

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

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

**Volume 5, No. 7
July 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	792
О графическом представлении субкладов гаплогруппы R1a на одноименном Проекте FTDNA. <i>А.А. Клёсов</i>	793
Луис Агассиз и его дагерротипы. <i>А. А. Клёсов</i>	799
История с субкладом R1b-L51 в кривом зеркале популяционной генетики. <i>А. А. Клёсов</i>	832
Предисловие редактора к статье А.В. Кириллова	836
Союз лингвистики и ДНК-генеалогии. <i>А.В. Кириллов</i>	840
Продолжение «Размышлений над книгой лингвиста Ю.К. Кузьменко «Ранние германцы и их соседи. Лингвистика, археология, генетика» (2011)». Комментарии автора книги и ответ. <i>А. А. Клёсов</i>	859
Ethnic affiliation of Scytho-Sarmatians. <i>N. Kisamov</i>	867
The origin of Sumerians. Archaeological , mythological and biogeographic analysis, re-evaluation after remarkable excavations at Türkmenistan Gönür Tepe and others. <i>Metin Gündüz (Turkey)</i>	894
Комментарий А.А. Тюняева на реплики С.В. Кончи (см. Вестник, июнь 2012, № 6, стр. 703-704)	901
И еще раз - берегитесь популяционных генетиков. Например, в лице В. Запорожченко. <i>А. А. Клёсов</i>	903
Микросателлиты и гены Y-хромосомы. <i>Анатолий А. Клёсов</i>	911
ДИСКУССИИ	914
Еврейские дискуссии. (у нас в гостях – международный портал «Заметки по еврейской истории. Еврейская Старина»). О народности лемба	914
О квадратичном и линейном методах расчетов, и фантазиях в области археологии и краниологии.	920
Гаплогруппы африканских бушменов	954
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 41, письма 140-142.	959

О графическом представлении субкладов гаплогруппы R1a на одноименном Проекте FTDNA

Анатолий А. Клёсов

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

Некоторое время назад был образован новый Проект под формальной эгидой FTDNA, и под названием «*R1a1a and Subclades Y-DNA Project*». Возглавил его Лукаш Лапинский, кандидат наук по специальности «История Польши», специалист по польской генеалогии и геральдике, администратор других проектов – по мазовецкой шляхте, по потомкам Великого князя литовского, и некоторым другим генеалогическим проектам.

Год назад, в июле 2011-го, у меня состоялась переписка с Лукашем, в котором он поделился тем, что хочет открыть новый проект по R1a, поскольку другие проекты по R1a, по его мнению, совершенно неудовлетворительны, отметил очень полезные карты по R1a доктора Рожанского, и написал много хороших слов про наши исследования. Заодно упомянул, что система классификации ветвей R1a на Молгене «странная», потому что базируется на названиях древних племен. В любом случае, он был бы рад с нами взаимодействовать по вопросам R1a, примирить всех тех, кто работает с R1a, и создать хорошую атмосферу при проведении и обсуждении исследований.

Я в ответ предложил ввести в со-администраторы нового Проекта И. Рожанского и А. Золотарева, сам от со-администрирования отказался, но сказал, что с удовольствием приму участие в обсуждении научных задач Проекта по мере их возникновения. В свою очередь Лукаш ответил, что был бы очень рад ввести обоих в состав со-администраторов, но должен посоветоваться с другими, уже согласованными со-админами.

На том ответа от Лукаша больше не было, переписка прекратилась. Никто из предлагаемых с нашей стороны специалистов в состав администраторов нового Проекта введен не был.

