращал внимание(и зря т.к. обратная сторона текста давала некоторые важные разъяснения). Если кого интересуют исходные материалы, то на мой взгляд более полное их собрание лежит в Музее Русской Культуры в Сан-Франциско. Фонд 10143 в ГА РФ: http://kirsoft.com.ru/mir/KSNews_353.htm и на форуме Союза "Русской народной веры", в скромной и неприметной теме "Про луну и дедов": <http://forum.rodnovery.com/index.php?showt...=345&st=160> начиная с 9-й стр.

Если кто хочет попробовать свои силы в данном вопросе, или посмотреть последовательность перевода, как это делалось мной, даю оригинал текста дощечки 16-II:

ВЛЕСКНІГОСИУПТЧЕМОБГУНЩЕМОУКІЕБОЕСТЕПРІБЕСПІАСІЛАВОНОІВ
РМЭНОІБІАМЕНЖІАКОІБІАБЛАГ
АДБЛЕІЖЕРЧЕНЫАКОЦТВPSІАТОІМЧЖЕНУІДВАДЧЕРЕІМАСТАОНASK
ТІАКРАВЕІМНГАОВНОІSONАІБІАТО
ІВОСТОУПЭХАОНІГДНЕІМЧМЕНЖПРОДЧРСВАТАКМОЛПАБЗІАБОІРДЭ

POSENEBENPSЭЧЕАДЖБОУСЛОІЧАМЛБ
ОУТУАПОМЛБЕДАІАЧМУІЗМЛЕНОІАКОБІАОЖЕЩОІТАІАСЕБОГРЕНДЕ
МЕЗЕНОІАІМЕМОВРЖЕТЕСЕСЕБОІASH
АТЧЕМОТУВГОЛЕСОТРЧЕНЕСІАСЕМУТРЕДЕХОМСЕНАІМЭМОДОБЗЕНА
ЧЛІТОМУРЧЭМОХВЛУБОНДЕБЛГСЛВЕН
ВОЖДОІНОІНЭАПРСНЕОВЕКОІАДОВЕКОІРЧЕНОЕСЕОКУДЭСНОІЦОІА
ТЕПРЧЕНОЧЕНЗДВРЦЕТСЕ ...

Правильная разбивка (дешифровка) текста:

ВЛЕС КНИГО СІУ ПТЧЕМО БГУ НШЕМОУ КІЕ БО ЕСТЕ ПРІБЕ СПІА СІЛ А В
ОНОІ ВРМЭНОІ БІА МЕНЖ ІАКОІ БІА БЛАГ А ДБЛЕ ІЖЕ РЧЕН БІА К ОЦ
ТВРСІ А ТО ІМЧ ЖЕНУ І ДВА ДЧЕРЕ ІМА СТА ОНА СКТІА КРАВЕ І МНГА
ОВНОІ S ОНАІ БІА ТОІ ВО СТОУПЭХ А ОНІ ГДНЕ ІМЧ МЕНЖ ПРО ДЧР
СВА ТАК МОЛІА БЗІ АБОІ РДЭ РОСЕ НЕБЕН РСЭЧЕ А ДЖБО УСЛОІЧА
МЛБОУ ТУ А ПО МЛБЕ ДАІАЧ МУ ІЗМЛЕНО ІАКО БІА ОЖЕ(?)ОІ ТАІА SE
БО ГРЕНДЕ МЕЗЕ НОІ А ІМЕМО ВРЖЕТЕСЕ SE БО ІАШНА ТЧЕМО ТУ ВГ О
ЛЕС ОТРЧЕНЕСІ А СЕМУ ГРЕДЕХОМ СЕН А ІМЭМО ДО БЗЕ НАЧЛІ ТОМУ
РЧЭМО ХВЛУ БОНДЕ БЛГСЛВЕН ВОЖДОІ НОІНЭА ПРСНЕ О ВЕКОІА ДО
ВЕКОІ РЧЕНО ЕСЕ О КУДЭСНОІЦОІ А ТЕ ПРЧЕ НОЧЕ НЗД ВРЦЕТСЕ ...

Переложение на кириллицу:

Влес книго сју птчемо Бгу ншемоу кие бо есте прибезе спя сил.
В оны врмэны бя менж якыоя бя благ. Дбле иже рчен бя к оц Тврси.
То имч жену и два дчери има ста она сктя краве и многа овны с онаи
бя тои во стоупэх. Они гдне имч менж про дчр сва так моля Бзи абы
рдэ росе небен рсэче. Джбо услыша млбоу ту. По млбе даяш му
измлено яко бя ожещы тая се бо гренде мезе нои. Имемо вржетесе
се бо ясена тчемо ту вг в лес отрченеси. Сему гредехом сен.
Имэмо до Бзе начли тому рчэмо хвлу бонде блгслвен вожды
нынэа прене о кекоя до веку рчено есть о кудэсницы. Те прче
ноче нзд врцетсе ...

Дословный перевод:

Велес книгу сию пишем Богу нашему, который ибо есть прибежище
скрытых сил.

«В их времени был муж, который был благ. Доблестно ежели наречен, был
как отец Тиверси. Тот имел жену, две дочери иметь стала она скотичей
крови, много овец с ней было той в степях. Они годны иметь мужей, порой
дочерей своих. Так молились Богам, чтобы род росы небесной размножить.
Дажьбо услышал мольбу ту. По мольбе дает ему измоленное, так как было
ожидаемое»: тайна эта грядет между нас.

Имеем выраженное это, либо яшень точим ту, вогнав в лес речи сказанные. Этому грядем все. Имеем до Богов, начали тому речами хвалу, будут благословенны вожди нынешней порой, в которой до веков сказанное есть в кудесниках. Те порчи ночи назад вернулись, ...

Пока ещё ни один сторонник подлинности или фальсификации ВК не смог научно аргументировано доказать свою позицию. Всё крутится вокруг да около и стрельба по мишени все эти годы шла в «молоко». Причину я писал выше, повторяю и в заключение. Следует отметить, что сторонники подлинности ВК оказались более трудолюбивыми в данном вопросе и некоторые из них приводят достаточно убедительные аргументы и их подход более научный чем у сторонников фальсификации, выстраивающих свою доказательную базу больше на эмоциях и на том, что сказали по этому поводу переводчики. Профессиональный подход наблюдается, например, у лингвиста с мировым именем, занимающегося славистикой А.Т.Липатова. Ознакомившись с содержимым ВК он дал своё обоснование данной проблеме и склонился на чаше весов в пользу её подлинности. А.А.Зализняк, будучи сторонником фальсификации, не счёл нужным детально и профессионально разобраться в данном вопросе и приступил к критике на основе информации выложенной переводчиками. Если говорить откровенно, то А.А.Зализняку ВК просто не по зубам, отсюда все эти кривляния и насмешки над ВК. Когда аргументов не хватает их надо чем-то компенсировать. Со стороны это выглядит именно так. Одно дело когда так ведёт себя лаборант, это понять можно, другое дело когда вся эта цирковая клоунада исход из уст учённого человека с большим наработанным авторитетом, претендующим на мнение в последней инстанции.

