

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

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

**Volume 5, No. 6
June 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	631
Re-Examining the “Out of Africa” Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids) in Light of DNA Genealogy. <i>A.A. Klyosov and I.L. Rozhanskii</i>	632
Ancient History of the Arbins, Bearers of Haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 Years Before Present. <i>A.A. Klyosov</i>	649
Предисловие редактора к статье А.А. Тюняева	696
Стадии русского языка и их соответствие данным археологии, антропологии и ДНК-генеалогии. <i>А.А. Тюняев</i>	705
Некоторые пояснения автора на предисловие редактора	711
Лингвистика и ДНК-генеалогия: очередная попытка найти взаимопонимание на общем поле. Переписка с С.В. Кончей. Короткое продолжение	718
Ископаемые гаплотипы гаплогрупп G2a, E1b-V13 и I2a1 в Испании и Франции. <i>Анатолий А. Клёсов</i>	729
Размышления над книгой лингвиста Ю.К. Кузьменко «Ранние германцы и их соседи. Лингвистика, археология, генетика» (2011). <i>Анатолий А. Клёсов</i>	732
Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК- генеалогии. Веда 18. О Карани и Руге. <i>Георгий З. Максименко</i>	746
ДИСКУССИИ	780
О сопоставлении и калибровке линейного и квадратичного метода. <i>И.Р. Рожанский</i>	780
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 40, письма 136-139.	784

Re-Examining the “Out of Africa” Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids) in Light of DNA Genealogy

Anatole A. Klyosov and Igor L. Rozhanskii

Published in *Advances in Anthropology*, Vol. 2, No. 2,
pp. 80-86 (2012)

Abstract

Seven thousand five hundred fifty-six (7,556) haplotypes of 46 subclades in 17 major haplogroups were considered in terms of their base (ancestral) haplotypes and timespans to their common ancestors, for the purposes of designing of time-balanced haplogroup tree. It was found that African haplogroup A (originated $132,000 \pm 12,000$ years before present) is very remote time-wise from all other haplogroups, which have a separate common ancestor, named β -haplogroup, and originated $64,000 \pm 6,000$ ybp. It includes a family of Europeoid (Caucasoid) haplogroups from F through T that originated $58,000 \pm 5,000$ ybp. A downstream common ancestor for haplogroup A and β -haplogroup, coined the α -haplogroup emerged $160,000 \pm 12,000$ ybp. A territorial origin of haplogroups α - and β - remains unknown; however, the most likely origin for each of them is a vast triangle stretched from Central Europe in the west through the Russian Plain to the east and to Levant to the south. Haplogroup B is descended from β -haplogroup (and not from haplogroup A, from which it is very distant, and separated by as much as 123,000 years of “lateral” mutational evolution) likely migrated to Africa after 46,000 ybp. The finding that the Europeoid haplogroups did not descend from “African” haplogroups A or B is supported by the fact that bearers of the Europeoid haplogroups, as well as all non-African haplogroups do not carry either SNPs M91, P97, M31, P82, M23, M114, P262, M32, M59, P289, P291, P102, M13, M171, M118 (haplogroup A and its subclades SNPs) or M60, M181, P90 (haplogroup B), as it was shown recently in “Walk through Y” FTDNA Project (the reference is incorporated therein) on several hundred people from various haplogroups.

Introduction

This study concerns the origin of anatomically modern humans, which presumably belong to Y chromosomal haplogroups A through T according to the classification developed in human genetics and DNA phylogeny of man. This paper (1) sets forth a timeframe for the origin of Europeoids (Caucasoids); (2) identifies their position among all haplogroups (tribes) known today on the haplogroup tree; and (3) offers evidence to re-examine the validity of the “Out of Africa” concept.

The principal difference of our approach from those known in human genetics is that our methodology is based on the identification of branches of haplotypes in each haplogroup and its subclade (each branch is descended from its only common ancestor), and, in each case, is calculated a timespan from a common ancestor of the branch by verifying that the branch is indeed derived from one common ancestor and by using the criteria described in (Klyosov, 2009a; Rozhanskii and Klyosov, 2011; Rozhanskii, 2011). As a result, we obtained a chronology of all available branches in each haplogroup and in their total entirety—from A to T (in the current classification). In other words, for each haplotype we successfully identified its place in the whole multi-haplogroup system of mankind. It is reasonable to assume that haplotypes of the whole of mankind form a continuous system, albeit locally interrupted by “population bottlenecks” which essentially disrupt the initially continuous fabric of haplotypes. This fabric can be re-constructed based on its fragments and in the same manner as the kinetics of chemical reactions can be reconstructed based on relatively few experimental points. This analogy is rather close since mutations in haplotypes obey the same laws of chemical kinetics, this was discussed in the first paper of this series (Rozhanskii and Klyosov, 2011).

Thanks largely in part to geneticists, the “Out of Africa” concept was popularized during the last two decades, yet it was never directly proven; however, for many specialists its appeal was undeniably convincing. The concept was based primarily on the premise that Africa possesses the highest variability, or variance, of the human DNA and its segments. Set apart, it is not a strong argument because a mix of different DNA lineages also results in a high variability and, as we show below, it is largely what occurs in Africa. Moreover, a genomic gap exists between some Africans and non-Africans, which has also been interpreted as an argument that the latter descended from Africans. A more plausible interpretation might have been that both current Africans and non-Africans descended separately from a more ancient common ancestor, thus forming a proverbial fork. A region where this downstream common ancestor arose would not necessarily be in Africa. In fact, it was never proven that he lived in Africa.

Research into this question has served as the basis for and the subject of our work. We have found that a great diversity of Y chromosomal haplotypes in Africa is a result of the mixing of several very distant lineages, some of them not necessarily African, and that Europeoids (at least) do not contain “African” SNPs (those of haplogroups A or B). These important findings put a proverbial dent in the “Out of Africa” theory.

RESULTS AND DISCUSSION

The 22 marker haplotypes, which are the “slowest” in terms of their mutation rate constant, described in (Klyosov, 2011a, b; Rozhanskii and Klyosov, 2011) were mainly used in this study. They are best suited for chronological calculations down to 100,000 years and deeper in time. This is because one mutation in these haplotypes occurs on average once in 4,250 years, while in 67 marker haplotypes, for example, one mutation occurs – on average – once in 208 years (ibid). However, the 22 marker haplotypes include a part of the last panel of the 67 marker haplotypes and hence, 67 marker haplotypes were needed for the study.

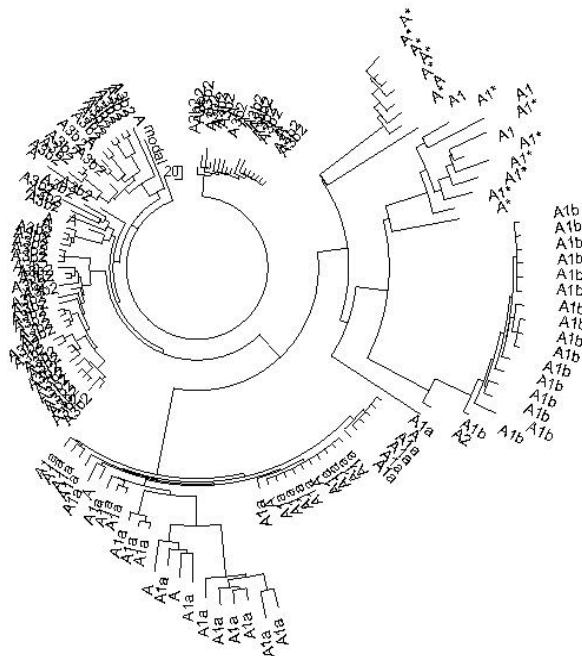


Figure 1. A tree of 141 of 32 marker haplotypes of haplogroup A. Haplotypes were taken from SMGF and FTDNA’s «Y-Haplogroup A Project» (http://www.familytreedna.com/public/Haplogroup_A/default.aspx?section=yrresults). A series of previously unreported haplotypes from Cameroon was assigned to A1b subclade according to STR values, being nearly identical to those found in Bahamas (Simms et al., 2011).

Haplogroup A

Extended haplotypes of haplogroup A collected in various databases (YSearch, FTDNA Projects), split into at least four different and distinctive DNA lineages, each with its base haplotype. This is essentially represented with a series of 32 marker haplotypes (Fig. 1) and 37 marker haplotypes (Fig. 2).

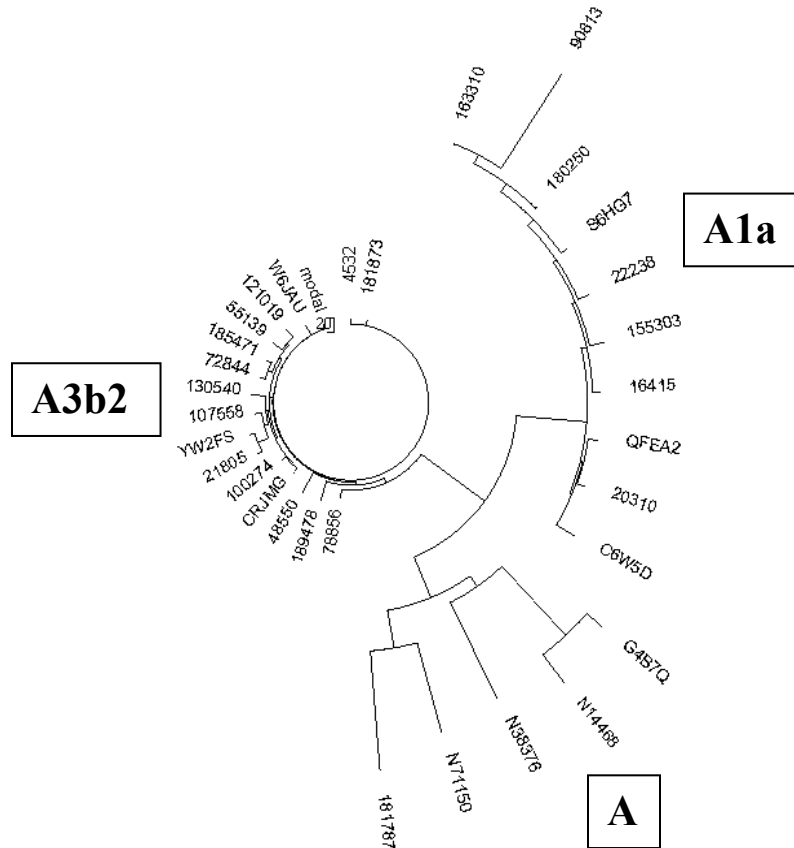


Figure 2. A tree of 31 of 37 marker haplotypes of haplogroup A with some subclades. Haplotypes were taken from YSearch и FTDNA’s «African Project» (<http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject§ion=yresults>).

In a simple, uncomplicated case, the base haplotype is equivalent to the ancestral haplotype in the lineage. This is obvious in recent lineages, in which most haplotypes still represent the non-mutated ancestral haplotype. For more ancient lineages the base haplotype is obtained by the minimization of mutations in the haplotype dataset; therefore, the base haplotype represents the deduced ancestral haplotype. The four base haplotypes of haplogroup A in the 22 marker format are as follows:

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 9 12 12 7 10 8 null 13 11 16 10 14 9 11 11
 12 10 11 - 7 13 - 8 - 10 8 15 17 6 10 9 12 13 11 16 8 13 11 11 12
 13 11 12 - 10 11 - 16 - 10 9 14 14 8 8 8 9 12 11 12 8 12 12 11 11
 12 13 10 - 10 11 - 10 - 11 8 15 15 8 9 8 null 10 9 14 8 12 8 11 12

These base haplotypes have been assigned to subclades A3b2, A1a, A* (P97+, SRY10831.1-), and A* (M23-, M32-, P108-, SRY10831.1-), respectively. It was calculated that the common ancestors of the branches lived 5,500, 5,000, 600 years before present (ybp), and the last one is an individual haplotype. It is clear that these four haplotypes are tremendously distant from each other, and this is taking into account the extremely low mutation rates of the markers. The deduced base haplotype for haplogroup A from the available data is as follows:

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12

Since alleles in the four haplotypes above vary significantly, the permutation method was applied (Klyosov, 2009a) for calculation of a timespan to their common ancestor. The average squared sum of all mutations in the four haplotypes above equals to 984, and the number of conditional generations to a common ancestor is $984/22/2/16/.00027 = 5,177$. That is, 132,000 years to a common ancestor of all the available haplotypes of haplogroup A. In the formula above, 22 is the number of markers in each haplotype; sixteen (16) is the square of the number of haplotypes in the dataset, 2 is introduced because the number of mutations was counted twice (all permutations), and .00027 is the mutation rate constant per marker in the 22 marker haplotypes (Klyosov, 2011a,b). A correction for back mutations is not required in the permutation method (Klyosov, 2009a).

Pairwise calculations of the dataset above give, as it should be, slightly lower values of timespans to a common ancestor. For example, base haplotypes of the A1a and A3b2 subclades (see Fig. 2) differ by 25 mutations in all 22 markers, which places their common ancestor at $4,167 \rightarrow 8,576$ conditional generations, that is 112,000 ybp. Two haplotypes with null-mutation differ by 27 mutations, which places their common ancestor at $4,500 \rightarrow 9,922$ conditional generations, that is 127,000 years to a common ancestor (see Materials and Methods for the principles of calculations). This gives an additional support of the obtained “age” of haplogroup A as $132,000 \pm 20,000$ years.

Haplogroup B

A similar approach was applied to haplogroup B, and the following 22 marker base haplotype was obtained for a common ancestor who lived 46,000 ybp (Klyosov, 2011b):

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11

It differs from the base 22 marker haplotype of haplogroup A by 18 mutations, which gives $18/.006 = 3,000$ generations. With a correction factor (for back mutations) of 1.633, the result constitutes 123,000 years between common ancestors of haplogroup A and B. Because they lived 132 and 46 thousand years before present, respectively, their common ancestor lived approximately 150,000 years before present (see Materials and Methods).

The ISOGG (International Society of Genetic Genealogy) annual review in 2010 and earlier stated «*The BR haplogroup split off from haplogroup A 55,000 years before present (bp). It probably appeared in North East Africa*». Since the ISOGG-2012 stated, «*The A haplogroup is thought to have been defined about 60,000 years bp*»

http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html

then haplogroups A and B should be separated by only several thousand years, or by 2-3 mutations in their slow 22 marker base haplotypes. It is not so, and between their base haplotypes there are as many as 18 mutations in the 22 markers, which translates to 123 thousand years (see above).

This finding indicates that haplogroup B did not descend from haplogroup A. Rather, they both descended from a common ancestor who lived ~150,000 ybp, and he was not necessarily living in Africa. Since he belonged to a haplogroup upstream from haplogroups A and B, his haplogroup can be named “alpha-haplogroup”. It is a matter of taste and belief to call it “Adam” or not.

Haplogroups C through T

The same methodology was applied to 7,415 of 67 marker haplotypes of all known haplogroups and their subclades, reduced to the slow 22 marker haplotypes, taken from databases YSearch and SMGF and a multitude of FTDNA Projects (see Appendix). The base haplotypes of principal haplogroups and some of their subclades, including those of haplogroups A and B, are listed below, and chronology of their appearance is shown in Fig. 2.

- 12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)
- 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)
- 11 10 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B2a1)
- 11 13 11 - 11 11 - 11 - 10 8 16 16 8 10 8 12 12 11 13 8 12 10 11 11 (C*)
- 11 13 11 - 11 11 - 10 - 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11 (C)
- 11 13 11 - 11 12 - 10 - 10 9 16 16 8 10 8 12 11 12 13 8 12 12 11 10 (C3)
- 11 12 11 - 11 11 - 9 - 10 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 7 12 12 11 11 (DE)
- 11 12 11 - 10 11 - 10 - 10 8 16 18 8 10 8 12 11 12 15 7 12 10 11 11 (D2a)
- 11 12 7 - 11 11 - 10 - 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 12 7 13 12 11 11 (D3a)
- 11 12 11 - 11 11 - 10 - 10 8 15 15 8 10 8 12 12 12 12 8 12 11 12 11 (E)
- 11 12 11 - 11 11 - 9 - 10 8 15 15 8 10 8 12 11 12 12 8 12 12 12 11 (E1a)
- 11 12 11 - 11 11 - 10 - 10 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 7 13 12 11 11 (E1b1)
- 11 12 11 - 10 11 - 10 - 11 10 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 14 11 11 12 (F)
- 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 9 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 11 11 12 (F3)
- 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 11 11 (G)
- 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a)
- 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 11 10 11 12 8 13 11 11 11 (G2c)
- 11 12 11 - 9 12 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 13 10 12 12 8 12 11 12 14 (H)
- 11 12 11 - 10 12 - 9 - 11 8 16 16 8 10 8 13 10 12 12 8 12 11 12 14 (H1)
- 11 14 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 13 12 11 12 (I)
- 11 14 11 - 8 11 - 10 - 11 8 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 11 12 (I1)
- 11 13 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 10 12 12 (I2)

11 13 11 - 11 11 - 10 - 12 8 16 16 8 10 8 12 11 12 13 8 13 12 12 12	(I2*)
11 13 11 - 10 12 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 12 12 12	(I2b2)
11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12	(J1)
11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12	(J2)
11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 15 17 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 12 12	(L)
11 12 13 - 11 11 - 10 - 11 8 15 17 8 7 8 12 11 12 12 7 12 11 11 12	(NO)
11 12 12 - 11 12 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12	(N1b)
11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12	(N1c1)
11 12 13 - 11 11 - 10 - 11 9 15 17 8 7 8 12 11 12 12 7 12 11 11 12	(O)
12 12 12 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(P)
12 12 14 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 11 12 12 8 12 11 11 12	(Q1)
12 12 12 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R)
12 12 13 - 11 11 - 11 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1a)
12 12 11 - 11 11 - 11 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1a1a1)
12 13 13 - 11 11 - 11 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 11 12	(R1b1)
12 12 10 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 13	(R2)
11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12	(T1a)
11 12 13 - 11 12 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12	(T1b)
11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(β -haplogroup)

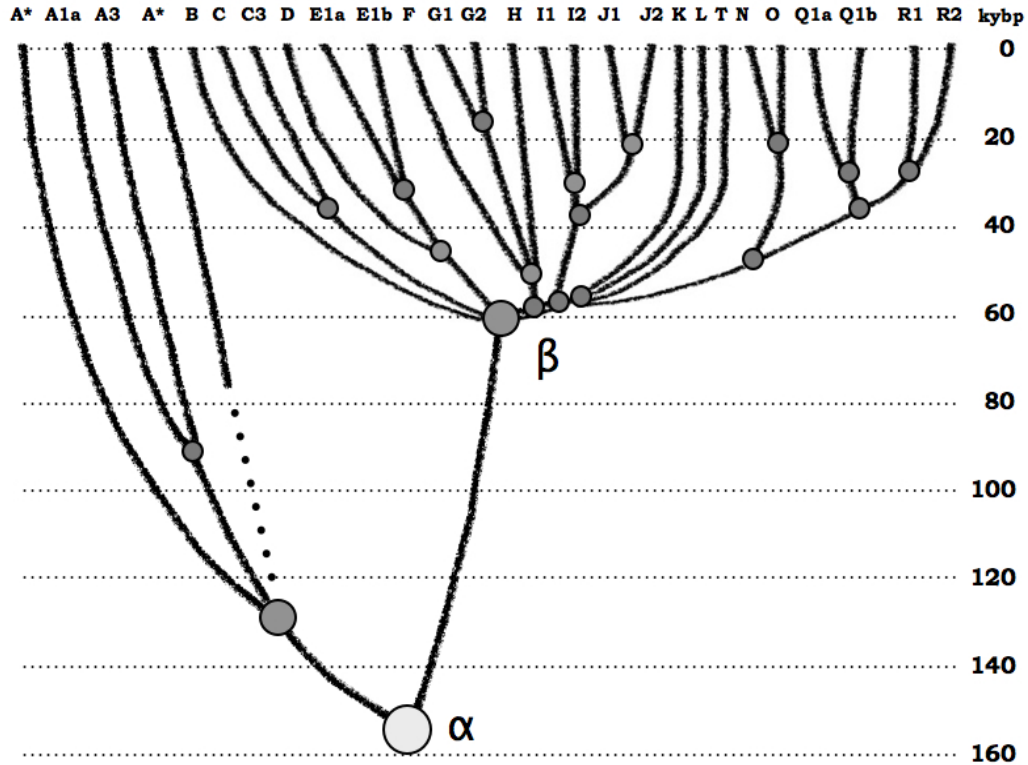


Figure 3. A haplogroup tree of Y chromosome derived from based haplotypes of haplogroups and subclades and their TMRCA, systematically calculated as described in this study. 7,415 haplotypes from 46 subclades of 17 major haplogroups have been considered for the tree design. Timescale on the vertical axis shows thousands of years from the common ancestors of the haplogroups and subclades. The tree shows the alpha-haplogroup, which is the ancestral haplogroup of the African and non-African haplogroups, and the beta-haplogroup, which is the ancestral haplogroup, close or identical with BT haplogroup in the current classification. The left branch represents haplogroup A (arose ~132,000 ybp) and its subclades. The right branch of haplogroups F through R including T) represent Europeoids (Caucasoids) arose ~ 58,000 years before present. Haplogroup B (arose ~46,000 ybp) migrated to Africa, the Mongoloid and Austronesian haplogroup C split ~ 36,000 ybp, apparently Middle Eastern haplogroups DE split ~42,000 ybp. A region of the origin of the alpha-haplogroup ~ 160,000 ybp remains unknown. The Europeoid family of haplogroups arose apparently in the triangle between Central Europe on the west, the Russian Plain (Eastern European Plain) on the east and Levant on the south.

Pairwise calculations of mutation distances between the base haplotype of haplogroup A and each of the base haplotypes of other haplogroups place a common ancestor of the α -haplogroup at $160,000 \pm 12,000$ years before present. For example, 18 mutations between A and B base haplotypes, as it was described above, result in 150,000 ybp for their common ancestor. Twenty-one (21) mutations with haplogroup DE base haplotype give 167,000 ybp for their common ancestor. Twenty-three (23) mutations with haplogroup H base haplotype result in 171,000 ybp for their common ancestor with haplogroup A. For haplogroup I (21 mutations) it is 161,000 ybp. For haplogroup Q (22 mutations) it is 166,000 ybp. For haplogroup R (21 mutations) it is 160,000 ybp. The distance in 19 mutations between the base haplotypes of haplogroup A and β -haplogroup places α -haplogroup at 165,000 ybp. Clearly, the base haplotype of haplogroup A and its subclades is very remote from all other haplogroups.

Similar pairwise calculations with the base haplotype of haplogroup B as well with all other haplogroups (besides A) place a common ancestor of beta-haplogroup to $64,000 \pm 6,000$ years before present (see Fig. 3). This haplogroup is close to or identical with the BT haplogroup according to the current classification.

Fig. 3 shows a topology of the current haplogroup tree. The α -haplogroup which is the ancestral one with respect to both African (left branch) and non-African haplogroups (right branch) arose around 160,000 ybp, and 132,000 ybp gave rise to haplogroup A. Another, quite different branch, had formed a fork, then apparently went through a population bottleneck around 70-60 thousand ybp (perhaps the Toba event), and gave rise to β -haplogroup, ancestral to non-African haplogroups, $64,000 \pm 6,000$ ybp.

Apparently, haplogroup B was initially not of an African origin. It could have migrated to Africa and mixed there with a local Negroid population. A common ancestor of the present-day bearers of haplogroup B lived 46,000 ybp. A similar story had occurred with a group of bearers of haplogroup R1b1 around 4,000 ybp, who ventured to the center of African continent during their westward migration along the African Mediterranean shore, and became a Negroid population having an unusual (for Africa) haplogroup (Cruciani et al, 2010; Klyosov, 2012).

The Mongoloid and Austronesian haplogroup C split $\sim 36,000$ ybp and gradually populated regions of Central Asia, Australia and Oceania. Haplogroup DE split to D and E around 42,000 ybp, and currently populates vast territory from North Africa to the west to Korea and Japan to the east.

The family of haplogroup from F through T is largely the Europeoid (Caucasoid) family. Most of bearers of these haplogroups remained Europeoids; however, some populations have acquired racial features of the prevailing races in a given region, recently or in the long past.

Based on the calculations given in this study, we know that the far most bearers of haplogroup A live in Africa, and they lived there probably all or most of those 132,000 years since haplogroup A arose. It cannot be excluded, of course, that haplogroup A might have been appeared elsewhere and then migrated to Africa. However, there is no reason to believe (and fewer reasons to insist) that the Europeoid family originated in Africa.

Lack of the African SNP (haplogroup A) in non-Africans

A critical datapoint has emerged that disproves the “Out of Africa” concept; specifically, recent data shows that non-African people have neither M91, P97, M31, P82, M23, M114, P262, M32, M59, P289, P291, P102, M13, M171, M118 (haplogroup A and its subclades SNPs), nor M60, M181, P90 (haplogroup B SNPs) in their Y-chromosomes.

In fact, according to the data obtained from the “Walk Through the Y” (chromosome) international project conducted by Family Tree DNA (Texas and Arizona) [see Appendix] not one non-African participant out of more than 400 individuals in the Project tested positive to any of thirteen “African” subclades of haplogroup A, SNPs for which indicated above. If to take, for example, bearers of R1a haplogroup, they each have the ladder of SNPs from M42 and M139 (haplogroup BT, but not haplogroup B, which, as it was described above, split and migrated to Africa around 46,000 ybp or earlier), through M168 and M294 (haplogroup CT), P143 (haplogroup CF), M89 and P158 (haplogroup F), L15 and L16 (haplogroup IJK), M9 (haplogroup K), M74, L138, P69, P230, P243, P244, P280, P284, P286 (haplogroup P), M207, P224, P227, P229, P232, P280, P285 (haplogroup R), P231, P241, P242, P245, P294 (haplogroup R1), L145 and L146 (haplogroup R1), L120 and L122 (haplogroup R1a1), L168 (haplogroup R1a1a). In other words, all of the SNP have been identified, which should be found according to the phylogeny of R1a, but SNPs of the all examined subclades of haplogroup A were completely absent. The same pattern was observed with all other bearers of non-African haplogroups. The bearers of haplogroup A were exclusively positive to M91 SNP, characteristic of that haplogroup.

There are, however, four distinct SNPs which present in both Africans and Europeans of haplogroup R1a1, taken the latter as an example. They seem to be

the most ancient SNPs, which are defined the alpha-haplogroup (see Fig. 3). Tables 1 and 2 illustrate this statement.

Table 1.

List of SNPs identified in haplogroup R1a1 and subclades of haplogroup A. Ancestral and derived alleles are shown. For blank spaces data are not available. Cont. in Table 2.

SNP	R1a1	A1	A1a	A1b	A2	A3b2
V168 (alpha) G→A	A	G	A			
V171 (alpha) C→G	G	C	G	G		
V221 (alpha) G→T	T	G	G	T		
P108 (alpha) C→T	T	C	C	C	T	T

The ancestral alleles of the above four SNPs should correspond to the alpha haplogroup. All four are mutated in haplogroup R1a1, and the WTY data show. All four are still ancestral in the A1 subclade. All other subclades of haplogroup A show various combinations of the SNPs which do not match those in haplogroup R1a1 (see also Table 2).

Table 2.

List of alleles of "African" SNPs identified in haplogroup R1a1 and subclades of haplogroup A. Cont. from Table 1.

SNP	R1a1	A1	A1a	A1b	A2	A3b2
M31 (A1a) G→C	G		C			G
V50 (A2) T→C	T	T			C	
M32 (A3) T→C	T	T	G		T	C
P289 (A3b) C→G	C					G
M13 (A3b2) G→C	G					C

Table 2 shows SNPs of five subclades of “African” haplogroup A. None of those SNPs have been observed in haplogroup R1a1, it maintains their ancestral state.

These data, based on the SNPs (Single Nucleotide Polymorphism), along with the data based on the STRs (Short Tandem Repeats), described in this study, are compatible with each other and undeniably indicate that non-African people, bearers of haplogroups from C to T, did not descend from the “African” haplogroups A or B. Their origin is likely not in Africa. A higher variance of the DNA in Africa, which was a cornerstone of the “Out of Africa” theory, is explained by Fig. 3, in which haplogroup A has been evolving (mutation-wise) for 132,000 years, while the non-European haplogroups are much younger. Hence, there is a lower variability in the latter. The same is related to language variability, which has also been used as an argument of the African origin of non-Africans. We believe that those arguments upon which the “Out of Africa” theory was based were, in fact, conjectural, incomplete and not actually data-driven. Therefore, we are left holding the question of the origin of *Homo sapiens*.

Based on palaeoarchaeological evidence, the region, where anatomically modern humans have likely originated, is comprised of a vast territory from Central Europe in the west to the Russian Plain in the east to Levant in the south. Each of these regions is renowned for discoveries of the oldest skeletal remains of modern humans dating back to 42,000-44,000 ybp. To date, none of these sub-regions has clear and unequivocal advances in this regard.

MATERIALS AND METHODS

7,556 haplotypes, predominantly 67 marker ones, have been collected in databases FTNDA, YSearch and SMGF (Sorenson Database), and reduced to the slow 22 marker haplotype panels:

DYS426, DYS388, DYS392, DYS455, DYS454, DYS438, DYS531, DYS578, DYS395S1a, DYS395S1b, DYS590, DYS641, DYS472, DYS425, DYS594, DYS436, DYS490, DYS450, DYS617, DYS568, DYS640, DYS492.

The methodology of haplotype datasets analysis was described in (Klyosov, 2009a,b; Rozhanskii and Klyosov, 2011). The most important research component involved dissecting the dataset to branches of haplotypes, each branch descended from one common ancestor. This was examined and verified by the logarithmic method (no mutation counting) coupled with the linear method (based on mutation counting), as described in (Klyosov, 2009a; Rozhanskii, 2011). The mutation rate constant for the 22 marker haplotypes equals to 0.0060 mutation/ haplotype/conditional generation of 25 years, or 0.00027 mutation/

marker/ generation (Klyosov, 2011a; Rozhanskii and Klyosov, 2011). 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). Permutation method of TMRCA (time to the most recent common ancestor) calculation was described in (Klyosov, 2009a).

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.

Example: Calculation of a timespan to a common ancestor for the base haplotype for haplogroup A (132,000 ybp)

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)

and that for the β -haplogroup (64,000 ybp)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (β -haplogroup)

19 mutations between the two base haplotypes results in $19/.006 = 3,167$ conditional generations (25 years each) without a correction for back mutations. The number of mutations per marker is $19/22 = 0.8636$. By employing formula for back mutations (Klyosov, 2009a), we find that a correction for back mutation is

$$\frac{1}{2}(1 + \exp(0.8636)) = 1.686$$

Therefore, the “lateral” time difference between two base haplotypes is $3,167 \times 1.686 = 5,340$ conditional generations of 25 year, that is 133,500 years. A common ancestor of the both base haplotypes, A and β -haplotype, lived $(133,500 + 64,000 + 132,000) / 2 = 164,750$ 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 by calculating their position of the phylogenetic trees from their respective STR data.

Acknowledgments

The authors are indebted to Dr. Alexander Zolotarev, a participant of the WTY project, for providing data of the Project, and to Ms. Laurie Sutherland for valuable help with the preparation of the manuscript.

References

- Cruciani, F., Trombetta, B., Sellitto, D., Massaia, A., Destro-Bisol, G., Watson, E., et al. (2010) Human Y chromosome haplogroup R-V88: a paternal genetic record of early mid Holocene trans-Saharan connections and the spread of Chadic languages. *Eur. J. Human Genet.* doi:10.1038/eihg.2009.231, 6 January 2010, 1-8.
- Cruciani, F., Trombetta, B., Massaia, A., Destro-Bisol, G., Sellitto, D., Scozzari, R. (2011) A Revised Root for the Human Y Chromosomal Phylogenetic Tree: The Origin of Patrilineal Diversity in Africa. *Am. J. Human Genet.*, 88, 1-5.
- 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. (2011a) The slowest 22 marker haplotype panel (out of the 67 marker panel) and their mutation rate constants employed for calculations timespans to the most ancient common ancestors. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 4, 1240 - 1257.
- Klyosov, A.A. (2011b) DNA genealogy of major haplogroups of Y chromosome (Part 1). *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 4, 1258- 1283.
- Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1,500 years before present. *Adv. Anthropol.*, in the press.
- Rozhanskii, I. (2010) Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a1 tree. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, 1316-1324.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). *Adv. Anthropol.* 1, 26-34.

Simms, T.M., Martinez, E., Herrera, K.J., Wright, M.R., Perez, O.A., Hernandez, M. et al. (2011) Paternal lineages signal distinct genetic contributions from British Loyalists and continental Africans among different Bahamian islands. *Amer. J. Phys. Anthropol.* 146, 594-608.

APPENDIX

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

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

and public projects of FTDNA

http://www.familytreedna.com/public/Haplogroup_A/default.aspx?section=yresults

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

<http://www.familytreedna.com/public/HaplogroupE1andE/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/E1b1a/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/E3b/default.aspx?section=yresults>

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

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

http://www.familytreedna.com/public/yDNA_I1/default.aspx?section=yresults

<http://www.familytreedna.com/public/I2nosubcladeM170P215/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/I2aHapGroup/default.aspx?section=yresults>

http://www.familytreedna.com/public/Y-DNA_J/default.aspx?section=yresults

<http://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-L/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/o3/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/R1Asterisk/default.aspx?section=yresults>

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

<http://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-K2/default.aspx?section=yresults>
Walk through the Y (International Project)

<http://www.familytreedna.com/faq/answers/default.aspx?faqid=27#1324>

<https://gap.familytreedna.com/media/docs/2010-FTDNA-TK.pdf>

Ancient History of the Arbins, Bearers of Haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 Years Before Present

Anatole A. Klyosov

Published in *Advances in Anthropology*,
Vol. 2, No. 2, pp. 87-105 (2012)

This article aims at reconstructing the history of R1b ancient migrations between 16,000 and 1500 years before present (ybp). Four thousand four hundred eight (4408) haplotypes of haplogroup R1b (with subclades) were considered in terms of base (ancestral) haplotypes of R1b populations and the calculated time to their common ancestors. The regions considered are from South Siberia/Central Asia in the east (where R1b haplogroup arose ~ 16,000 ybp) via the North Kazakhstan, South Ural to the Russian Plain and further west to Europe (the northern route entering Europe around 4500 ybp); from the Russian Plain south to the Caucasus (6000 ybp), Asia Minor (6000 ybp) and the Middle East (6000-5500 ybp) to the Balkans in Europe (the southern route, entering Europe around 4500 ybp); along North Africa and the Mediterranean Sea (5500-5000 ybp) via Egypt to the Atlantic, north to Iberia (the North African route with arrival to the Pyrenees 4800 ybp). The Arbins (bearers of R1b haplogroup) along their migration route to the Middle East and South Mesopotamia apparently have established the Sumer culture (and the state), moving westward to Europe (5000-4500 ybp) carrying mainly the R-M269 subclade and its downstream L23 subclade. This last subclade was nearly absent along the North African route, and/or did not survive the migration to Iberia or evidenced later. At the arrival to Iberia (4800 ybp) the M269 subclade split off M51 and soon thereafter the L11 downstream subclades. These populations became known as the Bell Beakers and moved north, along with the newly arisen subclades of P312 and L21 (which split off within a few centuries after P312). Those subclades and their downstream clades have effectively, without major interruptions, populated Europe (the smooth haplotype trees demonstrate the near non-stop proliferation of R1b haplotypes in Europe). They are evidenced from the Atlantic eastward to the Balkans, Carpathian Mountains, present day Poland to the western border of the Russian Plain and up to the Baltic Sea. The Isles had a different history of R1b migrations. The bearers of L11, P312 and L21 moved to the Isles by land and sea concurrently with those Arbins who were populating Europe between 4000 and 2500 ybp and formed the respective "local" subclades of P314, M222, L226, which largely populated the Isles. As a result, a significant part of the Isles is populated almost exclusively by the Arbins, whose frequency reaches 85-95% among the current population. In general, the frequency of Arbins in Western and Central Europe, reaches – albeit not uniformly – some 60% of the population. This study essentially presents an example of application of DNA genealogy in studying the history of mankind.

Introduction

The origin and history of haplogroup R1b, bearers I refer to as the Arbins (see explanation below), currently populate nearly 60% of Western and Central Europe. Additionally Arbins populate significant parts of the Caucasus, Anatolia and Asia Minor, Middle East, and many locations in Central Asia, including South Siberia, Altay, Tuva, North-Western China, Middle Asia, some Ural and Middle Volga regions with ethnic groups and populations such as the Bashkirs, Tatars, Chuvash, and other.

History of R1b was significantly distorted from the beginning of “genetic genealogy” at the end of 1990-s, when it was claimed, quite groundlessly, that R1b arose in Europe some 30,000 years before present (ybp). Groundlessly because, indeed, the claims were based on no data. Such data never existed. Nevertheless, statements and claims such as *“Around 30,000 years ago, a descendant of the clan making its way into Europe gave rise to marker M343, the defining marker of haplogroup R1b. These travelers are direct descendants of the people who dominated the human expansion into Europe, the Cro-Magnon”* (Spencer Wells, “Deep Ancestry”, 2006). This and similar claims, such as R1b (and its M269 subclades) were “well established throughout Paleolithic Europe”, “contemporaneous with Aurignacian culture”, “the earliest expansion into Europe, during the Upper Paleolithic ~ 30,000 years ago” by Wells, Semino, Underhill, Cavalli-Sforza, Cinnioglu, Kivisild, Wiik and many others (e.g., Semino et al, 2000; Wells et al, 2001; Cinnioglu et al, 2004; Wiik, 2008) were essentially based on “thoughts” that if people lived in Europe some 30,000 years ago, they necessarily were of the R1b haplogroup, and not of I, G, J, E, F or any other haplogroups. Were any haplotypes analyzed? Their mutations counted? Any chronological evaluations? There was nothing of the above.

“Paleolithic origin” of R1b in Europe, or their “Paleolithic migrations” to Europe around 10,000-8,000 ybp are still claimed in recent academic papers, such as (Myres et al, 2010; Balaesque et al, 2010; Morelli et al, 2010). These assumptions and resulting calculations are based, typically, on “population mutation rates” (Zhivotovsky et al, 2004; Hammer et al, 2009; Underhill et al, 2009), which commonly exaggerate the chronological estimates of migrations and events by 200-400% since they are based on crude, artificial and unrealistically naïve and generalized reasoning (for critique, see Klyosov, 2009a,b,c; Rozhanskii and Klyosov, 2011). The “academic papers”, placing origin of R1b in Asia Minor or nearby, have not considered regions east of Asia Minor as well as R1b haplotypes of those eastern regions. In short, the whole story of R1b migrations and their history is in disarray, and the “population geneticists” continue to

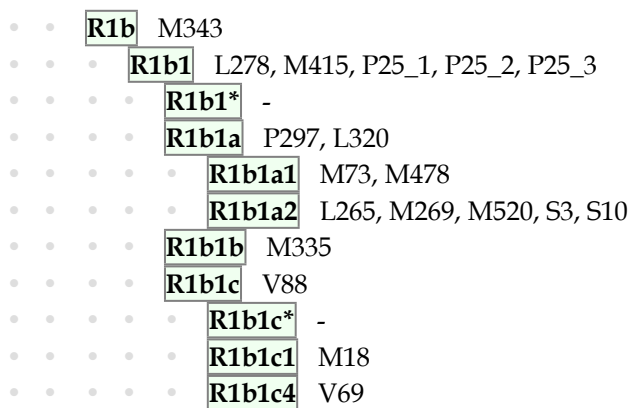
advance misleading conclusions due to their methodology.

This study's methodology/analysis includes considerations of Y chromosome extended 67 and 111 marker haplotypes, when available. The methodology was described in detail in the preceding papers in this journal (Rozhanskii and Klyosov, 2011; Klyosov and Rozhanskii, 2012a) and elsewhere (e.g., Klyosov, 2009a,c,d), and in Materials and Methods section of this article.

As described (Klyosov & Rozhanskii, 2012b), Europeoids (Caucasoids) appeared ~ 58,000 ybp. They gradually branched to downstream haplogroups and their subclades, and migrated to the north, 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 split off ~ 38,000 ybp, presumably in South Siberia, and gave rise to haplogroup R and then R1 ~ 30,000 - 26,000 ybp (see the diagram in Klyosov and Rozhanskii, 2012b). Haplogroup R1b arose ~ 16,000 ybp, as it will be shown further in this paper.

The timing may be reconstructed from a series of R1b haplotypes, made available from the databases (see Appendix). The most distant R1b haplotypes (those exhibiting the greatest mutational differences) from European R1b haplotypes, were found in Siberia and Middle Asia (a part of Central Asia) populations. Central Asian R1b haplotype bearers have the most ancient common ancestors with European R1b bearers, and those ancient common ancestors lived ~ 16,000 ybp in Central Asia. We do not know as yet whether in South Siberia or Middle Asia; however, the evidence will demonstrate that it was somewhere in that vast region.

In this endeavor both terms, "haplogroup" and "subclade", are employed as near equivalents because all haplogroups are essentially subclades of other upstream haplogroups, and usage of one or the other of these terms is suggested by the context. This is shown in the following diagram (ISOGG-2012, a fragment, http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpR.html) which is related to the most ancient subclades of R1b haplogroup:



Due to lack of a common name for bearers of R1b haplogroup (with subclades) and their languages in ancient times, which were carried for millennia and eventually brought to Europe as non-Indo European languages, I refer to them as the Arbins (from R1b), -- both the people and their original languages, on the analogy with the Aryans, who essentially belonged to haplogroup R1a (Klyosov and Rozhanskii, 2012a).

A bird's-eye view at R1b haplotypes, and the most ancient R1b populations

Fig. 1 presenting an overview of an R1b haplotype tree includes 338 haplotypes in a short 8 marker format. The purpose of the presentation is to show the complex pattern of the R1b haplogroup and identify the most ancient branch on the tree.

The haplotype tree as shown next is arranged by a computer program which combines branches based on the similarity of their alleles in the respective markers (or loci) in Y chromosome, and dynamics of their alleles (Klyosov, 2009c and references therein). Haplotypes identical to each other and prevailing in the dataset are sitting at the top of the tree; in relatively recent datasets they typically represent the "base", or "ancestral" haplotype, from which all other haplotype are derived through mutations. Branches which are located close to the "trunk" of the tree contain not many mutations from the base haplotype, hence, they are relatively "young". The most ancient branches are those which shoot away from the trunk since they contain the most mutations in their haplotypes.