В итоге в состав со-администраторов Лукаша были введены семь человек:
-- Ларри Майка, кто отвечает за часть R1a в ISOGG и руководит польским FTDNA проектом;

- Андрью МакИчерн, администратор фамильного проекта и, как специально отмечено, со-автор статьи **Scotland's R1a1 Highland Clansmen, DNA genealogy and the search for Somerled** (опубликована в Вестнике, август 2010);
- А. Левин, модератор проекта на DNA-Forum;
- А. Парасар (участник того же Форума);
- М. Милевский, кандидат наук из Польши, специалист по медицинской генетике и клеточной биологии;
- А. Бергер, администратор Проекта по Норвегии;
- М. Вилкожевский, опять же из Польши, технический создатель сайта.

Сам сайт получился неплохой, в нем более тысячи гаплотипов, из них около восьмисот 67-маркерных, и примерно двести 111-маркерных. Названия ветвей почти подчистую позаимствованы из нашей классификации, но это нормально, так и должно быть. Правда, это было бы справедливо отметить, ну да ладно. Только вместо нашего «Северо-европейская ветвь» R1a они используют «Померанские славяне», вот, пожалуй, и всё.

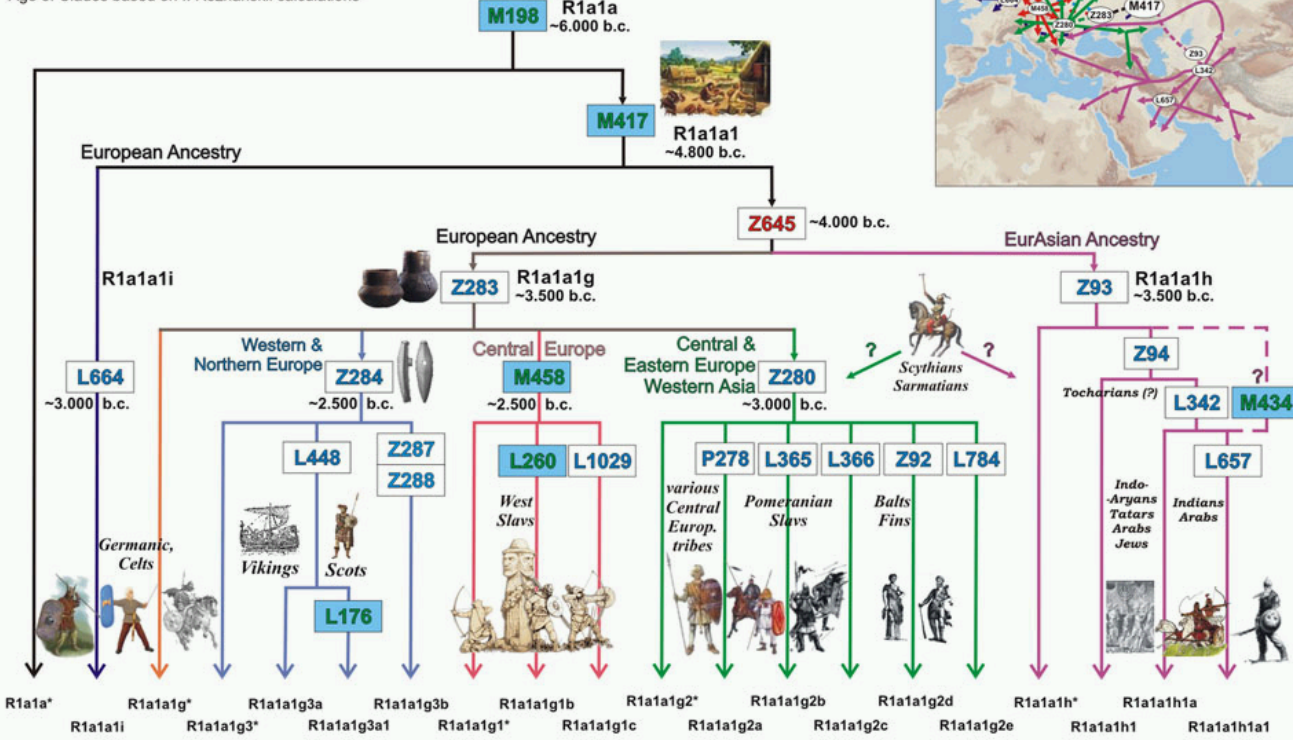
Но вернемся к названию этой статьи. На сайте опубликована схема субкладов R1a. Их – два варианта, один был датирован «Январь 2012», второй (см. ниже) – «25 марта 2012», на последнем уже появились датировки (с указанием «на основании расчетов И. Рожанского»), и некоторые ветви изменены, в первую очередь ветвь «десятников». На предыдущем варианте схемы «десятники» (L664) были недопустимо «молодые» по сравнению с другими ветвями, если по возрасту судить о высоте ветвей. Сейчас и возраст, и положение ветви «десятников» выправлены, и общая карта миграций (в правом верхнем углу) подправлена. Только авторам схем стоило бы написать, что не только датировки позаимствованы, но и всё остальное, включая направления миграций R1a.