Возьмём те же Новгородские грамоты на бересте. Переводчики и исследователи ВК один за другим повторяют, что ВК написали новгородские волхвы. И никому на ум не пришло, в том числе и А.А.Зализняку, разобраться в этом вопросе. А ведь в самой ВК сказано, что многие веды, в том числе и не попавшие в свод ВК, собирались в Киеве, в их числе, например, веды хорян (хорват) и многие другие. Где тут Новгород? Нигде в ведах Новгород не виден, за исключением одной веды, описывающей новгородские события и по паре строк в нескольких других. Но где она писалась в свод и какой ветвью рода ариев неизвестно. О написании ВК в Новгороде - это было голословное предположение одного из первых переводчиков, подхваченное остальными. А.А. Зализняк берёт и сравнивает тексты новгородских берестяных грамот с текстом ВК. Даёт своё заключение - фальшивка. А почему не сделать и не проверить предположение, что ВК и новгородские грамоты писались в разное время и в разных местах, продолжив исследование с этих позиций? Берестяные грамоты найдены в слоях X-XV веков н.э., а веды ВК были написаны в

разные времена и некоторые из них на тысячелетия ранее новгородских и в свод ВК попали опять таки ещё в дохристианский период в момент самого крещения Руси. Об этом собствен говорится и пишется в самой ВК. Но этого почему-то напрочь никто не замечает и не обращает на это внимание. ВК писалась ранее появления найденных берестяных грамот. А берестяные грамоты писаны уже в период христианизации, когда власть на Руси была уже перехвачена у ариев. Поэтому на берестяных грамотах просматривается наложение греческого алфавита на древнеславянский. Это, что трудно понять? Не трудно.

То, что А.А. Зализняк доказал, тексты новгородских грамот написаны без ошибок и представляют собой документы, написанные на древненовгородском диалекте русского языка, это не только замечательно, но и примечательно. Никто его заслуг в этом не отрицает. А вот насчёт того, что такие вещи даются не многим, согласится с этим не могу. Имея "на руках" около 200 подлинников, собранных А.В. Арциховским и В.И. Борковским из раскопов 1955 года, систематизированных ими, расписанных поярусно, к тому же систематизированных и опубликованных Академией наук СССР (1958 г.) да ещё носящих не политическое содержание, а в основе своей торговые и бытовые записки, особо одарённых усилий не требует. Да и сопротивления со стороны Академии наук вызывать не может. Носили бы эти грамоты политическое или историческое значение о Руси в дохристианский период (в пример можно поставить ту же ВК) и картина была бы совершенно иной.

Та же картина и с подлинностью СОПИ (Слова о полку ...). Как можно не признавать её подлинной, если она очевидно является заказным материалом Рюриковичей, направленным на сокрытие правды о периоде образования Руси и выпячивает роль, заслуги Рюриковичей и христианства в образовании Руси. Это же основа политики не только того времени, но и времени сегодняшнего. СОПИ заслоняет всю правду об истории образования Руси и её погибель выдаётся за образование. Вопрос сокрытия правды, это вопрос политический и смертельно опасных как для РПЦ так и для правящих кругов. Многие просто либо не осознают этого, либо боятся сказать правду. Это может привести к потере своего рабочего места, авторитета в научных кругах, либо потере ожидаемых грантов и финансирования. Такая вот история и с подлинностью СОПИ получается. Конечно подлинная, хотя её оригинала так же как и у ВК нет - утрачен (или ещё не найден) ни тот ни другой. Зато есть политическая воля, что пускать, а что не пускать за VI век в русской и славянской истории. С СОПИ к слову сказать, написанной на языке древнеславянском, практически повторяющем язык славянских вед, ошибок целый «воз и маленькая тележка». Но чтобы их увидеть и понять, что это ошибки, надо знать

правила написания древнеславянских текстов. Это говорит только об одном, что при написании СОПИ автор имел перед собой древнеславянские тексты (веды) и писал откровенно их стилем, но многих правил древнеславянского теста попросту не знал.

Поэтому и приходится русским людям, исследователям, за свои собственные средства, не имея ни копейки поддержки на исследования, заниматься изучением собственной истории в казалась бы своей (?) стране и рассказывать правду об её истории. А чем занимаются чиновники и политики в это время, всем хорошо известно ... Но не хотелось бы заканчивать на грустной ноте эту тему. Сегодня очевидно, что подделать ВК не под силу ни одному живущему на земле человеку, т.к. на это одной человеческой жизни даже гению не хватит. И сегодня имеет реальный шанс доказать её подлинность через ДНК-генеалогию в сочетании с археологией, лингвистикой, историей и участием некоторых других научных дисциплин. И сделать это сегодня возможно коллективными усилиями нескольких научных дисциплин. А будут приняты эти доказательства или нет, это уже другой вопрос. Важно чтобы они были и были доступны для русских людей и славян интересующихся своей родной историей.

Я полностью соглашусь с А.А. Клёсовым в том, что признание подлинности Велесовой Книги это больше политический вопрос. Пока не сменится политическая ситуация в стране, пока не сменится управленческий состав РАН и она не станет Русской Академией Наук, рассчитывать на признание ВК даже при полной доказательной базе не придётся. И то, что делается сегодня по её исследованию, это скорее для наших потомков, а не для нас самих. Это возвращение долга нашим предкам в знак их почитания и уважения.

2. О временах образования субкладов Z283 (Европа) и Z93 (Азия) гаплогруппы R1a1

И.Л. Рожанский

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

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 (DYS288=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 удается позиционировать более-менее точно. Вот он в формате FTDNA-12 -- `DYS458` `DYS437` `DYS448` `GATAN4` `DYS456` `DYS438` `DYS594` `DYS635`:

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.

3. О ветвях и датировках гаплогруппы Q и C

И.Л. Рожанский

В статье, оригинал которой выложен здесь

[http://www.cell.com/AJHG/abstract/S0002-9297\(11\)00549-0](http://www.cell.com/AJHG/abstract/S0002-9297(11)00549-0)

имеется ссылка на сопроводительную информацию, где, среди прочего, выложено 44 17-маркерных гаплотипов Q1a3 алтайцев, из них 25 типированы на субклад Q1a3a1c*, и 19 отнесены к Q1a3a*. Весь список распадается на 2 неплохо сходящиеся ветви:

а) Двойную с общим предком 3300±500 лет назад и базовым гаплотипом в формате FTDNA-12 -- `DYS458`, `DYS437`, `DYS448`, `GATAN4`, `DYS456`, `DYS438`, `DYS635`:

13 23 13 10 15 16 X X 12 13 14 32 -- 18 13 19 11 15 11 22

б) Совсем молодую, с предком, жившим 1375 ± 250 лет назад, но с базовым гаплотипом, расходящимся с первым на 12 мутаций:

13 24 13 10 15 19 X X 13 14 14 31 -- 16 14 19 11 17 11 22

Первая ветвь насчитывает 20 гаплотипов, все Q1a3a1c*. Она двойная, и в ней сидит плоская ветвь с единственной мутацией на 9 гаплотипов. 3300 лет - это возраст ее общего предка с более рыхлой (~1600 лет) второй подветвью.

Во второй ветви собрались 5 гаплотипов Q1a3a1c* и 19 очевидно "недотипированных" Q1a3a*. Солидная разница в 12/17 разводит обе алтайские ветви на 13300 лет и помещает их общего предка на 9000 лет назад.

Далее, интересно сопоставить эти 2 ветви с гаплотипами американских индейцев. Самым представленным среди них является субклад Q1a3a1, для которого расчет по 22-маркерной медленной панели дает возраст около 14000 тыс. лет, а его базовый 17-маркерный гаплотип выглядит примерно так:

13 24 13 10 14 16 X X 11 13 14 28 -- 16 14 19 12 15 11 22

Этот гаплотип отстоит от первой, более старой ветви на 11 мутаций, а от второй - на 13. Это дает общего предка для всей тройки около 15 тыс. лет назад. Это - с учетом погрешности и того, что базовый "американский" гаплотип реконструируется не настолько точно, его можно с достаточным основанием считать родительским для обеих алтайских ветвей. Тот же вывод следует из дерева снипов. Так что один из выводов авторов статьи (о близком родстве алтайцев и индейцев Q1a3) вполне подтверждается расчетами.