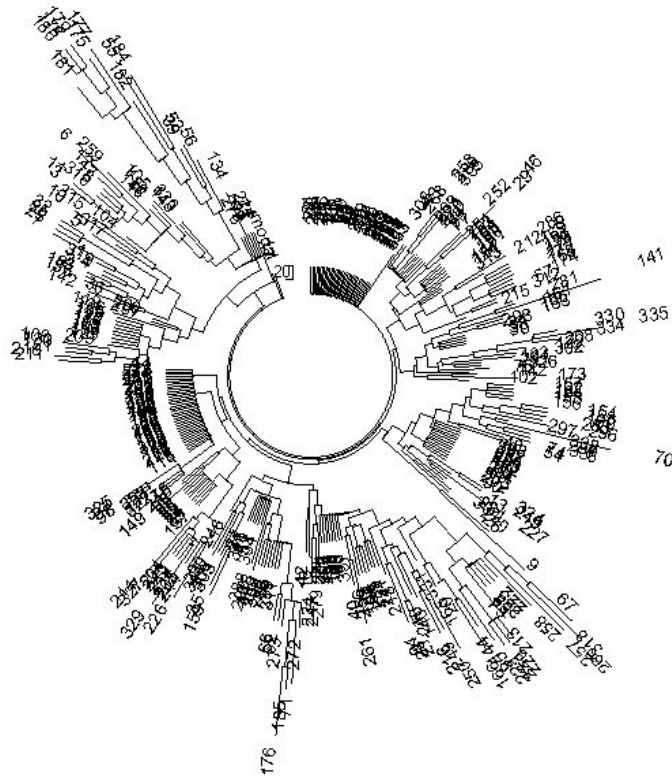


Figure 1. The 8-marker 338 haplotype tree for R1b1 haplotypes, composed from data listed in (Zhong et al, 2010). The tree includes haplotypes of subclade R1b* (8 haplotypes), R1b1* (2 haplotypes), R1b1c (2 haplotypes), R1b (140 haplotypes), R1b1a1 (12 haplotypes), R1b2b (21 haplotypes), R1b1a2 (153 haplotypes). Regarding ethnicity and/or location, the haplotypes belong to 40 Western Europeans, 17 Iberians, 84 Turks, 48 Albanians, Macedonians and Romanians, 40 Italians, 30 Cretans, 13 Greeks and Macedonians, 9 Romanians from a different region, 13 Pakistanis, 4 Indians, 2 Japanese, 2 Mongolians (one of them, No. 176, belongs to R1b1b1-M73 subclade and stands out in the lower part of the tree), 2 Tibetans, 1 Kyrgyz from Xinjiang, 7 Han Chinese, 16 Uighur (12 from the Xinjiang Province, six of them belong to R1b* subclade, three R1b1b1 and three R1b1b2); four Chinese (three R1b2b and one R1b1b2), 2 Chinese of the Hui tribe, and 6 Chinese of other ethnicities (Hazak R1b1b1, Tu R1b2b, and four Naxi R1b2b).

In Fig. 1 that rather recent and prevailing R1b branch has its base haplotype

13 24 14 11 X X X 12 X 13 13 29

Thirty-five of those identical haplotypes sit on the top of the tree. Here X stand for missing alleles in the haplotype presented in the standard twelve marker

FTDNA format (for definitions see Materials and Methods). This base haplotype belongs to the most populous European base haplotypes of the subclade R-M269, which in turn includes subclade R-P312 and its many downstream subclades. For example, the base 67 marker haplotype of P312 subclade is as follows (Klyosov, 2011b):

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 (P312)

The alleles identical to those of the apparent “base” haplotype in the tree in Fig. 1 are marked in bold. Indeed, the subclade R1b1a2-M269 takes the largest part of the tree in Fig. 1, since “R1b” as indicated in the legend is largely R-M269 as well.

The analysis of the tree shows that many of the Asian R1b haplotypes, particularly all the Indian, most of Pakistani, a quarter of Uighurs, one Japanese, one Tibetan, and two Chinese Hans are not the “indigenous” haplotypes but those which are closely associated with European haplotypes and share with them the same branches (Klyosov, 2010a). In other words, they are “returns” to the regions with Europeans, or having the European R1b origin. They are indistinguishable from the European R1b haplotypes.

Some of haplotypes, however, form separate branches. The most remarkable branch is most remote from the trunk, hence, the most ancient, is located in the upper left part of the tree. It contains 12 haplotypes which all belong to R1b1a1-M73 and R1b-M343 subclades, and provided by Uighurs and the close tribes of the Naxi, Han and Tu (Zhong et al, 2010). All the 12 haplotypes are derived from the base haplotype 13 24 15 11/10 X X X 12 X 14/13 12 30, and contain collectively 65 mutations from it. Using the “linear” formula, we obtain $65/12/.013 = 417 \rightarrow 619$ conditional generations (the arrow here is a correction for back mutations), or $15,475 \pm 2,500$ years from their common ancestor (the calculation is explained in the Materials and Methods section). This date is in a fair agreement with $16,000 \pm 1,400$ years from a common ancestor of R1b haplotypes (Klyosov, 2008a, 2009d) and will be additionally confirmed later in this paper. It also indicates that the R1b haplogroup arose in Central Asia, and, apparently, in the Altay region in South Siberia, where their upstream haplogroups $NO \rightarrow NO + P$; $P \rightarrow R + Q$; $R \rightarrow R1 + R2$; $R1 \rightarrow R1a + R1b$ all migrated and lived there during the time period between 52 and 20-15 thousand years before present (Klyosov and Rozhanskii, 2012b).

Siberian, Bashkir, and Central Asian R1b-M73 Haplotypes

Although the M73 subclade is positioned a few steps from the top of the above diagram, it contains the most distant available haplotypes from the Europeans, both geographically and by their mutations. Figs 2 and 3 show two M73 haplotype trees composed from two different datasets; one was obtained directly from the researchers and published earlier (Klyosov, 2008a), the second was collected from the R1b1b1 Haplogroup Project (see Fig. 3 and references). Both of them have principally the same shape, with two primary branches in Fig. 2 and three in Fig. 3.

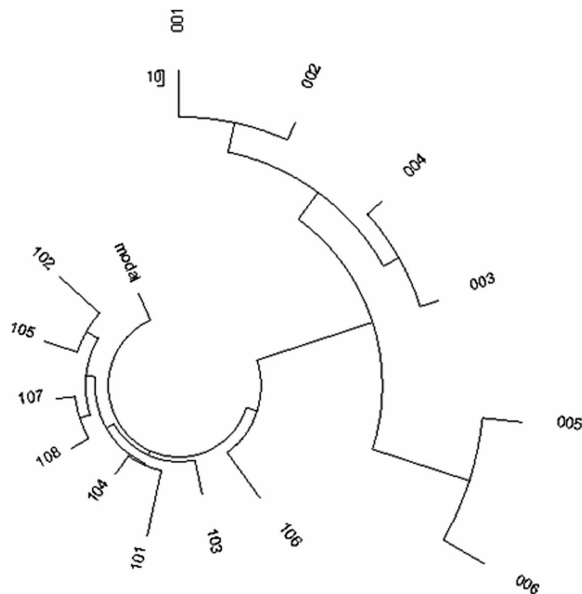


Figure 2. The 25-marker 14 haplotype tree for R1b1-M73 haplotypes in Central Asia (Uzbeks, Tajiks, Tuva, Uighurs, Kazakhs) (Klyosov, 2008a).

The tight 9-haplotype branch close to the “trunk” of the tree in Fig. 2 and the 9-haplotype right-hand branch in Fig. 3 both have the same base haplotype as follows:

13 19 14 11 13 13 12 12 13 14 13 30 -17 9 9 11 11 23 15 19 33 12 15 15 16 - 10 10 19
 25 15 16 16 17 30 36 12 10 - 11 8 16 16 8 10 10 8 11 10 12 23 23 16 10 12 12 16 8 12 24
 21 13 12 11 13 11 11 12 11 (M73, branch)

The remarkable feature of this base haplotype (and every haplotype in the both branches) is the second allele, DYS390=19. In the 25 marker format, the branches contain 15 and 17 mutations respectively, which gives the same 1075 ± 280 years

to the common ancestor in both instances.

It should be mentioned here that a similar series of ten R-M73 haplotypes (with DYS 390=19) were obtained from the Bashkir population (Myres et al, 2010) near the border between Europe and Asia, on both sides of the Ural Mountains. Their base haplotype was 13 19 14 10 X X X 12 13 14 13 29 - 10 (the last marker is DYS461), and all hundred alleles in the ten haplotypes contained only three mutations; this gives $3/10/.018 = 17$ generations, or 425 ± 250 years to their common ancestor. However, as it will be shown below, a common ancestor of these and other R-M73 haplotypes lived more than 10 thousand years ago. What we see in these haplotypes are essentially “tips of the iceberg;” they are tremendously distant from each other and must be very remote from their common ancestor in time. It seems that the “base” of the proverbial iceberg vanished without leaving their ancient haplotypes behind. In other words, we see here a series of present-day haplotypes which either arrived from elsewhere a few centuries earlier, or went through a severe bottleneck(s) of the population.

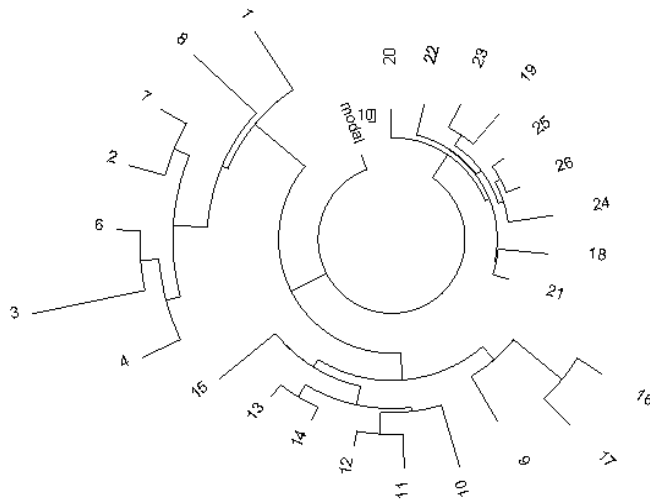


Figure 3. The 25-marker 25 haplotype tree for R1b1a1-M73 haplotypes: the right-hand side branch - five Russians, three Kazakhs, one Chinese; the lower branch - four Uzbeks, two Tajiks, one Turk, one from Luxembourg; the left-hand branch - two English, two Italians, one French and one Spanish. The data are taken from the FTDNA Project, in which many haplotypes are available in the 67 marker format:

<http://www.familytreedna.com/public/R1b1b1/default.aspx?section=yresults>

The Bashkir's (similar or slightly mutated) R-M73 haplotypes were identified among Tatars and Mari populations, in the adjacent regions (ibid.). In the same study, the R-M73 were found also among Kabardino-Balkars, Mengrels, Turks, with all speaking Turkic or Uralic languages, which belong to the Altay language family. Another name for Mari people is Cheremis, meaning "people from the East" in a neighboring Komi language. Their base haplotype 13 22 14 11 X X X 12 13 14 13 32 - 10 differs by 7 mutations (!) in ten markers from the Bashkir base L23 haplotype, which places their common ancestor by 9700 ybp (Klyosov, 2011a), and if haplotypes with $DYS390=19$ are included, their common ancestor moves deeper in time, to at least 16,000 years before present.

Revisiting the tree in Fig. 3, the lower branch in the tree has the following base haplotype (when extended to 67 markers)

13 22 14 11 13 17 12 12 12 13 13 30 -15 9 9 11 11 23 15 20 30 12 15 15 17 - 11 10 19
 24 15 14 17 17 35 39 12 10 - 11 8 16 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 15 10 12 12 18 9 12 25
 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (M73, branch)

and its common ancestor lived 3525 ± 600 ybp. It corresponds to the right branch in Fig. 2.

The left-hand side branch in Fig. 3 has the following base haplotype:

12 25 14 11 13 14 12 12 12 14 13 29 -16 9 10 11 11 22 15 20 32 12 15 16 17 - 11 10 19
 25 15 17 17 18 34 36 14 10 - 11 8 16 16 8 11 10 8 11 10 12 22 23 17 10 12 12 15 8 13 22
 20 14 12 11 14 11 11 12 12 (M73, branch)

and its common ancestor lived 3050 ± 600 ybp.

All three branches are rather "young", however, they all are very distant from each other. Their pair-wise mutational differences are 38, 38 and 42, which translates into the separation time between their common ancestors as 11,500 - 13,200 years of the mutational evolution in their haplotypes (we call it the "lateral time" between two base haplotypes). All three M73 base haplotypes differ from each other collectively by 62 mutations, which place their common ancestor at ~ 7750 ybp. However, their mutational difference is even more pronounced when compared with the base haplotype of R1b1a2-P312 subclade, ancestral to many European subclades of R1b1a2 haplotypes. For the above M73 base haplotypes it amounts to 48, 35 and 42 mutations, or up to 16,000 years of the mutational difference between the two base haplotypes. This places their common ancestor at 10,600 ybp.

Another series of 26 of 12 marker M73 haplotypes was listed in (Malyarchuk et al, 2011), and were collected among the Siberian populations: Shors, Teleuts, Kalmyks, Khakass, Tuva, and Altayans. Those haplotypes split into two branches. The first one fits exactly to the first 67 marker base haplotypes with their available 12 markers; the second deviates from the base haplotype of the respective right-hand branch in Fig. 2 in two alleles (marked):

13 19 14 11 13 13 X X 13 14 13 30 - 15 10

13 22 14 11 13 16 X X 13 13 13 30 - 15 10

The first 12 marker base haplotype is a mixed Siberian-Ural-Caucasian population (if to consider their current bearers -- Bashkirs, Kalmyks, Tuva, Tatar, Kabardin, Russian, and Altayan). All 11 haplotypes of this branch have collectively 20 mutations, which gives $20/11/.024 = 76 \rightarrow 83$ conditional generations, or, 2075 ± 510 years to a common ancestor. The logarithmic method gives $[\ln(11/2)]/.024 = 71 \rightarrow 77$ generations, or 1925 years, which is nearly the same (2 haplotypes are identical in their base haplotypes among 11 haplotypes in the dataset. .024 is the mutation rate constant for the 12 marker haplotypes). The same but in 67 markers, Middle Asian M73 haplotypes showed 1075 ± 280 years to the common ancestor. Thus, the Siberia-Ural-Caucasian dataset is somewhat "older" compared to the Middle Asian dataset.

The second 12 marker base haplotype was largely from Siberian populations (Shors, Teleuts, Khakasses), plus a singular Mari, Turk and Tatar each. All 15 haplotypes of this branch had 22 mutations, which gives $22/15/.024 = 61 \rightarrow 65$ conditional generations; or 1625 ± 380 years to a common ancestor. The logarithmic method gives $[\ln(15/5)]/.024 = 46 \rightarrow 48$ generations, or 1200 ± 580 years, which is the same within the margin of error. The 67 marker base haplotype, however showed 3525 ± 600 years to the common ancestor. Hence, now the Middle-Asian M73 branch is "older" compared to the Siberian. Overall, the Siberian and Middle Asian haplotypes were in about the same estimate of "age".

The two 12 marker haplotypes differ by 8 mutations, which sets their two common ancestors apart by $8/.024 = 333 \rightarrow 492$ generations, or 12,300 years. It gives $(12,300+2075+1625)/2 = 7985$ ybp to their common ancestor. One can see that the data obtained with the 67 and 12 marker haplotypes of the M73 subclade from Siberia and Middle Asia are fairly reproducible, and point to a common ancestor of Central Asian M73 haplotypes nearly 8000 ybp. It should be kept in mind that these data are related to currently living descendants of those common ancestors. We also need to be mindful that the 67 marker M73 Central Asian

haplotype examples a distance up to 48 mutations from the European R1b1a2 haplotypes, which is up to 16,000 years of the mutational difference between the two base haplotypes. This places their (R-M73 in Central Asia and R-M269 in Europe) common ancestor at 10,600 years before present.

R1b1-L278/R1b1* Subclade Haplotypes

The most ancient subclades of R1b are considered by the Project R1b1(xP297); xP297 does not include subclades M73 and M269, discussed in the preceding section of this article. All 68 haplotypes of the Project which are available in the 67 marker format are shown in the tree in Fig. 4. The tree includes haplotypes of subclade R1b1*, a para-group of R1b1-L278 (see the R1b diagram exemplified previously), V88, its downstream subclade V69, and a series of haplotypes R1b1a2-M269 which are in the Project apparently by mistake (however, useful in the tree as a reference branch).

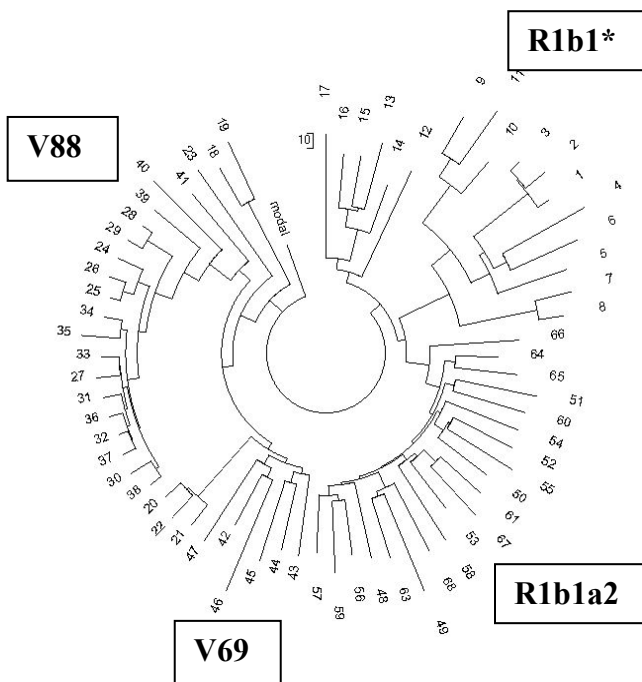


Fig. 4. 67 marker haplotype tree of 68 haplotypes of subclades R1b1* (1-17), R1b1c-V88 (18-41), R1b1c4-V88-V69 (42-47), R1b1a2 (48-68). The tree was composed from data of the FTDNA Project <http://www.familytreedna.com/public/R1b1Asterisk/default.aspx?section=yresults>

A detailed analysis of the tree was performed in (Klyosov, 2011a). Haplotypes of the R1b1* para-group are represented in the Project by either Ashkenazi Jews (from Hungary, Russia, Belarus) with their very recent common ancestors a few centuries ago, or by very assorted geography - from Italy, Puerto-Rico, Germany, Armenia, Turkey. Formally, a triple branch on the right of Fig. 4 (haplotypes 1-11) has a common ancestor who lived about 5800 ybp. It does not carry any certain historical meaning judging from their composition except, the time span corresponds to that of R-L23 subclade in the Caucasus and Anatolia (Klyosov, 2010d); R-L23 was certainly not alone there. Those assorted haplotypes could have been brought by their ancestors from Central Asia along with R-M269 followed by L23 haplotypes, and eventually dispersed across Europe.

The next small branch of six haplotypes (12-17) includes those from Central Asia (Uzbek), Armenia, Middle East (Iraq and Bahrain), India, and Germany (the last being relatively close to the Uzbek haplotype, within 4900 years of the mutational evolution). The Indian haplotype has DYS390=18, which brings it closer to the Central Asian haplotypes with DYS390=19, considered above. Others have DYS390=24 or 25. Their mutational deviations (without inclusion of the very distant Indian haplotype) from base R1b1* haplotype

13 24 15 10 12 13/14 12 13 11/12 13 13 29 - 14 9 9 11 11 26 14/15 18 30 13/14 14
 14/15 16 - 11 11 18 23 15 16 18 16 36 36 13 11 - 11 8 15 16 8 10 10 8 11 10 12 19 21
 16 10 12 12 14/15 8 12 24 20/21 14 11 11 13 12 11 12 12 (R1b1*, branch)

in the first 25, 37, and 67 markers suggests 238, 217, and 235 generations from their common ancestor (without a correction for back mutations), that is 230±11 generations, a fairly reproducible value. The most reliable value, for the 67 marker format, gives ~ 8,400 years to their common ancestor. However, the Indian haplotype differs from the above base haplotype by 62.5 mutations (!), with its DYS390 =18 contributing only 6 mutations into the difference. This places a timespan to the R1b1* common ancestor (of the available haplotypes) to 16,600 years before present. It certainly points to Central Asia, since the European- Middle Eastern R1b1* haplotypes are only ~ 8400 years "old".

R1b1c-V88 Subclade in Europe and Africa

Haplotypes V88 occupy the left-hand side of the tree in Fig. 4. Again, a number of their sub-branches are quite "young". For example, a part of the branch belongs to Ashkenazi Jews (Russia, Ukraine, Hungary, Germany, France) with a common ancestor of only 350 ybp. Haplotypes of England and Scotland have a common ancestor who lived 650 ybp. However, a common ancestor of the two sub-branches (Jews and the Isles) lived 6875 ybp, at the very bottom of the V88

subclade. Another series of V88 haplotypes identifies their route from Saudi Arabia (6225 ybp) via Spain to the Jewish community (1525 ybp, in the middle of the 1st millennium CE). The base haplotype of the V88 branch in Fig. 4 is as follows:

13 24 16 10 13 14 12 12 12 14 13 29 - 16/17 9 10 11 12 26 14 19 29 12 12 15 15 - 11
 12 21 23 15 15 18 19 33 35/36 12 11 - 12 8 15 16 8 10 10 8 9 11 12 22 23 15 11 12 12
 15 8 12/13 23 20 13 12 11 13 11 12 12 12 (V88)

and its bearer lived 6575± 700 ybp.

A rather extended series of 72 of 11 marker V88 haplotypes from Africa was provided in (Cruciani et al, 2010). They split into two rather distinct branches and an assorted series of haplotypes (Klyosov, 2010b). One branch of 37 haplotypes has the following base haplotype (in the format -- 413a,b 460, 461, GATA A10, YCAIIa,b after the first standard 12 markers, some of them are missing):

13 X 15 11 X X X X 12 X X X - 23 21 11 10 13 21 23 (R1b-V88, a branch)

All of them contain 111 mutations, which gives $111/37/.02 = 150 \rightarrow 176$ conditional generations, or 4400±610 years to their common ancestor. This African V88 base haplotype does not fit with either of the Eurasian V88 base haplotypes, however, it fits rather well to the R1b1c4-V69 base haplotype (see the next section), whose common ancestor lived 4300±600 ybp. The paper (Cruciani et al, 2010) suggested one more subclade named R1b1a4, with 29 haplotypes. Their base haplotype is identical with that shown above; all 29 haplotypes contain 76 mutations, and gives $76/29/.02 = 131 \rightarrow 150$ generations, or 3750±570 ybp, which is within the margin of error with the above date.

Another branch of V88 African haplotypes is recent with a common ancestor of 750±290 ybp. All 72 African haplotypes have the same base haplotype as shown above with 201 mutations from it, which gives $201/72/.020 = 140 \rightarrow 163$ generations, or 4075±500 ybp, within the margin of error of that for the main V88 branch; however, the first is more accurate since it was calculated for the distinct branch.

This date, 4300±600 ybp, fits well with that for the migration route of R1b bearers from the Middle East westward along the Mediterranean Sea coast to the Atlantic, which took place between 5500 and 4800 ybp (see below). It seems that the R1b-V88-V69 tribe may have split altering migration direction south, to Cameroon and Chad, where R1b-V88 bearers live today.

R1b1c4-V69 Subclade

This subclade is represented by six haplotypes at the bottom of the tree in Fig. 4, with the base haplotype

13 23 15 11 13 15 12 12 13 13 13 29 - 16/17 9 10 11 12 27 14 19 29 12 12 14 15 - 11
12 21 23 15 16 17 19 33 36/37 12 12 - 12 8 15 16 8 10 10 8 10 11 12 21 24 15 11 12 12
14 8 12/13 22 20 13 12 11 13 11 12 12 13 (V69)

All of them collectively have 106 mutations from the base haplotype, which gives $106/6/.12 = 147 \rightarrow 172$ generations, or 4300 ± 600 years from a common ancestor. This is in agreement with the “age” of the upstream V88 subclade, of ~ 6575 ybp. The V69 base haplotype differs by 16 mutations from the base V88 haplotype (see above; some mutations are fractional), which sets apart their common ancestors by $16/.12 = 133 \rightarrow 154$ generations, or 3850 years, and places their common ancestor at $(3850+6575+4300)/2 = 7400 \pm 800$ ybp. This is within the margin of error with 6575 ± 700 ybp for the V88 upstream subclade.

The analysis demonstrates that R-V88 is a rather “young” subclade in comparison with the entire R1b, and R-V69 is “younger”. It may have arisen on the R1b general migration route to the Middle East, for example, north-east or east of the Caspian Sea, in the Western Iran.

R1b1a2-M269 Subclade

The last branch on the tree in Fig. 4 in the lower right-hand side has the base haplotype

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 37 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 (M269, a mix)

It is exactly the base haplotype of subclades R-P312 and R-L21. They are typical and widespread European haplotypes. All 20 haplotypes of the branch contain 365 mutations, which gives $365/20/.12 = 152 \rightarrow 179$ generations, or 4475 ± 505 years to their common ancestor. This, again, is a typical “age” for a mix of haplotypes of subclades R-P312 and R-L21 and their downstream subclades.

The M269 subclade along with its downstream subclades were analyzed in many publications (Klyosov, 2008a; 2009d; 2010c,d,e; 2011a,b). In short, this subclade arose around 7,000 ybp in Central Asia or in the eastern area of the Russian Plain

-- its immediate downstream subclade R-L23 (arose ~ 6000 ybp) is widespread among the Bashkirs in the South Urals, North Kazakhstan and adjacent regions, and can be seen in Russia. It migrated south to the Caucasus and beyond, to Anatolia and the Middle East. Nearly all principal European and Middle Eastern subclades of the R1b haplogroup (currently more than 80 subclades) are derived from the R1b1a2-M269 subclade.

It should be mentioned here, that two brother subclades, R1a and R1b, have been migrating from Central Asia westward by two quite different routes. While R1a were moving along the southern route from the Altay region across the Himalayas, Hindustan, the Iranian plateau, Anatolia and the balance of Asia Minor to the Balkans (Klyosov and Rozhanskii, 2012), R1b were moving along the northern route, from the same region across South Urals, Middle Asia, North Kazakhstan, Middle Volga, the Caucasus, and then split between the southward and westward directions. This migration pattern also explains why R1a, but not R1b bearers were found in the Eastern Himalayas (Kang et al, 2011; see also Klyosov and Rozhanskii, 2012).

37 and 67 marker haplotype trees of the R1b1a2*-M269 subclade are shown in Fig. 5 and 6, respectively. The trees contain two distinct branches, one rather complex and obviously “older”, with the base haplotype

12 25 14 11 11 14 11 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 - 10 11 19
 23 15 15 19 17 35 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 11 10 12 23 23 16 10 12 12 15 8 13 22
 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (M269)

and another, a tight, flat, “younger”, and largely Jewish branch, with the base haplotype

12 **24** 14 **10** 11 14 11 12 12 13 **14** 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 **30** 15 15 16 **16** - **11** 10 19
 23 **17** **16** **17** **17** **38** **39** **13** 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 11 10 12 **21** 23 16 10 12 12 **14** 8 **12** 22
 20 13 12 11 13 **10** 11 12 12 (M269, Jewish)

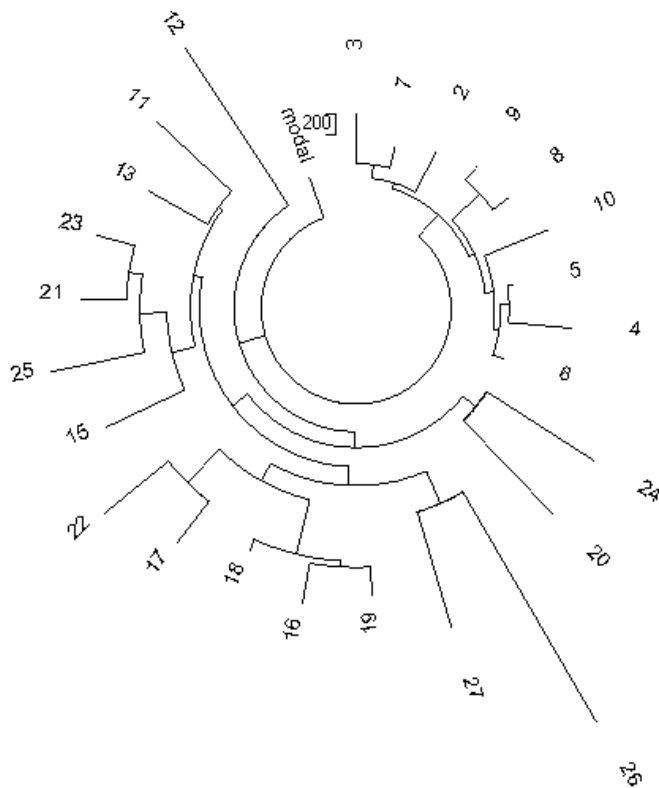


Figure 5. The 37 marker 25-haplotype tree for R1b1a2*-M269 haplotypes. The older (~ 6,225 ybp) branch on the left and the bottom present haplotypes from Turkey, Armenia, Italy, France, England. The younger (1000 ybp) branch in the upper right side represents Ukraine, Belarus, Poland, and Kazakhstan.
<http://www.familytreedna.com/public/ht35new/default.aspx>

Mutation deviations between the two are shown in bold. The younger branch has 26 mutations in all six 67 marker haplotypes, which gives $26/6/.12 = 36 \rightarrow 37$ conditional generations, or 925 ± 200 years to a common ancestor. The 37 marker branch contains 31 mutation in nine haplotypes, which gives $31/9/.09 = 38 \rightarrow 40$ generations, or 1000 ± 200 years - essentially the same. This Jewish population exemplified with 14 of 37 marker haplotypes was analyzed earlier (Klyosov, 2008b) and determined that their common ancestor lived 1100 ± 250 ybp; the base haplotype is exactly as that of the "young" branch listed above.

The older branch has a common ancestor who lived 6200 ± 900 ybp. The two base haplotypes differ by 22 mutations which separate them by $22/.12 = 183 \rightarrow 224$ generations, or 5600 years, and a common ancestor of both branches lived $6,400 \pm 900$ ybp.

This description gives us a general picture of migration of the Arbins from Central Asia (~ 16,000 ybp) westward during the next 10-9 thousand years, to about 7000-6000 ybp.

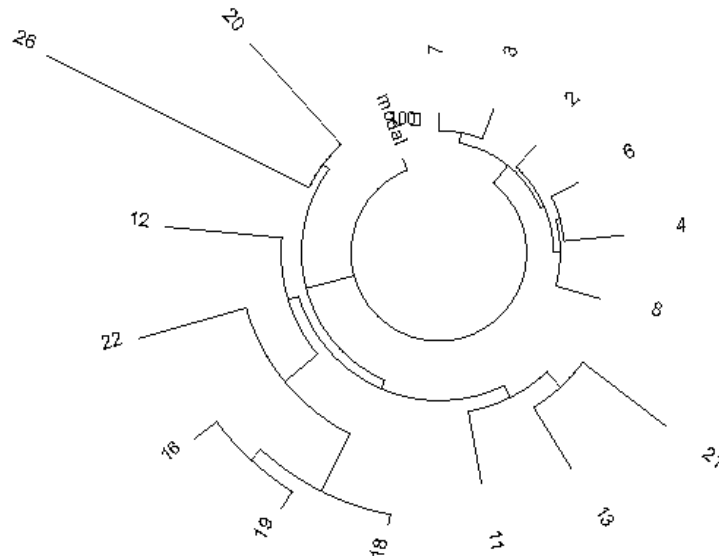


Figure 6. The 67 marker haplotype tree for R1b1a2*-M269 haplotypes, the same dataset as shown in Fig. 5, however, with fewer haplotypes available.

Haplogroup R1b (mainly R1b1a2-L23) among Bashkirs, and in the Caucasus, Anatolia, Middle East

R-L23 apparently arose on the eastern side of the Russian Plain, where Europe meets Asia, ~ 6200 ybp and migrated to the Caucasus and further South, to Anatolia and the Middle East. Another branch of L23 went westward, to Europe, approximately 4500 ybp.

The most eastern population with the prevailing R-L23 subclade is the Bashkirs, a Turkic-language people who live largely on both sides of the Ural Mountains and in North Kazakhstan. Frequency of R1b haplogroup reaches 84% in the Perm Bashkirs, 81% among Baimak Bashkirs, and lower figures in other Bashkir tribes (Lobov, 2009). 29 of 10 marker haplotypes of subclade R-L23 of the Bashkirs were published (Myres et al, 2010), and their base haplotype is

12 24 14 10 X X X 12 12 13 13 30 - 10 **(Bashkirs, R1b-L23)**

This is a typical albeit slightly mutated L23 haplotype with its characteristic first allele $DYS393=12$. 26 haplotypes of those 29 were identical, as shown above, and the whole Bashkir L23 branch has a common ancestor who lived only 575 ± 175 ybp. However, this base haplotype differs from the European R-L23 base haplotype 12 24 14 10 X X X 12 12 13 14 29 - 11 by three mutations, which sets these two base haplotypes apart by $3 / .018 = 167 \rightarrow 200$ conditional generations -- 5000 years, and places their common ancestor at 5500 ybp. Other Bashkir haplotypes belonged to R-M269 (one haplotype), R-M73 (10 haplotypes), and R-U152 (8 haplotypes). The last series of haplotypes were all identical to each other, and thus are derived from a very recent common ancestor, who certainly had a European origin [U152 arose in Europe 4125 ± 450 ybp (Klyosov, 2011b)].

We therefore see today's reflection of ancient migrations of the Arbins westward from Central Asia, apparently from the South Siberian region, across the South Urals and further to the Russian Plain and then the Caucasus.

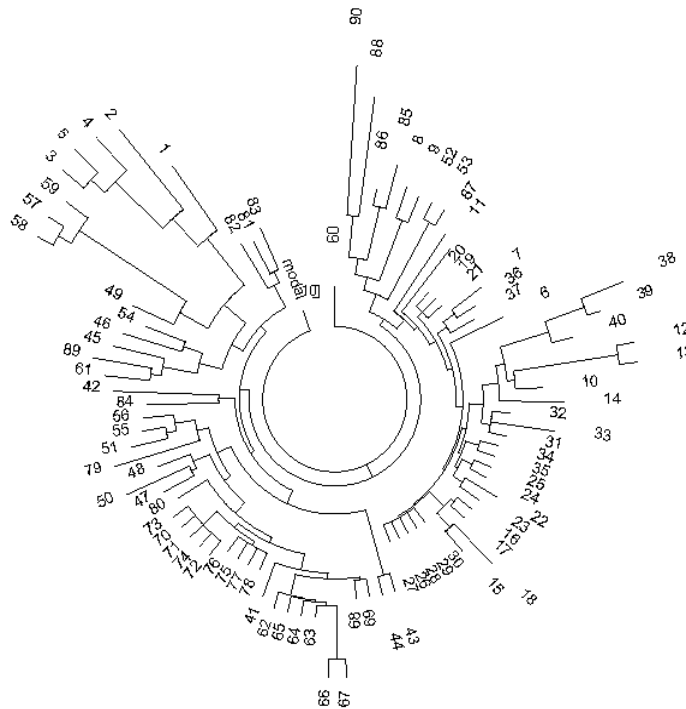


Figure 7. The 19-marker 90 haplotype tree for R1b haplotypes in the Caucasus (Lezghins, Ossets, Avars, Abkhaz, Circassians, Chechens, Dargins, Kaitaks). Haplotypes 1-5 (above on the left) represent R1b* subclade, and haplotypes 49, 57-59 (above on the left) represent a "young" Abkhazian branch. Haplotypes were listed in (Balanovsky et al, 2012)

Almost all R1b1a2 haplotypes in the Caucasus region belong to the subclade L23 (with its characteristic DYS393=12). In a recent paper (Balanovsky et al, 2012) 90 Caucasian haplotypes of R1b haplogroup were listed, and with exception of five R1b* haplotypes and a relatively “young” Abkhazian branch (Fig. 7) 79 of 81 haplotypes (97.5%) in the dataset were of the L23 subclade (Note: the cited paper did not consider haplotype trees nor has analyzed the haplotypes in the manner presented here).

The same pattern is observed with Armenian R1b haplotypes, and with most of Anatolian R1b haplotypes (Klyosov, 2010c, 2011c). The 67 marker base R-L23 haplotype, obtained from an extended haplotype dataset from the world over (tree Fig. 8) is as follows:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 16 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 - 11 11 19
23 16 15 17 17 36 37 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 11 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22
20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L23)

The L23 base short Caucasian haplotype in Fig. 7 fits exactly to the above haplotype (the matching alleles are marked in bold). A common ancestor of the L23 subclade lived ~ 6,200 ybp (Klyosov, 2010d, 2011a). 81 Caucasian L23 haplotypes containing 425 mutations from their base haplotype, give $425/81/.035 = 150 \rightarrow 176$ conditional generations, or 4400 ± 490 years to their common ancestor. The “younger” date (compared with the “age” of L23 of about 6200 ybp) can be explained by a detailed consideration of an extended series of 107 of R-L23 haplotypes listed in the FTDNA Project (see the legend in Fig. 8). The tree in Fig. 8 splits into two parts. On the left are 38 haplotypes, with the base

12 24 14 11 12 15 12 12 12 13 13 29 - 16 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 16 18 - 11 11 19
23 16 16 18 17 36 37 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 11 11 12 23 23 15 10 12 12 16 8 12 22
20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L23, branch)

On the right are 69 haplotypes, with the base

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 16 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 - 11 11 19
23 15 16 18 17 36 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 11 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22
20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L23, branch)

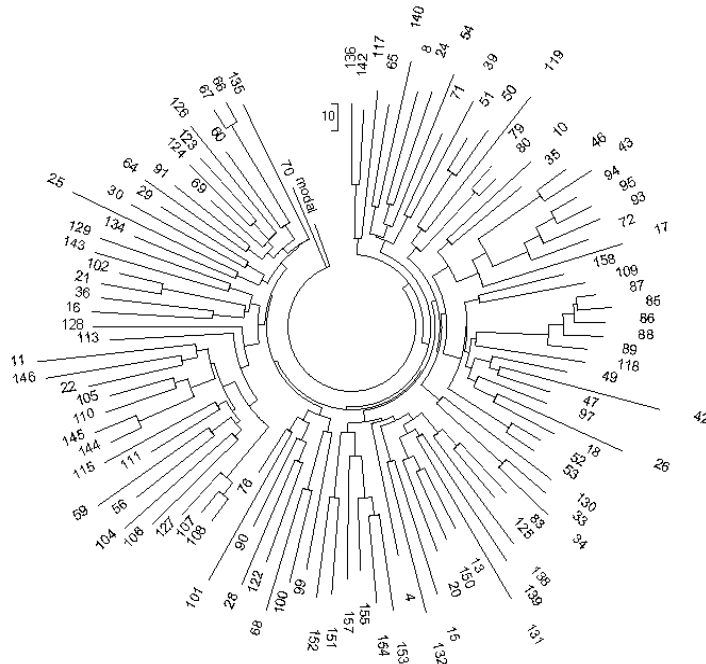


Figure 8. The 67-marker tree composed with 107 haplotypes of the subclade R-L23. 40% of the haplotypes belong to Armenians and Turks, followed by Iraqis and Italians (5% each). The haplotypes were collected in the FTDNA Project <http://www.familytreedna.com/public/ht35new/default.aspx>

More than 70% of haplotypes of the Armenians and Turks from the dataset belong to the second and larger branch as well as all eight Iraqis and all five Iranians in the dataset. Presence of R-L23 of the Iranians might be a result of diffusion of the subclade from Anatolia eastward, or the migration of the Arbins might have been southward from the Russian Plain east of the Caspian Sea.

Both branches descended from their ancestral R-L23 base haplotype, and are parted by 9 mutations (marked in bold). These 9 mutations are accumulated over $9 / .12 = 75 \rightarrow 81$ conditional generations, or 2025 “lateral” years. The first branch split 4600 ± 490 ybp; the second, 4200 ± 440 ybp. Therefore, their common ancestor lived $(4600 + 4200 + 2025) / 2 = 5400 \pm 800$ ybp. This fits within margin of error to the time when a common ancestor of the subclade R-L23 lived (~ 6200 ybp). Extended, 111 marker haplotypes available for the same dataset, and for the smaller branch the base haplotype is as follows:

12 24 14 11 **12 15** 12 12 12 13 13 29 - 16 9 10 11 11 25 15 19 **30** 15 15 16 **18** - 11 11 19
 23 **16** 16 18 17 36 **37** 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 **11** 11 12 23 23 **15** 10 12 12 **16** 8 12 22
 20 13 12 11 13 11 11 12 12 - **36** 15 9 **15** 12 **25** 26 19 12 11 13 12 10 9 12 12 10 11 **10** 30
 12 13 24 13 10 10 **19** 15 19 **13** 24 **17** 12 15 24 12 23 18 10 14 17 9 11 11 (L23, branch)

It differs by 16 mutations from that of the larger branch (7 mutations added by the 68-111 extension), which separates the branches by $16/.198 = 82 \rightarrow 90$ generations, or 2250 years, and the R-L23 common ancestor lived $(4600+4200+2250)/2 = 5525 \pm 700$ years -- similar to 5400 ± 800 ybp, obtained above, and illustrates the consistency of calculations.

It seems that the Caucasian R-L23 haplotypes with their common ancestor of 4400 ± 490 years belong to one of the branches in the tree in Fig. 8. A much smaller Caucasian R1b dataset, analyzed earlier (Klyosov, 2008a) resulted with similar times -- 4650 ± 700 ybp, as the recent, larger dataset of short haplotypes (Balanovsky et al, 2012). The Caucasian R-L23 haplotypes may have experienced a population bottleneck around 5000 ybp.

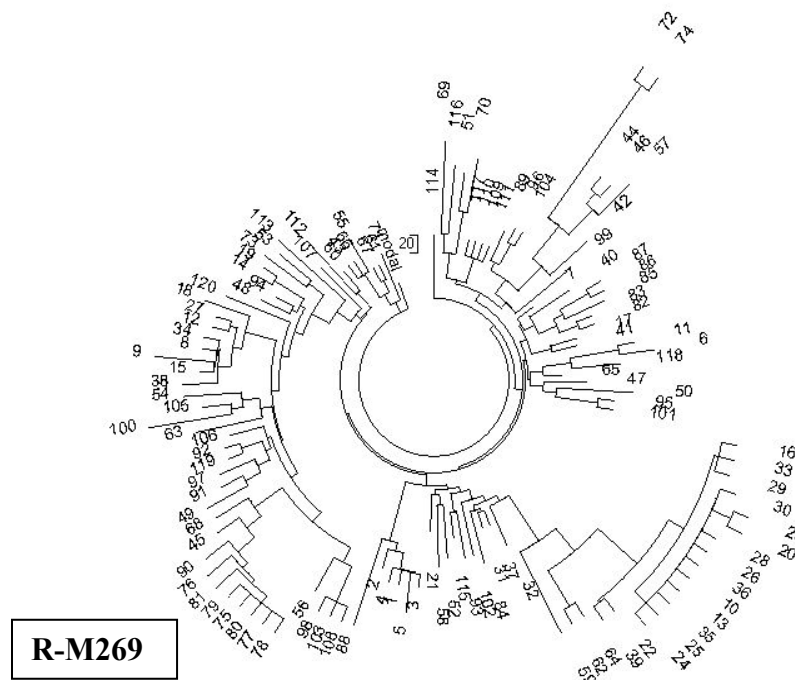


Figure 9. The 17-marker tree composed with 120 haplotypes of the R-L23 haplogroup, except five haplotypes of the M269 subclade (numbers 1-5). The tree is composed based on data in (Herrera et al, 2011).

120 of 17 marker Armenian haplotypes were published recently in (Herrera et al, 2011). A haplotype tree, composed from those haplotypes, is shown in Fig. 9. It consists of three approximately equal (by number, or by “weight”) branches. Five haplotypes of the M269 mini-branch are nearly equal to each other, evidencing only two mutations among their 85 alleles. Their common ancestor was 300 ± 210 ybp. The balance of 115 haplotypes of L23 subclade, have 784 mutations from their base haplotype

12 24 14 11 11 14 X X 13 13 13 29 – 17 15 19 12 15 12 23 **(Armenian, R1b-L23)**

(the right-hand side of the haplotype corresponds to DYS 458, 437, 448, GATA H4, DYS 456, 438, 635). It gives $784/115/.034 = 201 \rightarrow 250$ conditional generations, or 6250 ± 660 years from the common ancestor. This again is a typical timespan to a common ancestor of R-L23 subclade, and is in an agreement with the “age” of its upstream R-M269 subclade of ~ 7000 ybp.