В целом схема неплохая и наглядная. Правда, против чего авторы сначала боролись, называя «странными» названия ветвей по древним племенам (что было бы неплохо, если бы только знать, какие гаплотипы-субклады были у тех племен), к тому местами и пришли. Вставлены скифы и сарматы, правда, с вопросительными знаками. Вставлены тохары, опять же с вопросительным знаком.

R1a Clades (by SNP markers)

<http://www.familytreedna.com/public/R1a>

Updated: 25-March-2012 (L. Lubicz-Lapinski)
Haplogroups names with ISOGG.org standard
Age of Clades based on I. Rozhanskii calculations



Надо сказать, что на схеме – целый ряд упущений. Схема начинается уже с R1a1a (~ 8000 лет назад) [хотя там по расчетам ≥ 9000 лет назад, но это детали в данном контексте], и неясно, куда делись вышестоящие субклады – R1a и R1a1. Первый (L62/M513, L146/M420) – по оценкам появился примерно 20 тысяч лет назад, в Центральной Азии, возможно, в алтайском регионе или даже еще восточнее. R1a1 (L120/M516, SRY10831.2) – видимо, появился там же, потому что древние северо-китайские гаплотипы – уже R1a1a-M17, они же M198, те самые, что на схеме выше. Но на схеме авторов этот M198 застенчиво скрыт. Не решились поместить его на карту даже с явно заниженным возрастом «~ 8000 лет назад». Не на Балканы же его помещать, потому что тогда придется указать, что это уже описано в литературе несколько лет назад. Короче, решили вообще замять.

С Z645 авторы явно поторопились. Такого субклада пока нет ни в ISOGG, ни в списке у Томаса Крана. Тем более авторы схемы уже и указали его

датировку, ~ 6000 лет назад. Поскольку ни у кого еще гаплотипы и датировки неизвестны, то авторы опять поехали по пути сенсационности, ставя телегу впереди лошади. Видимо, датировку выставили «не по закону, а по понятиям». Какие понятия – неизвестно.

Еще о сенсационности – между «десятьниками»-L664 и некой неопределенной и непонятно откуда взявшейся ветви, идущей от Z283 (то есть от Евразийской ветви) помещено название – «германцы, кельты». Это замечательно, что авторы верят в то, что кельты были R1a, но на чем основано это отнесение к данным ветвям? Если «кельты» относятся к L664-десятьникам, то эта ветвь древностью примерно 4575 лет, когда никаких кельтов и близко не было. Если это та самая неизвестная и немаркированная ветвь – то откуда она вообще взялась? От Z284, как известно, отходят три ветви – M458 (европейская), Z280 (центрально-азиатская) и Z284 (скандинавская). Никакой безымянной ветви там не обнаружено, так что куда «кельты» относятся – тоже непонятно.

С Z283 и Z93 на схеме все понятно, кроме того, что они якобы произошли от некой Z645. Видимо, или совсем новые данные, либо фантазии, либо приватный снип. Ну ладно, вскоре разберемся.