Вот что они пишут в абстракте

Цитата

Moreover, high-resolution analysis of Y chromosome haplogroup Q has allowed us to reshape the phylogeny of this branch, making connections between populations of the New World and Old World more apparent and demonstrating that southern Altaians and Native Americans share a recent common ancestor.

К сожалению, они не приводят там конкретных цифр, а текст статьи мне пока недоступен.

Не так давно я делал оценку для субклада С3, который также поделен между Центральной Азией и Америкой. Там получился несколько меньший возраст для общего предка, около 12 тыс. лет, что может трактоваться как метка второй волны заселения Америки, о чем уже давно говорят лингвисты.

4. Был ли Рюрик угро-финном?

И.Л. Рожанский

Если под Рюриком понимать предка той княжеской линии, что относится к южно-балтийской ветви N1c1 (что отнюдь не очевидно), то его финно-угорское происхождение - под большим вопросом. Если проанализировать дерево европейских N1c1, то ветвь русских князей встраивается в такую лесенку:

- 1100 лет назад - предок "княжеской" ветви (11 гаплотипов с проекта Russian Nobility);
- 2100 лет назад - предок подветви с характерной меткой DYF395S1= 15-18 (те же плюс несколько гаплотипов из Швеции, Шотландии, Аландских островов и юга Финляндии);
- 2800 лет назад - предок южно-балтийской ветви, определяемой как L550+ (Литва, Латвия, Белоруссия, северо-восток Польши), в составе которой практически отсутствуют представители финно-угорских народов;
- 4200 лет назад - предок южно-балтийской ветви и ветвей, плотно заселяющих Финляндию и северо-восток Швеции.

Из этой схемы мы видим почти 1,5-тысячелетний разрыв между генеалогическими линиями носителей финно-угорских языков и тех, кто сейчас представляет балтские и славянские народы, с редкими вкраплениями германоязычных скандинавов. Этнический состав, география ветви и лингвистические оценки позволяют с достаточной уверенностью говорить, что носители второй группы (L550+) сменили свой язык на индоевропейские диалекты самое позднее, 2800 лет назад, во времена бутылочного горлышка. Относился ли их прежний язык к финно-угорской группе, строго говоря, неизвестно.

Род "ДНК-Рюрика" относится к южно-балтийской ветви, а, значит, нетрудно подсчитать, что, как минимум, в течение 1700 лет до рождения

предка княжеской линии его род не имел прямого отношения к тем народам, что сейчас живут в Финляндии, Эстонии и Поволжье. Кем был по национальности "ДНК-Рюрик", спорить можно долго, но финном от точно не был.

5. Еще о популяционной генетике

И.Л. Рожанский

Обнаружил статью, на которую в свое время не обратил внимания. Это работа W. Shi et al. "A Worldwide Survey of Human Male Demographic History Based on Y-SNP and Y-STR Data from the HGDP-CEPH Populations" *Mol Biol Evol* (2010) 27 (2): 385-393. Стартовый материал замечательный - 590 65-маркерных гаплотипов, собранных по 51 популяции, в том числе такие, по которым нет данных ни в одной из открытых баз данных. Вдобавок все гаплотипы были еще типированы на 37 снипов. При должной обработке это мог бы быть прорыв в нашем знании о ранних миграциях людей.

Что имеем в действительности? Авторы взяли каждую популяцию, честно посчитали вариабельности для каждого из 65-ти маркеров в пределах популяции, на их основе провели калибровку скоростей мутаций и выдали в итоге схему, в которой нелепица громоздится на нелепице:

Цитата

the earliest expansion begins at 81 (40-130) KYA for the San in sub-Saharan Africa, followed by Burusho and Brahui of Pakistan, South Asia (42 and 40 KYA), Xibe and Mongolians of East Asia (37 and 36 KYA), Tuscans and Russians of Europe (35 and 33 KYA), Bedouin and Druze of Middle East and North Africa (33 and 26 KYA), Papuans of Oceania (20 KYA), and Pima of America (14 YA).

Прошу отметить, что ни о каких деревьях, гаплогруппах и разделению по ним ни в расчетах, ни в обсуждении нет ни слова. Все расчеты и калибровки принципиально делались "поперек" ветвей, тем самым сводя к нулю всю ту немалую работу по сбору и обработке образцов, что была проведена.

Это, впрочем, можно было предугадать, но оставалась надежда, что в таком солидном издании, как *Molecular Biology and Evolution*, список гаплотипов будет выложен в сопроводительной информации. Увы, нашему взору предстает только рассчитанная известно как таблица вариабельностей и времен до общих предков, без первичного материала. Хотелось бы верить,

что гаплотипы не были опубликованы из-за сложностей с правами интеллектуальной собственности, а не потому что популяционистам они просто-напросто не нужны.

Чувства, что вызывает такое обращение со столь ценным материалом, наверное, мог испытывать Микеланджело при виде того, как кусок прекрасного каррарского мрамора перерабатывают на крошку, и из нее штампуют унитазы и прочие сантехнические изделия.

6. Комментарий к вопросу о происхождении киргизов гаплогруппы R1a1

И.Л. Рожанский

Помимо источника различных гипотез, киргизская ветвь R1a1 оказывается и показательным примером, как с помощью филогенетических программ и оценки по параметру сходимости можно выявить детали сильно перекрывающихся деревьев.

Для этого рассмотрим выборку из 94-х 43-маркерных гаплотипов в основном из Киргизии, а также из западной Монголии и киргизского автономного уезда Синьцзянь-Уйгурского автономного округа КНР. Все они хранятся в базе данных SMGF, включая 56 гаплотипов из статьи Андерхилла, по которым строил дерево А.А. Клёсов. Поскольку панель SMGF содержит 9 маркеров, отсутствующих в 67-маркерной панели FTDNA, то для получения сопоставимых данных следует привлекать 111-маркерную панель, где эта девятка присутствует. Один такой гаплотип из киргизской ветви есть, он принадлежит литовскому татарину. По результатам тестирования на снипы (L342+) он, как и ветвь в целом, попадает в один субклад с другими азиатскими R1a1 - индийцами, арабами, башкирами и евреями ашкенази.

Из этих 95 гаплотипов 18 отстраиваются довольно далеко, образуя ветвь возрастом 3400 лет. Ее общий предок с остальными 77-ю гаплотипами приходится примерно на 4000 лет назад, а параметр сходимости (1,02) позволяет предположить, что она восходит к одному общему предку. Ее (оптимизированный) базовый гаплотип почти идентичен базовому гаплотипу юго-восточной ветви (L342+):

13 24 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 -- 11 12
19 23 16 -- 14 11 -- 14 12 -- 11 11 14 23 9 13 12 30 24

Первые 30 маркеров следуют обычной нотации FTDNA, затем через дефис идут DYS442, DYS438 -- DYS444, DYS446 -- DYS461, DYS462, YGATAA10, DYS635, GGAAT1B07, DYS441, DYS445, DYS452, DYS463. Отличия выделены жирным шрифтом. Является ли эта ветвь родительской к киргизской, или они с ней параллельны, оценить из одних лишь 43-маркерных гаплотипов сложно. Единственно, можно с большой долей уверенности сказать, что она также из субклада L342.