The same base haplotype, as shown in the preceding paragraph, was found in a dataset of 238 Armenian six-marker R1b haplotypes published earlier (Weale et al, 2001) and analyzed in (Klyosov, 2008a). It included haplotypes from six regions of Armenia, Karabakh, Iran, and other areas of the Armenian diaspora. It can be presented as 12 24 14 11 X X X 12 X X 13 X. An average “age” of the common ancestor of R1b haplotypes in all the six regions was 5750 ± 1500 years, which is in line with other estimates for the R-L23 subclade.

Considering other populations, containing a rather high share of R-L23 haplotypes, which in turn could be a tracer of ancient migration of the Arbins, one can mention Russia with their 37% of available R1b haplotypes having DYS393=12 (Roewer et al, 2008; Klyosov, 2010c and references therein) and the base haplotype

12 24 14 11 11 14 X X 12 13 13 29/30 – 16 15 19 **(Russian, R1b-L23)**

(the last three alleles are of DYS 458, 437, 448), the same as R-L23, shown above, and with a common ancestor of the Russian R1b of 6775 ± 830 ybp (Klyosov, 2009d); Anatolia and Lebanon with their

12 24 14 11 X X X 12 13 13 29 **(Anatolian and Lebanese, R1b-L23)**
 12 24 14 10 X X X 12 13 13 29 **(Anatolian and Lebanese, R1b-L23)**

(mutated DYS391 11 \rightarrow 10 is marked) and with the respective common ancestors of 6000 ± 820 ybp (Anatolia) and 5200 ± 670 ybp (Lebanon) [Klyosov, 2010c; haplotypes were listed in Cinnioglu et al, 2004, and Zalloua et al, 2008].

Among Jewish R1b haplotypes (most were not typed for subclades when tested several years ago as the typing was not available), one branch remarkably resembled R-L23 haplotypes, and its 37 marker base haplotypes was as follows (Klyosov, 2008b):

12 24 14 10 11 14 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 - 11 11 19
23 16 16 18 17 37 38 12 12 (L23, Jewish)

In this particular instance the dataset contained 42 of 37 marker haplotypes, which collectively had 620 mutations; this gives $620/42/.09 = 164 \rightarrow 196$ generations, or 4900 ± 530 years from a common ancestor. The base haplotype differs by 9 mutations from the “young” Jewish base haplotype above in its first 37 markers, which makes the 4900 ybp haplotype likely ancestral. The oldest identified Jewish R1b base haplotype, is of 5400 ± 500 ybp (Klyosov, 2008b). It has certainly appeared in the Middle East, during the Sumerian era.

Sumers, the likely bearers of R1b1a2 haplotypes, and their descendant Assyrians

Assyrians are one of the oldest surviving groups descended, as it is believed, from the historic Sumers. Among Assyrians, R1b is the major haplogroup, reaching 40% of the studied population; haplogroup J takes second place with 11% and others are in singular percentages (Lashgary et al, 2011). Such a high percentage of R1b haplogroup is very unusual in South Mesopotamia. According to the Assyrian FTDNA Project (see Appendix) half of their R1b bearers belong to R-L23 subclade with $DYS393=12$, and all nine 12 marker haplotypes have 35 mutations, which gives $35/9/.02 = 194 \rightarrow 240$ conditional generations, or 6000 ± 1200 years to their common ancestor. Only 6 haplotypes were available in the 25 marker format, and they have 48 mutations; they yield $48/6/.046 = 174 \rightarrow 211$ generations, or 5275 ± 930 years. Those are indeed Sumerian times (e.g., Kramer, 1971). Most of the bearers of those haplotypes now live in Iraq and Turkey. Another half of the Assyrian haplotypes in the Project, mostly from Iran, have a slightly mutated “classical” European R1b1a2 base haplotype (with $DYS464 = 15 15 17 17$), and a common ancestor of 850 ± 360 ybp calculated from the first 12 markers, and $1,100 \pm 280$ ybp from the first 37 markers. This R1b evidence is clearly a relatively recent event in Assyrian population, brought from Europe.

The R-L23 subclade is clearly traced from the Russian Plain south via the Caucasus, where it prevails among R1b haplotypes, and via Anatolia, where it is

very pronounced; down to South Mesopotamia, where Sumers had lived between 6000 and 4500 ybp (Kramer, 1971). Since timespans to common ancestors of those R-L23 haplotypes are around 6,000-5,000 ybp, it is quite likely that those common ancestors lived among the Sumers and their ancestors (in the Caucasus and Anatolia). It might be an additional feature for linguists, some of whom consider Sumerian as a remnant of a subgroup of the Dene-Caucasian language superfamily (e.g., Bengtson, 1997).

Migrations of the Arbins from the Pontic Steppes, Asia Minor and Middle East westward to Europe

In the descriptions above we left bearers of R1b haplogroup in the Caucasus/Russian Plain/Pontic steppes, Anatolia, and Lebanon/Southern Mesopotamia around 6000- 5000 ybp. All three areas were the relay regions for the Arbins to move further westward. Haplotypes of their present day descendants serve as the tracers of those ancient migrations.

A dataset of R1b1a2 haplotypes on the Balkans was published in (Barac et al, 2003a,b; Pericic et al, 2005, and private communications with M. Pericic). It contains a series of obviously R-L23 haplotypes with a base

12 24 14 11 11 15 X X X 13 13 29 (Balkans, R1b-L23)

and a common ancestor of 4050±890 ybp (Klyosov, 2010c). Another series of the Balkan R1b1a2 has the base

13 24 14 11 11 11 X X X 14 13 29 (Balkans, R1b1a2)

with a common ancestor of 4975±1300 ybp (ibid). Four mutations between them (including multi-copy mutations counted differently) place their common ancestor at ~ 7000 ybp to the time of ancient R-M269 haplotypes of the Russian Plain's (or further to the east). Migrations westward from the Pontic steppes are supported also by multiple archaeological evidences, which include those dating to the 3rd millennium BC (e.g., Mallory, 1989) .

The haplotype tree shown in Fig. 8 provides some clues regarding possible directions of those ancient migrations. 40% of all 107 haplotypes of the tree belong to the Armenians and Turks; of those, 70% are haplotypes on the right-hand (larger) part of the tree. The upper left branch in the tree contains haplotypes from Russia, Lithuania, Poland, Croatia and Ireland. They all have the same pattern of mutations, with the base haplotype

12 24 14 11 **11 14** 12 12 12 **12** 13 29 - 16 9 10 11 11 25 15 19 **31 14** 15 16 18
(L23, mainly Eastern Europe)

which differs from the base haplotype of the left-hand side 38-haplotype branch by three mutations (marked; some alleles are fractional). This places their common ancestor with the entire branch at 4600 ybp. This indicates that the above largely East-European branch split from the sizeable branch at the Russian Plain in the middle of the 3rd century BC and apparently migrated westward. That is one migration route (out of several described) which explains how R-L23 haplotypes appeared in Europe during those times.

Another migration route took place from the Russian Plain southward, as indicated by another quite distinct branch on the opposite side (at 5 o'clock) of the haplotype tree. The branch includes haplotypes from Russia, Lithuania, Armenia (two haplotypes), Turkey (three haplotypes), Syria. The base haplotype is as follows:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 **13** 13 30 - 16 9 10 11 11 25 15 19 **28 15** 15 16 17
(L23, mainly South)

There are five full mutations between these two base haplotypes of the branches, both which includes Russian and Lithuanian haplotypes, albeit, with a principally different history. One group of L23 bearers went west to Europe; another went south to the Caucasus and the Middle East. They are separated by $5/.046 = 109 \rightarrow 122$ generations, or by 3050 "lateral" years (this time is required on average to make five mutations in the 25 marker haplotype). In other words, these two branches show a fork in migration routes of R-L23 from the Russian Plain, westward and southward.

One additional branch of R-L23 includes haplotypes from Armenia, Lebanon, Bulgaria, Italy, France, Spain, Germany. It is located at 7 o'clock on the haplotype tree in Fig. 8. Their base haplotype

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 **29** - 16 9 10 11 11 25 15 19 **29** 15 **16 16 18**
(L23, South and South-West)

differs from the preceding discussed branch by only 2.6 mutations or by 1550 "lateral" years. This points to R-L23 movement from the Middle East westward to Europe. Its neighboring branch, including haplotypes from Turkey (three haplotypes), Greece and Albania evidences nearly the same base haplotype as the above, with only one mutation $12 \rightarrow 13$ in the first allele (DYS393) and $18 \rightarrow 17$ (17.3 on average) in the last allele. It is essentially the same migration route

from Asia Minor to Europe. In fact, the entire right-hand large branch in Fig. 8 consists of sub-branches with predominantly Armenian and Turkish (some Iraqi and Iranian) R-L23 haplotypes with singular inclusions of haplotypes from Greece, Germany, Netherlands, England, Scotland. This reflects migration routes of the Arbins from Asia Minor and the Middle East to Europe mainly between 4500 and 3500 ybp.

It may be expected that some migrations from the Middle East to Europe are associated with this mutation of DYS393 12→13 in the subclade R-L23. However, other, later migrations, could have occurred from the European continent eastward, and belong to more recent subclades, such as L51, L11, P312, U106, L21, U152, etc. (Klyosov, 2011b). Indeed, most Sardinian haplotypes have DYS393=13, such as the following base haplotypes on Sardinia (calculated from data provided in [Contu et al, 2008]):

13 24 14 11 11 14 X X X 13 X 29
 13 24 14 10 11 14 X X X 13 X 29
 13 24 14 10 11 15 X X X 13 X 29

The first one was presented on the tree by a series of identical haplotypes which are obviously derived from the very recent common ancestor (Klyosov, 2008a; 2010c). They are indistinguishable from common European R1b1a2- M269 subclades, such as R-P312, R-L21, R-U152, R-L2, R-L20, etc. The second one has a timespan to its common ancestor of 3550±790 ybp, the third descended from a common ancestor who lived 2900±620 ybp. A common ancestor of all of them lived 5025±630 ybp, which fits the time and direction of ancient migration of the Arbins from the Middle East to Europe (however, DYS393=13 would be unusual for them), and from Iberia up north to the continent, and subsequently populating Europe in all possible directions.

One of the most common R1b base haplotypes in Sicily is as follows (Di Gaetano et al, 2009):

13 24 14 11 11 14 X X 12 13 13 29 **(Sicily, R1b1a2)**

which is identical to one of the Sardinian base R1b haplotypes above, and indistinguishable from common R1b subclades in Europe. The timespan to a common ancestor for that haplotype in Sicily calculated from the cited study is 4550±1020 years. The same base haplotype is the most common in Italy (Capelli et al, 2007), with a timespan to the common ancestor of 4125±500 years calculated by the linear method, and 4300±1,160 years calculated by the logarithmic method (Klyosov, 2008a).

There is one more, but very important migration route of the Arbins which does not practically include R-L23 haplotypes (only 5% of DYS393=12 among Iberian R1b haplotypes, it corresponds to a random mutation from the parent DYS393=13). It is a route from the Middle East westward along North African Mediterranean seacoast. R-L23 was either not represented or did not survive along this route. It seems that bearers of R-V88 were part of the journey, however, split and went southward and settled in Central Africa (mainly Cameroon and Chad), mentioned previously. The migration of the Arbins from the Middle East to the Atlantic, then across the Strait of Gibraltar to the Pyrenees took place from ~ 5500-5200 ybp to 4800 ybp when the Arbins landed in Iberia (see supportive references to archaeological data below). Part of the way from Egypt to Iberia could have been made by sea, details are not known as yet. There are some historical reports of arrival of the Egyptian military fleet to Iberia some 5000 ybp; there are some allegedly Egyptian mummies and fragments of Egyptian tombs exhibited in the Royal Academy of History in Madrid and in the Tarragona City Museum. Their status, however, is rather vague. It seems, nevertheless, that bearers of R1b subclades, mainly R-M269, and newly formed L51 and L11 (see below) had arrived in Iberia and this was the beginning of the archaeological Bell Beaker culture.

Previous to discussing the Bell Beakers and history of the Arbins in Europe, it is worth mention of one more rather vague evidence of the R1b journey via ancient Egypt between 5500 and 5200 ybp. It concerns the alleged R1b haplotype of Pharaoh Tutankhamun.

Alleged Pharaoh Tutankhamun R1b1a1- M269* Haplotype and its Possible History

Recently the Swiss company iGENEA has published the alleged 16 marker haplotype of the Pharaoh:

13 24 14 11 11 14 X X 10 13 13 30 – 16 14 19 10 15 12
(alleged Pharaoh Tutankhamun haplotype,
www.igene.com/en/index.php?c=62).

Here the first 12 markers are shown in the FTDNA format, and the rest are DYS 458, 437, 448, GATA H4, DYS 456, 438. It is obviously not a typical European R1b1a2 haplotype, since it has DYS439=10, and not a common European 12. There are only about 0.5% R1b haplotypes in Europe with DYS439=10. The most likely and the most closely related base haplotype is that of R1b1a2-M269, shown

in Fig. 5, in which the same markers as those available in the Pharaoh haplotype are noted in bold:

12 25 14 11 11 14 11 12 12 13 13 29 – 17 9 10 11 11 25 **15 19** 29 15 15 16 17 – 10 **11 19**
23 **15 15 19 17 35 38 12 12** – 11 9 15 16 8 10 10 8 11 10 12 23 23 16 10 12 12 15 8 13 22
20 13 12 11 13 11 11 12 12 (M269)

There are 6.8 mutations between the two 16 marker haplotypes (some alleles in M269 haplotype are fractional), which translates to $6.8 / .0315 = 216 \rightarrow 274$ conditional generations, or 6850 years between them. Since Tutankhamun lived 3300 ybp, and the R-M269 base haplotype is 6200 ± 900 years “old”, then a common ancestor of the two lived $(6850 + 6200 + 3300) / 2 = 8175$ ybp. This might have been either an ancient R-M269 ancestor of the Tutankhamun from Central Asia, or the respective upstream subclade.

The main point here is that the Pharaoh haplotype is not some erroneously (or intentionally) picked European R1b1a2 haplotype; it is an archaic haplotype of R1b haplogroup, likely of the R-M269 ancient subclade.

It should be mentioned here that the founder of the Egyptian pharaohs was Narmer, the origin of whom is not firmly known, and was the founder of the First Dynasty, living ca. 32nd century BC -- around 5200 ybp. This date fits the migration times for the Arbins along the Mediterranean coast in North Africa. It cannot be excluded that the bearers of R1b haplogroup may have actually established the Royal lineage in ancient Egypt. It does not mean that the lineage was not interrupted through the Dynasties; however, it kept returning into the Dynasties, if the R1b origin of some Pharaohs is right.

The overview of the migratory path of the Arbins, bearers of R1b haplogroup, from Central Asia to Europe

An overall map of R1b migration routes from the very “beginning”, where “beginning” is undefined in detail thus far and can be estimated between 16,000 and 12,000 ybp, and until their arrival to the Pyrenees by 4800 ybp as future Bell Beakers, is shown in Fig. 10. Their migratory path was slowly taking place from Central Asia, apparently from Altay, South Siberia, when some very different R1b haplotypes were discovered. As it is described in the first sections of this paper, their tremendous mutational difference with European and Middle Eastern R1b haplotypes places their common ancestors at ~ 16,000 ybp.

The legend to Fig. 10 describes those Central Asian/Siberian populations. There are many Neolithic, Chalcolithic and Eneolithic archaeological cultures in the

area, such as Tersek, Ural, Surtandi, Mahandzhar, Iman-Burluk, Botai, Atbasar, Kelteminar, and other archaeological Central Asian cultures in present-day Russia (e.g. Zakharov, 2010), which might be assigned to the Arbins; however, it would be premature to assign any of them to R1b or to any other haplogroup. Such a task is quite new for archaeologists. It is tempting to point at Seroglazovo, Khvalyn, Samaran, Middle-Volga and adjacent archaeological cultures of 12,000 - 5000 ybp of the European Russian east as the most likely R1b cultures. We cannot, however for the same reason of prematurity and it would be irresponsible to suggest such at this time. The same may be said for Yamnaya, Catacomb and neighboring archaeological cultures of Central and South Russia, which apparently were shared by both R1b and R1a bearers, albeit in different time periods. R1b before 5000 ybp, R1a after 4500 ybp have confused archaeologists who have observed “different roots” of those cultures, spreading in different directions and in different times.

The map shows that current bearers of R1b spread over Central Russia up to Arkhangelsk on the White Sea. Very likely it was a relatively recent relocation although it remains to be determined. Currently there are only about 5% of R1b bearers in the European part of Russia.

As it was described above in this study, the Arbins went South through the Caucasus to Mesopotamia and the Middle East around 6000-5000 ybp; established the Sumer civilization; went westward via Egypt to the Atlantic, and across the Gibraltar Strait to the Pyrenees. On their way some R1b-V88 bearers split; went deep into Africa, and currently populate Cameroon and Chad in appreciable amounts (see legend to Fig. 10 and description and references above). By 4800 ybp the Arbins have reached Iberia to become the first Bell Beakers. This date was obtained for a common ancestor of haplotypes of P312 and U106 subclades (see the next Section), and is supported by archaeology data (Cardoso and Soares, 1990; Martinez et al, 1996; Cardoso, 2001; Muller and Willigen, 2001; Nocete, 2006).



Figure 10. The map of R1b haplotype locations considered in this study, until they arrived to Iberia ~ 4800 ybp. The overall migration path of the Arbins had apparently started in South Siberia, where present day R1b haplotypes of the Shors, Teleuts, Altayans, Uighurs, Khakass, Tuva people (the right-hand side pins) are tremendously different from those in Europe and the Middle East. The migration route continued through the regions in Middle Asia and Russia, where Bashkirs, Kazakhs, Uzbeks, Mari, Tatars, Kalmyks presently live. From the Central Russia region the Arbins moved to the Caucasus and further South to Anatolia, Middle East, present day Iraq, Lebanon, and then westward along the Mediterranean Sea onto Northern Africa to the Atlantic. On that way R1b-V88 bearers split and went deep into Africa, where their descendants currently live in Cameroon and Chad (Cruciani et al, 2010). Their migratory path into Africa is reproduced here from the above reference. The map shows R1b locations previous to arrival to the Pyrenees ~4800 ybp, from where they moved North as Bell Beakers and populated Europe between 4800- 3000 ybp and later.

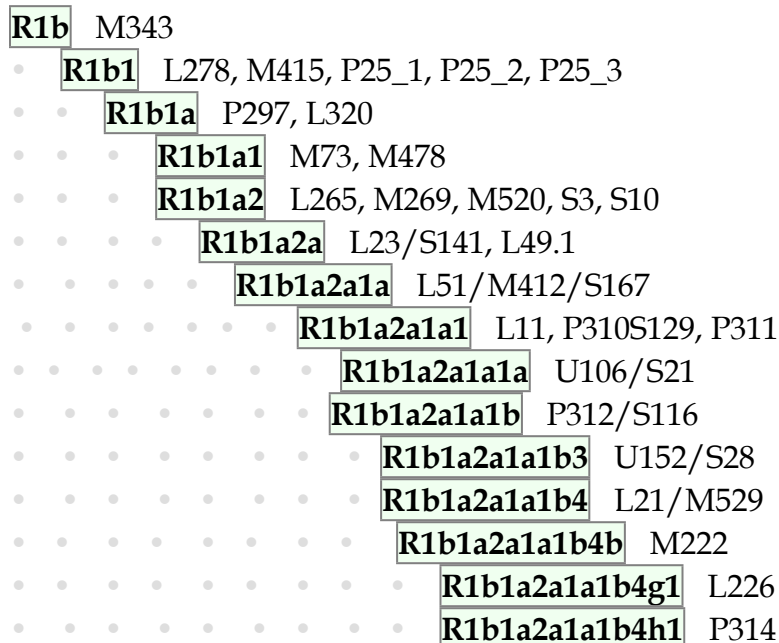
Several Entry Routes of R1b1a2 haplotypes to Europe: from the Russian Plain, from Asia Minor/Middle East, from the Pyrenees

To sum up the preceding section, the Arbins were entering Europe from the east by several routes: from the Russian Plain (between the Pontic Steppes and the Baltic Sea); from Asia Minor and the Middle East; and after a long way around Mediterranean Sea to Iberia, up north to the European continent. The first two principal routes were associated with bearers of the R-L23 subclade. The Iberian

route was made by mainly M269 which at the time of entering the Pyrenees split R-L51 and immediately after R-L11. Both are very similar and have very close timespans to their common ancestors, as it is shown in the next section. In 4850 ybp L11 promptly split off two “brother” subclades, P312 and U106 (Klyosov, 2011b) which after a long “population bottleneck” on the edge of extinction, eventually survived and expanded around 4000-3700 ybp, and actively populated Europe, first as Bell Beakers, between 4000 and 3000 ybp, and then up to the era of Ancient Rome, Gauls and Celts, mentioning only those names which present certain “milestones” in history. In fact, there were dozens if not hundreds of ancient R1b tribes in Europe.

Main R1b1a2 Subclades on the European Continent. Entering Europe 4800-4500 ybp from the East and from the South West

Nearly all haplotypes of the subclade R-M269 6000-5000 ybp belonged either to R-M269* para-group, or to its downstream subclade R-L23. The Arbins who had migrated from the east to Europe during those times mostly carried DYS393=12. Currently we see only those R1b1a2 (xL23) haplotypes in Europe, which are derived from common ancestors who lived a maximum ~ 4500 ybp. Either descendants of more ancient L23 ancestors have not survived into the present time or there were none from the eastern Russian Plain, Asia Minor, and the Middle east.



The above diagram shows that the immediate downstream subclades of R-L23 were L51 and then L11 (ISOGG-2012, in an abbreviated form). The dynamics of these subclades is much more understood via Iberia into the continent where the migration of the Arbins is being identified with the Bell Beakers.

The question is - where those L51 and L11 subclades could have arisen? If they are 6000-5000 years "old", they could have split in Asia Minor, the Middle East or on the Russian Plain, and enter Europe from there. The "intraclade" haplotypes, that is only L51 or only L11 subclade, might reflect population bottlenecks, hence, look "younger" than they in fact should be (in terms of mutations and the respective TMRCA). However, their "interclade" comparison could reveal their lost (due to bottlenecks) timespans to more ancient common ancestors. To analyze those subclades, a combined L51-L11 haplotype tree is shown in Fig. 11.

One-third of haplotypes on the tree belong to the L51 subclade, and they occupy the right side. Another two-thirds are L11 haplotypes, which are on the left and make some "insert" branches on the right. The 67 marker haplotypes of L51 and L11 subclades are very similar, therefore the tree could not distinguish them in a number of cases; hence, the mix of the branches. The tree also shows that the "age" of the two subclades is also very similar, since the "height" (which generally indicates the "age") of the branches around the tree is about the same. The base haplotype of R-L51 subclade is as follows

**13 24 14 11 11 14 13 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 30 15 16 17 18 - 11 11 19
23 16 15 18 17 36 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12 16 8 12 22
20 14 12 11 13 11 11 12 12 (L51)**

It deviates from the base R-L23 haplotype (5400±800 ybp) by 9 mutations (12 mutations are marked above, but many of them are fractional), that is by $9 / .12 = 75 \rightarrow 81$ generations, or ~ 2025 years of the "lateral" distance. All 15 haplotypes contain 280 mutations from the base haplotype, which gives $280 / 15 / .12 = 156 \rightarrow 184$ generations, or 4600±535 years from their common ancestor, L51. In turn, it gives $(2025+5400+4600) / 2 = 6000$ years, which is an "age" of a common ancestor of both L23 and L51 subclades. Obviously, it is the common ancestor of L23 subclade himself.

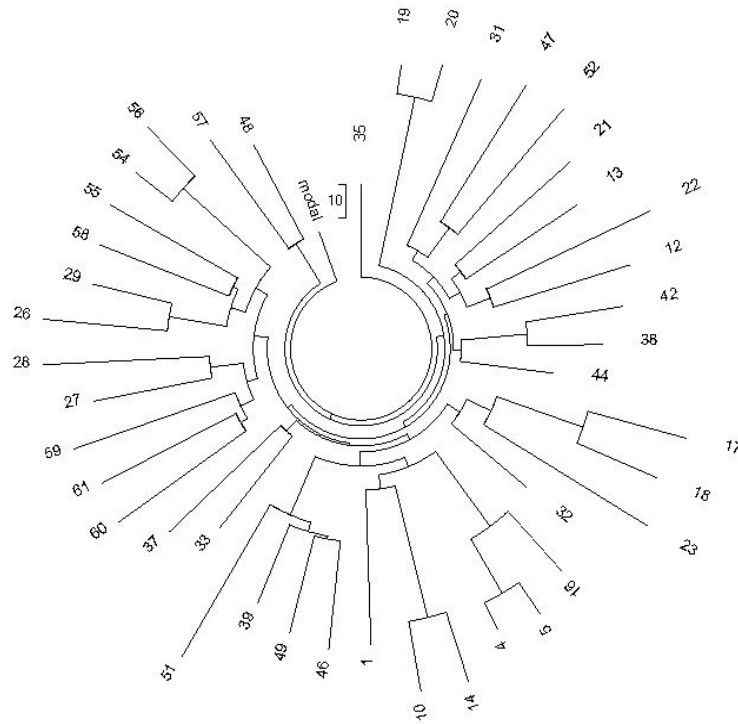


Figure 11. The 67-marker tree composed with 42 haplotypes of the R-L51 subclade (15 haplotypes on the right, numbers between 1 and 23) and R-L11 (27 haplotypes on the left, numbers between 26 and 61). Haplotypes are listed in the FTDNA public Project <http://www.familytreedna.com/public/ht35new/default.aspx>

In other words, the “age” of the L51 subclade as 4600 ± 535 years is obtained from mutations on the L51 branch on the tree (Fig. 11) and confirmed (i) by a mutational distance from the base haplotype of the parent L23 subclade, (ii) by the “age” of the L23 subclade, determined earlier, and (iii) by the general phylogeny of the R1b subclade. The “age” of the L51 subclade fits well with the arrival time of the Arbins to Iberia (4800 ybp), to the distribution pattern of the current bearers of L51 in Europe (the highest frequency is in the Pyrenees and immediately up north in France and on the Isles, see [Myres et al, 2010]). It is practically absent in European South-East, East, and North-East (ibid.).

Analysis of the L11 subclade is more complicated since its haplotypes are spread around the tree by at least four branches, each with its common ancestor. They differ from each other by 32 mutations which gives $32/4/.12 = 67 \rightarrow 72$ generations, or 1800 years below their average “age” ~ 2500 years. Therefore the “age” of the R-L11 subclade is ~ 4300 years, which is indeed consistent with

4600±535 years for the L51 subclade. The base haplotype for the L11 subclade is as follows:

13 24 14 11 11 14 **12** 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 30 15 **15** 17 **17** - 11 11 19
 23 16 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 (L11)

Five deviations between them (marked in bold) present in fact 3.7 mutations (since most of them are fractional), which gives $3.7/.12 = 31 \rightarrow 32$ generations; that is only 800 “lateral” years between them. This confirms that L51 and L11 subclades are very close to each other in time. Their common ancestor (which presumably should be L51) lived $(800+4600+4300)/2 = 4850$ ybp. It seems that L11 split off only ~ 250 years later. All of them are likely to have established the archaeological Bell Beaker culture. The oldest artifacts of the Bell Beakers were found in Portugal, dated 4800-4600 ybp (Cardoso and Soares, 1990; Martinez et al, 1996; Cardoso, 2001; Muller and Willigen, 2001; Nocete, 2006).

Main R1b1a2 Subclades on the European Continent. Population of Europe after 4800 ybp, main subclades on the Isles and their likely origin

The phylogeny of R1b (see the diagram above) shows that the further downstream subclades of R-L11 are P312 and U106. Their 67 marker haplotypes are as follows:

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 (P312)

13 **23** 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 **16** 15 **17** 17 **37** **39** 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 **13** 12 (U106)

There are 5.5 (marked in bold) mutations between them (DYS456 in P312 fluctuates between 15 and 16 in various datasets), which separates the two base haplotypes by $5.5/.12 = 46 \rightarrow 48$ generations, or by 1200 years. Since common ancestors of both subclades lived 4350 ± 700 and 4175 ± 430 ybp (Klyosov, 2011b), their common ancestor lived $(1200+4350+4175)/2 = 4850 \pm 700$ ybp. Indeed, it is the “age” of the subclade L11 within margin of error. Generally, it is safe to accept the “age” of both P312 and U106 as ~ 4200 ybp, since estimates, depending on a dataset, are fluctuating around this value. There is 1200 years between them (see above) which defines a timespan to their common ancestor,

L11, as $(4200+4200+1200)/2 = 4800$ ybp.

As it was stated above, the four subclades, L51, L11, P312 and U106 historically represent the first wave of Bell Beaker movement from Iberia to the European continent. The highest frequency of P312* subclade in Europe is currently observed in Iberia (Myres et al, 2010), however, it is naive to judge ancient locations of the subclades based on their current distribution. The mixing of them on the Continent has been too intense in the past millennia to make any unambiguous extrapolations. The current regional distribution of the R-M269's downstream subclades which moved from the Pyrenees nearly five millennia ago is classically non-informative, except in instances of some local subclades. One of them is R-M222.

It seems that the history of R-M222 appearance on the Isles may have begun with seafaring carriers of L11* bearers from Iberia to the Isles some 4500-4000 ybp. However, it is just one theory. Other involve migrations of L21 bearers to the Isles by land. Then, P312, a downstream of L11, is also intensely represented on the Isles along with its downstream subclades, as well as its "brother" subclade U106 and its downstreams (ibid). L21, a downstream of P312, is abundant on the Isles, unlike its "brother" subclade U152 (ibid). This ancient migration of the Arbins from Iberia to the Isles explains some genetics data on the "Spanish origin of the Irish".

M222, a downstream of L21, is among the most represented R1b subclades on the Isles. A massive Ireland Heritage FTDNA project (see Appendix) lists several thousand of R1b (with subclades) haplotypes in the Isles, of which M222 is the largest, and includes about 25% of all R1b (Klyosov, 2010e). The subclade is expressed the most in Ireland. In Scotland it is observed mainly in the lowlands and in central region, and poorly presented in England. The base haplotype of the M222 subclade is:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 - 11 11 19
23 17 16 18 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 21 23 16 10 12 12 16 8 12 25
20 13 12 11 13 11 11 12 12 **(M222)**

It is of interest that the above base haplotype differs from the "brother" base haplotypes of P312 and U106 by 18 mutations in each case (in fact, 15 mutations, since some mutations are fractional). It shows that P312 and U106 are indeed very close (in time and in heritage) base haplotypes, and that their common ancestor, a bearer of L11 base haplotype, lived very close in time to both of them. 15 mutations place their common ancestor at 4600 ± 500 ybp.

Multiple analyses of M222 haplotype datasets gave a timespan to its common ancestor of currently living M222 descendants of 1450 ± 160 years (Klyosov, 2010e). However, cross examination of a number of lineages in the M222 subclade has shown that the M222 lineage arose not later than in the beginning of the Common Era, some 400 years earlier than the above estimate. It points to a possible population bottleneck between the time when M222 arose, and the expansion of the subclade in the middle of the 1st millennium CE. One cannot possibly say, at least yet, where specifically the M222 subclade first appeared (that is, the G \rightarrow A single nucleotide mutation occurred in certain nucleotide of Y chromosome of a certain individual, the bearer of the upstream L21 subclade), whether in the Isles, in North Western Europe, or elsewhere. We also cannot determine specifically against what - R-M222 direct descendants have been struggling for survival for several centuries. Was it a long climatic event? The Roman invasions? Epidemics? Famine?, or a combination? We know, however, that it was the Isles where this mutation on the Y chromosome was eventually carried on and flourished.

The phylogenic diagram shows that the M222 mutation arose concurrently with its "brother" SNP mutations which now define subclades L226 and P314. The first one has a common ancestor who lived 1500 ± 170 ybp, which is at the same time with that of M222, albeit in L226 the subclade-defined mutation was C \rightarrow T. Its base haplotype is as follows:

13 24 14 11 11 14 12 12 11 13 13 29 - 17 8 9 11 11 25 15 19 29 13 13 15 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 15 10 12 12 15 8 12 22
 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L226)

It differs by as many as 21 mutations from its "brother" M222 subclade, despite the observation that their common ancestors lived at the same time. It only confirms that their common ancestor, the founder of subclade L21, lived around 4100 ybp. It also shows that L21 formed almost immediately from P312 (see the phylogenic diagram) since P312 arose 4350- 4200 ybp and L21 around 4100 ybp. Their 67 marker haplotypes are identical, within some fractional mutational difference:

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 (P312)

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 16 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 (L21)

The only apparent difference, in DYS456, is also fractional, since this allele fluctuates in P312 between the values of 15 and 16.

Despite their similar chronology, subclades M222 and L226 have quite different histories for the preceding 2600 years. Yet another “brother” subclade, P314 (more accurately, P314.2, since the same P314 SNP mutation, T → C, has occurred in haplogroup H2a), is somewhat “older”, with its 2225±300 ybp; however, it could be within the same time frame when M222 actually arose. Its base haplotype

13 23 14 11 11 14 12 13 13 13 13 29 - 17 9 10 11 11 26 15 19 29 15 15 16 17 - 10 11 19
23 16 15 18 18 37 38 12 12 - 11 9 16 16 8 10 10 8 11 10 12 23 23 17 10 12 12 15 8 12 22
20 13 12 11 13 11 11 12 12 (P314.2)

is again remote from those of M222 and L226 subclades, by 24 and 17 mutations, respectively. It is a third, completely different lineage in the L21 family. The 10 full mutations from its L21 parent base haplotype gives $10/.12 = 83 \rightarrow 91$ generations, or 2275 years of the mutational difference, and places the beginning of the L21 subclade at $(2275+4100+2225)/2 = 4300$ years, which is within margin of error from 4100 years estimated above. All these base haplotypes along with the intraclade and interclade datings form a rather robust system of DNA genealogy of the Arbins in Europe and Asia.

MATERIALS AND METHODS

Four thousand four hundred eight (4408) of R1b haplotypes (with subclades) were collected in databases from FTDNA, YSearch, and in peer review publications.

The methodology of haplotype datasets analysis was described in the preceding publication in this journal (Rozhanskii and Klyosov, 2011). In this study the linear and the logarithmic method were employed; the latter when the base haplotype in the dataset was easily identifiable, as described in (Klyosov, 2009c). The mutation rate constants are listed in (Klyosov, 2009c; Rozhanskii and Klyosov, 2011), and for a number of cases are given in the text of this paper. The most widely used mutation rate constants, including those employed in this paper, are as follows (in a number of mutations per haplotype per the conditional generation of 25 years); the references show examples of the haplotypes in the format indicated:

0.013, the 8 marker haplotype (Zhong et al)
0.017, the 8 marker (Contu et al)
0.018, the 10 marker (Myres et al)
0.020, the 11 marker (Cruciani et al)
0.019, the 11 marker (Zalloua et al)
0.020, the 12 marker FTDNA format
0.024, the 12 marker (Malyarchuk et al)
0.034, the 17 marker Y-filer format (Herrera)
0.035, the 19 marker (Balanovsky et al)
0.046, the 25 marker FTDNA format
0.090, the 37 marker FTDNA format
0.120, the 67 marker FTDNA format
0.198, the 111 marker FTDNA format

FTDNA haplotype formats are given in
<http://www.familytreedna.com/faq/answers.aspx?id=9>

Haplotype trees were composed using software PHYLIP, Phylogeny Inference Package program (see Klyosov, 2009c,d and references therein). Corrections for back mutations were introduced as described in (Klyosov, 2009c). Margins of error were calculated as described in (Klyosov, 2009c).

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, derived from one common ancestor. 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 (Klyosov, 2009c):

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

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. The following examples are based on specific cases in this study.

Example 1: Calculation of a timespan to a common ancestor of the branch (the most remote on the haplotype tree shown in Fig. 1) which contains 12 of eight marker haplotypes collectively having 65 mutations from their base haplotype. Since the mutation rate constant for these haplotypes equal to 0.013 per haplotype per a conditional generation (25 years), we have $65/12/.013 = 417 \rightarrow 619$ generations, that is $619 \times 25 = 15,475$ years to a common ancestor of the branch. The arrow shows a correction for back mutations. This correction can be calculated using a formula (1) as follows. Since the observed number of mutations per marker is $65/12/8 = 0.677$, we employ formula (1) and obtain

$$\frac{1}{2}(1 + \exp(0.677))$$

The obtained number of 1.484 is the coefficient of the correction for back mutations. Therefore, by multiplying 417×1.484 , we obtain that the corrected number of generations is 619, that is $619 \times 25 = 15,475$ years. This is usually designates as $417 \rightarrow 618$ (generations). Since for 65 mutations in the dataset the margin of error is 15.93% (calculated as explained in Klyosov, 2009c), we at last obtain the timespan to a common ancestor of the haplotypes to be equal to $15,475 \pm 2,500$ years.

Example 2: Two 67 marker base haplotypes of subclades R-P312 and R-U106 differ by 5.5 mutations (see the text above). Applying the same rule explained in the preceding example, we get $5.5/.12 = 46 \rightarrow 48$ generations, that is 1200 years from a common ancestor of the two base haplotypes (that is, of the two subclades). Should the two base haplotypes have the same “age” (the same TMRCA), their common ancestor lived 600 years “deeper” in time from either one of them. However, in this particular case the two TMRCA are equal to 4350 and 4175 years, respectively. Therefore their common ancestor lived $(1200+4350+4175)/2 = 4850$ years ago.

Conclusions

The results of this study lend a support to the theory that haplogroup R1b arose in Central Asia, apparently in South Siberia or the neighboring regions, around 16,000 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 (Klyosov, 2011d). 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/R1a1 ~ 20,000 ybp (the timeframe between the appearance of R1a and R1a1 is uncertain) and R1b ~ 16,000 ybp (ibid.).

Based on the respective syllables, we call bearers of R1a the Aryans, and those of R1b the Arbins. In the first case that name is justified since the bearers of the R1a haplogroup became the legendary Aryans who arrived in the Hindustan and Iranian Plateau ~ 3500 ybp. In other words, those Aryans belonged to R1a haplogroup, hence, the double meaning (albeit coinciding) of the term the Aryans. The Arbins is a convenient common term in avoidance of the repetition: "The bearers of haplogroup R1b".

At some point in time, the Arbins began migration to the west, across Central Asia, North Kazakhstan, South Urals, to the Russian Plain where they have established a number of archaeological cultures between 12,000 and 4500 ybp (including apparently Seroglazovo, Khvalyn, Samaran, Middle Volga, Drevneyamnay, Catacomb, and also "Proto-Kugran" and/or "Kurgan" cultures which are largely considered as controversial and not accepted by many historians; it should be emphasized that all those above suggestions regarding the archaeological cultures can be viewed at present only as very tentative ones). They migrated southward, in part (leaving their R1b haplogroup and the respective haplotypes behind), over the Caucasus to Anatolia around 6,000 ybp; to the rest of Asia Minor, and to the Middle East. The Arbins have apparently established the Sumer culture and the state and migrated westward to Europe by several routes, carrying mainly the R-M269 subclade and its downstream L23 subclade. One route is the northern route, from the Russian Plain to the west, ~ 4600-4400 ybp; another, concurrently along Asia Minor and the Middle East westward with the same two subclades; and yet another which will populate Europe the most, migrating along North Africa - Mediterranean Sea via ancient Egypt to the Pyrenees, to arrive ~ 4800 ybp. On this route the R1b-V88 tribe split off and went south, eventually to Central Africa (mainly Cameroon and Chad

judging by their present-day distribution), where a common ancestor of the current R1b-V88 haplotype lived ~ 4400 ybp.

At the arrival time to Iberia ~ 4800 ybp, the M269 subclade split off M51 and soon thereafter L11 and its downstream subclades. They became the Bell Beakers and moved north along with newly arisen subclades P312 and L21, the latter within a few centuries after P312. Those subclades and their downstream clades have effectively without major interruptions populated Europe from the Atlantic to the Balkans, Carpathian Mountains, present day Poland, the western border of the Russian Plain, to the Baltic Sea evidenced by the smooth haplotype trees as witness to non-stop proliferation of R1b haplotypes.

The Isles had a different history of their R1b haplotypes and lineages. The bearers of L11, P312 and L21 moved to the Isles by land and sea concurrently with those Arbins who were populating Europe between 4000 and 2500 ybp, and formed the respective “local” subclades, such as P314, M222, L226, which largely populated the Isles. As a result, a significant part of the Isles is populated almost exclusively by the Arbins whose frequency reaches 92-96% among the population. In general, the frequency of the Arbins in Western and central Europe reaches – albeit not uniformly – some 60% of the population.

This study essentially presents an example of the application of DNA Genealogy for studying the history of mankind. This example is a complex and challenging endeavor which also touches upon some mysterious puzzles of history and linguistics. One of those puzzles is what language or languages were spoken by the Arbins from 16,000 to 3000 ybp – and it almost certainly was a continuing, in its dynamics, a non-IndoEuropean language. Assumptively, these languages are considered by linguists as assorted and disconnected “dead” and not-so dead languages, such as proto-Turkic, Sumer, North-Caucasian, Dene-Caucasian, Basque, and many pre-IndoEuropean languages in Europe of 5000 – 2000 ybp, some later. The language of the Arbins may have been originally one language easily flowing through millennia and across Eurasia. However, this is a subject of another study.

Acknowledgments

The author is indebted to Susan Hedeem for her valuable help with the preparation of the manuscript.

References

- Balanovsky, O., Dibirova, K., Dybo, A., Mudrak, O., Frolova, S., Pocheshkhova, E. et al. (2012) Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region. *Mol. Biol. Evol.* 29, 359-365.
- Balaresque, P., Bowden, G.R., Adams, S.M., Leung, H.-Y., King, T.E., Rosser, Z.H. et al. (2010) A predominantly Neolithic origin for European paternal lineages. *PLoS Biology* 8, doi:10.1371/journal.pbio.1000285
- Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Janicijevic, B., Parik, J., Rootsi, S. et al. (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. et al. (2003b). Y chromosomal heritage of Croatian population and its island isolates. *Europ. J. Human Genetics* 11, 535 - 542.
- Bengtson, J.D. (1997) The riddle of Sumerian: a Dene-Caucasian language? *Mother Tongue*, 3, 63-74.
- Capelli, C., Brisighelli, F., Scarnicci, F., Arredi, B., Caglia, A., Vetrugno, G. et al. (2007). Y chromosome genetic variation in the Italian peninsula is clinal and supports an admixture model for the Mesolithic-Neolithic encounter. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44, 228 - 239.
- Cardoso, J.L. (2001) Le phenomene campaniforme dans les basses vallees du Tage et du Sado (Portugal), in: *Bell Beakers Today* (ed. F. Nicolis), Trento, Ufficio Beni Archeologici, pp. 139-154.
- Cardoso, J.L., Soares, A.M. (1990) Chronologia absoluta para o campaniforme da Estremadura e do Sudoeste de Portugal, in: *O Arqueologo Portugues Serie IV 8-10*, pp. 203-228.
- Cinnioglu, C., King, R., Kivisild, T., Kalfoglu, E., Atasoy, S., Cavalleri, G.L. et al. (2004) Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Hum. Genet.* 114, 127-148.
- Contu, D., Morelli, L., Santoni, F., Foster, J.W., Francalacci, P., Cucca, F. (2008) Y-Chromosome based evidence for pre-Neolithic origin of the genetically ho-

homogeneous but diverse Sardinian population: inference for association scans. *PLoS ONE*, 3. Doi:10.1371/journal.pone.0001430.

Cruciani, F., Trombetta, B., Sellitto, D., Massaia, A., Destro-Bisol, G., Watson, E. et al. (2010) Human Y chromosome haplogroup R-V88: a paternal genetic record of early mid Holocene trans-Saharan connections and the spread of Chadic languages. *Eur. J. Human Gen.* doi:10.1038/eihg.2009.231, 6 January 2010, 1-8.