По сравнению с январской версией схемы в ней от Z94 (что есть подветвь Z93) появилось новое ответвление под названием «тохары?». Не думаю, что с января появилось что-то новое о тохарах-R1a, да еще со снипом Z94 и его субкладом. Опять у авторов разыгрывается фантазия, хотя исходно обещали, что будет строгая наука. Вместо «индийцы» в ветви L342 появилось «индоарии», с этим проблем нет, «индийцы» переместились на другую ветвь, L657. На самом деле данных там мало, чтобы разделять «индийцев» и «индоариев», да еще по подчиненным снипам. Опять фантазии. Более того, исчезли персы, то есть иранцы. Их-то за что? За что авестийских ариев так наказывать, просто стирать с лица если не Земли, то схемы. Видимо, авторы затруднились, они, персы, L342 или L657, что на самом деле субклад L342. Решили вообще убрать. Наконец, под Z93 на схеме затесалась M434, которой там вообще быть не должно. M434 находится по правилам под M417 и параллельна субкладу Z283 и, стало быть, параллельна Z93, а вовсе не под ним. Видимо, тохары да скифы с сарматами отвлекли, голову закружили.

Переходим к обширному субкладу Z283, это – евразийская ветвь R1a. Его возраст – примерно 5500 лет. На схеме так и указано, так что использовали дату правильно. От этой ветви отходят три основные дочерние ветви – субклады Z280 (центральный евразийский), M458 (европейский) и Z284 (скандинавский). На схеме все правильно, кроме неопределенности со

снующими вокруг на схеме скифами и сарматами. С ними на самом деле некоторая проблема, потому что это имена собирательные. Помимо R1a, там наверняка были и R1b, и G, и Q, и N, и C, и J, и O, и другие гаплогруппы. Так что с этими племенами еще та карусель предстоит. Не случайно лингвисты никак не договорятся, скифы «тюрки» или «индоевропейцы», а до сарматов очередь еще не дошла. О том, насколько это проблематично, статья Нормана Кисанова в этом выпуске Вестника.

Начнем с относительно простого – со скандинавской ветви, Z284. От нее должны отходить две основные ветви – старые скандинавы (Z287) и молодые скандинавы (L448), они образовались 3700 и 2700 лет назад. От молодых скандинавов отходит дочерняя ветвь «горных шотландцев» (1850 лет назад, начало нашей эры). В Шотландии вообще резкое различие между равнинными и высокогорными обитателями и их потомками. Что имеем на предлагаемой схеме? Имеем деление «молодых скандинавов» на «шотландцев» и «викингов». Датировки не указаны. В общем, и то и другое неверно. Викинги – это не гаплообразующее понятие, в них входили кто угодно, далеко не только R1a. Так что создатели схемы опять пошли по легкому и неверному пути, давая броские и неверные имена с исторической коннотацией. Далее, под старыми скандинавами загнули субклад Z288, что на самом деле просто синоним Z287. Если мы начнем на схеме синонимы указывать, то никакой схемы не хватит – например, у этих двух синонимов – Z287 и Z288 есть еще два – S223 и S345, и тогда непонятно, почему еще и их не указали.

Продолжим на европейской ветви M458, возрастом примерно 4200 лет. Видимо, этот возраст относится к ее возникновению в западной Белоруссии, или восточной Польше, или северной Украине, а в Европу она ушла позже, например, в начале 1-го тыс до н.э., примерно 3000 лет назад. Не исключено, и к исходным кельтам в Гальштате и/или Ла Тене имела отношение, но это почти голые предположения. В Европе или на пути миграции туда M458 разделилась на две основные ветви – L260, или западнославянскую (2700 лет назад), и центрально-европейскую ветвь (3100 лет назад), которая своего субклада и снипа пока не имеет. Последняя еще разделилась на две подветви, обе образовались 2900 лет назад, одна из них (или обе) оказались субкладом L1029.