Остальные 77 гаплотипов дают в общей сложности 233 мутации на 43-х маркерах от следующего гаплотипа:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 32 -- 15 9 10 11 11 23 14 21 31 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 -- 14 11 -- 14 12 -- 11 11 14 23 9 13 12 30 24

Это тот самый базовый гаплотип киргизской ветви, который был опубликован в статье 2-летней давности. Формально, общий предок этой группы оказывается совсем недавним - 1075 ± 150 лет назад (счет по калиброванной 34-маркерной панели). Однако, параметр сходимости 1,21 однозначно говорит, что этот предок фантомный, и мы имеем дело с суперпозицией ветвей. Причем это самый неприятный случай с дефицитом базовых гаплотипов, что имеет место при перепутывании крон близко расположенных деревьев. Единственный способ их распутать - это строить дерево, выделять компактные линии, оценивать их на сходимость, сопоставлять с другими, вычислять их базовые гаплотипы в случае подтвержденной сходимости, строить дерево из них, и по нему уже вычислять, когда же жил предок всего этого "бурелома".

Опущу детали расчета дерева, и сразу перейду к выявленным однородно сходящимся ветвям. Их в выборке оказалось 6. Вот они в порядке убывания возраста:

№ 1 - 7 гаплотипов, 1200 лет до предка, параметр сходимости 1,00, базовый гаплотип без последних 9-ти маркеров (они у всех идентичны, и опущены для краткости):

13 24 15 11 11 14 12 12 10 14 11 32 -- 15 9 10 11 11 23 14 19 31 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 -- 14 11 -- 14 12

№ 2 - 11 гаплотипов, 1025 лет до предка, параметр сходимости 1,03, базовый

гаплотип

13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 32 -- 15 9 10 11 11 23 14 21 31 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 -- 16 11 -- 13 12

№ 3 - 14 гаплотипов, 925 лет до предка, параметр сходимости 1,01, базовый гаплотип

13 25 16 11 11 14 12 12 10 **13** 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 21 **30** 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 -- **15** 11 -- 14 12

№ 4 - 12 гаплотипов, 650 лет до предка, параметр сходимости 0,97, базовый гаплотип

13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 32 -- 15 9 10 11 11 23 14 **22** 31 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 -- 14 11 -- 14 12

№ 5 - 23 гаплотипа, 650 лет до предка, параметр сходимости 0,98, базовый гаплотип

13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 14 11 32 -- 15 9 10 11 11 23 14 21 31 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 -- **15** 11 -- 14 12

№ 6 - 10 гаплотипов, 600 лет до предка, параметр сходимости 0,96, базовый гаплотип

13 25 16 11 11 14 12 12 10 **13** 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 21 31 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 -- 14 11 -- 14 12

Если построить дистанционную матрицу из этих базовых гаплотипов, с поправками на собственный возраст, и рассчитать дерево, то окажется, что его возраст задается точкой, из которой ветвь № 1 расходится с остальными. Это около 2100 лет назад. Далее, примерно 1500 лет назад отходят ветви № 2 и № 3, и 1200 лет назад жил общий предок 3-х самых молодых ветвей - с 4-й по 6-ю. Попытки как-то скомбинировать ветви, чтобы получить однородные линии большего размера, особого успеха не имели - все время выскакивали фантомы, хотя и не столь вызывающие, как при счете всем списком.

Пока неясно, что в большей степени повлияло на столь откровенную неоднородность этой ветви - причуды выборки или сложная история киргизского народа. Надеюсь, со временем мы получим ответ. Однако, изложенная в статье (Об одной древней гипотезе происхождения киргизов

в свете ДНК-генеалогии. А.А. Клёсов, Вестник, 2011, т. 4, № 125 стр. 2251-2262) версия академика В.В. Бартольда (1894) о миграции славян (славянина?) в конце 1-го тысячелетия н.э. не слишком стыкуется с полученной структурой дерева. Вся эта группа ветвей связана родством, так что предок со стороны, если такой был, должен был появиться на Алтае не менее 2000 лет назад. Внешний облик енисейских кыргызов тоже не слишком надежная подсказка - обладатели высокого роста, голубых глаз, рыжих волос и румяных лиц жили там, как минимум, в течение 3000 лет до описываемых Абу-Саидом событий. Отнесение киргизской ветви к субкладу L342 также не слишком работает в пользу прихода носителей R1a1 из Европы в исторические времена, хотя варианты возможны.

Наконец, в качестве пробного шара для полученной схемы можно использовать гаплотип литовского татарина. Он попадает в ветвь № 5 с общим предком, жившим 650±125 лет назад. История этнической группы литовских татар начинается в конце 14-го - 15 вв, когда они начали переселяться из Крыма и причерноморских степей в Великое Княжество Литовское. Это 500-600 лет назад, т.е. уже после того, как родился предок той самой ветви. Все проходит без каких-либо натяжек.

7. Куда делись гаплотипы миллионов предков?

И.Л. Рожанский

Цитата(Славер @ 30.1.2012, 1:15) ✨

Пока мы не видим расхождение с Балкан по 10 направлениям в один и тот же период. А это расхождение по ведам произошло в одном поколении 6200 лет назад. Следовательно от этого периода и пошло первое серьёзное ветвление ариев.

Будьте готовы к тому, что, возможно, мы их и не увидим. В гаплотипах современников, во всяком случае. Вспомните 10 исчезнувших колен Израилевых, в поиски которых, между прочим, вкладываются немалые деньги, в основном от частных пожертвований и религиозных организаций. Ищут уже не первую сотню лет без особого успеха.

Поиск по одной лишь Y-хромосоме может принести как открытия, так и разочарования, и вот почему. Давайте отсчитаем время на 5500 лет назад и посмотрим, от скольких мужчин, живших в то время, ведут свой прямой род нынешние русские, украинцы и белорусы. Начинаем считать:

- 1 - предок субклада R1a1a1g-Z283,
- 2 - общий предок южно-балтийской и финно-угорской ветвей N1c1-L708,
- 3 - предок ныне живущих носителей гаплогруппы I1-M253,
- 4 - предок субклада I2a2-M423,
- 5 - предок субклада E1b1b1a1b-V13,
- 6 - предок субклада R1b1a2a1a1-M51.

В прямых потомках этих шестерых человек числится около 90 % нынешних восточных славян, а это почти 100 млн. мужчин. Если добавить еще неотличимых по гаплогруппному составу западных славян и балтов, то цифра перевалит за 130 миллионов. Еще десяток-другой предков наберется по минорным линиям, но погоды они не сделают, поскольку задевают восточных славян лишь краем своего ареала, как, к примеру, R1a1a1h-Z93, R1b1(xM51), J1, J2, G2a, E1b1b1(xV13), N1b или C3.

Если ограничиться "великолепной шестеркой", то имеем парадоксальную, на обывательский взгляд, ситуацию с горсткой предков на огромный по численности и территории этнос. Неужели 5500 лет назад на Земле жило лишь несколько десятков-сотен человек? Разумеется нет, у всех этих предков были тысячи, если не десятки тысяч соплеменников из того же ДНК-рода, но их прямые линии так или иначе прервались за прошедшие тысячелетия, оставив после себя, в лучшем случае, единичных потомков, от гаплотипов которых предикторы впадают в оцепенение. Таковы уж законы математической статистики и повороты истории.

Из этого наблюдения можно сделать вполне логичный вывод, что "потерянные колена" древних народов - это скорее закономерность, чем случайное стечение обстоятельств или выдумка составителей древних историй. В данном случае под "потерянными коленами" имеются в виду потомки по прямой мужской линии.

Если вести речь о собственно генетике, то там все сглаживается за счет рекомбинаций, и те 130 млн. славян носят в себе гены не только тех шестерых "отцов-основателей", но десятков тысяч их современников. Но этим занимается уже совсем другая дисциплина - собственно популяционная генетика. У нее есть свои сильные стороны, но в качестве инструмента для исторических реконструкций ее возможности очень ограничены.