Di Gaetano, C., Cerutti, N., Crobu, F., Robino, C., Inturri, S., Gino, S. et al. (2009) Differential Greek and northern African migrations to Sicily are supported by genetic evidence from the Y chromosome. *Eur. J. Human Genetics*, 17, 91-99.

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T. et al. (2009) Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. *Hum. Genet.*, 126, No. 5, 707-717.

Herrera, K.J., Lowery, R.K., Hadden, L., Calderon, S., Chiou, C., Yepiskoposyan, L. et al. (2011) Neolithic patrilineal signals indicate that the Armenian plateau was repopulated by agriculturalists. *Eur. J. Human Genetics*, doi:10.1038/ejhg.2011.192 (16 November 2011).

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

Klyosov, A.A. (2008a) Mysteries of the “Western European” haplogroup R1b. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 1, 568-630 (in Russian).

Klyosov, A.A. (2008b) Origin of the Jews via DNA genealogy. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 1, 54-232.

Klyosov, A.A. (2009a) 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. (2009b) Once again on the “population mutation rate” of L. Zhivotovsky, or how fables are born. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*, 2, No. 7, 1162-1181 (in Russian).

Klyosov, A.A. (2009c) 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. (2009d) 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. (2010a) Haplogroup R1b1 and its subclades in Asia. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, 1676-1695 (in Russian).

Klyosov, A.A. (2010b) Haplotypes of haplogroup R1b in Central Africa. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, 369-378 (in Russian).

Klyosov, A.A. Haplogroup R1b. Part 2 (2010c). *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, 406-475 (in Russian).

Klyosov, A.A. (2010d) The “age” of subclade R1b1a2-M269 and its subclades (L23, L51, L11). *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, 1310-1315 (in Russian).

Klyosov, A.A. (2010e) Irish haplotypes and haplogroups. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, 1029-1053.

Klyosov, A.A. (2011a) Origin of ancient subclades of haplogroup R1b – regions and times. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 4, 2227-2245 (in Russian).

Klyosov, A.A. (2011b) 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. (2011c) Haplogroups and haplotypes in Armenia (haplogroups J2, R1b-L23, R1b-M269, and T-M184). *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 4, 1985-1993 (in Russian)..

Klyosov, A.A. (2011d) “Out of Africa” theory re-examined. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 4, 1908-1977 (in Russian).

- Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012a) Haplogroup R1a as the Proto-Endo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. *Adv. Anthropol.* 2, 1-13.
- Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012b) Re-Examining the “Out of Africa” Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids) in Light of DNA Genealogy. *Advances in Anthropology*, 2, in press.
- Kramer, S.N. (1971) *The Sumerians: Their History, Culture, and Character*. University of Chicago Press, Chicago, IL. ISBN 0-226-452-387, pp. 372.
- Lashgary, Z., Khodadadi, A., Singh, Y., Houshmand, S.M., Mahjoubi, F., Sharma, P. et al. (2011) Y chromosome diversity among the Iranian religious groups: a reservoir of genetic variations. *Annals Hum. Biol.* 1-8 (Early Online), doi:10.3109/03014460.2010.53562
- Lobov, A.S. (2009) Structure of the gene pool of the Bashkir subpopulations. *Abstract. diss. Cand. Biology. Science, Ufa* [the capital of Bashkiria], 23 pp.
- Mallory, J.P. *In Search of the Indo-Europeans: Language, Archaeology and Myth* (Thames and Hudson, London, 1989), 288 pp.
- Malyarchuk, B., Derenko, M., Denisova, G., Maksimov, A., Wozniak, M., Grzybowski, T. et al. (2011) Ancient links between Siberians and native Americans revealed by subtyping the Y chromosome haplogroup Q1a. *J. Hum. Genet.*, doi:10.1038/jhg. 2011.64
- Martinez, P.V., Lull, V., Mico, R. (1996) El vaso campaniforme, in: *Cronologia de la Prehistoria Reciente de la Peninsula Iberica y Baleares (c. 2800-900 cal. A.N.E.)*, eds. P.V.C. Martinez, V. Lull, Oxford, *British Archaeological Reports, International Series 652*, pp. 105-110.
- Morelli, L., Contu, D., Santoni, F., Whalen, M., Francalacci, P., Cucca, F. (2010) A comparison of Y-chromosome variation in Sardinia and Anatolia is more consistent with cultural rather than demic diffusion of agriculture. *PLoS ONE* 5, e10419, doi:10.1371/journal.pone.0010419
- Muller, J., van Willigen, S. (2001) New radiocarbon evidence for European Bell Beakers and the consequences for the diffusion of the Bell Beaker phenomenon, in: *Bell Beakers Today (ed. F. Nicolis)*, Trento, *Ufficio Beni Archeologici*, pp. 59-80.

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.

Nocete, F. (2006) The first specialized copper industry in the Iberian Peninsula: Cabezo Jure (2900-2200 BC, *Antiquity* 80, 646-657.

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.

Roewer L., Willuweit S., Kruger C., Nagy M., Rychkov S., Morozowa I. et al. (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, 219 - 223.

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

Semino, O., Passarino, G., Oefner, P.J., Lin, A.A., Arbuzova, S., Beckman, L.E. et al. (2000) The genetic legacy of Paleolithic *Homo sapiens sapiens* in extant Europeans: A Y chromosome perspective. *Science*, 290, 1155-1159.

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.

Weale, M.E., Yepiskoposyan, L., Jager, R.F., Hovhannisyan, N., Khudoyan, A., Barbage-Hall, O. et al. (2001) Armenian Y chromosome haplotypes reveal strong regional structure within a single ethnonational group. *Human Genetics*, 109, 659-674.

Wells, R.S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P.A., Evseeva, I., Blue-Smith, J. et al (2001) The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.* 98, 10244-10249.

Wiik, K. (2008) Where did European men come from? *J. Genetic Genealogy* 4, 35-85.

Zakharov, S.V. (2010) On the origin of Botai Culture. *Vestnik of Archaeology, Anthropology, and Ethnography*, 1, 49-58.

Zalloua, P.A., Xue, Y., Khalife, J., Makhoul, N., Debiane, L., Platt, D.E. et al. (2008) Y-Chromosomal diversity in Lebanon is structured by recent historical events. *Amer. J. Hum. Genet.* 82, 973 – 882.

Zhivotovsky, L. A., Underhill, P. A., Cinnioglu, C., Kayser, M., Morar, B., Kivisild, T. et al. (2004) The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population divergence time. *Am. J. Hum. Genet.* 74, 50–61.

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/R1b1b1/default.aspx?section=yresults>

<http://www.familytreedna.com/public/ht35new/default.aspx>

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

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

<http://www.familytreedna.com/public/R-L21/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>)

Предисловие редактора

Тема материала, представленного А.А. Тюняевым для публикации в настоящем издании, чрезвычайно интересна, и, поскольку наше издание в некотором отношении специализированное, особенно важно здесь избежать ошибок и неверных (или излишне «размашистых») интерпретаций в отношении ДНК-генеалогии даже в интересных статьях. Они в представленном материале есть, и их важно отметить.

Например, гаплогруппа R1a, конечно, не «русская», она появилась примерно 20 тысяч лет назад в Центральной Азии, и пришла длинным миграционным путем в Европу примерно 9 тысяч лет назад, причем пришла не сама гаплогруппа, конечно, а ее носители, у общего предка которых 20 тысяч лет назад произошла практически необратимая мутация цитозина в тимин в определенном участке Y-хромосомы. Этот путь пролегал через Тибет, Индостан, Иранское плато, Анатолию, через Босфор на Балканы, и много позже, примерно 5 тысяч лет назад, путь продолжился из Европы на восток, по Русской равнине, где разделился на несколько рукавов – один через Кавказ в Анатолию и далее в Сирию и Саудовскую Аравию, другой через Среднюю Азию на Иранское плато, третий на Южный Урал и далее на юг, в Индию, четвертый в Зауралье, на Алтай и в Северо-Западный Китай, пятый еще далее на восток, включая восточные районы Китая. Сейчас носители гаплогруппы R1a живут по всей Евразии, от Британских островов до Тихого океана, до Индии, Ирана, Ближнего Востока, и среди арабов доля гаплогруппы R1a достигает 9%. Так что «русской» гаплогруппу R1a, конечно, назвать нельзя, хотя, действительно, среди этнических русских юга России (Белгородская, Орловская, Курская области) ее доля доходит до двух третей, а местами наверняка и выше, но и у поляков, украинцев, белорусов, лужичан в Германии ее доля лишь немногим меньше – до 45-55%, а у лужичан, похоже, и до 80%. Так что гаплогруппа не «русская», конечно, ни по истории, ни по географии, ни по нынешнему распределению в мире, если, конечно, не выдвигать определение, что если в России доля чего-то больше, чем у остальных в мире, то это – русское, даже если это что-то пришло со стороны.

То же самое и с индоевропейским (ИЕ) языком, который до первой трети 20-го века называли «арийским». Назвать эту языковую группу «русской» будет ничем не обусловленным перефразом. Этот язык, будучи предковым прото-индоевропейским, или пра-ИЕ, или пра-прото-ИЕ (называют и так), мигрировал со своими носителями R1a по тем же территориям, упомянутым выше, окончательно сформировался в Европе ко времени своего расхождения по ветвям арийских языков, и большинство этих ветвей (или все они) на определенных стадиях своего динамического развития прошли по Русской равнине, и продвинулись, опять со своими носителями, в основном R1a, на те же упомянутые выше территории Кавказа, Месопотамии, Сирии, других регионов Ближнего Востока, Индии и так далее. Русский язык – часть семьи индоевропейских языков. Назвать все семью «русской» – это опять сильный перебор.

Я могу понять негодование автора представленной статьи в отношении фразы из (неназванной) энциклопедии – *«Где жили протославяне и их потомки праславяне, – вопрос дискуссионный»*. Автор, А.А. Тюняев, уже знает многие данные ДНК-генеалогии, правда, полученные лишь в последние несколько лет, которые во многом отвечают на поставленный вопрос. Сейчас мы знаем даже где жили носители каждой из 38 выявленных ветвей гаплогруппы R1a, и многие ветви из них действительно «протославянские», но энциклопедия писалась, видимо, много до того, как мы про это узнали. Но, если подумать, то же можно написать и про любых «прото» и «пра» – например – *«Где жили протофинны и протоугры – вопрос дискуссионный»*. Вопрос и в самом деле дискуссионный. Как и тот, где жили прототюрки, протокавказцы, протобаски, протогерманцы, протокаельты, протоэтруски и так далее, всё это – дискуссионные вопросы, без сомнения.

Автор пишет – *«В антропологическом аспекте русский язык является языком индоевропейской расы»*. Я понимаю, что вопрос можно сделать спорным (как и почти любой вопрос), но я лично не знаю такой расы – индоевропейской. Языковая семья – есть, раса – вряд ли. Венгры, например, не говорят на индоевропейских языках, но раса та же, как и у большинства европейцев. То же и евреи – у большинства из них раса европеоидная, но семитские языки – не индоевропейские. Я лично видел массу китайцев такой же расы, как и моя, но язык у них не индоевропейский. Вообще раса сейчас не зря понятие плохо определенное, и далеко не только по политическим соображениям. Похоже, когда образовались (точнее, прошли глубокое бутылочное горлышко и стали распространяться) первые неафриканские гаплогруппы примерно 64 тысячи лет назад, и от них отошли (или сформировались в своей основе) примерно 58 тысяч лет назад первые «европеоидные» гаплогруппы, то они были предками большинства людей

на Земле, не считая африканцев. Но за прошедшие полсотни тысяч лет расы у многих претерпели изменения. Я, признаться, не знаю точного определения расовых признаков многих американских индейцев, но они точно не все монголоиды. Сводная гаплогруппа IJK была определено европеоидной, европеоидной в основном и осталась, сейчас это в значительной степени европейцы, арабы и евреи. Сводная гаплогруппа NOR тоже была европеоидной, сейчас это в основном финны, южные и восточные прибалты, уральцы, алтайцы, большинство китайцев, а также до 80% большинство жителей Западной, Центральной и Восточной Европы, многие индийцы и иранцы. Среди них по расе и европеоиды, и монголоиды.

В ряде случаев автор явно использует жаргон, например – *«В указанное время в указанных регионах обнаружены ископаемые остатки индоевропейцев»*. Я не знаю, что такое ископаемые остатки индоевропейцев, когда ИЕ – это языковая группа, семья. Но не люди. Наверное, все-таки находили европеоидов, определяемых так по антропологическим признакам. В другом месте автор справедливо пишет, что *«обнаружены мумии европеоидов»*. Действительно, мы не знаем, были ли они по языку индоевропейцами.

Автор пишет – *«Весь указанный маршрут распространения «индоевропейцев» подтверждается аналогичным распространением носителей генетической гаплогруппы R1a1, которая в научной прессе названа «русской»*. Это, конечно, не так, никто в научной литературе не называет ее «русской». Почему – я пояснил выше.

«Совокупная численность носителей гаплогрупп I + R на Русской равнине и в Европе достигает 100%, что однозначно указывает именно на эти территории, как на место возникновения «индоевропейской» семьи языков». Неверно ни первое, ни второе. В Европе немало носителей гаплогрупп E, G, J, N, T. Среди осетин, например, часто полное преимущество гаплогруппы G, а они говорят на показательных индоевропейских языках. В отношении места возникновения ИЕ семьи языков – вопрос и среди лингвистов спорный, они уже 200 лет спорят и никак не могут выяснить. Но среди основных нескольких кандидатов – Анатолия, а это не Европа. Вообще корреляции между гаплогруппами и древними языками часто прослеживаются, но часто – это не всегда. Здесь в каждой конкретной ситуации нужен конкретный анализ. Похоже, что гаплогруппа I в древности вообще не имела отношения к индоевропейским языкам. В древней Европе была масса неиндоевропейских языков. Кстати, гаплогруппу I автор статьи тоже называет «русской», но в настоящее время это общеевропейская гаплогруппа, в России ее меньше, чем во многих

других странах (среди этнических русских 6.5% гаплогруппы I1, 15% гаплогруппы I2). Кстати, только что появились данные, что в дольмене (La Pierre Fritte) на северо-западе Европы, ближе к Британским островам, раскопали костные остатки носителей гаплогруппы I2a1 с датировкой 4750-4725 лет назад.

Следует отметить, что, по археологическим данным, присутствие европеоидов ранее конца мезолита – начала неолита (то есть 8 – 7-го тыс. до н.э.) ограничено только лишь территориями Русской равнины,

Это – интересный комментарий, и очень сильный, если других данных действительно нет. По имеющимся у меня данным находки были и в Центральной Европе, и на Балканах, и в Северной Африке, и на Ближнем Востоке, и на Кавказе, но, возможно, они недостаточно «европеоидны». Эту тему было бы интересно рассмотреть, с конкретными данными по «европеоидности», с датировками и прочими важными деталями.

Данные по двенадцати центральным областям Русской равнины показывают, что, начиная с раннего верхнего палеолита (50 тыс. до н.э.), Русская равнина была активно заселена.

Часто приходится слышать подобные сведения, но детали, судя по всему, засекречены. Или просто не опубликованы. Самые древние из обнаруженных костных остатков, судя по литературе, датируются 32.6±1.1 тыс. лет назад (Prat et al, 2011), причем на происки западных ученых не свалить – в авторах последней статьи А. Ваневич из Института археологии Украины. В работе (Richards et al, 2001) датировка человеческой кости из Костенок дана как 34-31.5 тыс лет. На сайте «Костенки» (www.donsmaps.com/lioncamp.html) датировка для костных остатков на Русской Равнине дана как 39-34 тыс лет. Более детально, датировки распределяются как 37-34 тыс лет для Костенки 1, 36 тыс лет для Костенки 12 и Костенки 17, 33 тыс лет для Костенки 14, 21 тыс лет для Костенки 11. В целом в Костенках насчитывают до 21 стоянок, все с подобными датировками.

По мнению авторов (Prat et al, 2011), если антропологическая картина в Западной Европе уже устоялась, и миграции древнейших анатомически современных людей в Европу хорошо известны, то соответствующие данные и представления для Восточной Европы «нечетки». Тем не менее, авторы (Prat et al, 2011) подчеркивают, что как в Западной Европе, так и в Восточной имеется сходная группа древнейших анатомически современных людей с датировками в диапазоне 40-29 тысяч лет назад. В

целом среди антропологов есть согласие, что анатомически современные люди в Европе, на Русской Равнине, на Кавказе и Ближнем Востоке ранее 41 тыс лет назад не найдены. Еще можно добавить, что в Костенках 14 с датировкой костей примерно 33 тыс лет назад была найдена линия мтДНК гаплогруппы U2 (Krause et al, 2009).

В принципе, некоторые стоянки, в том числе в Костенках, датируются 50 тысяч лет назад, но это не кости, а почва, неорганика, и прочие свидетельства того, что кто-то там в то время был. Но кто – неандертальцы, или «анатомически современные люди» - сказать невозможно.

10-тысячный рубеж численности древнерусская («общеиндоевропейская» доиндоевропейского периода) семья преодолела примерно 50 тысяч лет назад, то есть в полном соответствии с данными археологии, антропологии и генетики.

Я, признаться, не имею понятия, откуда эти данные, и как люди 50 тысяч лет назад могут быть названы «древнерусскими» или «общеиндоевропейскими». То есть, конечно, могут, если там сформулировать соответствующие определения. Например, если равнина Русская, то все на ней «русское», включая людей 50 тысяч лет назад. Но даже и в этом случае с данными «генетики» здесь трудности. Нет костей – нет данных генетики. Как и антропологии. Как, вообще говоря, и археологии, если только стоянки трудно-сказать-кого засчитать за археологические данные по древнерусским людям.

К раннему средневековью расстояние между соседними деревнями составляло всего около километра. И это уже тот период, относительно которого есть письменные источники и который принято отождествлять с русским народом и русским языком.

С этим, наверное, любой согласится.

Ну, и по следующему выводу представленной статьи

Семью языков, ныне именуемую «индоевропейской», следует именовать по географическому месту её формирования и по национальному признаку её исконных носителей – «русская семья языков» с необходимыми приставками, отражающими различные древние этапы её развития.

я уже выразил свое отношение выше. Никакая «официальная» лингвистика, разумеется, такое и рассматривать не будет. Я понимаю, всегда можно сказать, что представители «официальной» лингвистики

ничего не понимают, и на самом деле это случается, но все-таки такие соображения надо отстаивать сначала с ними, а уж потом помещать в наше издание.

В целом, подводя итог, повторю, что статья интересная и наводит на размышления. Одно это уже хорошо. Я, как редактор издания, был обязан высказаться по ряду положений статьи, как обычно делаю в отношении нетривиальных статей по нетривиальным вопросам. Читатели «Вестника» это знают.

ДОПОЛНЕНИЕ 1. Приведенное выше Предисловие было направлено автору статьи, А.А. Тюняеву, перед публикацией, с предложением высказаться, внести исправления или пояснения в статью, если на то будет желание. Автор высказался (ответ помещен после статьи), статья осталась в том же виде. Я не стал высказываться в ответ, иначе это превратилось бы в нескончаемый пинг-понг. Какой смысл, например, продолжать дискуссию по вопросу о том, что *«Данные по двенадцати центральным областям Русской равнины показывают, что, начиная с раннего верхнего палеолита (50 тыс. до н.э.), Русская равнина была активно заселена»* (А.А.Тюняев). На мое недоумение, откуда это, автор статьи сообщает, что в издании *«Археологическая карта России. Институт археологии РАН. В 15-ти томах. 1995 – 2005 гг» «подробно указанные и датированы все 50 тысяч археологических памятников 12-ти областей Центральной России. Ни в одной стране мира такого издания не существует, не говоря уж о таком количестве памятников»* и что *«специалисты-археологи прекрасно знают это издание, ибо они с ним работают ежедневно»*. То есть я спрашиваю про активное заселение Русской равнины 50 тысяч лет назад, а мне отвечают, что в издании отражены 50 тысяч археологических памятников, и что специалисты с ним ежедневно работают.

Короче, мое мнение, описанное выше, осталось тем же, мнение автора статьи – то же самое, осталось тем же. Очень хорошо. Читатели составят свое мнение, основываясь на наших соображениях, на своей эрудиции и на способности размышлять самим.

Но есть один вопрос, который не относится к русскому языку вообще и к теме статьи А.А. Тюняева в частности, но который автор статьи затронул в ответах на вопросы, причем в весьма категоричном виде. В ответ на мои слова о том, что гаплогруппа R1a «появилась примерно 20 тысяч лет назад в Центральной Азии, и пришла длинным миграционным путем в Европу», А.А. Тюняев пишет: *«В связи с этим, я по-прежнему не могу согласиться с (этой) позицией... Я повторю специально для читателей «Вестника», что в Центральной Азии не обнаружено никаких археологических памятников,*

датированных временем ранее неолита... В Центральной Азии человек современного типа появился вообще в самую последнюю очередь. И дата такого появления всего 9 – 10 тысяч лет назад... До неё – только неандертальцы или полное отсутствие следов человека вообще».

Это уже не семантика, как что называть – «индоевропейское», «арийское» или «русское». Это – позиция, тем более к лингвистике не относящаяся. Это – к вопросу о происхождении человека и его древним миграциям.

Я могу (теоретически) допустить, что все наши расчеты по мутации в гаплотипах неверны, что мутации в гаплотипах R1a в северном Китае, Монголии, Центральной Азии, на самом деле относятся не к 20 тысячам лет назад, а к 9-10 тысячам лет назад, и эта датировка их общего предка была перенесена и в Анатолию, и на Балканы, и далее в Европу, где мы ее и видим. Допустим. Но как тогда быть с появлением «нативных американцев», они же американские индейцы, в Америке между 19 и 13 тысячами лет назад (по разным данным)? Они, кстати, имеют в основном гаплогруппу Q, ту самую, что в Центральной Азии, и давно показано, что их маршрут пролегал от Сибири (а Сибирь – часть Центральной Азии) в Америку, и занял несколько тысяч лет. Они что, в Центральной Азии тоже неандертальцами были? И Америку неандертальцами пришли, а потом как-то переродились, гаплогруппу Q раздобыли?

Как быть со сводной гаплогруппой NOR, которая образовалась около 50 тысяч лет назад, прибыла в Центральную Азию (видимо, алтайский регион) не позднее 40 тысяч лет назад, разошлась там на восточно-азиатские ветви (в частности, гаплогруппу O) и алтайские ветви (в частности, гаплогруппу N), часть которых потом стали уральскими и далее «финно-угорскими», переходя на термины лингвистики? А ведь это расхождение было не позднее 20 тысяч лет назад. Что они, неандертальцами расходились? Откуда тогда гаплогруппы N и O? Гаплогруппа P еще должна была дожить до образования гаплогруппы Q, той самой, частью мигрировавшей в Америку никак не позже 20 тысяч лет назад. Они что, неандертальцами были в ходе миграции, и потом чудесным образом ставшие америндами?

Более того, гаплогруппа Q образовалась из P, что привело к образованию гаплогруппы R, далее R1, и далее R1a и R1b, опять же в Центральной Азии, и даже без количественного анализа мутаций ясно, что это было значительно ранее чем 10 тысяч лет назад. Об этом говорят и гаплотипы R1a в Центральной Азии, приводящие к древним датировкам. Это датировки не оторваны от других свидетельств древности, как наличие тех же американских индейцев гаплогруппы Q. И R1a оттуда, из Центральной

Азии, не по воздуху в Европу перелетели, они прошли длинным миграционным путем, в который автор представленной статьи не верит. В общем-то, пусть не верит, но отчего так категорично?

Далее, маханджарская культура в Центральной Азии (Казахстан) датируется 9-11 тысячами лет назад, и там в огромной долине жило большое количество людей, по данным археологов, от них остались грандиозные культовые (наверное) сооружения. Это люди откуда там взялись? От неандертальцев?

Самая главная «концептуальная» ошибка – это считать, что если следов не нашли, то ничего не было. Спросите любого криминалиста. Он скажет, что если пока не нашли, то обязательно найдутся.

А.А. Клёсов

ДОПОЛНЕНИЕ 2.

Статья была направлена на рецензию профессиональному археологу-лингвисту С.В. Конче, полемика с которым по теме индоевропейцев была опубликована в предыдущем выпуске Вестника. Как читатель может убедиться, я отнюдь не считаю свое мнение в лингвистике или археологии весомым, и предпочитаю иметь независимое мнение профессионала. С. Конча дать рецензию отказался, сопроводив свое решение нелецеприятными словами в адрес как автора статьи, так и в адрес любого издания, которое эту статью надумает опубликовать. Моя первая мысль была его слова не публиковать, и убрать его письмо в дальний угол. Но по размышлению пришел к выводу – а почему нет? Ведь по словам автора статьи *«На мой взгляд, редактор зря берётся говорить за всю официальную лингвистику»*. Более того, я знаю, что А.А. Тюняев критики не сторонится, и часто на нее умышленно идет. Тогда вот что пишет представитель «официальной лингвистики» (и то наиболее сильные выражения я снял):

* * *

...Ничего кроме набора нелецеприятных (для автора статьи) выражений сказать по её поводу я не могу. Поверьте, мне не хочется всё это высказывать Вам... но другого выхода Вы мне не оставляете.

Комментировать статью я не буду, т. к. нет смысла комментировать то, что находится не только за пределами науки, но и за пределами здравого смысла. Если человек (имею ввиду автора статьи), прочитав множество

книг, имеющих отношение к науке, выучивший множество терминов, статистических данных, названий народов, языковых семей и т.д. при этом так и не понял, что есть наука и что есть научный метод, то уже ничто и никто ему не может помочь. Всякие дискуссии и обсуждения будут пустой тратой времени (хотя Вы, наверное, заметили, что какое-никакое терпение и стремление понять собеседника у меня всё же имеются).

...Предсказываю: пока Ваш журнал будет публиковать произведения подобные присланному, НИКТО из уважающих себя специалистов не захочет иметь с Вами дело. Автор может вырезать из позолоченного картона хоть тысячу медалей, развесить их в самых заметных местах, это ситуации не изменит.

...С одной стороны, Ваша книга, Ваши публикации и Ваши письма говорят о недюжинной целеустремлённости, об искреннем стремлении разобраться в прошлом человечества и, что главное, – о наличии у Вас действительно новой методики изучения этого прошлого. С другой стороны, при этом Вы публикуете статейки сомнительной ценности или заведомо антинаучные. Надо как-то определиться, что же для Вас важнее: объективное познание или доказательство любой ценой того, что русские (или кто бы там ни был) самые «индоевропейцы»...

... Повторяю – другого выхода Вы мне не оставляете.

С уважением и наилучшими пожеланиями,

С.Конча.

* * *

Ответ автора статьи, А.А. Тюняева на мою критику – после самой статьи.

Стадии русского языка и их соответствие данным археологии, антропологии и ДНК-генеалогии

Тюняев, А.А.

Академия фундаментальных наук,
Вычислительный центр РАН

Доклад представленный на Международной научно-практической конференции «Славянская культура: истоки, традиции, взаимодействие. XII Кирилло-Методиевские чтения». Государственный институт русского языка имени А.С. Пушкина и Исследовательский фонд «Межвузовская ассоциация молодых историков-филологов». Москва. 16 – 21 мая 2011 года. Доклад был отмечен медалью



Сегодня русский язык принадлежит к числу наиболее распространённых языков мира. Число говорящих на русском языке к 1970-му году составляло свыше 183 млн. чел. (перепись). Из 15-ти известных языковых семей (!) 13 имеют численность гораздо более низкую, чем численность носителей русского языка (не семьи) – это: дравидийская (191 млн. чел., или 4,9%); тюркская (89 – 2,3%), австроазиатская (65 – 1,7%), американская (33 – 0,8%), финно-угорская (23 – 0,6%), монгольская (4,2 – 0,1%), картвельская (3,7 – 0,09%), папуасская (3,1 – 0,08%), северокавказская (2,9 – 0,07%) и австралийская (0,1 – 0,0025%). Две семьи имеют схожие показатели – это: афразийская (191 – 4,9%), австронезийская (191 – 4,9%). И только две семьи обладают большим количеством носителей – это: китайско-тибетская (865

- 22,0%) и африканская (213 - 5,4%). Но сама так называемая индоевропейская семья языков, куда входит и русский, обнимает 47% говорящих, то есть почти половину. К указанной дате на 5-ти наиболее распространённых языках (китайском, английском, хинди, испанском, русском) говорило свыше 40% всего человечества.

Из указанных языков все имеют древнюю историю. Дравидийский уходит корнями в цивилизацию Хараппы (7 тыс. до н.э.) и глубже. Тюркский в (пока не известные) цивилизации древнего Тибета, которым уверенно приписывается глубина в 10 - 12 тысяч лет. Австроазиатская семья уходит к древним цивилизациям Юго-Восточной Азии глубиной тоже в несколько тысяч лет. Американские языки уходят корнями к первым поселенцам Америки (около 40 - 20 тыс. до н.э.). Финно-угорские языки уверенно уводят за даты в 10 и 20 тысяч лет до н.э., причём указывают расселение этих носителей на европейских территориях. Даже картвельская семья языков - отдельно - выводится на глубину 10 тысяч лет, а австралийская ещё глубже - к первым поселенцам Австралии - то есть 50 - 40 тысяч лет до н.э.

В этой уверенной древней картине происхождения ВТОРОСТЕПЕННЫХ языков мира именно индоевропейской семье и в её составе русскому языку не находится древнего места. Вот какая фраза о происхождении русского языка вошла в энциклопедии: *«Истоки русского языка уходят в глубокую древность. Примерно во 2 - 1-м тыс. до н.э. из группы родственных диалектов индоевропейской семьи языков выделяется протославянский язык (на поздней стадии - примерно в 1 - 7 вв. - называемый праславянским). Где жили протославяне и их потомки праславяне, - вопрос дискуссионный».*

Замазав носителей русского языка неизвестным ни в антропологии, ни в генетике термином религиозного наполнения - «славянский», - исследователи полностью спрятали как сам язык, так и вопрос его происхождения. А вторично обернув русский язык полностью противонаучным соединением «индоевропейский», «дискуссионный вопрос» был «успешно» переведён в разряд диссипативных: искусственно потерянных на многих тысячах километров от Индии до Европы.

Между тем, задача выявления корней русского языка не выглядит такой нерешаемой. И для её решения нужно всего лишь использовать те же методы, которые применяются при решении сходных задач для других семей языков. Это, первое, данные археологии, второе, данные антропологии и третье, данные генетики. Некоторые результаты уже

проделанной работы в указанных трёх направления мы сейчас и озвучим.

Для определения места рождения русского языка (древней его стадии) требуется выявить местность, для которой есть антропологические подтверждения присутствия в древности носителей этого языка. В антропологическом аспекте русский язык является языком индоевропейской расы. На основании многочисленных работ палеоантропологов (например, [1]), присутствие европеоидов в разные древние эпохи зафиксировано в разных местах планеты. Если в новейшее время это миграции носителей в Америку, Африку и Австралию, то неолите и бронзе это миграции на Тибет и Северный Китай – на востоке, в Северную Индию – на юго-востоке, в регион обычного расселения афразийских языков – на юге и в Европу – на западе.

В указанное время в указанных регионах обнаружены ископаемые остатки индоевропейцев, очевидно, говоривших на «индоевропейских» языках. Влияние этих языков на языки автохтонного населения известно и по расчётным, и по письменным источникам. Археологически указанные миграции сопровождались привнесением в территориально удалённые регионы одной и той же технологической традиции, известной под общим названием «культуры крашеной керамики». Если эти культуры нанести на карту и продатировать полученные районы, то получится полная картина миграции. Наиболее ранние из них окажутся в Юго-Западной части Русской равнины (Старчево, Винча и т.д.), чуть более поздние на Пелопоннесе (Сескло) и в Передней Азии, Шумере, Египте (Халаф, Харив, Обейд и др.), ещё более поздние в Средней Азии (Намазга-тепе, Анау и др.), в Индии (Хараппа) и самые поздние в Китае (Яншао) и Японии (Дзёмон и др.).

Эта картина миграций полностью подтверждается и антропологическими данными (например, в Таримской впадине, Северо-Западный Китай, обнаружены мумии европеоидов), и в генетическом плане. Весь указанный маршрут распространения «индоевропейцев» подтверждается аналогичным распространением носителей генетической гаплогруппы R1a1, которая в научной прессе названа «русской». Её обнаружили и у таримских мумий. Эта гаплогруппа представлена во всех указанных регионах в такой зависимости: чем дальше регион от центра Русской равнины, тем меньше процентное отношение носителей этой гаплогруппы. На Русской равнине 70% R1a1.

В генетическом плане кроме гаплогруппы R на Русской равнине распространена гаплогруппа I, чьи носители тоже в антропологическом

плане являются европеоидами (все остальные гаплогруппы являются неевропеоидными). Совокупная численность носителей гаплогрупп I + R на Русской равнине и в Европе достигает 100%, что однозначно указывает именно на эти территории, как на место возникновения «индоевропейской» семьи языков. Исследованию этого вопроса посвящена наша совместная работа с профессором А.А. Клёсовым, которая доложена на ряде научных конференций и опубликована в ряде специализированных научных журналов [2 – 4]. По мнению авторов, отсчёт начала одной из двух русских гаплогрупп (I) следует вести с 50 – 40-го тысячелетия до н.э.

В другой работе [5] то же показано и относительно второй русской гаплогруппы (R), а также рассмотрен вопрос соответствия указанных гаплогрупп носителям известных на Русской равнине археологических культур. Следует отметить, что, по археологическим данным, присутствие европеоидов ранее конца мезолита – начала неолита (то есть 8 – 7-го тыс. до н.э.) ограничено только лишь территориями Русской равнины, а миграции начались, напомним, с культур крашеной керамики. Так вот, к этому времени на Русской равнине последовательно сменилось несколько генетически связанных между собой археологических культур, начиная костёнковской археологической культуры (50 – 15 тыс. до н.э.) [6].

Следует отметить, что ранее 8-го тыс. до н.э. на других территориях, кроме Русской равнины и части Европы, современных людей не было. В Индии до 8-го тыс. до н.э. существовали только мустьерские культуры неандертальцев. В других регионах картина была аналогичной. Такая археологическая картина полностью соответствует картине, сформированной лингвистами – большинство языковых семей берут своё начало именно в 8-м (максимум, в 10-м) тысячелетии до н.э. По-прежнему нет соответствий только с одной семьёй. С той, которую нам приходится называть неправильным термином «индоевропейская» и которую по географическому месту исконного обитания её носителей следовало бы назвать «русская».

Естественно от лингвистов ожидать вопрос: насколько существенной была численность древнего населения на Русской равнине (чтобы говорить о возможности древнего формирования семья языков)? Отвечая на этот вопрос, представим результаты проделанного нами статистического анализа археологических памятников Русской равнины. Итоги этой работы были доложены на одной из самых авторитетных археологических и антропологических научных конференций «Человек и его биологическая и социальная история», проведённых Отделением историко-филологических

наук, Институтом этнологии и антропологии имени Н.Н. Миклухо-Маклая и Институтом археологии РАН 9 – 12 ноября 2009 года [7].

Данные по двенадцати центральным областям Русской равнины показывают, что, начиная с раннего верхнего палеолита (50 тыс. до н.э.), Русская равнина была активно заселена. Такое количество поселений было оставлено соответствующим количеством людей, которых мы вправе отождествлять с носителями древнерусского языка (или неправильно: «общеиндоевропейского» доиндоевропейской фазы). При этом до окончания мезолита этот язык имел достаточно небольшую – в пределах Русской равнины – территорию распространения, что способствовало формированию его как моноязыка (возможно, с небольшими диалектическими различиями).

Согласно данным археологии и ДНК-генеалогии [5], начиная с конца мезолита, целостность языка была нарушена миграционными процессами, направленными с территории Русской равнины на восток, запад и юг (культуры крашеной керамики). Что дало начало формированию «индоевропейской» семье языков.

В неолите – бронзе население Русской равнины участвовало в активных торговых отношениях с Востоком и Европой. Существовало несколько стабильных торговых путей: «нефритовый», «янтарный», «лазуритовый» (3 – 2-е тыс. до н.э.), «лазуритовый», «шёлковый» (1-е тыс. до н.э.), «шёлковый», «дирхемный» (1-е тыс. н.э.) и др. Пути проходили севернее Казахстана [8].

Лингвистические данные, полученные экстраполяцией современной пропорции носителей языков различных семей на более древние периоды, показывают ту же картину (основано на данных о численности населения Земли, например, [9]). Согласно ним, рубеж 10 – 20 тысяч носителей, необходимый, по мнению многих, для формирования самостоятельного человеческого общества, каждая языковая семья достигает в разное время. Если австралийская семья преодолела этот рубеж всего лишь на рубеже новой эры, финно-угорская, монгольская, картвельская и папуасская – около 6-го тыс. до н.э., то 10-тысячный рубеж численности древнерусская («общеиндоевропейская» доиндоевропейского периода) семья преодолела примерно 50 тысяч лет назад, то есть в полном соответствии с данными археологии, антропологии и генетики.

Количество археологических памятников на Русской равнине исчисляется десятками тысяч, в каждом последующем периоде увеличиваясь экспоненциально. К раннему средневековью расстояние между соседними

деревнями составляло всего около километра. И это уже тот период, относительно которого есть письменные источники и который принято отождествлять с русским народом и русским языком.

Заключение

1. На основании изучения комплексных данных археологии, антропологии, генетики, лингвистики процесс исторического формирования русского языка следует дополнить несколькими древними этапами: верхнепалеолитическим, мезолитическим, неолитическим (этап бронзового века соотносится с общеидноевропейской стадией).
2. Семью языков, ныне именуемую «индоевропейской», следует именовать по географическому месту её формирования и по национальному признаку её исконных носителей – «русская семья языков» с необходимыми приставками, отражающими различные древние этапы её развития.

Литература

1. Алексеева Т.И., Неолит лесной полосы Восточной Европы (Антропология Сахтышских стоянок). – М.: Научный мир, 1997.
2. Клёсов А.А., Тюняев А.А., Гипотеза о появлении гаплогруппы I на Русской равнине 52 – 47 тысяч лет назад // Третий междунар. конгресс «Докирилловская славянская письменность и дохрист. славянская культура», ЛГУ им. А.С. Пушкина, С.-Пб. - 12 – 14 мая 2010.
3. Клёсов А.А., Тюняев А.А., Гипотеза о появлении гаплогруппы I на Русской равнине 52 – 47 тысяч лет назад // Международная научно-практическая конференция «Проблемы комплексного изучения древнего и современных популяций человека». Институт истории НАН Республики Беларусь. – Минск. – 23 – 25 июня 2010 года.
4. Клёсов А.А., [Тюняев А.А., Гипотеза о появлении гаплогруппы I на Русской равнине 52 – 47 тысяч лет назад](#) // Вестник новых медицинских технологий. – 2010 г.
5. Клёсов А.А., Тюняев А.А., Происхождение человека по данным археологии, антропологии и ДНК-генеалогии. Бостон-Москва. – 2010 г.

6. Клёсов А.А., Тюняев А.А., [Происхождение человека \(по данным археологии, антропологии и ДНК-генеалогии\)](#). – Бостон – Москва: Белые Альвы. – 2010 г.
7. Тюняев А.А., [Динамика памятников Русской равнины: количественный подход](#) // Человек: его биологическая и социальная история: Труды Международной конференции, посвящённой 80-летию академика РАН В.П. Алексеева (Четвёртые Алексеевские чтения) / (отв. Ред. Н.А. Дубова); Отделение историко-филологических наук РАН; Ин-т этнологии и антропологии им Н.Н. Миклухо-Маклая РАН; Ин-т археологии РАН. – М. – Одинцово АНОО ВПО «Одинцовский гуманитарный институт». – 2010 – Т. 1. – 242 с.
8. Тюняев А.А., [Древние торговые пути Урало-Поволжья по комплексным данным археологии, антропологии, генетики и мифологии](#) // Этносы и культуры Урало-Поволжья: история и современность (материалы IV Всероссийской научно-практической конференции молодых учёных). – Уфа: Институт этнологических исследований УНЦ РАН. – 21 октября 2010.
9. McEvedy C., Jones R. Atlas of World Population History. Facts on File. – New York, 1978.

Некоторые пояснения автора на предисловие редактора

Читатели «Вестника», безусловно, знают, что многие из поднятых в этом акте переписке вопросов автор и редактор обсуждают вот уже несколько лет. Я согласен с редактором в том, что спор и отстаивание своей позиции – это важная часть конструктива исследований. Однако я не могу согласиться со следующими доводами редактора и вот по каким основаниям.

Утверждение редактора «Например, гаплогруппа R1a, конечно, не «русская»» имеет ту же степень обоснованности, что и обратное утверждение. С той лишь разницей, что в других местах расселения носителей указанной гаплогруппы, они появились исключительно со времени неолита. А на Русской равнине их появление подтверждено хотя бы археологически и антропологически гораздо более ранними сроками (по крайней мере, с мезолита).

В связи с этим, я по-прежнему не могу согласиться с позицией редактора о том, что «она появилась примерно 20 тысяч лет назад в Центральной Азии, и пришла длинным миграционным путем в Европу примерно 9 тысяч лет назад». Я повторю специально для читателей «Вестника», что в Центральной Азии не обнаружено никаких археологических памятников, датированных временем ранее неолита. Выстраивать маршруты движения древних народов, просто так под возможное обещание, что такие памятники в Центральной Азии «скоро найдут», не будет правильным. В Центральной Азии человек современного типа появился вообще в самую последнюю очередь. И дата такого появления всего 9 – 10 тысяч лет назад.

Далее, что существенно, утверждение редактора, что «этот путь пролегал через Тибет, Индостан, Иранское плато, Анатолию, через Босфор на Балканы» также по направлению вектора перемещения народов полностью противоречит всем имеющимся данным. Напомню, в учебнике по антропологии написано, что до 8-го тыс. до н.э. в Индии существовали мустьерские культуры (Соан). Это культуры неандертальца (который, вроде бы, вымер). Ни одного артефакта, принадлежащего человеку современного вида, в Индии ранее 8-го тыс. до н.э. не обнаружено. То же касается и остальных перечисленных территорий. Первая культура человека современного вида, которая обнаружена за пределами Русской равнины (и частично Европы), – это культура крашеной (расписной) керамики. До неё – только неандертальцы или полное отсутствие следов человека вообще.

Следующее описание маршрута расселения носителей R1a1, представленное редактором, тоже противонаправлено археологическим и антропологическим данным. Все культуры верхнего палеолита двигались только с Русской равнины: на запад, на юг и на восток. Другого движения – археологически не зафиксировано. В связи с этим, хотя бы по месту своего первого образования человек современного вида должен именоваться «русским». (Если кого-то смущает такое название, и он предпочитает назвать человека выходцем из Центральной Азии, из Европы, или из Африки, то замечу, что в верхнепалеолитические времена этих названий не существовало, точно так же, как не существовало и названия Русской равнины. Поэтому называть древнего человека выходцем с Руси аналогично тому, как называть его выходцем из Африки. То есть в географическом смысле – допустимо).