Что имеем на схеме авторов сайта? Имеем два субклада – L260 (западнославянский) и L1029 (без названия) без датировок, и еще одна безымянная ветвь, возможно, одна из центрально-европейской. Датировки тоже нет. Ну это не беда, у нас статья по субкладам и ветвям R1a вот-вот выйдет, там все указано.

Последняя из евразийских ветвей Z280 (4900 лет назад), самая обширная. На схеме ниже там шесть под-ветвей, одна без названия и без субклада. Названия от нашей номенклатуры отличаются, там у них L365 – померанские славяне, Z92 – балты и финны, и P278 – «разные центрально-европейские племена), L784 и L366 – без названия. У нас L365 – это северо-европейская ветвь (2600 лет назад), Z92 – северо-евразийская ветвь (4450 лет назад), P278 – западнокарпатская ветвь (2600 лет назад), L366 – третья центрально-евразийская ветвь (2500 лет назад), L784 – без названия (2500 лет назад). Как видно, большинство этих ветвей, кроме древней Z92, образовались примерно в одно и то же время, в середине 1-го тыс до н.э. Помимо того, авторы схемы пропустили еще несколько ветвей – первая евразийская (4600 лет назад), вторая евразийская (3500 лет назад), восточно-евразийская (4100 лет назад), северо-карпатская (2150 лет назад). Наверное, не решились поместить на схему, поскольку у этих ветвей пока нет своих субкладов. Но у них есть свои ветви на древе гаплотипов, значит, будут и субклады.

Итог этого рассмотрения такой, что схема наглядная и полезная, художественно выполнена, но, к сожалению, администраторы Проекта во главе с Лукашем Лапинским забыли про свое намерение обсуждать свои построения с другими специалистами. Обсудили бы – избежали ошибок и недочетов на своей схеме. Кому мешало иметь схему более продвинутую?