DISCUSSIONS

Anatole A. Klyosov

The excerpts reproduced below are from discussion on public forums and from correspondents with interested individuals who asked some advanced questions.

1. Why some TMRCA (time from the most recent common ancestors) listed in your studies are different for a haplotype dataset, on the one hand, and for their subclade, on the other, while is essentially for the same people? For example, you have determined the TMRCA for R1b-M222 as 1450 ± 160 ybp, and described that a common ancestor of the subclade lived around 2000 ybp, at the beginning of CE (common era)?

This is an interesting question, and it is related to two different things: (a) a common ancestor of people (rather, their haplotypes) living today, and whose common ancestor likely had survived a bottleneck of the population, and (b) a common ancestor of a population BEFORE the bottleneck(s). The last one typically cannot be determined from a dataset (intraclade calculations), but can be reconstructed from a series of DNA-lineages (interclade calculations). R1b-M222 is one of many examples.

For example, the present-day African haplotypes represent several very “shallow” (time-wise) branches, typically no more than a few hundred or a few thousand years each. So, their (intraclade) TMRCA, for each branch, are rather “young”. However, the distance between those branches (mutation-wise, therefore, time-wise) is huge, and points towards their common ancestor who lived at least 140,000 year ago. This is the interclade TMRCA.

Something similar was with R1b-M222 population. When we consider hundreds, I not thousands of their haplotypes, that is of people who live today, practically all of them coalesce to a common ancestor who lived 1450 ± 160 ybp, in the middle of the 1st millennium CE. However, there are several small (numerically) lineages, or branches on the M222 haplotype tree, which are quite distant (mutation-wise) from the “mainstream” haplotypes, so they could not possibly descend from the 1450 ybp common ancestor. However, they have the same R1b-M222 SNP-mutation. At the same time they have their own common ancestor, some 1400 ybp, some 1200 ybp, some 800 or 600 ybp. In other words, they all,

“mainstream” and minor lineages, form a fabric of fragments of M222 subclade, at the first glance disconnected, however, they all descended from one common ancestor, who lived ~ 1950 ybp, at the beginning of CE.

As one can see, R1b-M222 subclade contains many sub-branches, and can never represent an ideal, smooth statistical model. However, it is a reasonably good example for illustrations some basic principles of DNA genealogy.

One more similar example. The R1b haplotypes in Central Asia coalesce to a common ancestor who lived only 1000 years ago. We know that it could be an “overall common ancestor” of R1b haplogroup. It is an INTRACLADE calculation of their TMRCA. It means, that the PRESENT-DAY R1b in Central Asia have THEIR common ancestor only 1000 ybp. It has survived the bottleneck.

However, if you compare them with the European R1b, THEIR common ancestor lived 16,000 ybp. It is the INTERCLADE estimate.

So, the question is - when the common ancestor lived? It depends on the context. For Central Asian R1b - both 1000 AND 16,000 ybp.

The same is applicable to you personally. Who is your family and relatives common ancestor? It is that fellow who came to the US not so long ago. So, you might have it only 150-200 ybp. All calculations in the US would coalesce to him. However, he did not appear out of the blue. He came from Ireland in the 1800-s. If you take it into account you might end up thousands ybp. As you see, it depends on a context.

2. It is an interesting statistics on frequencies of alleles in R1b-M222 haplotypes:

<http://clanmaclochlainn.com/R1b1c7/M222repeat.htm>

It shows frequencies of many markers/loci in the R1b-M222 subclade. For example, in as many as 725 of M222 bearers tested the value DYS393=13 have 96.6% of all, DYS426=12 have 99.5%, DYS388=12 have 98.6%, DYS392=14 have 95.7%, etc. What do you think of it? Does it tell anything?

This statistics is interesting as a good proof of methodology of DNA genealogy (which "population genetics" or "genetic genealogy" have no idea about). This again and again shows why that new field of science has been developing. I mean, it is being developed not to add some little piece to “population genetics”,

it is being developed not as a part of "genetic genealogy", but as a separate and a more advanced discipline of science.

As you see, "genetic genealogy" collects these data and tabulate them. It is a DESCRIPTIVE discipline.

DNA genealogy EXPLAINS those data. It calculates them based on fundamental parameters, such as the mutations rate constants.

Here is how it works. Those percentages (for M222) can be CALCULATED independently, based on two figures: (1) the "age" of M222, and (2) the mutation rate constant for the given marker (locus).

Since the age of M222 is 1450 ± 160 years [Klyosov A.A. (2011) Haplotypes of R1b1a2-P312 and related subclades: origin and "ages" of most recent common ancestors", Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 4, No. 6, pp. 1127-1195) [for the current bearers of M222 statistics of whom is listed in the tables], it is 58 ± 6 conditional generations (25 years). Since we will take the slowest markers, a correction for back mutations is not needed.

The percentages are calculated a follows:

$$[\ln(100/n)]/k = 58 \pm 6 \text{ (this is the logarithmic method)}$$

The list of 22 slowest markers is given on p. 1261-1262 of the same, Proceedings. For all four markers you have mentioned the Chandler's mutations rate constants have proven to be the most reliable (in mutations per marker per conditional generation of 25 years):

For DYS393 $k = 0.00076$

For DYS426 $k = 0.00009$

For DYS388 $k = 0.00022$

For DYS392 $k = 0.00052$

For DYS393, $[\ln(100/n)]/0.00076 = 58 \pm 6$, and $n = 95.7\% \pm 0.4\%$

(The middle value and those at the enge of the margins or error give the following range of generations to the common ancestor of M222: 95.7% give 57.8 generations, 96.1% give 52.3 generations, 95.3% give 63.3 generations).

The list (which you have cited) gives 96.6%. It is likely that there are slightly more DYS393 in the population (by 0.5-0.9%) than it should be. It might be some higher proportion of younger and more populous lineages.

For DYS426, $[\ln(100/n)]/0.00009 = 58 \pm 6$, and $n = 99.48\% \pm 0.04\%$

(99.48% give 57.9 generations, 99.52% give 53.5 generations, 99.44% give 62.4 generations).

The list (which you have cited) gives 99.5%. It is exactly as the value calculated above.

For DYS388, $[\ln(100/n)]/0.00022 = 58 \pm 6$, and $n = 98.73\% \pm 0.13\%$

(98.73% give 58.1 generations, 98.86% give 52.1 generations, 98.6% give 64.1 generations).

The list (which you have cited) gives 98.6%. It is within the range calculated above.

For DYS392, $[\ln(100/n)]/0.00052 = 58 \pm 6$, and $n = 97.04\% \pm 0.30\%$

(97.04% give 57.8 generations, 97.34% give 51.9 generations, 96.74% give 63.7 generations).

The list (which you have cited) gives 95.7%. It is likely that there are slightly less DYS392 in the population (by 1.3%) than it should be. Again, it might be some higher proportion of younger and more populous lineages with DYS392, different from the "mainstream". In other words, the M222 can be slightly heterogeneous.

3. On the logarithmic method. I'd like to see the method behind your calculations using the logarithmic method. This is the first time I've seen this in your work. I'm trying to glean every tool from your work.

Thank you for asking ☺

This is a firm-ground chemical kinetics, which is my prime specialty. I graduated a Chair of Chemical Kinetics (Moscow National University), headed by Nikolay Semenov, Nobel Prize winner - in chemical kinetics. The old name of it was the "mathematical chemistry".