Далее. Насчёт пассажа: «То же самое и с индоевропейским (ИЕ) языком, который до первой трети 20-го века называли «арийским». Назвать эту языковую группу «русской» будет ничем не обусловленным перехлестом.» -

это не так. Вот цитата из энциклопедии Брокгауза и Ефрона, опубликованной в конце 19-го века, то есть раньше, чем утверждает редактор: «Индоевропейские язык, или индогерманские – под этими терминами разумеются родственные между собой языки, которыми говорят народы, населяющие почти всю Европу, значительную часть юго-западной Азии и северную половину Ост-Индии, или Индостан. Оба термина имеют в настоящее время чисто условный характер и довольно неточны, так как не отвечают действительному положению вещей. Первый означает крайние географические области на В. и З., между которыми живут "индоевропейцы", – т. е. Индию и Европу, но при этом совсем упускает из виду Америку, где в настоящее время подавляющее большинство населения уже "индоевропейцы". Второй термин, употребительный больше всего у немцев, быть может, не без участия некоторой доли национального шовинизма, имеет этнографический характер, означая крайних восточных и западных представителей всей этой большой семьи народов: индусов на В. и германцев на З. (самые западные европейцы – англичане, исландцы, затем и янки-американцы принадлежат к германскому отпрыску И. семьи). Но и этот термин неточен, потому что уже довольно давно не индусы – самый восточный народ из индоевропейцев, а **русские**, т. е. славяне, в Вост. Сибири. Кроме помянутых терминов, встречается **изредка** термин **арийские** языки, который в этом общем значении употреблялся прежде особенно у французов, но также не может считаться правильным. Ариа, т. е. "благородными", называли себя только индусы и иранцы, почему в настоящее время под арийцами принято разуметь представителей арийской, или индоиранской (см. ниже), ветви И. семейства языков.» Авторы энциклопедии достаточно подробно всё изложили. Я думаю, впредь не стоит больше поднимать вопрос об «ариях», несмотря на всю требуемую толерантность.

«...«Где жили протославяне и их потомки праславяне, – вопрос дискуссионный»....
...Сейчас мы знаем даже где жили носители каждой из 38 выявленных ветвей гаплогруппы R1a,» На мой взгляд, не смотря на очевидные успехи ДНК-генеалогии, я бы не стал столь уверенно это утверждать. И причиной этому служат всё те же расхождения между результатами построений ДНК-генеалогии и данными археологии. Я повторю их ещё раз: нигде, кроме Русской равнины и Европы, нет следов проживания человека современного вида, датированных временем, ранее неолита. И уточню, как контраргумент, обычно выдвигаются некие «данные» археологов, которые совершенно не имеют ничего общего с профессиональным подходом.

Приведу небольшой тест. Можно ли считать учёного специалистом в археологии, если он утверждает следующее: «На верхнепалеолитической стоянке Яна обнаружены мустьерские орудия»? (Ответ дам в конце своего поста).

«Автор пишет – *«В антропологическом аспекте русский язык является языком индоевропейской расы»*. ...я лично не знаю такой расы – индоевропейской.» Подскажу редактору – о существовании такой расы писал, например, антрополог Г. Ф. К. Гюнтер в своей работе «Индоевропейская Религиозность». Вот цитата: *«Религиозность индоевропейской расы – это религиозность души, которая находит здоровье и совершенство в мире и в теле»*.

Далее. Редактор пишет: «В ряде случаев автор явно использует жаргон, например – *«В указанное время в указанных регионах обнаружены ископаемые остатки индоевропейцев»*. Я не знаю, что такое ископаемые остатки индоевропейцев, когда ИЕ – это языковая группа, семья. Но не люди.» Я приветствую стремление редактора, направленное на чистоту используемых терминов. И, исходя из этого, моё первое же замечание касается употребления термина «жаргон», и то, что автор, то есть я, якобы, на него переходит. Смотрим определение термина «жаргон – (от франц. *jargon*) – эмоционально и экспрессивно окрашенная речь, отличная от общеупотребительной; ненормативный условный язык какой-либо социальной группы, содержащий много слов и выражений, не входящих в разговорный язык» (Словарь литературоведческих терминов. – 2005). На мой взгляд, я не употреблял ненормативной лексики. Вот цитата из энциклопедии Брокгауза и Ефрона (19 в.): *«Индоевропейцы (индогерманцы, арийцы), общее название народов, говорящих родственными между собой языками и населяющих почти всю Европу...»*. То же самое мы находим и в словарях. Например, в словаре Ефремовой: *«Индоевропейцы мн. народы Европы, Передней Азии, Индостана, говорящие на родственных языках»*. В словаре Ожегова: *«Индоевропейцы -ев, ед. ч. -еец, -ейца, м. Общее название племён предков современных народов, говорящих на языках индоевропейской семьи»*. Так, что термин «индоевропейцы» не является жаргонным, а чётко нормативный. Если же реплика редактора касалась слова «остатки», то именно этим словом (а не «останки») в профессиональной антропологической среде обозначаются остатки костей человека.

Далее очень важно, что редактор отошёл от критики антропологических и лингвистических терминов и приступил к выявлению спорных моментов в русле ДНК-генеалогии. Вот, например, *««Совокупная численность носителей гаплогрупп I + R на Русской равнине и в Европе достигает 100%, что однозначно указывает именно на эти территории, как на место возникновения «индоевропейской» семьи языков»*. Неверно ни первое, ни второе. В Европе немало носителей гаплогрупп E, G, J, N, T.» Я не согласен с такой позицией редактора и вот почему. Разбирая, например, устройство кристалла кремния, материаловед не отвлекается на примеси. Они, естественно, есть.

Но не они являются предметом научного интереса. Так и гаплотипами народов. В лингвистическом аспекте автора интересует, прежде всего, чистое соответствие. А вопросы засорения – это удел других работ. Вот и по суммарному I + R. Следует брать их значения только в чистых популяциях. А если же мы будем гнаться за мнимой «всеобщностью» эксперимента, тогда у нас и Москва окажется заселённой азербайджанцами и украинцами. И это будет сильно отличаться от картины остальной Руси. Да, например, на Российской земле жил господин Шеварднадзе. Но ведь никто не собирался его учитывать в построениях, касающихся русского этноса.

Важный вопрос. *«Следует отметить, что, по археологическим данным, присутствие европеоидов ранее конца мезолита – начала неолита (то есть 8 – 7-го тыс. до н.э.) ограничено только лишь территориями Русской равнины, Это – интересный комментарий, и очень сильный, если других данных действительно нет. По имеющимся у меня данным находки были и в Центральной Европе, и на Балканах, и в Северной Африке, и на Ближнем Востоке, и на Кавказе, но, возможно, они недостаточно «европеоидны». Эту тему было бы интересно рассмотреть, с конкретными данными по «европеоидности», с датировками и прочими важными деталями.»*

Мы с уважаемым редактором уже долго полемизируем по этому поводу. Вопрос действительно сложный. На первый взгляд. Если же к вопросу подойти профессионально, то всё решается достаточно просто. Нужно взять, допустим, материалы последнего Археологического съезда и посмотреть: в них вы не найдёте никаких сведений, исходящих от профессионалов, и говорящих о наличии мезолитических культур в других регионах (за пределами русской равнины и Европы).

Теперь настало самое время для ответа на вышеопубликованный тестовый вопрос: можно ли считать учёного специалистом в археологии, если он утверждает следующее: *«На верхнепалеолитической стоянке Яна обнаружены мустьерские орудия»?*

Ответ, учёного, позволившего себе сделать такое заявление, считать специалистом в археологии нельзя. И вот почему: верхний палеолит – это культура человека современного вида, а мустье – это культура неандертальца, то есть – два взаимоисключающих утверждения. Но, тем не менее, я взял этот пример из уважаемого археологического издания, и его автор действительно является уважаемым археологом. В чём же вопрос, спросите вы? В том, что толь другой профессионал сможет понять, что первый профессионал «немного» ошибся, остальные примут написанное за

чистую монету и будут, ссылаясь на авторитетность издания, использовать эти данные в своих построениях.

Теперь самое важное. В работе автора есть сказано: «Данные по двенадцати центральным областям Русской равнины показывают, что, начиная с раннего верхнего палеолита (50 тыс. до н.э.), Русская равнина была активно заселена.» Это редактор комментирует так: «Часто приходится слышать подобные сведения, но детали, судя по всему, засекречены. Или просто не опубликованы.» Несмотря на то, что я неоднократно сообщал редактору источник моих утверждений, я его сообщу ещё раз – теперь уже всем читателям «Вестника». Источник – Археологическая карта России. Институт археологии РАН. В 15-ти томах. 1995 – 2005 гг. Специалисты-археологи прекрасно знают это издание, ибо они с ним работают ежедневно. Но и редактор отчасти прав – на нём был гриф «ДСП». В этом издании подробно указанные и датированы все 50 тысяч археологических памятников 12-ти областей Центральной России. Ни в одной стране мира такого издания не существует, не говоря уж о таком количестве памятников.

Далее. По поводу датировок и рассуждений «Самые древние из обнаруженных костных остатков, судя по литературе, датируются 32.6±1.1 тыс. лет назад (Prat et al, 2011), причем на происки западных ученых не свалить – в авторах последней статьи А. Ваневич из Института археологии Украины. В работе (Richards et al, 2001) датировка человеческой кости из Костенок дана как 34-31.5 тыс лет. На сайте «Костенки» (www.donsmaps.com/lioncamp.html) датировка для костных остатков на Русской Равнине дана как 39-34 тыс лет. Более детально, датировки распределяются как 37-34 тыс лет для Костенки 1, 36 тыс лет для Костенки 12 и Костенки 17, 33 тыс лет для Костенки 14, 21 тыс лет для Костенки 11. В целом в Костенках насчитывают до 21 стоянок, все с подобными датировками. По мнению авторов (Prat et al, 2011), если антропологическая картина в Западной Европе уже устоялась, и миграции древнейших анатомически современных людей в Европу хорошо известны, то соответствующие данные и представления для Восточной Европы «нечетки»»

Повторю за автором цитаты – «нечётки». Европейский ревизионизм – это всё от того, что объединиться в одну страну так никак и не получается, а поучать от имени единой державы ой как сильно хочется. Напомню, во всех учебниках по археологии и антропологии указано, что культуры верхнего палеолита в Европу пришли с географического востока, то есть с Русской равнины. Размер только одной костёнковской культуры в тысячу раз

превышает небольшие очаги европейских находок. Данные европейских и американских учёных относительно археологии и антропологии России, как всегда, глубоко не точны. Что говорить хотя бы о том, что в комплекс Костёнок входит более 70-ти памятников, а не 21.

Далее. На фразу автора: *«10-тысячный рубеж численности древнерусская («общеиндоевропейская» доиндоевропейского периода) семья преодолела примерно 50 тысяч лет назад, то есть в полном соответствии с данными археологии, антропологии и генетики.»* редактор реагирует: *«Я, признаться, не имею понятия, откуда эти данные».* Отвечаю. Это данные расчётные, полученные аналогичным путём, как и всё расчётные данные, допустим, лингвистики или ДНК-генеалогии. Они опубликованы в отдельных работах.

Далее вопрос редактора: *«и как люди 50 тысяч лет назад могут быть названы «древнерусскими» или «общеиндоевропейскими»»* Отвечаю: точно также, как на территории Египта всё древнеегипетское, на территории Шумера – всё шумерское, на территории Греции – всё древнегреческое, а на территории Сины – почему-то древнекитайское. Опять проблема определений. Но в данной статье перед автором не стояла цель пересмотра определений.

Далее: *«Ну, и по следующему выводу представленной статьи. Семью языков, ныне именуемую «индоевропейской», следует именовать по географическому месту её формирования и по национальному признаку её исконных носителей – «русская семья языков» с необходимыми приставками, отражающими различные древние этапы её развития. я уже выразил свое отношение выше. Никакая «официальная» лингвистика, разумеется, такое и рассматривать не будет.»* На мой взгляд, редактор зря берётся говорить за всю официальную лингвистику. Тем более, что комментируется текст официального доклада, сделанного в среде официальных лингвистов и опубликованного в официальном лингвистическом издании, в котором в редакционный совет входят видные филологи. В приведенной цитате автора в отношении производства термина «русская семья языков» сказано всё достаточно корректно: *«по географическому признаку».* Или, на взгляд редактора, *«индоевропейская»* правильней?

В целом автор благодарит редактора за объёмные высказывания по положениям статьи и признаёт, что полемика по каждому из затронутых вопросов ещё далеко не окончена. Возможно, часть вопросов и ответов у читателей снялась после прочтения столь объёмных вступлений, а, возможно, ответы на вопросы породили ещё больше вопросов. Никто не знает всей истины. И тем интереснее изучение вопроса.

Лингвистика и ДНК-генеалогия: очередная попытка найти взаимопонимание на общем поле.

Переписка с С.В. Кончей

Короткое продолжение

Анатолий А. Клёсов

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

Напомню, что в апреле-мае 2012 года произошел обмен письмами между мной и достаточно известным специалистом в области археологии и лингвистики индоевропейских языков, Сергеем В. Кончей, который живет и работает в Киеве. Эта переписка, опубликованная с согласия С. Кончи, приведена в предыдущем выпуске Вестника (стр. 422-523).

Как я писал в Предисловии к этой переписке, наш журнал не первый раз обращается к проблеме взаимопонимания языкознания и ДНК-генеалогии, и каждый раз попытка оказывается весьма болезненной, но, безусловно, полезной. Как правило, попытки рассмотреть представления лингвистико-языкознания под углом древних миграций и их количественного представления (в терминах направления движения, времен движения, количественного описания родов и племен, которые передвигались, по структурным признакам ДНК их потомков и иногда ископаемых ДНК) наталкивается на прямое отторжение лингвистов и историков. Тут же выдвигаются причины – используются не те термины, не те подходы, и главная причина – вы не понимаете сути нашей науки. При этом эта таинственная «суть» никогда не излагается, во всяком случае так показывает мой опыт.

Для меня суть одна – понять, почему «прародина индоевропейцев» и/или «прародина» индоевропейского (ИЕ) языка так и не была найдена, несмотря на 200-летние поиски лингвистами-историками в целом и на протяжении последних 50-60 лет в частности. Ясно, что с этими поисками что-то не так, какие-то базовые положения неверны, что-то не так (и,

видимо, сильно не так) с методологией поисков. Это все обсуждалось с моей стороны в переписке, но натыкалось все на то же, что я ничего не понимаю в лингвистике вообще и в индоевропеистике в частности, но что интересно – мой оппонент ни разу (!) не выдвинул никаких примеров или обоснований научного характера. Хотя он должен, наверное, знать, что еще в 19-м веке лингвист Шмидт утверждал, что индоевропейская реконструкция неизбежно должна иметь характер научной фикции, так как она сводит воедино факты, относящиеся к разным историческим эпохам (Schmidt, 1872).

На мои утверждения, что поиски конкретной «прародины» ИЕ языка бессмысленны, потому что миграции носителей пра-ИЕ шли тысячелетиями и тысячами километров, то есть растягивались во времени и в пространстве, давался ответ, что прародина ИЕ языка должна представлять ограниченный регион, скорее всего в рамках одной археологической культуры с конкретной датировкой, и в этом – суть сокровищницы индоевропеистики, накопленной поколениями специалистов. При этом меня отсылали читать литературу и вообще образовываться. Научных аргументов при этом опять же не приводили, а если и пытались привести, как, например, с глоттохронологией, то при этом получали (или цитировали) абсурдные результаты (следует заметить, что подходы в основе глоттохронологии – моя прямая специальность, а именно динамика процессов во времени и их количественная обработка), а когда я показывал, что результаты абсурдны, мне отвечали, что это было умышленно. В общем, желающие прочитать саму переписку это легко могут сделать.

В итоге мне прислали статью автора по обсуждаемому нами вопросу, которая состояла на 90% из изложения литературы и комментариев к нему, и несколько абзацев об очередной, предлагаемой моим оппонентом «прародине», практически никаких обоснований к которой в статье дано не было. Если коротко, то некие рыболовные племена Северного моря и западной Балтики, в районе Ютландии, которая и разделяет Северное и Балтийское моря, относящиеся к археологическим культурам Люнбю-Свэдборг, или Броксборн-Свэдборг, 11-9 тысяч лет назад, которые при потеплении сменяются культурами маглемезе, 10-8 тысяч лет назад (далее во времени – культура эртебёлле, 7500-6000 лет назад), мигрировали в украинские степи и стали скотоводами. Они-то якобы и были носителями индоевропейского языка, а где они раньше жили и откуда мигрировали – там и прародина ИЕ языков. Автор ссылается на археологические исследования Л.Л. Зализняка как основу его, автора, выводов. Действительно, при поиске на маглемезе в сети из первых 22 линков 19 – на украинском языке. Ничего в этом плохого, конечно, нет – но показывает

сугубо украинскую подоплеку всей этой концепции.

Кстати, культура эртебёлле называется в научной литературе еще культурой мусорных куч, поскольку жившие оседло рыбаки копили эти кучи из ракушек тысячелетиями. Не знаю как у кого, но будущие скотоводы здесь плохо просматриваются. На самом деле это, конечно, не самое сильное возражение. Хуже для теории то, что это не зона R1a, и вообще культуры свэдборг-маглемёзе-эртебёлле крайне маловероятны для индоевропейцев и для R1a, это Ютландия-Балтика, лодки и прочее. Это скорее всего гаплогруппа I1, которые в Индии-Иране и близко не были. Они всегда на Европе были замкнуты. Это вряд ли индоевропейцы. В литературе принято считать что Ютландия, культура эртебёлле – это палеоевропейское население гаплогруппы I1. И сейчас в Ютландии и на юге Скандинавии более трети населения - гаплогруппы I1, хотя это далеко не отражает картину 10-8-6 тысяч лет назад. Дело в том, что в период 4600-4400 лет назад носители этой гаплогруппы почти полностью исчезли из Европы, и стали появляться (в качестве общих предков современной популяции I1) только через тысячу лет, примерно 3400 лет назад, в середине 2-го тыс. до нашей эры. Что было до того, можно только гадать, но похоже, что 10-8 тысяч лет назад это была полностью зона расселения гаплогруппы I1, вовсе не «индоевропейцев».

Краниометрия тоже не относит жителей культуры маглемёзе-эртебёлле к носителям R1a (или R1b). Если последние – в основном брахицефалы или мезоцефалы с широким лицом, то первые – выраженные долихоцефалы с узким лицом и высоким черепом, что более характерно для I1 (сводка данных приведена в Клёсов, 2010, Вестник №8; Рыжков, 2010, Вестник №7, 9). Как пишет Ю.К. Кузьменко (2011), «традиционно считается, что язык носителей этих культур [маглемезе и предшествующих - АК] не был индоевропейским», и отмечает, что некоторые относят появление ИЕ языка в Европе 40 тысяч лет назад, основываясь на «теории палеолитической непрерывности». Это примерно означает, что раз культура в Европе развивалась, значит она развивалась всегда, начиная с палеолита. Раз ИЕ язык в Европе был 5 тысяч лет назад, значит, был и 40 тысяч лет назад. Назвать такой подход серьезным никак нельзя.

Естественно, все на свете может быть, но это все надо очень сильно доказывать. Никаких доказательств мой оппонент не привел, пообещав, что сделает это в следующем выпуске Вестника.

Время идет, С.В. Конча молчит, ответа нет. Я напомнил ему об ожидаемом ответе. И здесь – сюрприз: ответа не будет.

Перейдем к выдвинутым С.В. Кончей причинам, почему ответа не будет. На самом-то деле понятно, почему не будет. Потому что ясно, что аргументов на самом деле нет в природе. Если бы они были, они были бы показаны с самого начала. Но ведь нужно найти причину, почему ответа не будет, правда?

Причин нашлось даже несколько. Одна – что я попросил С.В. Кончу написать отзыв на статью А.А. Тюняева в текущем выпуске. Несколько фраз из его ответа даны выше, перед самой статьей. Вот – ключевая в данном контексте:

>...Предсказываю: пока Ваш журнал будет публиковать произведения подобные присланному, НИКТО из уважающих себя специалистов не захочет иметь с Вами дело...Я начал было писать ответ на Вашу критику моей статьи и хотел предложить ещё пару статей для публикации в Вашем журнале. Но теперь думаю: а есть ли в этом смысл?

Я ответил (нумерация писем – продолжение нумерации в предыдущем Вестнике):

33 – А. Клёсов

Я не знаю, как давно Вы преподаете, и каков стиль Вашего преподавания. Но я преподаю уже сорок лет, и прекрасно знаю, что преподавать материал гораздо более эффективно на конкретных примерах. Вот Вам пример – статья А. Тюняева. Почему не использовать ее как конкретный пример?... Почему Вы считаете, что этим на самом деле мы теряем свою репутацию? Напротив, мы разъясняем, как к этому относиться и как это воспринимать. На самом деле не стоит думать, что вот есть чистая наука, и вот есть такие материалы. Ничего подобного. «Чистая наука» полна неверных положений, вымыслов, противоестественных интерпретаций, просто это все «завернуто» в наукообразную оболочку... Если редактор показывает свое к этому отношение, и на конкретных примерах разбирает неверные положения – то это изданию плюс. Если Вы этого не понимаете – жаль, но тогда я помочь уже ничем не могу.

... Если Вы полагаете, что исследователь должен жить в «башне из слоновой кости» и не вносить своего вклада в популяризацию науки, в разъяснение ее принципиальных положений широкой аудитории, то у нас с Вами разный взгляд на преподавание и на «миссию» преподавания. «Статейки сомнительной ценности» потоком идут и в академических изданиях. Я на

них обычно не реагирую, поскольку академические издания не читаются в широкой аудитории. Но вот в изданиях для широкой аудитории я стараюсь использовать возможность не просто впустую критиковать, но доносить МОЕ видение проблемы. Это важно – использовать такие возможности.

Не так давно была телевизионная передача на аудиторию России, в которой известный сатирик Задорнов нес полную ахинею о происхождении слов в русском языке. Старичок-академик из первого ряда выкрикнул – «да он ненормальный», и был освистан аудиторией. Задорнов получил плюс. А старичок-академик поступил глупо, он профукал хороший шанс выйти и объяснить что к чему, завладеть вниманием аудитории и выиграть этот раунд. Более того, донести до аудитории ЗНАНИЕ, а не шарлатанство. Правда, я не уверен, что тот старичок-лингвист был способен это сделать.

Вы понимаете, о чем я?

>Надо как-то определиться, что же для Вас важнее: объективное познание или доказательство любой ценой того, что русские (или кто бы там ни был) самые «индоевропеистые»...

Опять, Вы либо не понимаете, о чем я пишу и на чем основываю свои выводы, либо просто сейчас бездумно пишете, по шаблону. Слово «русские» я кроме современности никогда не употребляю. Например, «этнические русские, проживающие в Курской области». Или у Вас и к этому претензии? Не пишу я и про «древних украинцев», кстати. Слова «истинные арийцы» вообще не из моего словаря, я их никогда в жизни не писал и не говорил. Откуда у Вас это?

>Я начал было писать ответ на Вашу критику моей статьи и хотел предложить ещё пару статей для публикации в Вашем журнале. Но теперь думаю: а есть ли в этом смысл?

Есть три способа критики – (а) критики конкретных научных положений, (б) критики ПРИПИСЫВАЕМЫХ, выдуманных, искаженных, передернутых «положений», без их цитирования, поскольку таких цитат вообще нет, и (3) наговаривать вообще ненаучные вещи, непонятно, откуда взятых, просто придуманных «критиком». Я уже не раз указывал Вам, что Вы склонны ко второй и третьей позициям. Очень жаль. Надеюсь, что Вы это осознаете и над этим подумаете. Как Вы видели, вся моя критика Вашей статьи шла по Вашим конкретным цитатам, я ничего не придумывал и не искажал.

Возможно, это и есть подход «естественника», не» гуманитария».

Всего хорошего. Возможно, Вы со мной согласитесь и мы продолжим. А нет – так нет.

А. Клёсов

34 – С. Конча

Я конечно прочитал (вернее пробежал) Ваше предисловие и то, что Вы не согласны в чём-то там с А.А.Тюняевым и в чём-то предлагаете какие-то альтернативные подходы, но тратить своё время на обсуждение ещё и этой всей писанины не желаю. Быть может, Вы в чём-то и правы, но, скорее всего, Вы всего лишь играете им на руку: мне знаком (судя по картонной «золотой медали») этот сорт людей - они будут провоцировать тебя на дискуссию лишь только затем, чтобы показать свою значимость, а потом в кругу таких же, как они, скажут: «Ну, видали как я его сделал!». И парадокс в том, что независимо от истинных результатов дискуссии, найдётся немало людей, которые воспримут их слова за чистую монету. Разъяснение простое: сложных для понимания «широкой общественностью» аргументов их сторонники не воспримут, но зато им будет импонировать, что простой рубаха-парень (т.е. такой же как они) «сделал» очкарика-учёного, много о себе вообразившего, или, тем более, старичка-академика.

Поэтому «старичку-академику» не нужно было критиковать или оскорблять Задорнова (хоть он чем дальше, тем больше этого заслуживает), но и вылезать на сцену «Юморины» с академическими лекциями тоже не следовало бы. Публика там собирающаяся вовсе не настроена выслушивать серьёзные вещи, а тот, кому они действительно интересны, всегда сможет найти (если у него есть, конечно, голова на плечах) серьёзных людей или почитать серьёзную литературу.

Ваше дело, конечно, с кем и о чём спорить и какие вопросы обсуждать, но дискуссии, подобные присланной Вами напоминают обсуждения того, какого цвета повесить шторы в домике из песка и нужен ли там балкон. Да, можно вполне профессионально говорить о балконах и о том, как и какую там делать кровлю, но смысла в этом нет – после первого же дождика или ветерка "дом" рухнет. Поэтому мораль очевидна: строительство дома надо начинать с фундамента и думать о том, как понадежнее возвести стены.

Вся причина нашего взаимонепонимания в том, что не имея базовой гуманитарной основы для решения задач этногенетического и этнолингвистического развития, Вы вдруг решили, будто полученные Вами данные дают Вам право строить новые теории, полностью игнорируя достигнутые в языкознании и археологии результаты и методы всех наук, кроме Вашей. Основания так говорить мне даёт Ваша критика моей статьи – ведь в ней только 5% моего – остальное опыт накопленный многими поколениями исследователей. Т.е., с одной стороны, Вы говорите: давайте сотрудничать, а с другой воинственно кричите: «Вы (т.е. я и другие гуманитарии) ничего не понимаете, я с помощью ДНК-анализа всё постиг намного лучше Вас!»

При таком подходе сотрудничество едва ли возможно.

Я пытаюсь понять и освоить результаты Вашего метода с помощью приобретённой книги «Происхождение человека», а Вам рекомендую (раз уж лично мне Вы отказываетесь верить) для начала почитать следующую литературу:

A.Meillet. Introduction a l'etude comparative des langues indoeuropeennes. Paris, 1912 (и др. издания).

Перевод на русский: Мейе А. Введение в сравнительное изучение индоевропейских языков. Пер. с франц. - М. - Л.: Гос. Соц. Эконом. изд., 1938 - - 509 с. (Переиздана в 2002)

W.Porzig. Die Gliederung des Indogermanischen Sprachgebeits. Heidelberg, 1954.

Перевод: Порциг В. Членение индоевропейской языковой области. М.: Прогресс, 1964 - 332 с. (Переиздана в 2003)

O.Szemerényi. Einführung in die vergleichende Sprachwissenschaft. Darmschtadt, 1970.

Перевод: Семереньи О. Введение в сравнительное языкознание. – М, 1980 (Переиздана в 2002)

Савченко А.Н. Сравнительная грамматика индоевропейских языков. - М.: Высшая школа, 1974. (Переиздана в 2010).

O.Schrader Sprachvergleichung und Urgeschichte.- Iena, 1883. (и другие издания)

Перевод: Шрадер О. Сравнительное языкознание и первобытная история. - СПб.: Изд-во А.Бенке, 1886 - 456 с. (Переиздана в 2003)

Это всё книги, как Вы понимаете, не случайных людей, не любителей и не фантазёров, в них аккумулированы опыт и знания многих поколений, при этом некоторые из них, будучи изданы впервые 100 лет назад до сих пор сохраняют своё значение.

И не надо говорить, что история суффиксов и склонений Вас не касается! Вам не нужно выучивать эти книги от корки до корки, но необходимо ознакомиться с ними, чтобы понять общие принципы, лежащие в основе самого явления «индоевропейцы» и найти подходы к действительно научному способу изучения проблемы. По крайней мере, нужно внимательно прочитать вступление, выводы, методологические разделы, всё это осмыслить.

Желаю творческих успехов!

С. Конча.

35 - А. Клёсов

Дорогой Сергей Викторович,

Признаться, Ваши письма с советами и нотациями производят весьма удручающее впечатление. Похоже, что Вы никак не уловите, что дискуссия наша с Вами происходит на совершенно ином уровне, нежели суффиксы и прочие спряжения (только не нужно мою иронию в четырех последних словах опять превращать в нотации, что я ничего не понимаю в лингвистике).

И на этом уровне учебники по грамматике индоевропейских языков совершенно ортогональны, или перпендикулярны, или безотносительны. Не о них я веду разговор.

Для Вас, если в языке есть ветви, то непременно должен быть один корень, причем в одном регионе и в одно время, с одной археологической культурой. И вот это Вы (и все остальные) уже 200 лет называют «прародиной». Я же утверждаю, что ветви могут набегать из самых разных источников даже одних языков, даже одного языка, если он передвигался тысячи километров на протяжении тысяч лет, меняясь в своей динамике. То есть основной постулат в Вашей науке надуманный. А сейчас я это не только утверждаю из общих соображений, а вижу по миграциям людей,

относящихся к одной группе. Да, в нашей науке я не вижу конкретных языков, но делаю привязки, которые логичны и вполне имеют право на существование. Но я ничего категорично и не утверждаю. Напротив, я говорю – примите как вариант, что то, что я показываю, действительно имеет место. И сверьте со своими выводами – вполне возможно, что моя модель так же объяснит наблюдаемые закономерности.

И что Вы говорите в ответ? Первое, сверять не хочу, потому что всю жизнь работаю над поисками одной прародины, и если у вас другие выводы, то я их знать не хочу. Второе – вы ничего не понимаете в индоевропейском языке, читайте книжки.

Вы понимаете всю абсурдность Ваших ответов?

Еще пример, основанный на моей прямой профессии. Раковые заболевания тоже можно представить в виде разных ветвей. Но никто в здравом уме не станет утверждать, что все эти ветви растут из одной «прародины» раковых заболеваний. Что-то из них похоже друг на друга, и механизм близкий, что-то совершенно отличается, и механизм совершенно другой, но механизм питания опухоли опять же близкий, одни опухоли наследственные, другие приобретенные, третьи – от неправильного питания, четвертые – от неправильного образа жизни, пятые от вредных профессиональных условий работы, и так далее. Если будут искать одну «прародину» - то и 200 лет будет мало.

Вы же продолжаете искать с упорством, достойным лучшего применения. Я еще могу понять, что Вас страшит переход на новый уровень знания, на новую парадигму, но зачем же того, кто предлагает Вам посмотреть на вещи по-другому, обвинять во всех грехах?

Вот опять: *«... воинственно кричите: «Вы (т.е. я и другие гуманитарии) ничего не понимаете, я с помощью ДНК-анализа всё постиг намного лучше Вас!»*

Я уже понял, что это нормальный язык общения гуманитариев. Вам еще осталось добавить про «врага народа», и все в порядке. История ничему не научила, в том числе историков. Заметьте, Вы ни разу (!) не привели научный довод. У вас все – или я «воинственно кричу», или «опыт накопленный поколениями лингвистов». Ну так то, что Земля плоская тоже был накоплен поколениями. Еще раз – я не про лингвистику как таковую, я про невозможность существования одной «прародины», как только Вы начинаете рассматривать миграции. И словарь ИЕ языка не имеет к этому ни малейшего отношения, потому что он нащипан с разных

ветвей с разных сторон, и Вы это прекрасно знаете. Если Вы нащиплете листья с разных ветвей разных деревьев, это тоже Вам ничего не скажет о корне, тем более если это с разных деревьев одной ботанической группы, и корни разные и в разных местах. При чем здесь «руководство для садовника», пусть за ним и опыт поколений?

Что касается Вашего отказа написать свои соображения – дело, естественно, Ваше. Но я в очередной раз отметил, насколько у нас с Вами разный тип мышления. Я не говорю в терминах «лучше-хуже», я говорю, что разный.

Вы пишете – *«Вы всего лишь играете им на руку: мне знаком (судя по картонной «золотой медали») этот сорт людей - они будут провоцировать тебя на дискуссию лишь только затем, чтобы показать свою значимость, а потом в кругу таких же, как они, скажут: «Ну, видали как я его сделал!».* А меня этот аспект совершенно не интересует, говорить эти люди будут что хотят, и мы это контролировать (слава Богу) не можем. Для меня мои ответы и размышления – это, напротив, учебный, а порой и творческий материал, который важен и для меня, и для новичков. Я учу их, я продолжаю преподавать, причем на живом материале.

>Поэтому «старичку-академику» не нужно было критиковать или оскорблять Задорнова (хоть он чем дальше, тем больше этого заслуживает), но и выползать на сцену «Юморины» с академическими лекциями тоже не следовало бы.

Возможно. Если нет таланта коротко размазать оппонента по стенке и донести свою мысль до любой аудитории за пару минут, то не стоило. Но тогда не нужно было столь бестолково высываться, показывая, что «официальная» наука столь беспомощна.

>Основания так говорить мне даёт Ваша критика моей статьи – ведь в ней только 5% моего – остальное опыт накопленный многими поколениями исследователей.

Вы, видимо, уже забыли, что я им предлагал памятник поставить, и по меньшей мере всем вынести благодарности. Опыт накопленный никуда не денется, он важен, но его нужно подать по-другому. Вот этого Ваша наука пока не смогла, и ведущие специалисты это открыто признают.

>При таком подходе сотрудничество едва ли возможно.

Я понимаю и отнюдь, как понимаете, не настаиваю. Я дал Вам возможность, а дальше дело Ваше.

>Я пытаюсь понять и освоить результаты Вашего метода с помощью приобретённой книги.

Как Вы понимаете, есть разница между бухгалтерским делом и математикой. Книга дает основы понятий и показывает, КАК следует обрабатывать данные. А вот как над ними думать, книга Вам не поможет.

Всего хорошего.

Ископаемые гаплотипы гаплогрупп G2a, E1b-V13 и I2a1 в Испании и Франции

Анатолий А. Клёсов

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

В декабре 2011 года во Франции была представлена к защите диссертация Марии Лакан, на тему «Неолитизация средиземноморского бассейна: свидетельства древних ДНК». Автор известна в научном мире своими несколькими публикациями на эту тему (Lacan et al, 2009; Lacan et al, 2011a; Lacan et al., 2011b; Lacan et al., 2011c), научные руководители – Eric Crubezy и Jean Guilaine.

Мы коротко обрисовем самую главную часть диссертации с точки зрения ДНК-генеалогии – определение гаплотипов-гаплогрупп из трех захоронений в Испании-Франции.

Одно захоронение - в испанской Каталонии, вблизи границы нынешней Испании с Францией, с датировкой 7000 лет назад (la grotte de l'Avellaner). В нем выявлены пять G2a, гаплотипы у всех одинаковые (определяли 17 маркеров, но не в формате Y-filer), которые почти идеально попадают в определенный мной ранее базовый гаплотип G на Пиренеях (малая ветвь с возрастом 5025 ± 810 лет) по данным Adams et al, 2008 (Клёсов, 2009). В той же пещере был один гаплотип E1b1b1a1b-V13, который был уже опубликован диссертантом (Lacan et al., 2011c), и который я подробно разобрал в Вестнике за ноябрь 2011, стр. 2108-2156, и конкретно на стр. 2149-2152. По гаплотипам современным носителям V13 возраст ИХ общего предка составляет 3525 ± 360 лет, и при сравнении их базового гаплотипа с ископаемым их общий предок жил 6950-7250 лет назад, то есть как раз датировка ископаемого гаплотипа.

Это G2a гаплотипы очень далеки от кавказских, например, на относительно коротком гаплотипе И. Сталина разница составляет 8 мутаций.

Второе захоронение - на юге Франции (la grotte des Treilles), с датировкой 5000 лет назад, чуть севернее первого, там почти все G2a (20 из 22) с двумя вкраплениями I2a1. G2a в целом похожи на G2a из первого захоронения, но есть несколько мутаций -

DYS393=14, а не 13,

DYS385=13-15, а не 14-14,

DYS389-2=30, а не 29,

DYS448=20, а не 22,

DYS456=14, а не 15,

GATAH4=11, а не 12.

Но DYS 390, 19, 391, 439, 389-1, 392, 458, 437, 438, 635 - идентичны. Разница неудивительно - две тысячи лет разницы между датировками обеих захоронений.

Два гаплотипа I2a1 в этой пещере - примерно те же самые I2a1 с временем общего предка 5600 ± 620 лет назад, на стр. 126 Вестника (Клёсов, 2010) и помеченные "I2a1, по всей Европе":

13 23 16 10 12 12 ... 11 13 11 28 -- 17 ... 15 21... 11 14 10

(здесь я заменяю многоточием DYS426 и 388, которые диссертант не определял, оставляю только DYS437 и 448, и обрываю многоточием перед завершающими GATA, DYS456 и DYS438)

Гаплотипы в пещере отличались от гаплотипа, показанного выше, только DYS439=12 (не 11), DYS458=16 (не 17), DYS448=22 (не 21), и GATA=12 (не 11). Остальные 12 аллелей были теми же.

Третье захоронение - под мегалитами - с датировкой 4850 лет назад (La Pierre Fritte), было на северо-западе Франции, в сторону Британских островов. Там были только два I2a1, которые отличались от приведенных выше моих расчетных с временем общего предка 5600 ± 620 лет только тремя мутациями в DYS19=17 (не 16), GATA=12 (не 11), и DYS389-2 была не определена. Еще DYS635 был 23 во втором захоронении, и 22 - в третьем. Две мутации между этими мегалитными I2a1 и расчетными дают 2400 лет расхождения между ними, и получаем $(2400 + 4850 + 5600) / 2 = 6425$ лет до их общего предка. Это, конечно, только примерная оценка. Вскоре эти I2a1 будут сметены надвигающимися R1b, культурой колоколовидных кубков (которые в то же время, 4800 лет назад, прибыли на Пиренеи), и из Франции почти исчезнут.

Как обычно, никакой корреляции с митохондриальными гаплогруппами не было, даже у тех, у кого Y-гаплотипы практически совпадали. Иначе говоря, матери были совершенно из разных географий, регионов, гаплогрупп.

Литература

Клёсов, А.А. (2009) Гаплотипы Иберии и анализ популяций басков, сефардов и других групп Испании и Португалии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, том 2, № 3, 390-421.

Клёсов, А.А. (2010) Гаплогруппа I. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, том 3, № 1, 96-158.

Lacan, M., Theves, C., Amory, S., Keyser, C., Crubezy, E., Salles, J.-P., Ludes, B., Telmon, N. (2009) Detection of the A189G mtDNA heteroplasmic mutation in relation to age in modern and ancient bones. *Int. J. Legal Med.* 123, 161-167.

Lacan, M., Theves, C., Keyser, C., Farrugia, A., Paraybar, J.-P., Crubezy, E., Ludes, B. (2011a) Detection of age-related duplication in mtDNA from human muscles and bones *Int. J. Legal Med.* 125, 293-300.

Lacan, M., Keyser, C., Ricaut, F.-X., Brucato, N., Duranthon, F., Guilaine, J., Crubezy, E., Ludes, B. (2011b) Ancient DNA reveals male diffusion through the Neolithic Mediterranean route. *Proc. Natl. Acad. Sci. US.* 108, doi/10.1073/pnas.1100723108.

Lacan, M., Keyser, C., Ricaut, F.-X., Brucato, N., Tarrus, K., Bosch, A., Guilaine, J., Crubezy, E., Ludes, B. (2011c) Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination. *Proc. Natl. Acad. Sci. US.* doi/10.1073/pnas.1113061108.

**Размышления над книгой лингвиста
Ю.К. Кузьменко «Ранние германцы и их соседи.
Лингвистика, археология, генетика» (2011)**

Анатолий А. Клёсов
<http://aklyosov.home.comcast.net>

Профессор Ю.К. Кузьменко написал первую в своем роде книгу, во всяком случае на русском языке, в которой довольно много места уделено рассмотрению гаплогрупп для решения вопросов лингвистики. Более конкретно, гаплогруппы рассматривались как дополнительный материал, наряду с данными лингвистики и археологии, для выяснения времени и места происхождения (формирования) общегерманского языка и общегерманского этноса.

Естественно, нельзя было ожидать, чтобы автор с блеском решил вопросы, связанные с гаплогруппами, и, так сказать, открыл глаза нам, специалистам по ДНК-генеалогии. Но, к чести автора, надо сказать, что он выступил намного лучше того, что ожидалось от неспециалиста. Главная его ошибка – в том, что он в основном принял подходы «популяционной генетики» и их выводы. Он столько раз цитировал «частотности» гаплогрупп, зачастую не отдавая отчета, что все они относятся к настоящему времени, что читать эти места причиняло почти физическую боль. Ну какой смысл перечислять «частотности» гаплогруппы I1 в Европе, когда они «обнулились» в середине 2-го тыс до н.э., и с их частотностью началась совершенно новая игра... Более того, автор это уяснил из литературы, и об этом «обнулении» упомянул, цитируя «бутылочное горлышко» гаплогруппы I1, но всё равно перечислял и обсуждал эти «частотности». Автор практически на равных обсуждал старые и неверные «гипотезы» о палеолитическом происхождении гаплогруппы R1b в Европе, включая и те, о происхождении 30 тыс лет назад, которые Семино, Уэллс и прочие просто «взяли с потолка», и современные, о прибытии R1b в Европу в III тыс до н.э. В итоге его выводы с участием R1b оказались совершенно смазанными. Отнюдь не помогло и то, что автор привлек «палеолитические данные» о R1b в Европе, авторства Belaresque et al. (2009) и Myres et al. (2010), которые, используя печально известные «популяционные скорости мутаций», зависили древность прихода R1b в Европу в 2-3 раза.

Главная проблема не только автора, Ю.К. Кузьменко, но и любого, кто привлекает данные «популяционной генетики» для интерпретации данных археологии и лингвистики, в том, что они не понимают, что популяционная генетика оперирует современными «частотами» гаплогрупп, и не умеет вести расчеты хронологического характера. Как правило, они завышают древность своих выводов на 200-300%, что лишает смысла все их выводы исторического характера. В этом Вестнике мы эти их безумные «расчеты» регулярно рассматриваем. К сожалению, Ю.К. Кузьменко, хотя и цитирует наши статьи за 2008-2009 год, не увидел в наших расчетах то, чего нет у популяционных генетиков, а именно профессионализма, последовательности, обоснованности методологии. Потому, придерживаясь «нейтральности», он не смог или не захотел сделать выбор в пользу методологии ДНК-генеалогии, обоснованной и проиллюстрированной не пример лучше, чем то, что у популяционных генетиков.

Поэтому в соответствующих рассуждениях автора книги образовалась настойчивая двойственность – с одной стороны, он стремится найти поддержку своих построений в данных ДНК-генеалогии, с другой – он эту поддержку разрушает, пытаясь работать по принципу «и нашим, и вашим», сваливая в одну кучу несовместимые методологии и несовместимые выводы. Поэтому и получается – если R1b в Европе была 30 тыс лет назад, то получаем одно, а если только 4500 лет назад, то получаем совсем другое, а что на самом деле, то не знаем. Поэтому приведем и то, и другое. Это, конечно, не дело.

Тем не менее, во многих случаях Ю.К.Кузьменко неплохо угадывает (чтобы потом, увы, разрушить это упомянутой двойственностью). Рассмотрим некоторые его положения, и попробуем их выправить насколько возможно. В ходе этого рассмотрения прокомментируем и другие его положения и соображения.