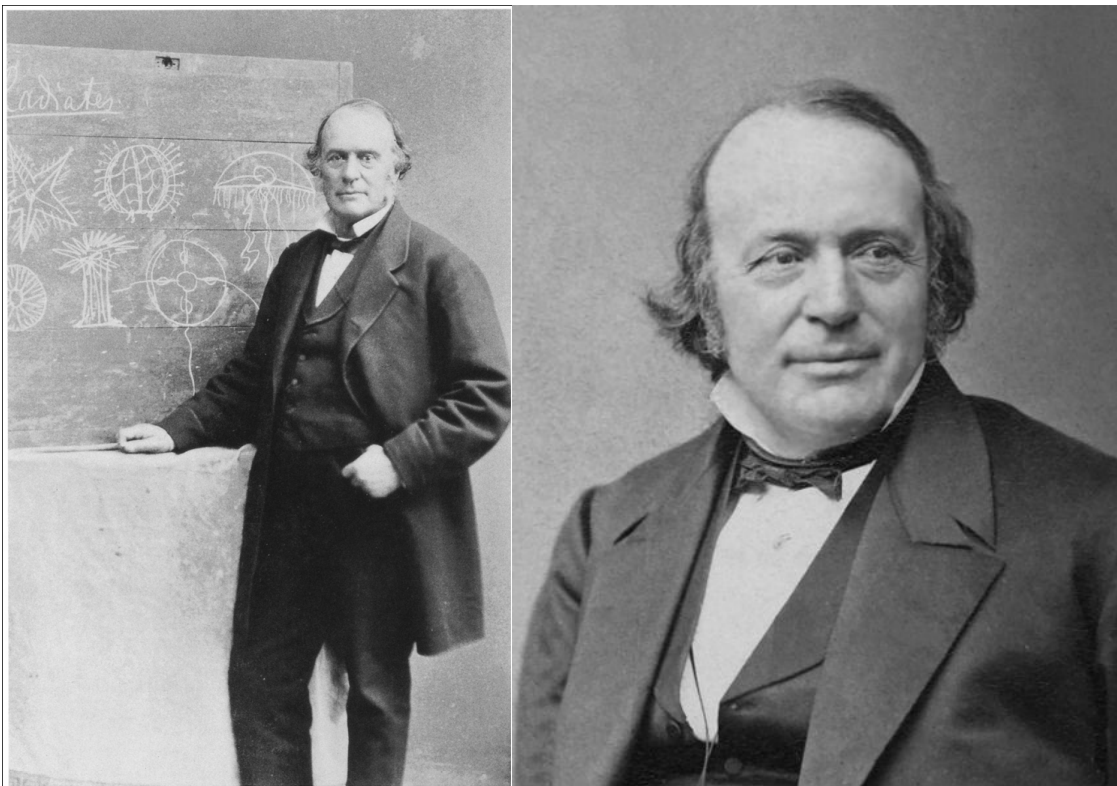
А. Клёсов

Луис Агассиз и его дагерротипы

Анатолий А. Клёсов

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

Луис Агассиз (Louis Agassiz, 1807-1873) – яркая научная фигура 19-го века, выдающийся геолог, ботаник, зоолог, ихтиолог, гляциолог, антрополог, палеонтолог, и вообще специалист в науках о Земле, что тогда называли «естественной историей». Он родился в Швейцарии, получил образование там же, потом продолжил научную работу в Германии и Франции, был учеником знаменитых Кювье и Гумбольдта. В возрасте 30 лет он был избран иностранным членом Шведской Академии наук, в следующем году - иностранным членом Королевского научного общества Англии. В возрасте 39 лет он переехал в США, где прожил всю оставшуюся жизнь. Начал он с курса из 12 лекций «План Создателя, как прослеживается в мире животных», по приглашению одного из бостонских институтов.



В том же году он был избран в Американскую Академию наук и искусств, и в следующем, 1847 году, был назначен директором Научной школы имени

Лоуренса Гарвардского университета и получил звание и должность гарвардского профессора зоологии и геологии. Вскоре он стал одним из самых знаменитых ученых мира и, как сообщают источники, самым знаменитым ученым США. Как пример признания можно упомянуть, что в честь его пятидесятилетия Генри Лонгфелло (автор «Песни о Гайавате») написал поэму. В то же время Агассиз был убежденным противником Дарвина и теории эволюции, был «креационистом», то есть сторонником концепции сотворения мира.

Имя Агассиза связано со знаменитым Бостонским симфоническим оркестром и не менее знаменитым Бостонским музеем изящных искусств, и многих научных лабораторий, институтов, музеев, библиотек. Его именем в штате Массачусетс и других штатах США (Калифорния, Аризона) названы школа, район, улица (в Кэмбридже), озеро, гора, кратеры на Луне и на Марсе, некоторые виды растений и животных, научные премии и медали. Впрочем, школа в Кэмбридже, пригороде Бостона, была недавно переименована, и теперь носит имя афро-американского завуча школы, которая руководила учебным процессом уже после смерти Агассиз. Это было совсем не случайно, и имеет прямое отношение к теме настоящего очерка. Дело в том, что в последнее время в американской прессе усилились голоса, что Агассиз был расистом, и потому его имя нужно отовсюду убрать и вообще предать забвению.

В чем проблема? В том, что по современным представлениям многие его труды представляют пример «научного расизма». Он полагал, что расы появились на Земле и развивались независимо друг от друга, и, естественно, не просто «появились», а были созданы Творцом, опять же в разных актах творения (“separate creation”). На современном научном языке это называется «полигенизм», в отличие от моногенизма, поскольку в то время происхождение людей вели от Адама и Евы. Он считал белых и черных разными биологическими видами, которые можно и нужно классифицировать, как классифицируют растения и животные. В отношении белых и черных (и других рас) Агассиз отвергал объяснения на основе миграций и адаптаций, на основе эволюции. Он считал, что животные, рыбы и растения живут там, где и были созданы Творцом – «animals are naturally autochthones wherever they are found». Это же он относил и к людям. По его мнению, Адам и Ева в Библии были белыми людьми, «кавказионской расы», как и основные персонажи Библии. Ведь по Библии они краснели от стыда и неловкости, значит, было определено не чернокожими.