Mutations in the DNA are described by the same laws of chemical kinetics - of course. When a time-dependent process takes place - and mutations in the DNA is a perfect example, they typically follow the so-called first-order kinetics. It is

described as $c = c_0 e^{-kt}$, where c = a number of "non-converted molecules" left in the reaction system, c_0 is the initial number (of non-converted) molecules, k is the rate constant, and t is time. The index e , of course, is 2.73, the base of the natural logarithm. That is how the reaction curve looks like: the conversion of molecules goes by the exponential law. The same thing describes the radioactive decay (however, in radioactive decay there is no "back mutation", once the matter decayed, there is no way back).

The same thing is applied to mutations in haplotypes. $c = c_0 e^{-kt}$, which is (in the inverted form) $c_0 = c e^{kt}$, that is $[\ln(c_0/c)]/k = t$. Here, of course, c_0 is the number of haplotypes in the dataset, c is the number of base haplotypes (non-converted during the timespan from their common ancestor), k is the mutation rate constant, and t = a number of generations (if k is measured per generation).

It all has a deep meaning. The base haplotypes are decayed in time, and their number goes less and less with time, and that number is exponentially tied to the number of generations passed from the common ancestor, according to the formula.

The formula is applied to separate loci as well (see the preceding item in this Section).

4. On the origin of Indo-European language

>Not with standing your DNA analysis of Haplogroup R1 as Proto-Indo-Europeans originating in Central Asia (South Siberia) and their subsequent migrations, your hypothesis linking Hg R1 (or their parent, upstream haplogroups) to the development and spreading of the Proto-Indo-European language lead me back to the book shelf...I will summarize the thesis of the book from the reviews on the back cover, which do not do it justice. "THE HORSE, THE WHEEL, AND LANGUAGE, How Bronze-Age Riders From the Eurasian Steppes Shaped the Modern World" by David W. Anthony (2007). ... David Anthony identifies the prehistoric peoples of central Eurasia's steppe grasslands as the original speakers of Proto-Indo-European.

The Anthony's book is known, and it needs an introduction only to people who are far away from the subject. I also have it on my shelf, and when I was writing the said article, <http://www.scirp.org/journal/aa/>, I, of course, kept Anthony's views in mind.

However, his views are not the only ones in the related field of science, furthermore, are not the dominating views. There are many serious linguists who discount his book (in fact, I have not met one who would value his book highly

from the viewpoint of linguistics, however, by itself it is not an ultimate argument is science). The "Pontic steppe" hypothesis as the "origin" of IE language is just one among others, and not the favorite one. At some point there were as many as 25 different "origins" of IE language, and the number now is reduced to three-four, focusing on Anatolia, the Balkans, the Danube area, and the (obsolete now) Pontic steppes and/or areas North of it.

I have analyzed all those hypothesis, however, not as a linguist (who I am not), but from the point of haplogroups, their migrations, and timing, and published those observations a couple of years ago. First, the word "origin" itself for IE language, as well for any other language, except maybe Esperanto, tied to any particular region, is next to nonsense. It seems that all those four regions, mentioned above, as well as all those 25 or so, were not "origins", there were passing points on a long (in space and time) migration route of bearers of haplogroup R1a. The language always existed - in its dynamics - since the "Europeoids"/"Caucasoids" arose some 58,000 years ago, and probably earlier, though we have no knowledge about it, and it was evolving by both divergence and convergence, splitting off some derivatives and absorbing others. There was no "origin" in its sense. There never was one language, "common for all people", there always was a net of languages. At some time(s) the future IE language, being at the same time the future Uralic language, Finno-Ugric, Sino-Caucasian, Dene-Caucasian, Eniseyan, Sumerian, Basque, or whatever names linguists would pick based on their criteria, has been forming bit by bit, hence, some similarities between all those (and many other) languages, which linguists pick from time to time with some astonishment. The first evidences for Proto-IE language were picked in Anatolia, or at least the authors convinced (some of) their colleagues in it. Again, it was not the "origin", it was a (next) transit point on the way to Europe. Then it were the Balkans, where other linguists picked the Proto-IE language there. Then it was the Danube area. Then it were the South Russian steppes, and so on.

My detailed (as much as I could, having available data on hand) analysis showed that it was the migration of R1a bearers. Hence, the point earlier than Anatolia for Proto-IE language would have been Iran, before it Hindustan, before it Tibet, before it Altay, but linguists did not pick it there - yet.

I would love to see some other explanations, however, I have not seen it.

It seems that R1b was not part of the IE language creation and shaping, at least before 4000 years before present, and probably before 3000 ybp. The earliest signs of IE language related to R1b were found in the Celts, but it was already the 1st millennium BC, some 2700 ybp. It seems that before that R1b spoke non-IE language(s), and there were many non-IE languages in Europe before (and

during) the 1st millennium BC. Again, I would love to see some evidences which would modify my concept, but I have not seen them - yet. And I cannot accept some statements which do not carry substance, such as "everybody knows that R1b spoke IE language from the very beginning", or something like that.

It is a missing area for linguistics, that is a connection between R1b and languages they spoke before, say, 3000 ybp. We know names of at least a dozen non-IE languages in Europe, but which of them was (were) spoken by R1b we do not know.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

LETTERS FROM THE READERS: PERSONAL CASES

Part 37

Anatole A. Klyosov

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

LETTER 124

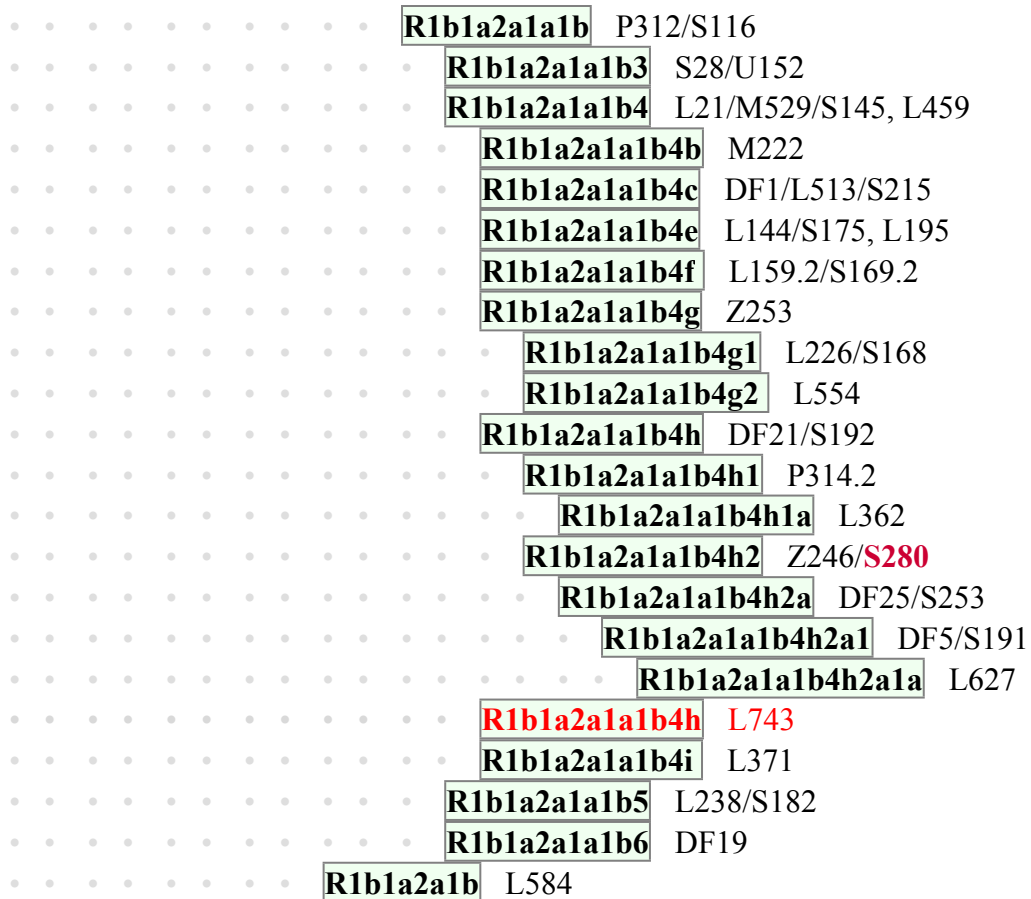
I have twelve 67 marker tested L743 haplotypes (not shown here – AK). Is this enough markers to determine when their common ancestor lived? I was tempted to use your 67 marker mutation rate constant of 0.12 mutations/haplotype from your excellent paper for a rough guesstimate. However when I noticed there were 5 back mutations in the 8 mutations between the R-L21 and R-L743 modes, I figured it was time to call for help. All these 12 haplotypes are in 1030A-Sc-24 (Scots) cluster and we're currently working with some Scots Templetons trying to find our Scots roots. Any help appreciated.