Для начала – автор совершенно прав, когда полагает, что нельзя ожидать совпадения ареалов материальной культуры, языка, и гаплогрупп-гаплогрупп во всех случаях. Этого, собственно, никто и не ожидает, особенно в общем случае, везде и всегда. Тем не менее, в ряде случаев выявляются корреляции, и чем глубже во времени, тем эти корреляции бывают более четкими. В древние времена миграции племен, народов происходили более разделенно друг от друга, просто вследствие большей «разреженности» популяций. Мы видим, что миграции носителей гаплогрупп R1a и R1b проходили в основном независимо друг от друга на расстоянии тысячи километров и на протяжении тысяч лет, и мы видим

шлейфы их гаплотипов на такой протяженности в пространстве и во времени. Естественным было бы ожидать, что их язык тоже сопровождал эти миграции, меняясь на протяжении этих тысячелетий в соответствии с законами динамики языков.

И здесь следует остановиться на принципе соответствующего научного анализа. «Естественным было бы ожидать» - это вероятно, но не обязательно. Можно придумывать много сценариев, когда язык кардинально меняется. Но пока это не выснено и не показано, то не нужно «плодить новых сущностей без нужды» в соответствии с известным принципом Оккама. Исходя из этого, мы принимаем, что язык R1a на протяжении всего маршрута был пра-индоевропейским, а язык R1b имел название «эрбин», поскольку другого названия языка носителей гаплогруппы R1b на протяжении всего маршрута от Центральной Азии 16 тыс лет назад до их прибытия в Европу 4800 лет назад и последующего пребывания в Европе до как минимум 2800 лет назад, то есть до начала 1-го тыс до н.э. , не существует. Это был агглютинативный, неиндоевропейский язык, который на разных частях миграционного маршрута можно назвать прото-тюркским, сино-кавказским, северокавказским, шумерским, баскским, и вообще разными неиндоевропейскими языками Европы периода 4800 до 2800 лет назад, или от начала 3-го тыс до н.э. до начала 1-го тыс до н.э. В связи с этим неясно, почему Ю.К. Кузьменко называет носителей гаплогруппы R1b того времени «индоевропейцами», и на основании чего. Но к этому мы еще вернемся.

Следуя этому принципу научного анализа, мы будем полагать, что разные гаплогруппы Европы исходно имели разные языки (с которыми они в Европу и прибыли, каждая гаплогруппа в свое время), и им соответствовали разные археологические культуры, которые переходили одна в другую в определенные исторические периоды. Естественно, возможны были и смешанные варианты, но пока мы про это не знаем и таких данных не имеем, то не будем на это впустую отвлекаться. Речь идет о принципиальном, доминантном отнесении.

Таковыми отнесениями, которые мы берем за основу, являются (даты могут варьироваться у разных исследователей):

-- I1 как последовательные культуры маглемёзе (10 тыс лет до 8000 лет назад), эртебёлле (8000-6000 лет назад) и культуры воронковидных кубков в период 6000 до 4700 лет назад; последняя, впрочем, могла быть и культурой носителей гаплогруппы G. Гаплогруппе I2 может быть поставлена в соответствие и мегалитическая культура (6500-5000 лет назад), и пример идентификации этой гаплогруппы в захоронении с Бретани (Франция) с

датировкой 5000 лет назад дан в предыдущей статье в данном выпуске Вестника. Возможно, не случайно некоторые археологи говорят о единой культуре воронковидных кубков и мегалитической культуры.

-- R1b как культура колоколовидных кубков в период 4800 до 3900 лет назад (от времени прибытия R1b на Пиренеи и до завершения активного заселения Европы и Британских островов),

-- R1a как последовательные культуры шаровых амфор (5400-4800 лет назад), шнуровой керамики и боевых топоров, в период 5200 до 4300 лет назад, до их почти полного вытеснения из Европы на восток носителями R1b.

-- G как культура линейно-ленточной керамики (8000-6500 лет назад) и накольчатой керамики (6600 – 6400 лет назад) и/или культуры рёссен (6600-6300 лет назад) и лендел (6900-5400 лет назад), возможно, и культуры воронковидных кубков (6000-4700 лет назад), см. выше.

На самом деле гаплогруппа I1 (а перед ней – гаплогруппа I) существовали в Европе как минимум с 40 тысяч лет назад, а гаплогруппа R1a прибыла в Европу примерно 9 тысяч лет назад, но в отношении соответствующих археологических культур можно только гадать. Для гаплогруппы I с подгруппами I1 и I2 наиболее вероятными могли быть солотрейская (22-17 тыс лет назад), магдаленская (18-10 тысяч лет назад), гамбургская (13-11 тыс лет назад) и аренсбургская (11-9 тыс лет назад) культуры, для R1a – старчево-кришская культура (9-7 тыс лет назад) и культура Винча (7-5 тыс лет назад).

Все перечисленные гаплогруппы и, соответственно, их культуры, практически исчезли или были вытеснены на восток, на Русскую равнину, после прибытия гаплогруппы R1b в Европу, в середине III тыс до н.э. Действительно, как мы видим, в эти времена завершается культура воронковидных кубков (I1 и, возможно, G), культура шнуровой керамики (R1a) уходит на восток, сливается с родственной среднеднепровской культурой (5200-4300 лет назад), становится фатьяновской (4500-3500 лет назад), андроновской (4000-2900 лет назад), срубной культурой (3800-3200 лет назад), образует «второй слой» катакомбной и полтавкинской культур (после «первого слоя», гаплогруппы R1b, относящейся к древнеямной культуры, в свою очередь преемницы хвалынской, самарской, средневожской культур и далее ботайской, маханджарской и других археологической культур Азии), возможно, абашевской культурой (3500-3000 лет назад), переходит как арии в Индию и Иран. Гаплогруппа G была практически уничтожена в Европе, и культура лендел и/или воронковидных кубков затухает.

Такова на сегодняшний день картина соотношения гаплогрупп и археологических культур. Датировки археологов (а именно они даны выше) могут быть неточны, некоторые культуры могли накладываться как сами культуры, так и образующие их гаплогруппы, и по мере развития наших знаний, в первую очередь в результате сотрудничества археологов, лингвистов и ДНК-генеалогов, картина будет уточняться. Впустую критиковать ее бесполезно, сколько людей, столько и мнений. Нужна серьезная и объективная оптимизация данных, имеющихся в наличии, без явных натяжек и «срезания углов», с рассмотрением возможных альтернатив, которые всегда имеются.

Ю.К. Кузьменко время от времени обращается к гипотезе непрерывного культурного развития в Европе, начиная с эпохи палеолита, которую иногда называют гипотезой о культурном и антропологическом континууме в Европе, начиная с кроманьонцев (Отт, Хойслер, Алинеи). На мой взгляд, эта гипотеза относится к категории схоластических, можно назвать ее механистической, которой можно объяснить все, что угодно, не вдаваясь в суть вещей. Сменили бы нацисты евреев полностью в Европе, и это тоже попало бы в категорию «непрерывного культурного развития в Европе». А что, люди были, люди и остались.

На самом деле мы знаем, что носители гаплогруппы I действительно жили в Европе последние 40 тысяч лет назад, так что к ним эта гипотеза относится, несмотря на почти полное их исчезновение в середине III тыс до н.э. Носители гаплогруппы G – еще более древние, гаплогруппа образовалась примерно 55 тысяч лет назад, но тоже исчезли из Европы в то же время, что и I1 (гаплогруппа I2 выжила более удачно в периферийных районах Европы, на ее крайнем западе и в восточной части) и R1a. На смену им пришли носители гаплогруппы R1b, тоже европеоиды, как и G, I, R1a. Чем не «культурный и антропологический континуум»? Неясно, чего больше, научной пользы или вреда принесла эта гипотеза. Судя по обсуждению автором книги, Ю.К. Кузьменко – больше вреда, чем пользы.

Каждый раз, когда автор книги обращается к этой гипотезе, его предположения и (промежуточные) выводы становятся принципиально неверными. Не было никакого «континуума» в Европе в отношении языка. Были неиндоевропейские языки гаплогрупп G и I, и мы совершенно не знаем, какие, кроме того, что какие-то были. Направленного поиска в лингвистике в отношении языков гаплогрупп G и I не было. Примерно 9 тыс лет назад в Европу прибыла европеоидная гаплогруппа R1a со своим пра-индоевропейским языком, который был выявлен лингвистами начиная с прохождения R1a Анатолии, 10-9 тыс лет назад. Примерно 6 тыс лет назад

ИЕ язык гаплогруппы R1a в Европе стал расходиться на ветви как результат расселения носителей этой гаплогруппы по Европе.

Около 5 тыс лет назад в Европу прибыла другая европеоидная гаплогруппа, R1b, со своим неиндоевропейским, агглютинативным языком, преемником древнего пра-тюркского языка, затем северно-кавказского, возможно, картвельского, далее шумерского, и с прибытием в Европу – баскского языка и родственных ему неиндоевропейских языков Европы периода IV-II тыс до н.э. Естественно, баскский язык пяти-тысячелетней давности был не похож на современный баскский язык, как и пра-тюркский 16-5 тысяч лет назад совершенно не был похож на современные тюркские языки. В любом случае, с прибытием носителей гаплогрупп R1a и далее R1b и их расселением «культурный континуум» нарушался и переходил в другое состояние. Гипотеза о «непрерывности» возможно и применима для каких-то частных случаев, но никак не может серьезно рассматриваться как руководство к анализу динамики культур, языков, гаплогрупп в Европе от палеолита через неолит к нашему времени.

Вообще вопрос о «происхождении германцев» и их языка в принципе не может иметь однозначного решения. Давайте взглянем на состав современных немцев с точки зрения их происхождения на хромосомном уровне. Это же ведь тоже есть «происхождение», во всяком случае мужского населения современной Германии. Это в свою очередь является основой для размышления, каков мог быть состав германского населения тысячелетия назад.

Среди этнических немцев, во всяком случае на несколько поколений вглубь (а это и есть критерий понятия «этнические немцы» в отношении места обитания и родного языка) состав гаплогрупп следующий:

R1b	45% (от 36 до 49% по регионам)
R1a	16% (от 9% до 24% с запада на восток страны)
I1	16% (от 11% до 19%)
I2	6% (до 9% в западной Германии)
G	5%
E1b	5%
J2	4.5%
N	1%
Q	0.5%

Почти половина современных немцев происходит от предков, прибывших в Европу около 5 тысяч лет назад, и говоривших на неиндоевропейских

языках. До того времени этнический, племенной и языковой ландшафт германцев, если таковых можно выделять до 4600 лет назад, был совершенно другим. Если там доминировала культура шаровых амфор – то язык «германцев» того времени был индоевропейским. Если культура воронковидных кубков – то язык был неиндоевропейским. С прибытием культуры колоколовидных кубков, носителей в первую очередь R1b, язык сменился на другой неиндоевропейский. В середине 1-го тыс до н.э. этот язык чрезвычайно быстро, в течение нескольких веков, а то и нескольких поколений, опять вернулся к индоевропейскому языку, языку кельтов, которые скорее всего были носителями гаплогруппы R1a, и язык которых как лесной пожар распространился по Европе в середине 1-го тысячелетия. Отсюда и смешения языковых характеристик в общегерманском языке.

Именно потому нет единого происхождения, как нет и единой «прародины» ни самих германцев, ни их языка. По «генетическому», а фактически Y-хромосомному происхождению (в Y-хромосоме генов почти нет, в отличие от всех других хромосом) германцы сменяли один пласт на другой, от древнейших «неиндоевропейских» гаплогрупп I и G (ранее 8-7 тысяч лет назад) до индоевропейской R1a (между 8-7 и 5-4 тыс лет назад) до неиндоевропейской R1b (4500-3000 лет назад), и далее до возвращения индоевропейской R1a в Европу вообще и в Германию в частности в ходе 1-го тыс до н.э. Можно насчитать не менее десятка ветвей гаплогруппы R1a, которые переселялись с востока (Русская равнина, Полесье, Карпаты) в Европу в период между концом II – началом I тыс до н.э. и серединой-концом I тыс до н.э., не считая Великого переселения народов в I тыс н.э.

В принципе, то, что изложено выше – это канва к теме «Ранние германцы и их соседи», которую осталось насытить лингвистическими данными, и это уже прямая специальность автора книги. При такой чересполосице «происхождения германцев» сформулировать это непросто, и так оно и оказывается. Методология такого исследования неизбежно приводит к перебору вариантов и рассмотрению альтернатив, и оптимизация такого перебора и будет (временным) ответом на поставленные вопросы. Ничего плохого или неверного в этом нет, так развивается наука.

Важным разделом в книге является «Предполагаемые лексические заимствования из неизвестного субстрата», данные из которого в принципе согласуются о «чересполосице» происхождения как германцев, так и их языка. Согласно цитированиям автора, еще в конце 19-го - начале 20-го века было обнаружено, что около 30% общегерманского словарного состава не имеет соответствия в других ИЕ языках, и что около 1000 корней в немецком языке этимологически не связаны с корнями в других ИЕ языках

(Либих, Фейст). Сюда же относятся описываемые заимствования из баскского (васконского) языка в протогерманский (Феннеман). Так это и целом и должно быть, исходя из «составного» происхождения германцев с участием «неиндоевропейских» гаплогрупп I1, G, R1b. Правда, далее Ю.К. Кузьменко пишет, что для многих из этих слов ИЕ этимология была предложена, но далеко не для всех.

При рассмотрении вопросов, поставленных в книге, мешают стереотипы. Один из них – что носители гаплогруппы R1b жили в Европе десятки тысяч лет. Это неверно, они прибыли в Европу только около 5 тысяч лет назад. Другой стереотип – что эти носители гаплогруппы R1b в те времена говорили на индоевропейских языках. Этот стереотип вообще непонятно откуда появился, видимо, следствие той же «гипотезы палеолитической непрерывности», типа что если они сейчас говорят на языках ИЕ семьи, то так было всегда. Еще один стереотип – что древние («исходные») кельты Гальштата и Ла Тене относились к гаплогруппе R1b, потому что те, кто называет себя сейчас их потомками, имеют гаплогруппу R1b (в основном жители Британских островов). Здесь – просто нагромождение путаниц. «Исходные» кельты не могли говорить на языках гаплогруппы R1b, иначе тогда непонятно, что там так быстро распространялось от кельтов в среде R1b, населявших тогда Европу в середине 1-го тыс до н.э. Ответ – ИЕ язык и культурные признаки, что в первую очередь опять же индоевропейский язык, а также изделия и технологии.

Далее – уже в целом известно, что центральноевропейских кельтов на Островах не было, и то, что им приписывали в отношении «материальных признаков» было на Островах еще с времен бронзы. На Острова в середине 1-го тыс до н.э. пришли опять же ИЕ языки, помимо тех фрагментов ИЕ языков, которые могли там, на Островах, остаться со времен R1a, но это мы утверждать не можем. Иначе говоря, Островные кельты – это R1b, потомки носителей культуры колоколовидных кубков, перенявшие ИЕ языки континентальной Европы 1-го тыс до н.э., языки гаплогруппы R1a. Никакого другого отношения к кельтам они не имеют, кроме того, что в начале 18-го века их языки были названы «кельтскими». Могли бы быть названы гальскими или валлийскими, про кельтов бы тогда и не вспомнили, кроме немногих упоминаний последних в античных источниках.

Ю.К. Кузьменко довольно много внимания уделяет роли протофинских языков в общегерманском (хотя в итоге не придает этому большого значения). По составу современных этнических немцев всего лишь 1% относится к гаплогруппе N, и такие количества не имеют исторического

значения. Нет оснований полагать, что раньше этой гаплогруппы на территориях современной Германии было больше. В настоящее время этот 1% может быть отнесен к относительно недавним финским переселенцам и их потомкам. Гаплогруппа N1c1 у финнов и южнобалтийских славян (гаплотипы которых принципиально отличаются от финских) относительно молодая, основные ветви относятся к 1-му тыс нашей эры, и их «финно-угорские» предки жили не глубже 1-го тыс до н.э. (собственно, к тому же времени относят протофинские языки), а до того они жили, скорее всего, в уральском регионе и были от германцев довольно далеко. До того на Балтике жили скорее всего носители гаплогрупп I1 и R1a. Они там и продолжают жить. Среди саамов, которых автор книги довольно часто упоминает, гаплогруппа N1c1 составляет 46%, I1 – 32%, R1a – 13%, R1b – 5%, а приписываемая им гаплогруппа J2 скорее всего ошибочная, она не воспроизводится в других исследованиях.

Автор книги приводит восемь гипотез о происхождении германцев, и все восемь на самом деле в той или иной степени правильны. Первая гипотеза – о том, что в происхождении древних германцев участвовала палеолитическая гаплогруппа I. Это – так, и носители этой гаплогруппы входят в состав современных немцев, и определенно входили раньше. Они, вполне возможно, и принесли тот самый «неиндоевропейский субстрат» в общегерманском языке. Вторая гипотеза – об участии в этногенезе германцев культуры воронковидных кубков, и это тоже так. Это – гаплогруппа I1 и/или G, северная Германия – южная Скандинавия, в совокупности с мегалитической культурой, видимо, гаплогруппы I2. Они, конечно, не были индоевропейскими ни по происхождению, ни по языку, во всяком случае преимущественно. Третья гипотеза – об участии в происхождении германцев культура шаровых амфор – и это так. То, что эта культура *«частично совпадала по времени не только с культурой шнуровой керамики и ямочно-гребенчатой керамики, но и с чуть более молодой культурой колоколовидных кубков»* – оставим на совести тех, кто так интерпретировал археологические или лингвистические данные. По времени на Земле много чего с многим совпадает, но какое это имеет значение? Естественно, что-то с чем-то как-то в чем-то могло совпадать, но надо выделять главное на фоне второстепенного. Четвертая гипотеза – об участии культуры шнуровой керамики, и это, естественно, тоже было так. Только носители этой культуры вовсе не пришли из южнорусских степей, как считала М. Гимбутас, полностью перепутавшая культуры R1a и R1b, направления их движения, кто из них «индоевропейцы» и кто нет (правильный ответ – «индоевропейцы» в те времена двигались с запада на восток, а кочевники-неиндоевропейцы R1b – с востока на юг и на запад), и у кого была «курганная культура» (правильный ответ – в основном не у

«индоевропейцев», а у пра-тюрков R1b на Русской равнине). Автор книги цитирует работы Kilian (1988) и Häusler (2002), которые отвергают «курганную гипотезу» Гимбутас, «поскольку отрицают происхождение культуры шнуровой керамики от «курганной культуры». Они полностью правы. Грубо говоря, «курганники» - это прототюрки, шнуровики – «индоевропейцы». Опять же, не стоит заниматься начеточничеством, указывая на курган, насыпанный носителями R1a или I1 в регионе Киевской Руси. Речь – о системе, а не об исключениях.

Автор книги в целом правильно пишет, что *«гипотеза о появлении германцев в результате слияния представителей культуры воронковидных кубков и мегалитов с культурой шнуровой керамики является сейчас господствующей»*, правильно не в том отношении, что она господствующая, а в том, что она в целом верная. «В целом» - потому что относится к периоду ранее 4500 лет назад. После этого в нее, культуру I1 и R1a, стала активно вливаться культура колоколовидных кубков, R1b, и в результате они и остались доминирующими гаплогруппами в современной Германии (хотя их история в Европе вообще и с Германии в частности была довольно «извилистой»).

Пятая гипотеза – о том, что германцы сформировались в ранней бронзе на основе унетичской культуры (4300-3600 лет назад), которая была предшественницей кельтов в их традиционном понимании как носителей гаплогруппы R1b, и наследницей культуры колоколовидных кубков. И это тоже верно. Шнуровики (R1a) ушли на Русскую равнину, и их место заняли R1b. Естественно, они приняли участие в формировании германцев, и сейчас они составляют более половины мужского населения Германии.

Шестая гипотеза фактически повторяет предыдущие – что германцы сформировались на основе культур шнуровой керамики и колоколовидных кубков, только дата смещена к 3800-2800 лет назад. И это тоже верно. Не было там «или-или», был непрерывный исторический процесс на протяжении тысячелетий, с участием многих культур и гаплогрупп. То, что многие исключительно германские инновации начали формироваться именно в то время – отражает этот непрерывный исторический процесс в его динамике и вариациях. Седьмая гипотеза, что германцы сформировались только в железном веке, в период 600-100 лет до н.э., зависит от определения понятия «сформировались». При ряде условий и это подойдет. Это же относится и к последней, восьмой гипотезе, что германцы сформировались только в эпоху Римской империи. В данном случае у историков в применении к германцам появляется понятие «осознание своей этнической идентичности». Так что и это может

быть, тем более что именно к тому времени сформировался единый германский язык.

Последний раздел книги называется «Данные популяционной генетики в прародине и контактах германцев». С одной стороны, введение такого раздела можно только приветствовать. С другой, слова «популяционной генетики» в этом контексте повергают понимающего читателя в уныние. Каждый раз – драма, когда популяционная генетика пытается влезть в вопросы о «прародине», в исторические вопросы, в лингвистику. Там ей просто не место, она этого не умеет в принципе. Так и получилось в данном случае. Поэтому я бы хотел найти хорошие слова в адрес автора, но могу похвалить его только за храбрость, за то, что решился на рассмотрение этих вопросов, одним из первых среди лингвистов в мире. Были, правда, и другие лингвисты в других странах, которые брались за «генетику» и хронологию истории человечества, как, например, Кавалли-Сфорца, но это было вообще сплошное расстройство. Одна скидка – на то, что были первыми. Но они такое насочиняли, что до сих пор приходится расхлебывать. Главное – что выдавали фантазии за действительность, причем фантазии, ничем не подкрепленные. «То у них собаки лают, то руины говорят» (С).

Не избежал этого и автор книги. С самого начала главы он начал путать гены с гаплогруппами, не понимая, что гены не *«восходят к одному предку, т.е. человеку с определенной мутацией»*. Хромосомы рекомбинируются, поэтому восходят не к одному, а к гигантской сети предков со стороны как отца, так и матери. В том-то и суть ДНК-генеалогии, что в ней используются нерекombинируемые последовательности, или Y-хромосомы у мужчин, или мтДНК у женщин (и у мужчин, но по материнской линии). Далее, какой смысл обсуждать, что *«показали, что современное распределение Y-хромосом в Европе фактически не коррелирует ни с современным распределением языков, ни с современным географическим положением народов»*. Что уж там «показывать», это и так ясно. Я сам давно в США переехал, ну, и чего у меня эти корреляции искать с гаплогруппой R1a в Америке? С чем коррелируют потомки англо-саксов в Америке и в Австралии? Китайцы в канадском Ванкувере, которых там половина огромного города? Евреи в Биробиджане, которые там то есть, то их уже нет?

Речь-то не о «современном распределении», и потому популяционная генетика совершенно не нужна для исторических и лингвистических исследований. Речь о ДНК-генеалогии, о датировках, об исторических реконструкциях. А автор всё продолжает о современных частотах, которые нужны только для их экстраполяций, обращенных в прошлое. Потому я и

пишу, что 46% R1b в Германии – это продукт последних 4500 лет, а до этого их там вообще не было. А то, что в современной Германии полно турок и югославов – это же ведь не исторические реконструкции. Но задача популяционной генетики – именно этих тюрков и югославов описывать, для социальных и экономических расчетов, для изучения и понимания распространения наследственных заболеваний в современном мире. Вот в чем принципиальная разница между ДНК-генеалогией и популяционной генетикой. Первая – историческая наука просто по определению, вторая – нет. Вторая – про современные «частоты» и связанные с этим закономерности в современном мире.

Вот как дается определение популяционной генетики в учебниках: *Популяционная генетика обычно занимается сравнительным анализом популяций путем изучения частот аллелей и их изменения под влиянием эволюционных процессов, объясняя таким образом адаптацию и специализацию в популяциях, и в итоге формулируя закономерности и законы перехода от набора генотипов к серии фенотипов в популяции.*

Как видно, никакой истории с ее хронологией нет и близко.

А дальше у автора книги так и пошло – «одни генетики считают одно, другие генетики считают другое». При таком подходе глава была обречена. Но, к чести автора, кое в чем он смог сам разобраться. Например, что возраст гаплогруппы R1b в Европе никак не может быть палеолитическим, иначе получается явное несоответствие с лингвистикой.

В чем автор не смог разобраться – это опять в ламенциях популяционной генетики, типа что «предполагаемая датировка гаплогруппы I1 основана только на современных данных», и что «пока гаплогруппы типа I были обнаружены только у ... останков, относящихся к 1000 г до н.э.». Первое – совершенно не аргумент, на то и подходы ДНК-генеалогии. На основании современных данных было найдено, что гаплогруппы I1 и I2 разошлись 30 тысяч лет назад (Клёсов и Рожанский, 2012), что африканская и неафриканская линии Y-хромосомы разошлись 160 ± 12 тысяч лет назад, и что линии (будущего) человека и шимпанзе разошлись около 6 миллионов лет назад. Методы ДНК-генеалогии предсказали наличие R1a в Германии 4700 лет назад (Клёсов, август 2008), и через несколько месяцев были опубликованы данные об ископаемых R1a в Германии с датировкой 4600 лет назад (Наак, октябрь 2008). Ископаемые гаплотипы в основном только подтверждают данные ДНК-генеалогии, или порой удревяют их.

В отношении второго – недавно были выявлены ископаемые I2 с датировкой 5000 лет назад, в Бретани (Франция), см. предыдущую статью в данном выпуске Вестника. А автор, В.К. Кузьменко, пишет о «несоответствии реконструкций», потому что пока ископаемых гаплотипов, по его мнению, не нашли. В науке многое рассчитывается и экстраполируется, на основании ЗНАНИЙ, и никто при этом не говорит о «несоответствии реконструкций». В данном случае это объясняется просто непониманием сути ДНК-генеалогии, которая обрабатывает «разбег мутаций» у наших современников. Если разбег мутаций велик – то и без ископаемых гаплотипов ясно, что общий предок древний, а насколько древний – показывают расчеты, давно проверенные по историческим данным. Естественно, иметь ископаемые гаплотипы полезно для сверки данных, но такая роскошь редка. Это вовсе не значит, что наука должна остановиться и причитать, что вот нет ископаемых данных, что, мол, теперь делать?

А вот всякие «иберийские» убежища для носителей гаплогруппы I, как и некие «украинские убежища» для гаплогруппы R1a в ледниковом периоде – это действительно фантазии, на которые падка популяционная генетика. Таких данных просто нет. Как и постоянные обороты в данной главе «предполагают, что ...». Что значит «предполагают», на основании чего? Опять повеяло «популяционной генетикой», ее типичные обороты.

Поскольку автор книги не очень разбирается в гаплогруппах и субкладах, и некритично списывает у литературе или просто фантазирует, то часты пассажи типа *«еще дальше, на юго-восток, процент гаплогруппы R1b снова возрастает, однако, без характерного для Европы маркера M269... на северном Кавказе и в юго-западной Азии»*. На самом деле маркер M269 появился в R1b задолго до Европы (в контексте автора), еще у башкир на Урале и в Северном Казахстане (субклад R1b-M269-L23), прошел в составе этого субклада по Русской равнине, свернул на юг, прошел через Кавказ в Анатолию, прошел по Ближнему Востоку, и пришел в Европу, и все в сопровождении маркера M269.

Ссылки на Soares et al (2010), что R1b в Европе датируется якобы верхним палеолитом, потому что автор так «считает», совершенно несостоятельны. Считать в науке мало, надо обосновывать и доказывать. У Soares этого нет и близко. Просто надо понимать, что одни количественно рассчитывают и на проверенном основании, а другие «предполагают», и отделять одно от другого. Понятно, что автору книги нельзя ставить в вину, что он не разобрался в новой для него дисциплине, но в итоге глава оказалась, как уже упоминалось, совершенно смазанной. А жаль. Интуиция автора в том,

где наука, а где «предположения», его подвела. Он решил всё рассматривать «нейтрально», то ли земля плоская, то ли круглая, то ли квадратная. Как решил рассматривать, то и получил. Действительно, откуда автору книги знать, что Underhill (2010), которого автор тоже «нейтрально» рассматривает, фактически умножает все датировки на три, то есть завышает их на 300%. И когда автор цитирует Андерхилла, и далее пишет, что «Рожанский и Клёсов также считают», то он просто не понимает, что считают совершенно по другому, и получают тоже совершенно другое. Андерхилл завышает датировки на Русской равнине в три раза, и получает 8-10 тысяч лет назад, а Рожанский и Клёсов находят действительно древние гаплотипы, с датировкой 9 тысяч лет назад, что по Андерхиллу дало бы 37 тысяч лет назад. Иначе говоря, Андерхилл просто завышает обычные датировки, что не имеет никакого исторического смысла. Совпадение – просто случайное, внеисторическое.

Тем не менее, опять же к чести автора, «Заключение» книги вполне разумное, и не показывает явных конфликтов с данными ДНК-генеалогии. Отмечена роль гаплогрупп R1a, R1b и I1 в формировании общегерманского языка, с началом его формирования и появлением германского этноса в конце III тыс до н.э. (примерно 4000 лет назад), и временем распада этого этноса в середине или второй половине 1-го тыс до н.э. (2500-2200 лет назад), и завершением формирования общегерманского языка к середине 1-го тыс до н.э. После этого начинается его распад на отдельные группы, такие, как восточно-германская группа, западно-германская группа, скандинавская группа, что, кстати, совпадает с временем продвижения целой серии ветвей гаплогруппы R1a в Европу вообще и в Германию в частности.

Однако, как завершает автор, «это уже тема другой книги». С ним можно только согласиться.

Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК- генеалогии.

Веда 18. О Карани и Руге.

Георгий Максименко

*Ведом мне мой отец да дед
Да немного ближайший прадед,
А меж тем с изначальных лет
Даль времен моей жизнью правит.*

И.И. Кобзев

Суть вопроса.

Исследуемая веда затрагивает два исторических события, на которые, на мой взгляд, следовало бы обратить внимание. Это события в Карани и Руге. Первый топоним относится к городу, второй к острову. Предстоит выяснить, насколько данная информация соответствует другим первоисточникам и насколько описываемые события соответствуют историческим данным по которым можно сверить события изложенные в ведах.

Содержание исследуемого первоисточника.

**Исходный материал 18-й веды
переложенный на кириллицу.**

25-III

*Се бяцете овы о Караню и се град мал о брзех морстиех руштиех и тамо бя
конезе якови се рще елане бие те о отрцете одо русе и тое оудиеяцетъ рате и*

комонества. Иде на не и витеже ие. Елансте плакещесе о тузу иех и просяце ие дане платите и та дане с неоудиеная о овне хорязе и вино и то елансте видяе яко рушите пияшуте многа и о лице на не се взетесе и вытежете иех и се бо грядеть волсев ухо рензе и брате ие соловень и тое рекста рушитием не тварзецетесе на даре тоа и се рушитие не слехоца и сео упияце и о тема днема еланьште сен вргоце на онь и розтрце иех и се погынъсте тоа зряце рушитие отеце до степие и там осерце и сылы свиеа овлецетесе и идьша оспеть на оние и поврзеце иех се Бзи дерзяце оние. Руце их о укрэпце и тые одежешуть витеже се бо пряшуть вразие и тако рекуть яко овче рострцем оны и бедехомь саме о крае тие владце яко Красне соуте о нои и тие не дахом се трглаве молихомь Влице и Мале и се бо трглаве наше остяжоуте нои и брзе скоцашуте на комоне вразием поражените творяй и то узряцехомь яко Бзи овладацють оте и се узрехомь яко мртве соуте и оубиены Бзема и намо по име кроцешете и видите мертва телесы мнозя яко влика рате Пероуня нанесе вергоца и розтце тоу и се сварозицы ошуе тоа текоцуть и дежде принесе побиедоу нашу во ренциех свеиех роду славноу об оцех слву держащиему и до днесе на полие вентежете вразе свие могоущему и се Жаля жалюие над врази и горыне горенцетъся о смрте иех яко од е ренце бозске се вергоуть се Карыне плацетъсе о мертвиех тиех як осталисе о тропие боженъсте и земрецють и поля тоя полне несоуте мртве коце и главе оусеницены и оуде одо телесы оурезиены се валяце о травие и смрад иде оде полие тоя и враны летяцють до не мртве оцесы долбентесе и ясте мужескя мясы многа понещено и се рце Ореу Сваргъ наше як о семе истваре истварю вои од персте моя и буде рещено иже сте сыны ствареого и ставитесе яко сыны иствареоговы и будетие яко diety моя. Дажьде буде оц ваше тому достете послухаетесе и то ие вам реще чесо имяшете о тые диеяте и како рещете и щето творяцете и народ вликъ. Вытежените о сва светы и потлцешете роди Ини иже истягнуце сылы изо камене чюды творяе безо комоня повензы и свако диеяте чудня. Мимо кудсници иже всяк бендешете грядеть яко кудесник и Ругу твъряе клентвы диеяцие на кметь и кметь се подробе и тако словесы многа и многа и о теиех словесы ома мете вои и подробените одерене о златие миено и о то миено продацете вои вразием хотяе тако и тое Бози вамо рещуть и до Ориовие завиете любыте света зелена и животня и любыте друзе сва и быте мирние мезде роди и поте одобие бысте седьмы десенте конензе нашиие яко Мезислав о Боруславъ. Комонебранец и Горыславъ и тако избяцени ины о веще и одлоуцени о веще колибва люды не хотяцете иех се бо тые конезе влице трудищесе и се Кышек бя Великамоудр и тои умре. По не бяще ини кажедие творяе ниещо благие о русы паменте нашиие то удржецеть якожде имяхомь ие славете всак тризень три виеде и потицетесе о паменть иех на сыны нашиие и ни кий не смее на то запомняшетесе яко проклент бенде о Божиех нашиих. Чловециех и люды имено го охибнуть од виекы.

Авторский перевод.

Это будет новое время в Карани.

Это был город малый, который стоял на берегах морских русских, там были князья, которые это говорили:

- Эллины были в оторванности от русов, поэтому в уединении была у них рать и конница. Идут русы на Карань и побеждают их.

Эллины плакались о трудностях своих и просили данью откупиться. Та дань за неприсоединение Карани к руссам, в овцах хороших и вином. То эллины видели, как русы пьют много и на лице у них это отражается, побеждает их. Бредет волхв, ухо режет и брат ему соловей. Тот сказал русичам:

- Не тарашьтесь на дары эллинов.

Этого русичи не услышали. Поэтому напились и теми днями эллины все напали на них и раскололи. Это поганство эллинов видели русичи, отошли в степи. Там осерчали и силой своей овладели. Пошли обратно на них и повергли эллинов. Это Боги дерзали их, руки их укрепляли и тем одержали победу. Эту победу скрывают враги и так говорят:

- Как овец разгоним вас и будем сами в крае том владеть, так как Карань ведь наша.

Того не допустим. Триглаву молимся Великому и Малому. Триглавы наши остерегают нас и борзо скачут на конях, врагам поражение творя. То узреем, так как Боги овладеют тем и это узреем, так как умирающие и убиенны тоже Богами. Нам с ними идти короче. Видели мертвых тел много, так как великая рать Перуна несется воргоча. Разбегутся все от рати той. Когда сварожичей почуют, тогда тикают. Надежда принесет победу нашу в руках своих роду славному, отцам Славу провозглашавшим. До полудня побеждаем на поле врагов могуществом своим.

Жаля жалуется над врагами и Горыня горюет о смерти их, так как от ее руки дивной это вершится, это Карина плачется о мертвых тех, так как остались на тропе божественной. Замирают и поля те, так как много несут мертвых костей и голов усеченных. Куски расчленённых тел валяются в траве и смрад идет от полей тех. Вороны летят на поля, мертвые глаза долбают и едят много мяса павшего мужского.

Это говорит Орею Сварог наш:

- Как семя сотворено, сотворил вас от перста своего и будет сказано, которые вместе сыны сотворенного, ставитесь как сыны сотворенные и будете как дети мои. Дажьбо будет отец ваш, к тому должны прислушиваться. То его вам речь, время имеете, в том времени деяние и какво речь держите, и что творите. Народ велик. Вытяните в свой свет и потолчете роды Ини, ежели вытянули свои силы из камня чудеса творя, без коней повозки и всякие деяния чудные. Не обратят внимания на кудесников, ежели всяк будет предсказывать как кудесник. Ругу строили, советы давали на память и память эта подробная. Так слов на память написано много. Много в тех словах ОМА метили вам, подробности одерени описывали в золотом обмене и

в том обмене, что предал вас врагам, которым хотелось так. Те Боги вам говорят:

- Ориевы заветы любите цвета зелени и животных, любите друзей своих и будьте мирные между родами.

Потом одобрено было семьдесят князей наших, таких, как Мезислав из Боруслави, Комонебранец и Горыслав. Так избирались иные на вече и отлучали на вече, если люди не хотели их. Поэтому князья хорошо трудились. Кышек был Великомудр, тот умер. После него были другие князья. Все князья творили нечто благое в русской памяти нашей. То в памяти удержится, раз имеем её и умеем славить всякой тризной трижды во время еды и почитаем в память их при сынах наших. Никто не смеет это запечатовать, так как проклят будет Богами нашими. Человечество и люди имя его забудут в веках.

Комментарии и выборка тем для исследования.

Исследуя топонимику названий близких к Карани первое, что обращают на себя внимание - сведения Геродота об одном из античных городов исторической области Киренаика. Это город Карена, посвящённый Аполлону, на территории современной Ливии, недалеко от морского порта Аполлония. Этот древний город был основан переселенцами с острова Феры. Первым царем Кирены, по сведениям Аристотеля, (по дорийски – Кираны), был Батт-Аристотель.

В поиске из первых древних названий – Карань, ближе всего подходят сёла Гранитное и Флотское, расположенные у берегов Чёрного и Азовского морей. Других, близких по описанию вариантов найти не удалось.

Что касается Руги, тут с поисками сложности не возникает, т.к. в Вестнике АДНК-генеалогии (т.3 №9 2010 г., с. 1611) уже рассматривался данный топоним и был идентифицирован как древнее название острова Рюген в Балтийском море и подтверждается рядом общепринятых первоисточников. Данный остров имеет мыс под названием Аркона и представляет собой северную оконечность острова. Его характерной чертой является то, что здесь находилось славянское укрепленное поселение с храмом, посвященным богу Свентовиту (Свентовиду). До настоящего времени сохранились земляные валы. Археологические находки указывают на то, что остров был заселен ещё в каменном веке. По всему острову сохранились курганы и камни для пожертвований. Это место и есть та самая Руга, о которой повествуется в данной веде. По ведам остров был заселён славянскими племенами ариев –давшее себе новое поименование – руги.

Карена.

Во время господства династии Баттиадов, Кирена, благодаря мореходству и торговле, достигла высокой степени процветания и после продолжительной и жестокой борьбы с Египтом и Карфагеном сделалась независимой. В VI веке н.э. братья царя Аркесилая II образовали из западных городов самостоятельное

государство Барку. Власть баттиадов была уничтожена персидским царем Камбизом, присоединившим Кирену к египетской сатрапии. Следовательно, Карена не попадает в описываемые в ведах события, хоть и связана в некоторой степени с греческим античным периодом.

Карань по описанию вед была основана греческими переселенцами и находилась на территории у побережья Чёрного моря.

Гранитное - Карань.

Своё внимание село Гранитное Тельмановского района Донецкой области привлекло тем, что имело первоначальное название Карань и несмотря на своё основание в 1760 г переселенцами из крымских сел Карань, Черкес-Кермен и Мармара, в своей окрестности имеет археологические объекты – курганы. Но как оказалось, эти курганы датированы бронзовым веком и к исследуемому нами вопросу не относятся. Искать описываемую в ведах Карань следует искать в другом месте, на Черноморском побережье.

Флотское – Карань.

Село Флотское имеющее старое название - Карань представляло собой небольшое городище, располагавшееся у Черноморского побережья на территории Крымского полуострова. Основано греческими переселенцами со Средиземноморья. Историю Карани О.В. Моргун тесно связывает с судьбой Балаклавы, которая, в свою очередь, тесно связана с генуэзцами. Уже в 1266 году они прочно обосновались на месте древней Феодосии. Вероятно, в то же время появилась генуэзская колония в Балаклаве. Крымский хан, заключив в 1380 году мирный договор с генуэзцами, признал за ними право владения крепостью, которая с этого времени стала именоваться в генуэзских документах Чембало. Основав новую колонию, генуэзцы приступили к строительству крепости. Вполне возможно, что они использовали укрепления, которые могли ранее возвести греки, отмечает автор. Далее он сообщает: *«летом 1475 года турки захватили генуэзские колонии в Крыму, в том числе и Чембало, дав ей новое название - Балык-юве (Рыбье гнездо или садок для рыб). Некоторыми исследователями оно переводится как Балык-кая (хая) - рыбная скала. Пленных генуэзцев вывезли в Константинополь, небольшая же часть, ушедшая в горы, смешалась с местным населением. В 1771 году войска князя В. М. Долгорукова вступили в Крым. На следующий год 1 ноября в Карасубазаре (г. Белогорск) между Российской империей и Крымским ханством подписали договор о дружбе и союзе. Потерпев ряд поражений на суше, и потеряв флот в Чесменском бою, Турция в 1774 году была вынуждена заключить с Россией мирный Кючук-Кайнарджийский договор. Крымское ханство объявлялось независимым от Турции. Крым стал русским.»*

Топоним Карань, по имеющимся сведениям, продержался до 1945 года, когда был переименован в село Флотское, сегодня являющееся частью Балаклавского района г. Севастополя.

Интереснее более древняя история Карани, в период освоения её греками, т.к. об этом имеется прямое упоминание в ведах. По некоторым сведениям этот район упоминается у Гомера в «Одиссее» как город лестригонов - Ламос. На такое предположение наводят следующие строки из Одиссеи:

*В гавань прекрасную там мы вошли. Её окружают
Скалы крутые с обеих сторон непрерывной стеною.
Около входа высоко вздымаются друг против друга
Два выбегающих мыса, и узок вход в эту гавань.
<...> никогда не бывало в заливе
Волн ни высоких, ни малых, и ровно блестела поверхность.*

Имеются и другие сведения взятые из Интернета и легко проверяемые по первоисточникам:

В I веке н. э. Плиний Старший в «Естественной истории» при перечислении окрестных городов Херсонеса называет Symbolum portus (Естественная история, IV, 86). Страбон пишет о «гавани с узким входом, где тавры обычно собирали свои разбойничьи банды, нападая на тех, кто спасался сюда бегством», под названием Συμβολων Λιμῆν (География, VII, 4, 2). Такое название, видимо, следует переводить как Сигнальная бухта, поскольку вход в гавань скрыт за скалами и не виден с моря. До I века н. э. это была рыбацья деревушка, основным населением которой были тавры. Они были вытеснены лишь с приходом римлян.

В 60-е годы I века н. э. (между 63 и 66) римские легионы под командованием легата провинции Нижняя Мёзия Плавтия Сильвана разгромили тавро-скифское войско, осадившее Херсонес. Вскоре после этого римские гарнизоны были введены в Херсонес, а на мысе Ай-Тодор была возведена крепость Харакс, военный лагерь появился и в бухте Сymbолон. Именно с этого времени начинается датировка найденных на территории Балаклавы монет, херсонесских и римских. Также было обнаружено несколько римских построек — одноэтажное девятикомнатное здание (так называемый «казенный дом»), которое было крыто черепицей с клеймами легионов, а также храм, посвященный Юпитеру Долихену.

После того как в середине 240-х годов римские войска покидают Крым, город не опустевает, греческий поселок оставался там до 370-х годов, когда был разрушен нашествием гуннов. Однако уже в начале VII века здесь фиксируется греческий поселок Ямболи, в 702 году здесь скрывался император Юстиниан II, бежавший из Херсонеса. Название Ямболи является искажением первоначального Сymbолон.

Генуэзская колония.

В начале XIII века Ямболи включается в территорию княжества Феодоро. Но уже в 1345 году Ямболи захватили генуэзцы, которые, однако, недолго удерживали город, поскольку были выбиты оттуда татарскими войсками. Тем не менее в 1357 году колония опять оказалась в руках Генуи: именно этим годом датируется

начало строительства крепости Чембало (Cembalo) — так итальянцы переняли название Ямболи. В 1380 году золотоордынский хан Тохтамыш, стремящийся заручиться поддержкой генуэзцев, передал им во владение все южное побережье Крыма — от Алушты до Балаклавы; эта территория получила название капитанство Готия.

Выводы:

1. Карань является более древним городищем основанным греками на побережье Крымского полуострова Чёрного моря, и относится к античному периоду его возведения.
2. Более точную дату образования Карани можно определить по периоду жизни Гомера написавшего «Илиаду» и «Одиссее». Они были созданы значительно позже описываемых в них событий, но раньше VI века до н.э., т.е. более 2500 лет назад, когда достоверно зафиксировано их существование. Несмотря на то, что период жизни Гомера остаётся спорным в современной науке и некоторые учёные относят его приблизительно к VIII веку до н. э., есть сведения упоминаемые Геродотом о том, что Гомер жил за 400 лет до него, другие источники древности относят его жизнь ко временам Троянской войны, которая так же имеет оспариваемую дату.
3. Выявление более точной даты образования Карани требует отдельной темы исследования.

Веда 19.

О славянах – ариях – русичах Европы.

*«Сначала вас игнорируют,
потом над вами смеются,
потом с вами борются,
а затем вы победили».*

(Мохандас Ганди. Махатма).

Содержание исследуемого первоисточника.

Исходный материал 19-й веды переложенный на кириллицу.

III-28

*Се в ране нашии Оте и Немо яхомъ овратеце о заде и се вращеть и се граде
нашии о тяготе све о се щасе се риекощъ имо конензь Бравлень одержатесе о
помоще грд грдвие и держешете вое свое да се храниешуть о нои сылу Русе о
иединиу грзу врзием и такве и се и себ то жмыдие риекца намо о Годие яка имае
Детереха. Иде до полуноце и тамо у Жмыдие овратетесе до полудение и се идетъ
на Роме и тамо се перящеть легы и вое ины и бере Ругу Велику оде о нои и се
втрзежеть до земле о нои. И се Детерех убиень бящъ одо Крехимоу се бо годе тая
Бзем противеня и тысенъ изплеващуть ие и се градие нашии соуте с Ире и старце
родце нашии не избрящуть иня о себе абы те ихева правитесе идяхомъ и до не и
достоитыема риещешете о тоя и потрце те на внезапно утруждоу и се
труждащехомъ о тоя и слезе лиуот.*

*Бие крыдлема Матер Сва Слава и врещеть намо о трудньиим щасу сушьны и мору
говяди се виехомъ якожде рцена есе од пра оце яко кильцы поможя има и се бо
идоца до не и тако бышия сталиеты о упомождены от иех и такожде о ыльмы се
ботъ и лероу ись ме родице и се роде Розаницъ имие нои до средьце отце и охрание
нои оде врзе себъ то вргохомъ ныние и се молихъ Бзе о заступнене нашии и то
бендешеть тако ясна бо и е про нои и се венде шеть оце нашии скъррезъ горы и
стенне мимо годие и се Доноу пияце имияхомъ ту риекоу нашу якожде врзехомъ
крве нашу до земе и та и е руська земе и буде руська се бо русице имяхомъ по
тргу Свржещеськоу о нои и се твряхомъ труд нашъ о жидьбие и се жмыдь
рещеть намо яко пишеде о дом оцие нашии и подрже нои противе рзием нашим
корен сте бо не имяхъ ни коя то рещешете на вои и то Азриех поможашете о*

борбу руськоу соупротвие взем моема вашим и се за троудень щас нашъ не бржиехомъ о нои. Идемъ оумарате за родъ нашъ и се огьден яма жереть оубиене и се врание ядъщуть оцесы иех и се трва растнеть скрезъ щелепень иу и то зряте не можяхомъ яко отратиехомъ до гры и земы и сылоу нашу и не божде бендиехомъ одерень взенте до Ралы ие якожде комоние тенгнете о Ориу иех и жноу иех виенете да ядутъ хлб нашъ и ядьмо земе и то не можашеть сен иевете до мысель нашии и крикце нашии не имяхомъ долити до кмете и се Бзе нашии долящуть врзе нашии и сломете хрбты иех яко дзерзеть не имоуть на свзеце нашии и влацете жены и диете нашии до трзице и тамо лениете елание и грцием за ображе србрение.

Златие се врзием риещехомъ озменджете сен якожде тмано сурие и се паруние о утеще на вои и розтрцецеть вои яко овчы и кратко тои отремтещуть и воие Сврьгы оубыашутьсе и себъ тои есе знаме якожде у Ниепры проквенте лозице в зимие и се Коупало укажяцеть про нои знаме о вентезе на врзие и то имяхомъ тварете себъ то Марь иде на не и мор се двиеты оемицуть сылы иех и омицуть ие под меще наше и се мощ меще омеждеть иу се межда диеляцеть нои и межда та и есе полня крве и то пренстенпете не достыте о иех колиж до нои и такъве и се Боровлень реще якожде съмиехомъ ходяцете до не то знаме намо рещеть якожде вентезете имяхомъ якосъ ме венде и се венде оусиедещуть на земие идиежде суне сурь спяцете в ноце на златием ложие и Мать и тамо иех земе есе се Сварог оце рещешеть о тоя и такожде братарие нашии соуте о тые крае и риещехомъ о нои якожде притещеутъ до нои за щас зымень и подржють нои и се сыла бозька пренде до нои и та нои удержяцеть до конце.

Се венде и донь идяхомъ помоцеше молити ине имиете якожде всак люд достить сен хранете само

Авторский перевод.

В дальней рани наши Оте и Немо имеем, вернувшиеся назад, этому поверим, эти города наши в тяжести своей в это время, это говорил им князь Бравлен: - Воздержитесь от помощи, города свои возводя, держите воинов своих, это сохраняет у нас силу Руси, в единую угрозу врагам.

Таково и это, сама жмыдь рассказывала нам о Годии, которая имела Детереха. Идет на север и там, у Жмыдии, поворачивает на юг и идёт на Ром. Там это не нравится легам и воинам другим. В ведах сказано, что «Годь берёт Ругу Великую», на самом деле это веда о нас. Не годь Ругу берёт себе, а мы забираем себе. Поэтому веда на самом деле пишется о нас, а не о годи. Это вторжение наше в землю эту. И это Детерех убит был Крехимом. Эта тайна годи богам противна, поэтому тысячи заплывают её. Это города наши с Ирия. Старцы родичей наших не избирали чужого у себя, чтобы те ими правили,

идем и до них, достойно говорите о том, потратятся те на внезапные утверждения, трудятся в том и слезы льют.

Бьет крыльями Мать Сва Слава, предвещает нам в трудном времени засуху и мор коров. Этому верим, когда сказанное произносится от времён отцов наших, как киельцы помогали им. Шли к ним и были столетия помощи от них. Так же можно говорить о них как о ильмах, это ведь боть и лирам есть мы родичи, это роды розаниц имели нас к сердцу отчому, охраняли нас от врагов. Сами то ворошим ныне, это молимся Богам о заступничестве нашем, то будет так ясно, либо и есть про нас, это вендами шли отцы наши сквозь горы и степи, мимо годи. Дону поющему имеем ту реку нашу, когда проливаем кровь нашу на землю. Та и есть русская земля, и будет русская. Русичи имеем потругу Сварожескую о нас, творим труд наш о житие. Жмыдь рассказывает нам, как пришли в дом отцов наших и поддержали нас, несмотря на разные с нами корни. Вместе не имели никогда никакого разногласия по отношению к нам. То Азриех помогает в борьбе русской сопротивляться врагам своим и нашим. Из-за трудного времени считается нашим, так как не бережем себя и идем умирать за род наш. Огненная яма жарит убиенно, воронье ест глаза их, и трава растёт сквозь черепа эти. Поэтому видеть не можем, как утрачиваем земли свои у горы и силу нашу. Не будет бедна дань, взятая в пользу Ралы его, когда с конями тянулись в Орею их. Женили их с вином, да едят хлеб наш и ели землю нашу. То не может все дойти до мыслей наших, крики наши не могут достучаться до памяти. Боги наши разделяют врагов наших и ломают хребты их, так как дерзость не имеют на свозице наши, волочат жен и детей наших на торжища, там лишаются их подкупамии эллинскими и греков за образы серебряные.

Золотыми словами это говорим:

- Уменьшите рода свои, когда туман в голове, это спаривание будет в утечке родов ваших, рассеет вас как овец. Многократно тем разметет вас, воинов Свароги побойтесь.

Самим тем самым есть знамение, когда у Днепра процветет лозица в зиме, это Купала укажет о нашем знаменнии в победе над врагами, имеем творение сами себе. То Марь идет на ней и мор сеет, дважды уменьшит силы их и уменьшает их под меч наш, это межа делит нас, межа та и есть полная крови. То препятствие недостаточное для них ежели приходит к нам. Таковое и Боровлень скажет:

- Когда смеем ходить к ним, то знамение нам подскажет, когда победу иметь будем и какие мы венды. Это венды усядутся на земле, где солнце - сурь спит в ночи на золотом ложе и Мать, там вендов земля есть. Это Сварог отцам говорит о том и также братья наши в том крае и говорим о них как о нас, когда придут к нам во время зимнее и поддержат нас. Это сила божеская придет к нам, та нас удержит до конца.

Это венды и донь идем помогать друг - другу, молитву иную имея. Всякий люд достоин всё хранить в себе сам.

Комментарии и выборка тем для исследования.

Одной из непростых задач является идентификация киельцев. На первый взгляд речь идёт о племенах кия (киевлянах), но при более внимательном изучении становится ясным, что искать это племя следует в Европе среди других племён. История Европы каменного, бронзового, железного веков и античного периода сильно запутана. Взять, к примеру, ту же современную Германию, Запад и Восток открыты морям. Общая протяжённость побережий - более тысячи километров. Ещё во времена Карла Великого на берегах жили саксы, фризы, юты и славянские племена вендов. Древние греки описали эти племена под названием – кельты. Не те ли это племена, что арии называли киельцами?

Следует попробовать идентифицировать города Оте и Неме. Племя - жмыдь отражается в ведах дружественным славянам племенем, периодически поддерживающим их в трудную минуту несмотря на разные корни. Это требует исследований и родового определения этих племён.

В поисках города Немо.

Если с Ругой удалось разобраться без особых затруднений и ею оказался остров Рюген, исследования по которому были проведены и описаны в ряде предыдущих работ (Вестник АДНК-генеалогии Т.3 № 9 за 2010, с. 1611), то поиски места под древним названием Оте пока не поддаются достоверному определению и можно только предположительно говорить о том, что речь может идти о территории расположенной на Европейской части континента, на путях расселения ариев гаплогруппы R1a1, с допущением, что данное место может оказаться на территории Иль-де-Франс во Франции, где имеется близкий по топонимике город Оти (Othis). Но пока что никаких прямых свидетельств этому нет, за исключением косвенных признаков, позволяющих исследовать этот вариант в будущем.

На поисках города Немо следует остановиться подробнее, т.к. в течение последнего времени удалось собрать достаточно материала для исследований и данная тема неоднократно поднималась и предварительно обсуждалась на форуме Академии ДНК-генеалогии. В ведах упоминается племя немо к которому могут относиться две родовых гаплогруппы, одна из ветвей гаплогруппы R1a1 вендов, которая прошла с Балкан по Рейну к Северному морю, после чего продвинулась к берегам Балтийского моря и осела на реке Немо (Неман), образовав там город Немо и племя годи (современных немцев) прибывшая на данную территорию

около 4800 лет назад и потеснившая R1a1, это гаплогруппа R1b. Название этого племени - "нема" (нэмо, немо) как написано в ведах, в конечном счёте могло преобразоваться в "немцев". Они, возможно, и искали свои арийские корни. В этом случае германцы и немцы – могут оказаться разные родоплеменные образования с разными родовыми гаплогруппами.

Вот что об этом племени говорится в славянских ведах:

*"Дни эти засекли сердце наше, это кровавые оды Тора, до вечера же ходим. Изроняем слезы в судах наших, жизни те это **нэмы** во времени тонут. Так вехой станем, когда время придет, так как по засеченному сами ходить умеем на врагов."*

*«Иная Тора идет за ними, как шла за отцами наша на Ромею, до Трояновой земли. Ведь **немо** будем, если бы варяги вели наших воинов - на то и акр, сами можем вести, тысячелетие бились от ромеев и годи».*

*«Это в рани наши Оте и **Немо** имеем, вернувшиеся к нам назад, этому поверим, эти города наши в тяжести своей в это время, это говорил им князь Бравлен:*

- Воздержитесь в помощи, города возводя, держите воинов своих, да это сохраняет в нас силу Руси, в единую угрозу врагам.»

По Неману, имеется немало славянских гидронимов и топонимов: Русне, Дубиса, Миния, Щара, Зельвянка, Молчадь, Россь, Лососянка, Гроднечанка, Гродно, Березина ... Нижняя часть Немана со своим притоком в древности носила название Руса. Очевидно Неман, по которому осели первоначально венды дав ему это название, несколько раз переходил из рук в руки и в конечном итоге немо (немцы) вынуждены были под натиском годи отступить назад к Эльбе (Лабе). Где в конечном итоге и могли осесть полабские немцы.

Академическая наука этимологию слова «немцы» выводит от древнерусского слова «нъмьць» означающее «человек, говорящий неясно, непонятно»; «иностранец», нъмьчинь, «немец, любой иностранец». К такому выводу приходят по результатам поисков в древнерусских документах с XII века. По свидетельству С. Максимова, в новгородских летописях норвежцы назывались «каинскими немцами». В Интернете имеются сведения о том, что в актах археологической экспедиции (документ 1588 г.) содержится определение этнонима «немец» к которым относятся:

*английские, барабатские, венетские, нидерландские, датские, каянские, курляндские, прусские, свейские, французские, икоцкие, испанские немцы. В документе XVII века говорится, что «Италия — страна латинска, близ Рима, а живут в ней мудрии немци». Немецкое же слово Deutsche происходит от древневерхненемецкого слова *diutisc* (от *diot*, что значит «народ»), которое использовалось в словосочетании «народный язык», как называли немецкий язык. Слово *ein diutscher* в смысле одного представителя немецкого народа появилось*

в средневерхненемецком языке во второй половине XII века.

Своё видение по слову «немец» (немо) образованного от топонима предложил член Академии ДНК-генеалогии И.Л.Рожанский:

Версия о производном от топонима смотрится очень даже логично, если вспомнить, насколько продуктивен в славянских и в русском, в частности, суффикс "-ец" в значении "выходец из". Литовец, норвежец, ирландец, черногорец, шотландец, кубинец, японец, китаец, чеченец, новгородец, (Илья) Муромец, и т.д. и т.п. Если бы даже по каким-то причинам этот суффикс в русском бы изменился, его можно было бы реконструировать по венгерскому *petet*, где он законсервировался при заимствовании как часть корня. И с ударением тут все в порядке, и смысловых натяжек со странной избирательностью немоты нет.

Как только локализовать, что это за Нема или Немо, и какова его (ее) связь с германоязычными племенами? Версия с современным Неманом - самая очевидная, но наверняка не единственная.

Что касается этнонима "германцы", то это экзоним. Так называли своих соседей (что буквально и означает это слово) кельты, жившие по Рейну. Есть и другие версии перевода, но сути они не меняют. Себя германцы так никогда не называли. Вначале звались по племенам, затем в качестве собирательно вошло в обиход название древнего племени тевтонов - *Deutsche* в современном немецком.

При продвижении группы ариев R1a1 с Карпат вдоль Рейна к Северному морю и далее к Балтийскому шло расселение славяно-арийских племён по рекам, из чего можно сделать простой вывод, в БСЭ информация о том, что ободриты (бодричи) - это племя полабских славян, можно подвергнуть сомнению и на самом деле бодричи сидели по Одру и были это племена славян-ариев, а полабские славяне-арии сидели по Лаббе (Эльбе), Пруссы сидели очевидно по реке Руссе (лужичане) и всё это были славяне – арии принадлежащие одному роду R1a1. Куда они делись? Если они были истреблены тогда кем и когда? Или же они при вытеснении со своих рек ассимилировались с другими народами. По данным ДНК-генеалогии на северо-востоке современной Германии гаплогруппа R1a1 составляет 23% своего населения. Сегодня многим народам приписывают топонимику рубежа 1-х веков на этих территориях, включая германцев и другим народам, но только не славянам-ариям, распространившим свой язык на большей территории Евразийского континента. Но по каким-то (очевидно политическим) причинам глубже 6 в. пускать, как уже стало окончательно понятно – «невелено». Что не способствует установлению исторической справедливости.

Вот что по этому поводу пишет в дискуссиях на академическом форуме ДНК-генеалогии И.Л.Рожанский:

Не очень понятно, откуда такое однозначное противопоставление немцы - славяне. Вплоть до эпохи демографического подъема середины 1-го тысячелетия до н.э. это была группа родственных как по языку, так и по генеалогии племен, о чем говорят реконструкции древа ИЕ языков и наличие ветвей R1a1, представленных исключительно носителями германских языков. Это обе скандинавские, северо-западные и старая европейская ветви.

Кроме того, археология Южной Швеции, гипотетической прародины германских языков, не показывает признаков вторжения извне во времена продвижения R1b вглубь Европы (4500 - 4200 лет назад). Там в течение последующих 1500 лет развивалась своеобразная культура т.н. нордического бронзового века, не являвшаяся дочерней культурой ККК. Ее упадок был, по всей видимости, вызван переменной климата, заставившей людей покинуть те места. Современная окрошка из I1 и R1b - результат перенаселения, последовавшего на рубеже нашей эры. Та волна миграции хорошо прослеживается по археологическим находкам. Поскольку миграция была массовой, то носители субкладов R1b1a2 принесли датировку общего предка с собой, что и создало иллюзию вторжения археологической культуры ККК, которого не было. Как думаете, кем были по гаплогруппе те "древние шведы", и куда они могли уйти между 2700 и 2200 годами назад?

Своеобразные, почти не имеющие аналогов фонологические переходы в германских языках могут говорить о том, что эта ветвь появилась в результате языкового перехода какого-то другого этноса на один из "древнеевропейских" арийских диалектов. Лингвистические и ДНК-генеалогические датировки не дают ответа, где и когда такой переход состоялся, но надежно указывают, что этот новый язык стал расходиться примерно в то же самое время, что и кельтские. Это все та же эпоха победного шествия ИЕ языков по Европе. Скорее всего, субстратом для германских языков послужил неизвестный язык рода I1, но возможны варианты.

Но в своей основе немцы - те же арии, что также не очень работает в пользу стандартной трактовки. С какой стати называть своих сородичей, пусть и не самых близких, немцами, когда кругом полно народа с ещё более непонятной речью?

Попробуем зайти с другой стороны, и найти решение, что удовлетворяло бы следующим условиям:

А) этноним древних германцев, носителей языка ИЕ группы, скорее всего - производный от корня, что должен присутствовать и в других языках той же семьи;

В) произношение этого корня должно следовать обычным фонологическим соответствиям, аттестованным для тех же ветвей;

С) значение этого этнонима не должно выглядеть искусственным, а должно следовать обычным закономерностям и подтверждаться реальными примерами из этнографии.

Вариант, предложенный в словаре Фасмера, не проходит, как минимум, по критерию С - он слишком искусственный. Совпадающая по смыслу греко-римская лексема "варвар" не имеет такой странной избирательности - не было конкретного народа с названием "варвары", это всегда был собирательный термин. Кроме того, древнее происхождение этнонима "немцы" (а оно следует из явной первичности этого значения) контрастирует с тем, что он отмечен лишь в славянских языках.

Поиск соответствующего ИЕ корня упрощается тем, что согласные "н" (начальное, что важно) и "м" в этом слове относятся к самым стабильным фонемам, что сохраняются в родственных языках в течение тысячелетий, а не

переходят в какие-то другие, следуя различным закономерностям, порой весьма замысловатым.

При поиске в базе данных "Вавилонская башня" внимание привлёк корень с реконструированным произношением *pet* - (пасти скот). В русском языке он присутствует в виде заимствованного из греческого слова "номад" (кочевник). Подобно уже рассмотренным словам типа Колхида или Атлантида, окончание "-ад" (др.-греч. -ἄδας) это форма родительного падежа, в именительном это слово записывается как *νομάς*, а оно, в свою очередь, восходит к *κνέμω* - "пасти" (значение В). Намеренно пишу об этом так подробно, чтобы было видно, каким закономерностям следует чередование гласной в первом слоге. Если распространить этот анализ на другие ветви ИЕ языков, то тот же корень обнаруживается во франкском "nimid" (пастбище) и, с семантическим сдвигом, в латинском "nemus" (роща), галльском "nemeton" (святилище) и литовском "namas" (жилище). Похоже, мы имеем дело с ранней сакрализацией этого понятия, что вполне согласуется с жизненно важной ролью скотоводства у древних ариев. В греческом этот семантический сдвиг не успел оформиться, и корень сохранил первоначальное значение. Это вполне согласуется с ранней датой выделения греческой ветви и многочисленными примерами из лексики, табуированной в других ИЕ языках.

Если теперь экстраполировать слово "пасти, пастух" (*pet*-) на времена, предшествовавшие переселению Европы носителями R1a1, то оно вполне закономерно выглядит в качестве автоэтнонима племен с преимущественно скотоводческим укладом хозяйства в противопоставлении земледельцам. Казалось бы, такое определение смотрится странно для древних германцев, но надо вспомнить, что писал о них Тацит спустя несколько сот лет с времен распада протогерманских диалектов. Это были скотоводы, нигде не останавливавшиеся подолгу.

Примеров самоназваний, основанных на контрасте, не так уж мало. Причем такое название может существовать, так сказать, в экспортном варианте, тогда как собирательное название для "внутреннего потребления" может быть другим. Характерный пример - чукчи, от чукотского "чаучу" (богатые оленями) как противопоставление чукчей-оленоводов своим братьям, промышлявшим морского зверя. Самоназвание же этноса в целом - "луораветлан" (настоящие люди). Так и в случае ариев- "древнеевропейцев" вполне могли бытовать параллельные этнонимы "немцы" (пастухи) и "кельты" или "тевтоны" (народ, люди).

Все смотрится вполне логично, без смысловых натяжек. Нет натяжек и в фонологии. Реконструкции позволяют предположить, что первая гласная звучала как среднее между "е" и "и", что соответствует славянскому "ять". Именно такое написание мы видим в древнерусских источниках.

На мой взгляд, такая этимология удовлетворяет всем 3-м критериям и не выглядит какой-то искусственной. Наконец, наличие у германцев своих собственных ветвей R1a1, причем очень старых, может служить дополнительным аргументом в пользу столь древнего происхождения слова "немец". Его исходное значение оказалось за прошедшие тысячелетия утеряно, во много за счет сакрализации и растворения древних германцев в среде племен, перенявших их язык.

Действительный член Академии ДНК-генеалогии В.П. Юрковец обратил внимание на рассмотрение варианта слова «немец» в словаре Фасмера, в котором отмечается ошибочность его подхода разрушающего конструкцию Фасмера, имеющую прочный фундамент в славянских языках в пользу собственной умозрительной постройке. У Фасмера говорится следующее:

Немец

род. п. -мца, др.-русск. нѣмьць "человек, говорящий неясно, непонятно"; "иностранец", нѣмьчинь "немец, любой иностранец" (Срезн. II, 486 и сл.; Ф. Браун, *Germanica Sievers* 679 и сл.), ср.-греч. Νεμίτζοι мн. "немцы" (Конст. Багр., *De serim.* 2, 398; см. Томсен, *Ursprung* 120), болг. немец – то же при немец "немой" (Младенов 362), сербохорв. нијемац "немец; немой", словен. петес "немой; название сев. ветра; сорт овса", чеш. петес "немец", словц. петес, польск. pięties, в.-луж. петс, н.-луж. пітс.

Праслав. *петьсь "чужестранец" образовано от петъ (см. немой). Ср. диал. говорить немо, т. е. "невнятно говорить (о ребенке)", вятск. (Васн.), немчик "мальш, ребенок, который еще не говорит", смол. (Добровольский), немко "немой", арханг. (Подв.), немтырь, немтура "косноязычный, заика", вятск. (Васн.), др.-русск.: Югра же людие есть языкъ нѣмь, т. е. "чуждой, иноязычный (немой) народ" (Лаврентьевск. летоп. под 1096 г.), греч. οὗθ' Ὀλλεῖς οὗτ' ἄλωσσοι γαῖα (Софокл, *Трах.* 1096); см. Грюненталь, *ZfslPh* 13, 342; *AfslPh* 39, 290 и сл.; 42, 318; Улашин, *ZfslPh* 6, 369 и сл.; В. Шульце, *KZ* 50, 129, где даны семантические параллели. С названием зап.-герм. неметов (Плиний, Тацит; см. Мух у Хоопса, *Reall.* 3, 301 и сл.) у Шнейера слав. петьсь не имеет ничего общего по фонетическим и географическим соображениям, вопреки Шахматову (*AfslPh* 33, 82 и сл.), Беличу (*ИОРЯС* 8, 2, 388), Микколе (*Zschr. f. d. Wf.* 6, 372; *Этногр. Обзор.* 60, 178; *РФВ* 48, 270 и сл.); ср. Фасмер, *RS* 6, 194; Ягич, *AfslPh* 31, 591; Янко, *Teuthonista* 8, 127 и сл.; *WuS* 1, 108; *ZfslPh* 13, 417 и сл.; Клюге, *Zschr. f. d. Wf.* 6, 372 и сл.; Грюненталь, там же; Улашин, там же. Ошибочна также гипотеза о первонач. знач. "кочевник" и родстве с греч. νέμιω "пасусь", νομή "пастбище", νομάς "кочевник", νέμιος "лес", лат. *petus*, -oris "роща", вопреки Ильинскому (*ИОРЯС* 24, 1, 148 и сл.). О греч. и лат. словах гораздо лучше говорится у Гофмана (*Gr. Wb.* 214; *Вальде-Гофм.* 2, 158). От нѣмьць произведено др.-русск. нем(ь)чичи мн., Смол. грам. 1229 г. (Напьерский 425), неоднократно.

На что И.Л. Рожанским был дан достаточно полный и аргументированный ответ:

Я бы не сказал, что моя постройка настолько уж умозрительна, тем более, эта версия высказывалась ранее. Если обратили внимание, то, в отличие от Фасмера, оперировавшего исключительно лингвистическими аргументами, я рассмотрел проблему по нескольким независимым пунктам, включая этнографию и ДНК-генеалогия. Если добавить эти измерения, из двух лингвистически равноправных версий Фасмера и Ильинского менее противоречивой оказывается вторая.

Во-первых, разрешается очевидная нестыковка с узким (германец) и широким (иностранец вообще) значением. То, что первое значение более похоже на первичное, говорит хотя бы венгерское *nemet*, что было заимствовано не позднее 10 в. н.э. именно в этом, а ни каком другом значении. То есть ко времени появления мадьяр в Центральной Европе это был вполне устоявшийся этноним, и, впервые увидевшие германцев венгры использовали именно это слово, а не, например, "франки", что смотрелось бы намного логичнее. Последние тогда контролировали Паннонию, а имя их императора Карла даже стало у славян нарицательным для монарха вообще. Например, франками называли германцев арабы.

Во-вторых, примеров сужения таких собирательных этнонимов крайне мало. Когда мы называем человека европейцем, африканцем или кавказцем, мы прекрасно осознаем, что нет конкретного народа с таким названием, а есть, например, французы, эфиопы, осетины, и т.д. Кажущееся исключение - "американец", но оно производное не от названия континента, а от конкретной страны *United States of America*, так что тут тоже все в порядке. На наших глазах произошло сужение этнонима "татары", но в своем исходном, расширенном значении он также не выходил за пределы этносов, говоривших на тюркских языках. Близких к казанским татарам по внешности и обычаями мордву или удмуртов татарами никогда не называли, но живущие за тысячи километров от них тюркоязычные хакасы до сих пор называют себя татарами.

А вот примеров расширения можно привести сколько угодно. Эти и алеманы (название немцев у французов и испанцев), и упоминавшиеся уже франки у арабов, и греки (название небольшого народа на севере Эллады) у римлян, а через них у всех остальных, и просторечное "чечены" в качестве собирательного названия народов Сев. Кавказа (приношу извинения вайнахам за это слово), и т.д. и т.п. Так что ничто не мешало авторам фраз из словаря Срезневского придать расширительное толкование слову "немец", это вполне соответствует общей тенденции, тем более оно созвучно слову "немой". Своего рода литературный прием.

Этимология Фасмера совершенно не учитывает этот аспект, а он очень важен. Другой мотив, которым, вероятно, руководствовался М. Фасмер при выборе из двух вариантов, это очевидная древность слова *νῆμος* (пасти) в греческом, что упоминается уже в "Одиссее". Это совершенно не вписывалось в концепцию, что основной корпус славянской лексики сложился тысячелетием позже гомеровских времен, да и не было тогда ни германцев, ни славян. Значит, этимологию надо искать в более близких временах, не привлекая общеиндоевропейскую лексику. Это дает дополнительные очки производному от "немой", но ДНК-генеалогия косвенно показывает, что это не так. У германцев со славянами были общие предки гаплогруппы R1a1, причем они начали свое параллельное движение в Европу примерно 2600-2900 лет назад, как раз во времена написания гомеровских поэм.

Как видите, никаких натяжек в этих аргументах нет. Они как раз убеждают, что прежняя мишень (немые) была ложной и указывают направление, где на самом деле надо искать цель. Разумеется, возможны и другие варианты, но все они должны как можно меньше противоречить тем очевидным соображениям, что изложил выше. Живое слово не может быть нелепым или нелогичным, такие, как правило, умирают, едва появившись на свет.

В начале исследования выдвижение гипотезы о том, что немцы могут быть гаплогруппой R1a1 с Немана казалось конфузозом. Эта мысль пришла в голову, когда просмотрел в ведах выдержки по племени «немо». То, что арии вышли в данный регион (включая Неман) и обосновались там, в ведах масса свидетельств. То, что Неман - это возвращённое старое название реки, ранее носившей название Немо, предположил во время поиска топонима и этнонима - городища и племени «Немо». Позже река переименовывалась в Chronus, Рудон (вероятно древнее ляхское), литовское Nemunas (Нямунас), белорусское Нёман, германское Memel (Мемель), польское Niemen. Многие её притоки сохранили древние славянские названия, включая Россу, это свидетельствует о том, что по этим притокам сидели славянские племена и названия им давали характерные этим притокам или с переносом топонимики и гидронимики: Свислочь – Висла; Вилия; Миния – по городищу Мина; Щара – очаровательная, Зельвянка; Молчадь; Россь; Лососянка; Городничанка, Русне, Березина и т.д. Почему же им не назвать реку Немо от понятия – река вдоль которой имеются пастбища для выпаса скота, а племя назвать немо – племя скотоводов или пастухов.

Трудно представить, что бы племя само себе дало смысловое название – «немые» или скажем плохо говорящие на родном языке? Кода об этом говорит одно племя по отношению к другому, например соседнему, это ещё понять можно, но когда племя принимает такое название - это уже выглядит самобичеванием. Идентичность названия племён связанных с названием рек смотри выше. Явление обыденное. Для славян-ариев такое употребление было повсеместным. Примеров таких можно привести гораздо больше. В этом смысле, образование племени немо и городища Немо от р. Неман, преобразовавшееся в этноним «немцы» сомнений вызывает менее всего. Тестирование жителей Германии показывает, что в современной Германии гаплогруппа R1a1 представлена в достаточном количестве для поддержания и дальнейшего исследования данной гипотезы. А если учесть, что река Неман протекает по территории Литвы, Белоруссии, Калининградской обл. и до начала ВОВ была частью территории Германии, эта гипотеза имеет право на жизнь и более логично объясняет образование этнонима "немцы" по отношению к другим гипотезам.

Выводы:

1. Городище Немо, описанное в данной вехе располагалось на реке Неман и первоначально принадлежало племени немо имевшего арийские корни и принадлежало изначально одной из ветвей гаплогруппы R1a1.
2. Этноним «немо» сохранил своё название в преобразованном виде под названием «немеццы» (немонцы) при переселении славян-ариев с Немана на реку Эльбу (Лабу), расположенную в современной Германии и на Лабе были переименованы в полабов.

К проблеме о поисках города Оте.

Городище Оте, располагающееся где-то на Европейской территории, пока положительных результатов не принесло. Оно требует дополнительных исследований и поиска на путях расселения ариев вендов гаплогруппы R1a1, с допущением того, что данное место может предположительно оказаться на территории Иль-де-Франс во Франции, где имеется близкий по топонимике город Оти (Othis), что может оказаться случайным совпадением.

Период жизни русского князя Бравлена.

В исследуемом тексте вед имеется упоминание и рассуждения князя Бравлена по истории городов Оте и Немо. Из чего следует, что города эти были основаны раньше времени его жизни. Что нам сегодня известно о князе Бравлине из истории? Практически ничего. В византийской литературе «Житие святого Стефана Сурожского» описывается взятие, а если быть точнее возврат славянского города Сурожа, основанного около 212 года н.э., но в последствии, в средние века перехваченного греками и итальянцами, переименовавшими его в Сугдею и в VI веке н.э. соорудивших там для обороны крепость по приказу византийского императора Юстиниана I. В описании Сурожа говорится следующее:

Великая русская рать под началом князя Бравлина внезапно обрушилась на крымское побережье. Русы захватили византийские владения от Херсонеса до Керчи и "с многою силою" подошли к Сурожу. После десятидневных ожесточенных сражений Бравлин с войском, "силою изломав железнаа врата", ворвался в город.

Имя и наличие легендарного русского князя Бравлина историками подвергается постоянному сомнению по причине указания того, что он прибыл в Сурожь из Новгорода, а последний, якобы, к тому времени ещё не существовал. Но мы уже разобрали вопрос с датой образования Новгорода на Волхве - реке (Вестник АДНК-генеалогии Т.3 № 12 за 2010 г.) и из имеющейся информации в ведах становится очевидным, что события имели место быть в русской истории. Откуда же появилась дата образования Сурожа – 212 г.? По утверждению одного из исследователей «Велесовой книги» А. Асова, изучающего тематику образования г. Сурожа, оказывается из единственного первоисточника имеющего всего одну строчку (приписку) в христианской рукописи XII века, в Синаксарии ("Житии Святых"), сохранившейся в монастыре на острове Халки, в Турции. Там написано следующее: "Построена крепость Сугдеи в 5720 г.". Нетрудно вычислить, что речь идет о 212 году н. э. В своём исследовании он пишет:

Замечу, здесь не сказано об основании города аланами. К тому же те, кого в III веке именовали аланами, были русколанами, то есть кавказскими русами и

аланами (скифами), хлынувшими тогда в крымские города. Но это же всего только свидетельство об очередном строительстве или перестройке крепости. И только. А ведь был и античный город на месте Сурожа. В "Книге Велеса" сказано о том, как греки в IV веке до н. э. захватили Сурож. *"Когда наши пращуры сотворили Сурож, начали греки приходить гостями на наши торжища. И, пребывая, все осматривали и, видя землю нашу, посылали к нам множество юношей, и строили дома и грады для мены и торговли. И вдруг мы увидели воинов их с мечами и в доспехах, и скоро землю нашу они прибрали к своим рукам, и пошла иная игра. И тут мы увидели, что греки празднуют, а славяне на них работают. И так земля наша, которая четыре века была у нас стала греческой"* (Троян II, 2). Так Сурож стал греческим. Через 4 века после его основания в VIII веке согласно тем же дощечкам. То есть это было в IV либо в V веке до н. э. И кстати, зная это, мы вполне можем определить, кто совершил этот завоевательный поход. Только войско афинского полководца Перикла в это время (а именно в 437 году до н. э.) сделали рейд по причерноморским городам.

Согласно исследованиям А.М. Горшкова, 40 лет своей жизни посвятившего изучению Сурожа, именно афиняне причастны к первому захвату древнего города стоявшего на месте Сурожа. После захвата его так и назвали - Афинеон, в честь Афин, откуда явились тогда греки. А. Асов при встрече с А. Горшковым выяснил, что это античное имя Сурожа (Афинеон) можно увидеть в любом зарубежном справочном пособии по истории Причерноморья. Времена Перикла, по утверждению А. Асова, именуют расцветом или золотым веком Эллады. Именно тогда в греческом мире стали популярны сюжеты из скифской и киммерийской истории, легенды о гипербореях.

Следует согласиться с мнением А. Асова по данному вопросу, т.к. ранее удалось выяснить территориальное расположение союза славян Черноморского побережья Кавказа и Западного Причерноморья, которое в ВК указано под названием «Днепроборея». Топоним говорит сам за себя, что это был античный союз располагавшийся вдоль побережья от Днепра до Бореи, идентифицировать Днепроборею удалось в районе пос. Мысхако, что соответствует археологическим находкам в данном регионе. Что же касается Сурожа, то по утверждению А.М. Горшкова, принимавшего участие в археологических экспедициях (по утверждению А. Асова), культурный слой Сурожа составляет около 15 метров, и сама крепость стоит на более древних фундаментах античного периода, что свидетельствует о неоднократном его разрушении.

В историографии изучающий бравлиновскую историю В.Г.Василевский пришёл к выводу, что житие Стефана Сурожского составлено русским автором XV на основе подлинного греческого источника. В электронных средствах информации (Википедии) об этом говорится следующее:

Наличие греческого источника подтверждается исторически точными деталями повествования о Суроже и Византии, известными из других независимых источников. Сам Васильевский, введший в научный оборот Житие Стефана Сурожского в 1893 г, посчитал его недостоверным источником. Известный историк – византиевед А.А. Васильев даже предложил вывести это Житие из научного оборота, которое в его мнении представляет интерес только для истории русской литературы позднего средневековья.

Если история с набегом и не является вымышленной вставкой в греческий текст жития, то этническая принадлежность князя Бравлина остаётся не ясной. Сама этимология имени свидетельствует о неславянском происхождении князя. Окончание -ин не характерно для славянских имён, но встречается у древних германцев и скандинавов. С другой стороны, притяжательный падеж у славян почти повсеместно выводит к окончанию -ин, что даёт слова типа Грецин (принадлежащий к грекам), Русин (принадлежащий к русским), Ольгин (принадлежащий Олегу) и т. д. уже в ранних письменных памятниках восточных славян.

По мнению сторонников «норманизма» предводитель народа руси мог иметь скандинавское имя, однако Бравлин не мог прийти из Новгорода, если под названием Новаград имелся в виду город на Волхове. Летописные и археологические свидетельства сообщают об основании Новгорода на Волхове не ранее 2-й половины IX в. Существуют версии о более древнем происхождении Новгорода, однако они не признаются в академической историографии.

Историки предлагают различные версии как относительно этимологии имени Бравлин, так и Новаграда. Под Новаградом мог подразумеваться Неаполь Скифский (Новый Город) около нынешнего Симферополя, или же Noviodunum (Новый Город на кельтском) на нижнем Дунае. Имя Бравлин (или Бравалин в одной из рукописей или Боравлен) могло быть почётным наименованием участника легендарной датско-шведской битвы 770 г. в местечке Браваллы в восточном Готланде (область в Швеции). В битве этой, согласно датским сагам, участвовали и представители племени русь.

Так был такой русский князь в истории или нет, и в какую эпоху жил на самом деле и ходил ли походом на Суроужь? В ведах говорится о том, что всё же был и ходил от Новгорода, но совсем в другое время. В исследуемых ведах имеются упоминания его полного славянского имени «Боровлень»:

Золотыми словами это говорим:

- Уменьшите рода свои, когда туман в голове, это спаривание будет в утечке родов ваших, рассеет вас как овец. Многократно тем разметет вас, воинов Свароги побойтесь.

*Самим тем самым есть знамение, когда у Днепра процветет лозица в зиме, это Купала укажет о нашем знамени о победе над врагами, имеем творение сами себе. То Марь идет на ней и мор сеет, дважды уменьшит силы их и уменьшает их под меч наш, это межа делит нас, межа та и есть полная крови. То препятствие недостаточное для них ежеси приходит к нам. Таковое и **Боровлень** скажет:*

- Когда смеем ходить к ним, то знамение нам подскажет, когда победу иметь будем и какие мы венды. Это венды усядутся на земле, где солнце - сурь спит в ночи на золотом ложе и Мать, там вендов земля есть. Это Сварог отцам говорит о том и также братья наши в том крае и говорим о них как о нас, когда придут к нам во время зимнее и поддержат нас. Это сила божеская придет к нам, та нас удержит до конца.

Это венды и донь идем помогать друг - другу, молитву иную имея. Всякий люд достоин все хранить в себе сам.

Теперь поищем веду, которая могла бы дать более точную привязку ко времени происходящих событий:

Теми веками правились от родов и князя, это князь был Бравлень, который ждал поборов эллинов у берегов морских, в то время идем на зажатость ту, там рядом скотина, Скуфь даем попасти скотину в степях, сами-то бедны они, и такова Грецколань соединенная. По-новому городили города и злобились на нас, тем временем идем прочь до полуночи. Там будем два столетия, и там сами, есть ведь от времен тех доньне. И днем этим имеем другого князя Бравлена, правнука деда своего, тот говорит:

- Идите до полудня на Грецколань, грек между эллинами племя самостоятельное. Торгующее. Торговлю имели они во степях скотиной нашей. Хотят брать, она задаром, то имеем, она состаривается, оно его до моря. Гоните до своего края, когда русская земля и есть. Русская кровь проливалась на землю донизу, та впитывала кровь нашу, на нас надежды имея большие, ту отстаиваем во все дни, которую с рани имеем. (ВК-3)

В данном месте описываются события периода Греческой колонизации Черноморского побережья. Начало колонизации приходится на V-IV века до н.э. Князь Бравлен ходил походом с севера на юг спустя два столетия после образования либо существования Скуфи Киевской. Следовательно, события могли происходить в античный период колонизации. Под давлением греков славянские племена вынуждены были покинуть земли Скуфи Киевской и отступить на земли Восточно-Европейской равнины. Было два князя Бравлена. Второй князь был правнуком деда своего, князя Бравлена. Ему и ставится в ведах заслуга поднятия духа славянских племён для борьбы и поход на Сурожь.

Что же касается случая крещения Бравлена во время похода на Сурожь, по случаю исцеления своего лица - этот эпизод мог быть выдернут из похода Руси против Византии в 830-е годы, где описывается набег на византийский город Амастриду, при котором с вождём русов случилась такая же история, как и с Бравленом, но имя русского князя на самом деле там отсутствует. Поэтому приписанное князю Бравлену данное событие не имеет под собой достаточных оснований и является скорее результатом домысливая при описании данного исторического события.

Касательно нерусскости имени Бравлен, его полное имя проходит в данной веде как «Боровлень». Вполне приемлемое двусоставное русское имя принятое в ту пору, состоящее из «боров» и «лень». Сегодня трудно назвать причину такого имени, т.к. славянские имена были не только составными, но иногда и многозначительными. Но сам факт того, что такие слова как «боров», «бор», «бора», «лень» являлись славянскими и находились с древних времён в обиходе, сомнений не вызывает. Близкими к этому имени являются славянские имена Боромир, Боремир, Бореслав, Борислав, Боровой, Боровой, с окончанием на ень (ен) Славень, Словен, и многие другие древнеславянские имена.

Выводы:

1. Учитывая итоги предыдущих работ по дате образования городов Киева и Новгорода в доантичный период, Скуфи Киевской в античный период, приведённых выдержек из исследуемых материалов, князь Бравлен мог жить и ходить походом на юг в античный период греческой колонизации Черноморского побережья.
2. Имя «Бравлин» (Боровлень) является древним славянским именем, что позволяет согласиться с его русским (славянским) происхождением.