MY RESPONSE:

For the subclade L743, the SNP is placed – tentatively – in the draft haplotype tree under DF21, downstream of R1b1a2-R21 subclade (see the diagram on the next page). Your L743 family is very recent with respect to a common ancestor, and the only complication is to determine as much as accurate when he lived. The problem with recent common ancestors as in your case is that the dataset contains series of identical haplotypes, which skew the pattern to the most populous sub-lineage. It “pulls the blanket” on itself and skews the data.

Therefore, I have considered two variants of the calculations – (a) ignoring the skewing, and (b) removing the duplicates (“parallel mutations”), leaving only the separate lineages.

The haplotype tree of all the 146 haplotypes preliminary assigned to the L743 subclade (however, as you have noticed, only 12 of them were positively tested, and several were tested negative) is shown below.

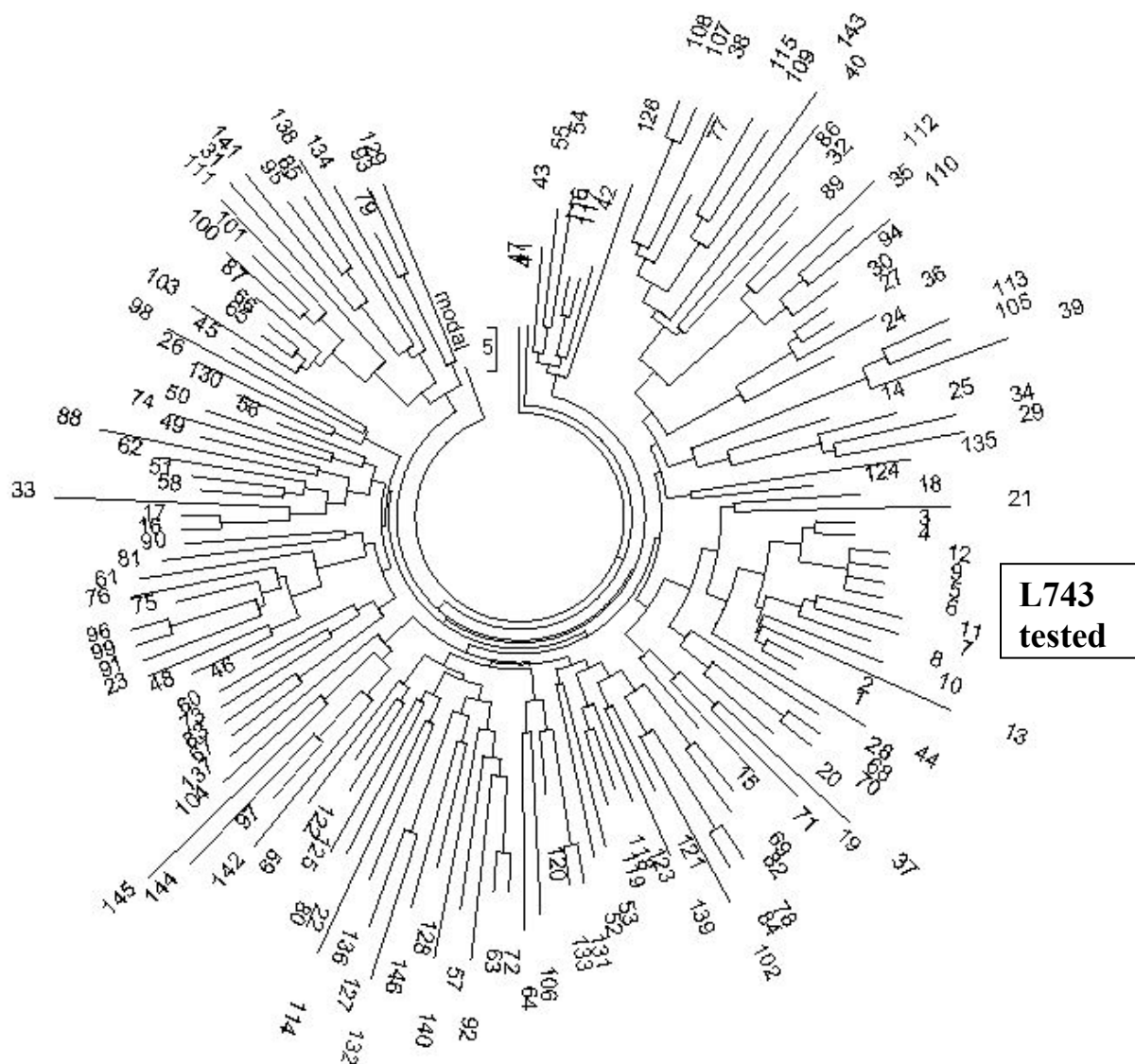


The first 12 haplotypes, numbered 1 to 12, which are tested L743+, occupy one tight branch on the right-hand side. There might be haplotype #13 among them as well, however, it is older and might have accidentally (statistically) had a similar haplotype.

The base haplotype of the twelve L743+ haplotypes is as follows:

13 24 14 10 11 14 12 12 12 13 13 30 - 16 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 17 17 -
 11 11 19 24 15 15 19 17 36 38 12 12 - 12 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
 15 8 11 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12 **(L743, 425±130 ybp)**

All 12 haplotypes have 22 mutations from their base haplotype, which gives $22/12/0.12 = 15$ conditional generations, or 375 ± 90 years from the common ancestor.



A 67 marker haplotype tree of 146 haplotypes. A branch of tested L743 haplotypes is on the right-hand side

If to remove all duplicates, the residual six haplotypes have 12 mutations, that is $12/6/0.12 = 17$ generations, or 425 ± 130 years from the common ancestor. The obtained figures are the same within the margin of error, however, it is more reliable. In other words, the duplicates were not a problem there.

The whole tree of 146 haplotypes has 947 mutations from its common ancestor, which gives $947/146/0.12 = 54 \rightarrow 57$ generations, or 1425 ± 150 years to the common ancestor. If to make some corrections for possible skewing, we obtain

1375±160 years, which again is within the margin of error.

13 24 14 10 11 14 12 12 12 13 13 30 - **18** 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 17 17 -
11 **12** 19 24 15 15 **18** 17 **37** 38 12 12 - 12 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
15 8 11 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (the whole tree, **1425±150 ybp**)

Five mutations between L143 base haplotype vs. for the whole tree set apart the common ancestors by 1100 years, and place THEIR common ancestor at $(1100+1425+425)/2 = 1475$ years, which is indeed the common ancestor of the whole tree.