Ильмерцы и их связи со славянами - ариями - русичами.

Разберём вторую часть 19-й веды и попробуем понять, о чём в ней идёт речь и какие можно сделать выводы исследуя вопрос: кто такие ильмеры, от какого рода они происходят и какие названия имели в древности эти племена.

Бьет крыльями Матерь Сва Слава, предвещает нам в трудном времени засуху и мор коров. Этому верим, когда сказанное произносится от времён отцов наших, как киельцы помогали им. Шли к ним и были столетия помощи от них. Так же можно говорить о них как о ильмах, это ведь боть и лирам есть мы родичи, это роды розаниц имели нас к сердцу отчему, охраняли нас от врагов. (ВК-19)

Предки ариев – русичей гаплогруппы R1a прибыли в Европу, на Балканы, в последний ледниковый период малого цикла предположительно со Средней Азии и Южной Сибири 11000 лет назад с целью поиска новых земель для укрытия от похолодания и наступивших ледников, покрывших панцирем Сибирь, Русскую равнину, вплоть до берегов Балтики и Скандинавского полуострова. Прибыли они не на пустое место. Западная Европа уже была заселена представителями преимущественно гаплогрупп I, J и G и их дочерних субкладов. Это должно вызвать ряд демографических изменений и подвижек, что должно было привести к дальнейшему делению гаплогрупп на подветви. Судя по ведам, первые с кем столкнулись будущие арии - русичи были киельцы, оказавшие помощь R1a в обосновании на Балканах и в средней части Среднедунайской низменности. Как следует из вед, киельцы будучи потомками (либо предками, что предстоит ещё установить) боти в процессе образования своих субкладов так же делились на ильмов, ильмерцев, иллирийцев (лиров) и розаниц, в разные исторические времена.

Далее в ведах говорится:

Сами то ворошим ныне, это молимся Богам о заступничестве нашем, то будет так ясно, либо и есть про нас, это вендами или отцы наши сквозь горы и степи, мимо годи. Дону поющему имеем ту реку нашу, когда проливаем кровь нашу на

землю. Та и есть русская земля, и будет русская.

В этом месте описываются события постледникового периода после схода ледников и времени расхождения арийских племён 6100 лет назад. Прохождение через Дон сквозь горы и степи, мимо годи - это повествование о движении одной из ветвей ариев через Б.Кавказ, где они и повстречались с годью прибывшей туда, по данным ДНК - генеалогии, одними из первых 6500 лет назад, двигаясь обратным порядком через Б.Кавказ в сторону Аравийского полуострова. Далее описано и другое направление расселения ветвей ариев по направлению к Балтике и по Русской равнине, куда к Неману вышла так же жмыдь и поддержала русичей в борьбе с их врагами. Расселение ариев по Русской равнине, по данным ДНК – генеалогии, началось 4800 лет назад.

Русичи имеем потругу Сварожескую о нас, творим труд наш о житие. Жмыдь рассказывает нам, как пришли в дом отцов наших и поддержали нас, несмотря на разные с нами корни. Вместе не имели никогда никакого разногласия по отношению к нам. То Азриех помогает в борьбе русской сопротивляться врагам своим и нашим. Из-за трудного времени считается нашим, так как не бережем себя и идем умирать за род наш. Огненная яма жарит убиенно, воронье ест глаза их, и трава растёт сквозь черепа эти. Поэтому видеть не можем, как утрачиваем земли свои у горы и силу нашу.

Обрисовав общую картину, попробуем теперь разобраться во всех этих переплетениях. Как видим из описания вед киельцы – ильмы (ильмерцы) – лиры (иллирийцы) принадлежат одной ДНК-генеалогической линии, предками которой была гаплогруппа «I» разделившаяся в последствии на I1 и I2 и обитавшая где-то в Европе. Предположительно в Западной и Центральной Европе, до прихода на эти земли гаплогруппы R1a 11000 лет назад и помогавшие последней в обустройстве на данной территории. Киельцы и другие племена гаплогруппы I2 и её подветвей стали известны истории предположительно под именем кельтов, галлов и иллирийцев благодаря введению в оборот в XVII веке лингвистом Оксфорда Э. Ллуйд лингвистического понятия «кельтский язык» привившегося в данной науке и перешедший в последствии в научный исторический обиход. Эдвард Ллуйд обратил внимание на сходства, присущие языкам, на которых говорят в Шотландии, Ирландии Корнуолле, Уэльсе, Бретани и в целом на большей части Британских островов. Эти языки он и назвал кельтскими, а народы с ним связанные - кельтами. Отмечая в целом их принадлежность к индоевропейской группе.

Таким же образом характеризуются и иллирийцы, отмечая общее название обширной группы родственных индоевропейских языков и народов, населявших в древности северо-запад Балканского полуострова и частично юго-восток Апеннинского полуострова (речь очевидно идёт о поселениях в долинах рек Роны и По). Ильмерцами же они одни из первых продвинулись к оз. Ильмень.

И. Л. Рожанский, изучая кельтскую тематику, отмечает следующее:

Тут надо понимать, кто, кого и при каких обстоятельствах называет кельтами. Кельты "лингвистические" совсем не обязательно будут эквивалентны кельтам "археологическим", а те, в свою очередь, не будут совпадать с кельтами/галлами античных авторов, не говоря уж о "литературно-мифологических" кельтах рыцарских романов, "Песен Оссиана" и т.п. Это все надо доказывать пункт за пунктом.

Что касается языкового родства кельтов и славян, то в этимологических базах можно найти довольно большой список кельто-славянских изоглосс, т.е. слов, имеющих одно и то же значение и общее происхождение. Помимо слов, общих для всех индоевропейских языков, таких, как "вода", "дом" или личные местоимения, есть лексемы, распространение которых ограничивается ИЕ языками Европы к северу от Альп: кельтскими, славянскими, германскими и балтскими. К ним также примыкают италийские, которые традиционно считают инновационными, в отличие от более архаичных языков первой группы.

Вот корни, что есть в современном русском литературном языке: борзой (ср.-ирл. bras), белена (галл. belenuntiam), брюхо (др.-ирл. brū), бревно (галл. briva "мост"), вина (др.-ирл. fine), влага (др.-ирл. folc), горб (др.-ирл. gerbach "сморщенный"), глядеть (-->глаз) (др.-ирл. glēse "блестящий"), грусть (валл. griddfan "вздыхать"), дикий (валл. dig "буйный"), долг (др.-ирл. dlged), друг (галл. drungos "отряд, дружина"), зерно (др.-ирл. grān), икра (рыбья) (ср.-ирл. iuchair), конь/кобыла (др.-ирл. sarall), короб (ср.-ирл. corb "повозка"), кот/кошка (ср.-ирл. catt), крепкий (валл. craff), лед (ирл. ladg "снег"), ложка (ср.-ирл. liag), мошна (валл. megin "мех, шкура"), много (др.-ирл. menicc), мост (др.-ирл. matañ "дубина, бревно"), мнить (др.-ирл. mian "желание"), миновать (-->мимо) (ср.-валл. tynet "ходить"), осока (валл. hesgen), пескарь (ирл. iasc "рыба"), рябой (др.-ирл. ġabach), скала (ирл. scelec), слуга (др.-ирл. sluag "толпа" teg-lach "семья"), старый (др.-ирл. sruith), чета (ср.-ирл. cethern "отряд").

Регулярные фонологические соответствия в этих парах (а также в соответствующих италийских, германских и балтских корнях) говорят, что это слова, имеющие общее происхождение, а не заимствования, например, из кельтских в славянские или наоборот. Этих слов или нет за пределами "древнеевропейского" ареала, или их можно достаточно надежно считать поздними заимствованиями. Такие особенности можно объяснить или тем, что эта лексика когда-то была частью протоиндоевропейских диалектов, но вышла из употребления за пределами лесной зоны Европы, или что она была заимствована из языков народов, что заселяли ее до появления ариев. Скорее всего, верно и то, и другое, это уже дело профессионалов разобраться, какие слова к какой группе относятся.

Что касается ДНК-генеалогии, то на роль народов, оставивших след в европейских языках, в первую очередь напрашиваются носители гаплогрупп I1 и I2. Судя по древности и разбросанности их генеалогических линий, эти народы говорили на разных, далеко разошедшихся языках, о которых мы вряд ли когда-то узнаем. Изначально они не были ни кельтами, ни славянами, ни германцами, но были со временем ассимилированы ими, что во многом обусловило своеобразие каждой из этих языковых групп.

Как можно судить из времен до общих предков основных ветвей I2a, это был достаточно долгий процесс, длившийся от 6000 до 2000 лет назад. Видимо, лишь на последнем этапе в него оказался вовлеченным этнос, давший "славянскую"

ветвь I2a2a. Привязывать его к какому-либо галльскому племени пока нет никаких серьезных оснований - как по возрасту, так и по географическому распространению эта линия не выходит за пределы расселения славян времен Великого переселения народов.

Не вижу также особого смысла привлекать галатов для того, чтобы объяснить единичные гаплотипы I2a2a у турок. Достаточно вспомнить историю Османской Империи, в которой значительную часть армии и государственного аппарата составляли выходцы с Балкан, принявшие ислам. По мере своего карьерного роста они селились во всех уголках империи, включая, например, Египет, где в течение нескольких десятилетий 19-го века безраздельно правил албанец Мохаммед Али, основавший королевскую династию Египта. То, что турецкие гаплотипы никак не выделяются из общей массы (в отличие от британских), также работает в пользу османской, а не галатской версии.

Интерес по данному вопросу представляет мнение А.А. Клёсова, высказавшего свою точку зрения по отношению к кельтской проблеме:

Под кельтами многие понимают разные "феномены" - кто языки, кто культуру, кто золотые предметы и украшения. Но это не должно сбивать с толку. И под славянами можно понимать и язык, и народности, и верования, и культуру. Но это отнюдь не означает, что они исчезли и мы никогда о них ничего не узнаем. Это же можно говорить и про ариев.

На самом деле под кельтами, во всяком случае середины 1-го тыс до н.э. понимают вполне четкий "феномен". Под словом "понимают" я имею в виду довольно определенный консенсус. Это - некая популяция центральной Европы, довольно ограниченная географически и во времени, которая появилась там непонятно откуда, но стала быстро распространяться по Европе. Это распространение было практически шквальным, и за триста лет как цунами прошло радиально по всей Европе. Крайне маловероятно, чтобы это было распространению людей, миграция. Это скорее всего было распространение языка и культуры.

В Европе в те времена жили в основном R1b. Это следует из динамики R1b - гладкое, без сбоев, распространение R1b по Европе, где везде одно и то же время до общего предка, никаких бутылочных горлышек. Вот и получается простая теорема: некий народ в Центральной Европе, не R1b, вызвал динамичное распространение своего языка в среде R1b (которые, ясное дело, говорили на других языках, иначе чему там распространяться), которые переключились на тот язык. Осталось добавить, что "тот язык" был индоевропейским.

Для меня, например, решение теоремы достаточно очевидно: тот народ был одной из ветвей R1a, которые ушли в Европу в начале-середине 1-го тыс до н.э. А таких ветвей ушли не менее десятка. Как мы знаем, они говорили на индоевропейских языках. Филигранные скифские золотые украшения известны. Все сходится.

Свою точку зрения по кельтской проблематике высказал В.А. Васильченко, отметивший, что в рамках выше высказанной гипотезы мы должны

ориентироваться на IV век до н.э., плюс-минус 200 лет. Часть находок с памятников поморской культуры (а она рядом исследователями рассматривается как праславянская) и имеет аналоги (В.Е. Ерёмченко "Кельтская вуаль" и зарубинецкая культура. Опыт реконструкции этнополитических процессов III-I вв. до н.э. в Центральной и Восточной Европе. - СПб., 1997. С. 73-74). То есть, контакты между поморским населением и кельтами вполне вероятны. Однако, как отмечает автор, ему неизвестны авторы, которые бы говорили о массовом "оседании" кельтов в Полесье и гипотеза, по его мнению нуждается в дальнейшей проработке.

Лингвист В.В. Мартынов, в своих работах отмечает что продолжается разработка названий населенных пунктов, объединяющих позиции западной и восточной Европы. Он отмечает:

Особый интерес представляет совпадение французского Brest (город в Бретании), белорусского Брест (Западное Полесье) и итальянского Brescia (город в северной Италии). Последнее напрямую происходит от кельтского Brixia римских времен. Гипотеза Фасмера о влиянии французского Brest на белорусский Брест не выдерживает критики. Интересно, что только в Кашубах сохранилось bresc (передвигаться вброд). Остальные параллели зафиксированы в полабском, моравском и чешском регионах, что совпадает с выше определенным кельтским маршрутом. В целом можно утверждать, что кельтский путь на северо-востоке открывает новые возможности в изучении кельто-славянских контактов, неизвестных до сих пор.

Но столь неоднозначное сравнение было подвергнуто критике за недостаточность своего обоснования. С таким же успехом можно предположить, что Саратов и Саратога (в США) тоже имеют один источник, как заметил А.А. Клёсов, при обсуждении данной темы на Академическом форуме ДНК-генеалогии. Отметив далее, что если первые "кельты" в Гальштате были на самом деле R1a, одна из ветвей, ушедшая на запад (а таких было не меньше десятка, и как раз в 1-м тыс до н.э.), то этих контактов было видимо-невидимо.

То же самое можно было бы сказать и о близости слов «кельты» (взятого неизвестно откуда) и слова – этнонима «киельцы». Отнесение кельтов к гаплогруппе I2 по мнению А.А. Клёсова это слишком сильное предположение, чтобы его строить на одном созвучии:

Кельты, по всей вероятности, вернули индоевропейские языки в центральную и западную Европу, и для того, чтобы предполагать, что кельты - это I2, надо как минимум показать, что I2 были древними носителями ИЕ языков. С R1a это доказывать и не приходится, ИЕ языки с ними ассоциируются по путям миграций. Даже профессор Ю.Кузьменко, профессиональный лингвист, и тот сразу схватил, что R1a - основа ИЕ германских языков, а у I, скорее всего, были неиндоевропейские языки. То есть здесь Вы идете против сильного течения, и для этого нужны чрезвычайно сильные основания. Созвучия здесь не работают.

Киельцы, строго говоря, "истории", если понимать под этим академическую науку, вовсе неизвестны, и Ллуйд их в историю или лингвистику не вводил. Он просто назвал группу островных языков "кельтскими", а мог бы назвать их и таджикскими с тем же успехом. "Кельтские" он взял просто так, поскольку таких языков не было известно, а назвать как-то надо было. Сейчас, кстати, английские и ирландские специалисты-кельтоведы считают, что кельтов на островах вообще не было, это просто продолжение исторических фантазий, когда действительность подгоняется под желания.

Вам стоит идти обратным путём - показать, что киельцы - это кельты, а не предполагать, что кельты - это киельцы.

С такими выводами трудно не согласиться. Поэтому следует принять это замечание во внимание. Я не отрицаю, что ИЕ язык принесли в Европу и распространили R1a, передав его при контактах I2a. Шквально по Европе ИЕ могли распространить опять таки подветви с гаплогруппой R1a1a1 во время второй волны расхождения по всей Европе во время расселения в пост ледниковый период (последнего малого цикла оледенения), т.е. активное распространение началось около 6000 лет назад. Сначала при выходе около 7500 лет назад на Карпаты и Альпийское плато, и далее 4800 лет назад по Русской равнине. Но ильмерцы (ильменцы) вышли первыми к оз. Ильмень уже вероятно неся с собой ИЕ от ариев (тут надо посмотреть датировки лингвистов). Судя по топонимике Словенск к этнонимам имён (Словен) они уже овладели этим языком и могли быть его распространителем.

Первый контакт с ними очевидно состоялся около 11000 лет назад при появлении ариев в Европе. Более плотный, с совместными действиями контакт имелся по меньшей мере 6500-6700 лет назад при выходе на Карпаты и Альпы. Иначе не объяснить его распространение на Британских островах. Переносчиками могли быть скотичи (шотландцы), а в районе Северного моря и Балтики венды. Всё это R1a1a1.

А сопоставим ещё раз факты изложенные в ведах:

это Ерек идет и вспомним когда ромейские орлы порождены были от дедов наших на устье Дуная, это Троян налез на дулебов, это дедов вновь наших идущих на легионы их и раскололи их, то было еще за триста лет до нашего периода, сие имеем держать в памяти, это не доходит до Ерека, как это мы не даем и прежде иным, имеем князей своих.

Ругу им даем и отдаем до конца, ни Ром, ни еланы не владели нами, также прибываем, это дулебы рассказывают про нас, когда это мы братались вновь, то и есть истинная правда, когда текут в нас от единого корня, кода и сами, это вспомним, когда Троянь был от дедов наших отделен, леги его дань брали, были в полях наших, там трудились при нас десятки лет и упущение есть от нас, это ромеи ворчат какие мы варвары, это греки кричат во все стороны какие мы

варвары, то имеют в двойне хищность и обоими движет жадность на земли наши.

Через дулебов можно выйти на ильмерцев:

Суть она, они ждали помощи от Сиверзи самого, не став на это надеяться. Также это и произошло. От лиров поглощаться стали, тут либо говорим всякое: - Есть право же надеяться стать от обеих теми. Так лиры стали поглощаться от нас. Не имеем теперь никого, так дулебами стали, от нас повернули на Борусь, мало забыв лиров. Не боть наречены, ильмерцами. Те сидели, видели озера, ту видели ушедшую даль. Ильмеры остались все там и так забылись мало.

Через ильмерцев на ильмо и лиров - иллирийцев, потом на киельцев I2a осевших с ариями в Полесье. Лингвисты такие контакты славян с кельтами допускают, но у них стоит своя проблема. Они не видят в Полесье самих кельтов. А не видят потому, что они спрятаны за этнонимом "киельцы" и на самом деле их там по численности вторая гаплогруппа после R1a1a1. Они смотрят там R1b, а их там ничтожное количество. Искали бы через I2a, всё нашли.

Начинающий исследователь гаплогруппы I2a Е.А. Песникевич отмечает, что эта гаплогруппа является второй по распространению среди белорусов (и вообще, вроде как у всех славян)-17%. Задаётся вопросом, на который пытается найти ответ, каким образом I2a попала на пост-славянские территории и в Беларусь в частности? Он пишет: «Рискну предположить, что, вероятно, её распространение в Беларуси связано с дреговичами, которых историки обнаруживают на Балканах под именем драгувитов. Может ли быть так, что дреговичи- это изначально автохтонное фракийское I2a население Балкан подвергшееся славянизации ещё на Балканах и позже, уже как славяне, пришедшее на территорию Беларуси?»

Ответ на этот вопрос даёт седьмая веда:

Также это и произошло. От лиров поглощаться стали, тут либо говорим всякое: - Есть право же надеяться стать от обеих теми или другими. Так лиры стали поглощаться от нас. Не имеем теперь никого, так дулебами стали, от нас повернули на Борусь, малость забыв лиров. Не боть остались наречены - ильмерцами. Те сидели, видели озера, ту видели ушедшую даль. Ильмеры остались все там и так забылись мало.

Таким образом, лиры или иллирийцы гаплогруппы I2a, перед приходом в Полесье слились на территории Волыни с ариями-русичами гаплогруппы R1a1a1, объединившись стали дулебами, после чего продвинувшись далее на север придя в Полесье слились с борусью и были поглощены, утратив своё древнее имя лиров. А те I2a, что ушли к оз. Ильмень сохранили свой этноним как ильмерцы.

Согласно О.Н. Трубачеву, этноним (dudlebi) произведен из германского слова «daudlaiba» (наследство умершего) и свидетельствует о соседстве с древним

западногерманским ареалом в рамках вельбарской культуры. По мнению В.Н. Овчарёва этноним восходит к германскому «*daud(e)laib*» (страна народа).

Критике высказанное предположение о том, что киельцы и есть те самые кельты относящиеся к гаплогруппе I2a введенные в оборот Фасмером, подверг и И.Л. Рожанский:

Вы слишком хорошо думаете о мотивах, которыми руководствуются лингвисты (и не только они) при введении новых терминов. Как правило, здесь во многом есть элемент случайности, а также престижа тех или иных наименований. Например, чем руководствовались средневековые хронисты, когда дали разрозненным германским народам собирательное название "тевтоны" (*Deutsche, Dutch*), а венграм - "гунны" (*Hungaria*). Скорее всего, последними мотивами, плюс характерными для Средневековья взглядами на человеческую историю как повторение одних и тех же циклов.

Что касается I2a в Восточной Европе, то я уже приводил данные, что там представлена одна-единственная ветвь этой гаплогруппы, причем самая молодая из них - возрастом не более 2200 лет. Где находились ее предки до этого времени, и когда они влились в состав славян, мы пока не знаем. Почти наверняка, это были не Балканы, потому что там доминирует еще более молодая подветвь, берущая начало уже в первых веках нашей эры.

Что касается военных кампаний императора Траяна 1900 лет назад, то НИ ОДНА из более-менее заметных генеалогических линий Восточной Европы не дает бутылочных горлышек в это время. Раньше (2500-3000) или позже (1200-1600) - пожалуйста. Исключение составляют лишь ветвь коэнов гаплогруппы J1c3d и "южно-динарская" подветвь I2a1b. Однако, по сумме доказательств к первым, скорее всего, приложил руку другой император - Веспасиан, разрушивший Иерусалимский храм, а вторых легионеры Траяна вообще в глаза не видели.

Мы их там не видим по ряду причин. Одна из них - ушли на оз. Ильмень (ильмы) основав Словенск, который был уничтожен очевидно вместе с ильмами (ильмерцами). Интересно, в этом плане что показывают гаплотипы I2 со своими дочерними субкладами в этом плане у жмыди в Литве. А те молодые I2a, что видны на Балканах, могут быть дулебами I2a.

Жмыдь.

Теперь поговорим об упомянутых в исследуемой веде племенах жмыди, поддержавших ариев (R1a1) в трудное для них время освоения Европы. В ведах говорится, что они являлись дружественными славянам племенами, периодически поддерживающими их в трудную минуту, несмотря на разные со славянами - русичами корни. Известны в истории под названием «жмудь».

Это племя относится к литовскому племени «жямайтов». Жямайты (самоназвание - жямайчай, русское и польское - жмудь), древнее литовское племя в западной части Литвы (Жемайтии, Жямайтии), вошедшее в состав литовцев. В XIII-XIV вв. Ж. упорно боролось против агрессии Тевтонского ордена, но оказались под его

властью. Вскоре после разгрома ордена в Грюнвальдской битве (1410 г) Ж. вошли в состав Великого княжества Литовского (окончательно в 1422 г). До XX века Жямайты отличались от населения соседних частей Литвы некоторыми особенностями в обычаях и народном творчестве. Так описываются эти племена в истории (Информация взята из Википедии и других Интернет источников).

Но вот что можно узнать о жмыди из одиннадцатой славянской веды:

Тогда Киевская Русь творилась Антова. Годь этому страшилась, идти стала вон до своей Рензе, так как вехой своей Рензе ведь две, одна вендов стала, а другая годи. Тут годь прибывала до них. Годь всем усилилась там оттого. Венды стали ослабевать всем, как те до того, потому, что Жеменд была около той. Та была Литавой и это назовется Илмо от нас, ежели назвали ильмеры. То либо Дахом стала и нету, так как стала Глутве.

Из веды видно, что жмыдь располагалась рядом с вендами R1a1, они были соседями и ильмерцы называли данную часть территории Литавы (Литвы) – Илмо, что позволяет утверждать, жмыдь была одним из ильмерских племён гаплогруппы I2a с одним из её дочерних субкладов. Что на сегодня известно по данному субкладу?

I2a2

I2a2 (M423) типична для населения юго-восточной Европы. Наиболее высокая плотность — в Далмации (Хорватия) и Боснии-Герцеговине (>50 %). Предполагается, что в это области, на Динарском нагорье, эта ветвь и произошла из I2a около 7500 лет назад. Чаще всего гаплогруппа I2a2 встречается среди славянских народов (особенно южнославянских), а также найдена среди румын, молдаван, венгоров, **южных литовцев**, албанцев, греков, жителей северо-востока Италии, в западной Анатолии и на Северном Кавказе. Наиболее высокая частота и разнообразие гаплогруппы I2a2 среди населения запада Балкан позволяет предположить, что адриатический регион современной Хорватии служил убежищем для носителей данной гаплогруппы во время последнего ледникового максимума. Расхождение субклада для P37.2 произошло около 10,7±4,8 тыс. лет назад (Rootsi 2004). Возраст вариации YSTR для субклада P37.2 составляет 8,0±4,0 тысяч лет (Rootsi 2004), а для M423 — 8,8±3,6 тысяч лет (Underhill 2007). Перичич считает, что распространение данной субклады произошло "не ранее голоценового перехода и не позднее раннего неолита" (Pericic 2005). Второй центр концентрации I2a2 расположен в нынешней Молдове и приблизительно коррелирует с границами Трипольской культуры, по-видимому, эта группа являлась характерной для этой культуры и с приходом индоевропейцев влилась в их генофонд, не испытав такого подавления, как другие ветви гаплогруппы I в центральной и западной Европе.

Из описанного мы видим - I2a2 присутствует у южных литовцев, что позволяет предположить причастность племён жмыди (жямайтов) к данному субкладу и их родственных отношений с ильмерцами.

Выводы:

1. Племена боти, дулебов, ильмы, лиры (иллирийцы), кельцы, ильмерцы и розанцы, могут иметь причастность к гаплогруппе I2 и её дочерним субкладами под названием описанных в ведах племён, распространившихся в славянской среде ареала обитания ариев-русичей.
2. Племена получившие в среде лингвистов и историков название в XVII веке – «кельты» могут иметь причастность к племенам гаплогруппы I2 и их дочерним субкладам включая кельцев. И данная гипотеза может оказаться как рабочая на первом плане в исследованиях данной проблемы, на ряду с выдвинутыми гипотезами о их причастности к гаплогруппам R1b и R1a.
3. Для уточнения конкретных ветвей гаплогруппы I2 в кельтской тематике требуются дополнительные исследования.

Литература.

Брокгауз и Ефрон. Энциклопедический словарь. Кельты. Т.82 СПб., с.1890—1907.

Гомер. Одиссея, X, с 80-132

Длугош Я. Грюнвальдская битва. Пер. с лат., М. - Л., 1962

Ерёменко В.Е. "Кельтская вуаль" и зарубинецкая культура. Опыт реконструкции этнополитических процессов III-I вв. до н.э. в Центральной и Восточной Европе. - СПб., 1997. С. 73-74

История городов и сел Украинской ССР: Волынская область. Ин.-т истории АН УССР-К.: Глав.ред.Украинской Сов.Энциклопедии.

История городов и сел Украинской ССР: Донецкая область. Ин.-т истории АН УССР-К.: Глав.ред.Украинской Сов.Энциклопедии.

Клёсов А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Т. 1 № 3 2008

Клёсов А.А. Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племен? (дополненная и исправленная версия). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484) т. 2 №5 2009

Коллис Д. Кельты: истоки, история, мифология. М.: Вече, 2007. с.288 ISBN978-5-9533-1855-6

Мартынов В.В. Славянский, италийский, балтийский (глоттогенез и его верификация)
под ред. А.С. Герда, Г.С. Лебедева. Славяне. Этногенез и этническая история.

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

Максименко Г.З. Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии. т.3 №9 2010 г. (с. 1611); Т.3 № 12 за 2010 г.

Смирнов К. Ф. Кузьмина Е. Е. Происхождение индоевропейцев в свете новейших археологических открытий. М., 1977.

Рожанский И. Загадки кимвров. Опыт историко-генеалогического расследования. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484) Т. 3 № 4, апрель 2010.

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

Членова Н. Л. Происхождение и ранняя история племен тагарской культуры. — М.-Л., 1967.

Широкова Н.С. Кельтские друиды и книга Франсуазы Леру. СПб., 2003, с. 7-23

Юрковец В.П. 2010. Климатические корреляции. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии Т 3 №2 с. 301-325.

Історія міст і сіл Української РСР. Донецька область. К.: Головна редакція УРЕ АН УРСР, 1970. с. 992.

Интернет

Бравлин

<http://ru.wikipedia.org/wiki/%C1%F0%E0%E2%EB%E8%ED>

Гранитное – Карань

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

Киренаика – Карена

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

Кирена

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

Кельты

<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showtopic=1406&pid=92242&mode=threaded&start=#entry92242>

Скифы в курганах

<http://yvision.kz/post/218194>

Флотское – Карань

<http://kudaron.ru/c/crimea/flotskoe>

Этимологии, Расшифровка источников

<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showtopic=1041&st=740>

ДИСКУССИИ

Для всех любителей характерно стремление к грандиозности, широким необоснованным обобщениям, ссылкам на сомнительные авторитеты и неуважение к специалистам и накопленным знаниям.

Для всех профессионалов характерны стремление к мелкотемью, боязнь широких обобщений, ссылки только на устоявшиеся авторитеты, чиновничество и чрезмерное уважение к общепринятым догмам.
(Из сети)

О сопоставлении и калибровке линейного и квадратичного метода

И.Р. Рожанский

Цитата:

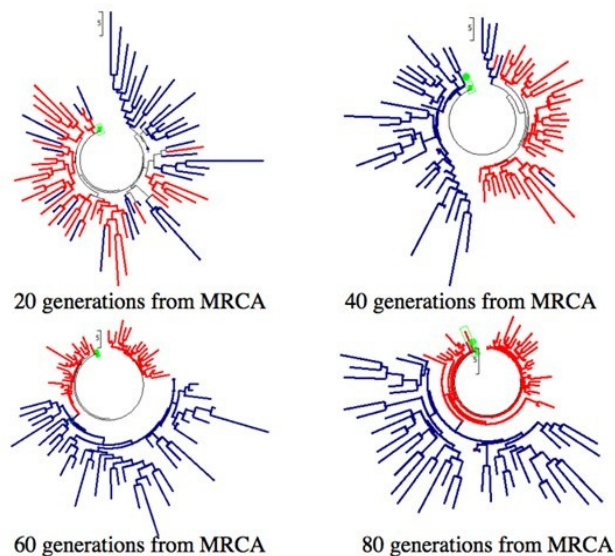
...в квадратичном методе вес ветки (количество гаплотипов) влияет на конечный результат меньше чем в линейном, поскольку плечо момента берется в квадрате. В итоге перетягивание одеяла (базового гаплотипа) в квадратичном методе менее заметно, чем в линейном. Но оно существует. Поскольку ветки существуют в любой выборке, то и найденные базовые гаплотипы всегда фантомны.

Первое положение неверно. Вот доказательство из модельного расчета. Для этого с помощью генератора случайных шагов составил, в общей сложности, 50 выборок по 80 25-маркерных гаплотипов. Скорости мутаций в генераторе задал пропорциональными чандлеровским скоростям для соответствующей панели FTDNA так, чтобы после 100 поколений получалось в среднем 0,4 "линейные" мутации на 1 маркер. Это соответствует примерно 6750 годам в реальной шкале.

В контрольном расчете все 80 гаплотипов задавались как производные от

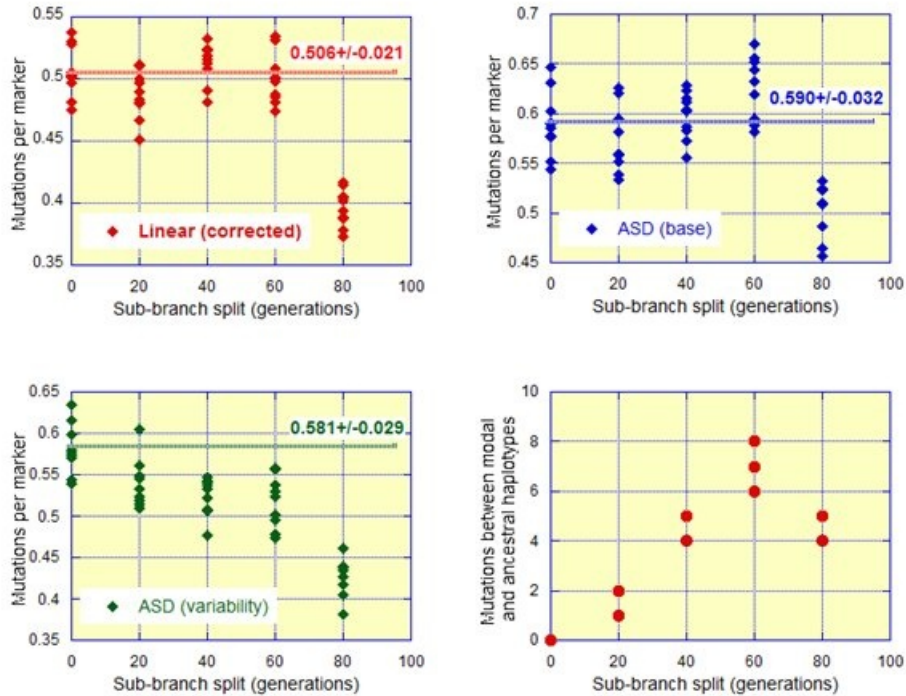
одного базового. По результатам 10-ти независимых прогонов получил референтные значения для количества мутаций после 100 поколений по 3-м методам: линейному с поправкой на возвратные мутации (linear-corrected), квадратичному с фиксированным базовым гаплотипом (ASD-base) и квадратичному с расчетом по классической формуле дисперсии (ASD-variability). По определению, такая выборка идеально однородна, без ветвей и многоступенчатых мутаций. Любопытно, что калибровки для разных методов несколько различались из-за уже обсуждавшегося вклада разных скоростей в индивидуальных маркерах.

Далее, неоднородности в выборках были смоделированы следующим образом: на дистанции в 20, 40, 60 и 80 поколений от предка случайным образом были отобраны 4 гаплотипа, каждый из которых стал предком дочерней ветви размером в 40 гаплотипов и длиной в 80, 60, 40 и 20 поколений, соответственно. Вторая половина выборки, тоже в 40 гаплотипов, - родительская ветвь с фиксированным возрастом в 100 поколений. Для набора статистики, для каждого из вариантов было сделано по 10 независимых выборок. Фиксированными были лишь предковые гаплотипы. Типичные деревья выглядят так:



Красным отмечена дочерняя ветвь, зеленым - положение модального гаплотипа (цвета видны в сетевом варианте Вестника). Нетрудно видеть, что все они смещены в сторону дочерних ветвей.

А вот что дал подсчет мутаций в этих неоднородных выборках для каждого из 3-х методов:



Легко убедиться, что квадратичный метод с фиксированным базовым гаплотипом ведет себя точно так же, как и линейный в случае умеренно старых дочерних ветвей, стартующих через 20 и 40 поколений после родительской ветви. Для ветви, отходящей через 60 поколений, он дает статистически значимое завышение в сравнении с эталонным возрастом. Расчет по формуле дисперсии закономерно дает регулярное занижение.

Линейный метод, к удивлению, оказался наиболее устойчивым к неоднородностям выборок, дав заниженный результат лишь для наиболее "перекошенного" варианта. Очевидно, для данного базового гаплотипа дочерней ветви и одинаковых по численности ветвей перекокс каким-то образом компенсировался за счет удаления родительской ветви. Однако, вряд ли такая закономерность так уж устойчива, особенно для реальных систем. Да и неправильный базовый гаплотип - серьезное препятствие для дальнейшей работы. На графике справа внизу хорошо видно, что модальный гаплотип отклоняется от реального предкового вплоть до 8 мутаций. Откровенный фантом.

Подвожу итог. Без проверки на сходимость выборки к одному предку никак не обойтись, какой бы метод не применять. Ни один из них не способен дать надежный результат, если выборка заведомо неоднородна. Никаких принципиальных преимуществ квадратичный метод не несет, и его применение как средство избежать работы с деревьями - самообман. Умозрительные рассуждения о длине плеча и т.п. не подтверждаются численным экспериментом.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Part 40

Anatole A. Klyosov

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

LETTER 136

I'm from the Netherlands. Two years ago I joined a Belgian Y-chromosomal DNA-research program, which was initiated by the University of Leuven, named: "Hertogdom Brabant DNA project". I was tested J2-M410. I've include my results (not shown here - AK).

Via Familytreedna I discovered that I belong to J2a4h2a, shortly J-L70 gamma. I have a lot of similarities in DNA-markers with J2-members who are probably of Jewish descend or who are indeed Jewish.

In your article on the internet I read about the six marker haplotype 15-16-23-9-11-12 being Jewish. I have a similar six marker haplotype. I'm hoping, with the included info, you are able to tell me whether I'm of the Jewish descend.

MY RESPONSE:

Your haplotype with a high probability is neither Jewish nor Arabic. Yes, it belongs to a subclade which is widespread among those ethnicities, however, it is spread also in Europe, India, etc. Yes, it indeed similar in many alleles to Jewish and Arabic haplotypes but significantly differs in other alleles. I could not find close enough Jewish and Arabic haplotypes which your haplotype might belong to.

I suggest you to collect as many as possible haplotypes J-L70 and send them to me. First, you will see yourself geography of those haplotypes, and I would calculate the origin (time-wise) of your group. It might give you a clue. You can find them in YSearch and in FTDNA J2 Projects in the net.

CONTINUATION:

Thanks very much for responding this fast. I've already collected a number of haplotypes. You'll find them in the enclosed file (not shown here - AK).

MY RESPONSE:

I assume that all haplotypes in the file are TESTED J2-L70, not BELIEVED to be L70. Anyway, a 33-haplotype 37-marker tree, including all the haplotypes you have sent me (several were duplicates and removed), is shown below.

Your haplotype is #1 at the bottom of the tree. The tree split into at least five different branches, two of them are certainly Jewish (at 3 o'clock and 10 o'clock), two certainly non-Jewish (at 1 o'clock and 7 o'clock), and your branch, containing also haplotypes #7 (Russia), #8 (Spain), and #11 (region is unknown). Haplotype #2 (region is unknown) is an outlier with DYS388=12 and some other non-typical alleles, and the program threw it next to your branch. It does not belong to it. One exception in the largely non-Jewish branch at 7 o'clock is a person with a "classical" Jewish name (#6), however, things happen. The main reason could be that you have only the 37 marker haplotypes which do not provide good resolution. With the 67 marker haplotypes the picture can change.

As you see, your branch is rather questionable regarding its origin. Russia and Spain are known for Jewish presence, and one person with an unknown origin could be Jewish or not. They all might be non-Jewish at all, or they might be Jewish. You can do your own research.

Some calculations. Since the tree is more or less "equilibrated" by the branches, I have calculated a timespan to its common ancestor. If they are all L70 haplotypes indeed, this would be an approximate "age" of the L70 subclade. The "effective" base haplotype of the whole tree is

12 23 15 9 13 16 11 16 12 13 11 29 - 14 8 9 11 11 26 14 21 31 11 13 15 16 - 10 11 19 22
15 14 16 18 37 38 12 9

All 33 haplotype have collectively 297 mutations from the above base haplotype, which gives $297/33/0.09 = 100 \rightarrow 111$ conditional generations (25 years each), or 2775 ± 320 years to their common ancestor. The arrow indicates a correction for

back mutations. In other words, the L70 subclade arose rather recently, at the beginning of the 1st millennium BC.

The oldest is the largely non-Jewish branch at 7 o'clock. It has the base haplotype

12 23 15 9 13 16 11 16 12 13 11 29 - 14 8 9 11 11 26 14 21 31 11 13 15 16 - 10 11 19 22
16 14 17 18 37 40 12 9

and with its 37 mutations from the base haplotype it gives $37/5/0.09 = 82 \rightarrow 90$ generations, or 2250 ± 430 years. The Jewish person (#6) is five mutations away from the base haplotype, that is his lineage arose some 1875 years ago, already in the Diaspora.

The Jewish branch on the right is quite young (which is rather typical for many Jewish branches). Its base haplotype

12 23 15 9 **14** 16 11 16 **11** 13 11 29 - 14 8 9 11 11 26 14 **19 30 13** 13 15 **15** - 10 11 19 **21**
16 14 17 18 38 38 12 9

deviates significantly from the parental haplotype of the whole tree, which also shows that the branch is young. All seven haplotypes contain only 19 mutations, which gives $19/7/0.09 = 30 \rightarrow 31$ generations, or 775 ± 190 years from their common ancestor. It is around the 13th century AD, but might be the Black Plague times in Europe, when many Jews fled to the east and started their new lineages.

Your four haplotypes in the branch (#1, 7, 8, 11) have the base haplotype

12 23 15 9 13 16 11 16 **11** 13 11 29 - 14 8 9 11 11 26 14 21 31 11 13 15 16 - 10 11 19 22
15 14 16 18 37 38 **11 9**

It is very close to the parental haplotype of the tree. Those four haplotypes have 24 mutations, that is $24/4/0.09 = 67 \rightarrow 72$ generations, or 1800 ± 410 years from the common ancestor of the branch.

I hope this might help in your continuing search.

CONTINUATION:

Thanks for giving such an extensive explanation. I'm very pleased with all this new info and I promise to keep you posted as to any progress I make.

LETTER 137 (continuation of Letter 131, Proceedings, April 2012)

From Letter 131: "...your haplotype has 18 mutations from the base (ancestral) haplotype of the Central Eurasian (CEA) branch. Therefore, your lineage continued from the beginning of the CEA, for all those 4900 years, and maybe somewhat longer, up to 5,500 years, coming from its predecessor. Therefore it is likely that your Z283 will come up positive, and you belong not to Z280, but to Z283. In this case your lineage is the very ancient European R1a lineage, which lived in Europe even before R1b came to Iberia. Yes, you do have a rare haplotype.

Let me know what is your Z283 outcome.

CONTINUATION:

My Z283 returned positive, as you have predicted.

Thank you very much.

LETTER 138

I live in India. I am writing to ask if you could kindly give me your opinion on which branch of the R1a tree I might possibly belong to. My complete list of SNP's:

SRY10831.2+ M417+ M198+ L342+ PK5- P98- M64.2- M56- M458- M434- M157.1- L176.1-

I would appreciate any opinion you may have on my deep ancestry.

MY RESPONSE:

Your haplogroup R1a and particularly your L342+ subclade (in fact, it is L342.2) indicate that you are a direct descendant of the Aryans, the IndoEuropeans, who lived on the Russian Plain (aka Eastern European Plain) since around 5,000 years ago, and before that they gradually migrated from the West. I also belong to the same haplogroup, however, a different subclade. Your and mine 67 marker haplotypes differ by 23 mutations, which would have placed our common ancestor to 2975±500 years ago, if we belonged to the same subclade. However, we are not (I belong to Z280), and our common ancestor lived around 6000 years ago.

Around 4500 years before present the Aryans had moved (in their part; my ancestors did not moved, they stayed put at the Russian Plain) to South, South-East and to the East. Those who moved get the L342 mutations, that is why it is easy to determined who moved. Those who moved South, went over the Caucasus Mountain to Anatolia and Mesopotamia, they brought L342 to the (future) Arabs and Jews who now have that mutation. Those who moved South-East came to Iran (also L342), and those who moved to the East and reached the South Ural, and then turned South and went to India as the Aryans. R1a1 now occupy up to 72% of the upper castes in India.

So, this is your heritage story. I hope it helps.

ПИСЬМО 139

Я – башкир. Мы в республике приступили к тестированию гаплогрупп, и первые два результата – у меня R1a, у коллеги – R1b. Как это объяснить?

МОЙ ОТВЕТ:

Наличие R1a и R1b у башкир демонстрирует наличие двух основных археологических движений народов (или племен) - "индоевропейского" (R1a, движение на восток примерно 4300-4000 лет назад, основной субклад L342.2) и "прото-тюркского" (движение на запад, примерно 10-7 тысяч лет назад, основные субклады M73, M269 и M269-L23). Их слияние в основном и образовало башкирский этнос.