The base haplotype of the whole tree and that of the L21 subclade (3750±380 years to the common ancestor) differ by 10 mutations, which separates their common ancestor by $10/0.12 = 83 \rightarrow 91$ generations, or 2275 years. This places the common ancestor of the whole tree and L21 at $(2275+1425+3750)/2 = 3725$ years, which is the same as the above 3750±380 within the margin of error. It means that the whole tree indeed descended from L21, and L743 descended from the common ancestor of the whole tree. This is your place in chronology and heritage of R1b1a2 haplotypes.

LETTER 125

I have attempted to use your counting method formula for 67 or 111 non-combined markers and integrated it into a Haplotype data base allowing for using the built in subclade, cluster filtering of haplotypes.

In the spread sheet which I have considered (R1b-L21) the Administrator summarized the allele values off the designated modal. So I have added these mutation difference for 2,395 L21's positive tested which totals 32,903 using your 0.12 mutation rate. The 'AK' generation calculates L21 at 114.49 adjusted to 129 (after the correction for back mutations using your Table published in J. Gen. Geneal. 2009). Age with these numbers are 3,225 years. This is an interesting result. At 111 markers with 605 haplotypes, your rate of 0.179, 13,291 mutations, calculates to AKGen 110.95 adjusted of 1240, and 3,100 ypb. Both reasonable to your existing 3,750 ybp age.

I then also attempting to compute a new mutation rate based on the selected data simply individual STR off-modal percentages. My 67 and 111 marker calculated average mutation rate seem to correlate to the 0.2% germ rate and plugged into your counting system seems to be extremely lower. The mutation rates I calculated are faster and thus creating smaller number of generations: $67=0.205047829744804\%$ and $111=0.197915270642543\%$

Could you please point me to which paper where you discuss mutation rate calculations using mutation counting as I am missing something here? Or please advise if I am not on the correct path.

MY RESPONSE:

I am always suspicious regarding automated calculations. I always do it manually, since there are tricks with multi-copy mutations, null mutations, and other irregularities. Besides, it generally incorrect to make calculations with "overall" datasets without separation them into branches. For example, a huge M222 branch will always skew mutations to its side, by "pulling the blanket" to itself. As a result, you will get a younger TMRCA. This what probably happened with your automatic calculations.

Imagine that you have half of the dataset as an 'old" branch, and half as a "young" branch. You will get a phantom "common ancestor" with the TMRCA between the two. You cannot do it.

Here is a link to the latest paper which you can use, however, the overall principle is that you should calculate the branches separately.

<http://www.scirp.org/journal/aa/>

CONTINUATION:

Thank you! With such a large dataset I can now see what you are explaining which previously, I planned to discern larger differences with summed Co-Variance and Pearsons ρ (rho) Marker values which I will now will evaluate and search for phantom "common ancestor's". It should show small values when I can split the subclade/clusters into multiple common ancestor groups. Just my layman view of possible tools.

Thank you for the paper which I will study, it is exactly what I was looking for!

LETTER 126

Would you do me a favor and quote to me again your position on clade modals?

MY RESPONSE:

Every subclade consists of branches (main lineages) of haplotypes. Those branches are of different sizes. "Modal" typically is a mixed (phantom) base

haplotype of the largest branches. It does not make sense in most situations. "Modal" is the most frequent haplotype in a mixed population.

There are some (rarely) situations that by chance a subclade is "pure" (or almost pure), that is contains only one branch, then the modal can accidentally be that base haplotype. However, it is unpredictable, and typically not so.

Examples - "Atlantic modal haplotype". What is it? It is a mix of P312, L21, M222, etc. It gives a general orientation, but it is not science. "Cohen modal haplotype" - is a mix of two main branches (one is 4,000 ybp, another 1,000 ybp), if to take the Jews only. If to take others, it would contain a lots of the Arabs and Beduins. They are not the Cohens.

There are tons of examples that "modal" is a totally misleading and a rough approximation. Though, for many it is O.K. It is like to measure an average temperature in a hospital. It does not say much, but in the morgue it is certainly lower. So, it can be used as a criterion. :-))

The root of using that poorly defined term, the "modal", is much deeper. The main reason that it is a "population genetics" term, and population geneticists just DESCRIBE what they see. If they see that the Germans have such "modal", and the Dutch has another one, it is all they need. The same thing is with "genetic genealogy", because it is the population genetics thing, mentally and methodologically. That is why I do not want to use those terms. DNA genealogy goes deeper, it separates those branches, and the basic principle that each one of them has its own common ancestor with his base haplotypes. "Modal" is a generally descriptive term, base haplotype is the scientific term.

An extreme methodology of "population genetics" is the so-called "population mutation rate". It is not only generally descriptive, it is an intention mix of everything in a blender, and dividing by a highly artificial "population rate". What is more, they use the SAME mutation rate regardless how long are haplotypes. It is "one size fits all". Imagine - for them the 6 marker haplotypes, or 10-, or 17-, or whatever, are the same thing in terms of the mutation rate. As a result, academic journals are full of this junk, and all those names as Hammer, Behar, Karafet, Cruciani, Zhivotovskii, etc., and, unfortunately, many young scientists use that junk approach. This is tragedy of "population genetics". And those people have a nerve to argue and criticize! They call themselves a "mainstream"! Ridiculous.

LETTER 127

I have a question about DYS385b forward and back mutations: Which direction is it likely to mutate? Here is the situation. I a lineage which I study the three haplotypes otherwise except for that one mutation 12>13 or 13>12 match identically. Which is more likely? Forward mutation to 13 or a back mutation to 12?

MY RESPONSE:

Mutations are generally random, hence, each one of those, 12->13 or 13->12, are equally likely.

If someone refers to some allele statistical tables which show that actually a number of "up" mutations is higher (or lower) than a number of "down" mutations, it is not what HAPPENS with mutations, it shows a SURVIVAL of ancstors of those bearers.

Here is a examples with two brother haplotypes, R1a and R1b, with 2172 and 4380 haplotypes, respectively. In both of them DYS385b=14 is the most frequent, 1720 and 2663 repeats (79% and 61%), respectively.

Some DYS385b are skewed by multi-copy mutations, in which DYS385a rules. In other words, it forces its low-number alleles onto DYS385b. Here is the picture.

In R1a - alleles in DYS385b vary from 10 to 18 (14 - in the middle, which reflects the fact that mutations are equally likely up or down, however, their absolute numbers, which are related to a fraction of survived descendants, are different):

10 - 5 cases (all of the are multi-copy, 10-10)
11 - 22 cases (17 of them are multi-copy, 11-11)
12 - 13 cases (5 of them are multi-copy). [as you see, DYS385b=13 survived non-proportionally less]
13 - 78 cases (only one is multi-copy 13-13)
14 - 1720 cases (only three are multi-copy 14-14)
15 - 303 cases (no 15-15)
16 - 29 cases (no 16-16)
17 - 1 case (no 17-17)
18 - 1 case (no 18-18)

In R1b - alleles in DYS385b vary from 10 to 19 (14 - again in the middle,

that is mutations are equally likely up or down; however, their absolute numbers, which are related to a fraction of survived descendants, are again different):

- 10 - 7 cases (all of the are multi-copy, 10-10)
- 11 - 96 cases (80 of them are multi-copy, 11-11)
- 12 - 125 cases (9 of them are multi-copy, 12-12)
- 13 - 735 cases (only four are multi-copy 13-13)
- 14 - 2663 cases (31 of them are multi-copy 14-14)
- 15 - 650 cases (9 of them are 15-15)
- 16 - 82 cases (no 16-16)
- 17 - 18 cases (no 17-17)
- 18 - 3 cases (no 18-18)
- 19 - 1 case (no 19-19)

One can play around with statistics of those numbers, however, they show - overall - that mutations are up and down in a bell-shape manner. Deviations show history of the populations, not inherent statistical "non-randomness" of mutations.