Здесь я должен добавить, что по мере возможности просмотрел доступные работы Луиса Агассиза, но особого «расизма» не нашел. Ряд цитат даны ниже. Действительно, он писал –

«Коротко говоря... изучение человеческих рас приводит к идее о разнообразии их происхождения, скорее чем к предположению, что они произошли из одного общего источника» (“The diversity of Origin of the Human Races”, The Christian Examiner [1850] vol. 49).

Назвать «расизмом» я это никак не могу. Более того, на этот вопрос наука и сейчас, 160 лет спустя, ответить пока не может, а если кто и отвечает (точнее, делает вид, что отвечает), то «по понятиям», а не «по науке». Фраза, которую ему приписывают, что *«расы имеют различный размер мозга и потому разный уровень мышления»* на самом деле приведена в книге Нотта и Гиддона «Типы человечества» (Nott and Giddon, Types of Mankind) на стр. 450.

То, что в обилии написано в западной широкой печати в отношении воззрений Агассиза, особенно в последнее время, почерпнуто в основном из вторичных пересказов, опубликованных в последнее десятилетие, а также из выборочных цитат. Я не удивлюсь, если многое из написанного не подтвердится при полном чтении работ Агассиза, и представляет вольный фантазийный пересказ. Возможно, к этому вопросу мы еще вернемся. Здесь же следует отметить, что в любом случае взгляды Агассиза были совершенно обычными для того времени. Напомню, что основные его исследования проводились еще до Гражданской войны в США (1861-1865 гг), он посещал владельцев южных плантаций и многочисленных негритянских рабов, и в этой ситуации ощущать «превосходство белой расы» было обычным делом. Вот как он описывал в письме матери свою первую в жизни встречу с чернокожими, служителями отеля, где он остановился, прибыв в США:

Все служители отеля были цветными. Я с трудом могу описать болезненное ощущение, но оно противоречило всем нашим идеям о равенстве людей и едином происхождении нашего человеческого вида. Было невозможно подавить чувство, что они – не той же крови, что и мы, смотря на их черные лица с толстыми губами и гримасничающими зубами, на шерсть на их головах, на их подогнутые колени, удлиненные руки, их большие изогнутые ногти, и особенно на цвет их ладоней... (Agassiz to his mother, December 1846, Houston Library, Harvard University).

Расизм? Несомненно, с точки зрения сегодняшних либеральных представлений. С другой стороны, расизм – это действия, а не мысли или

ощущения, иначе мы далеко зайдём в желании контролировать мысли и мышление. Ещё немного об этом – ниже. В связи с этим – ещё одна цитата из работ Агассиза:

Я отвергаю (в своих работах – АК) любую связь с любыми вопросами, касающимися политики. Они относятся только к возможности существования различий между различными людьми, и в итоге к выяснению того, образовались ли они (в разных регионах – АК) по всему миру и при каких обстоятельствах, и я пытаюсь выявить факты, представляющие человеческие расы (Agassiz, “The Diversity of Origin of the Human Races”, Christian Examiner [1850] 49, 113).

В своей работе «Разнообразии происхождения человеческих рас», цитата из которой дана выше, и которая важна для понимания позиции (и заблуждений) Агассиза, что расы были заданы раз и навсегда высшей силой, и что климат, география, эволюция и миграции на них не влияют, Агассиз писал об американских индейцах:

Эта раса представляет замечательную особенность. Было установлено, что по всему американскому континенту к югу от арктической зоны (которую населяют эскимосы), все многочисленные индейские племена имеют одинаковый физический характер; они относятся к одной расе, от севера до юга, причем наиболее примитивные из них живут в более северных или более южных регионах. В этом случае мы имеем однородность характера племен по всему континенту, при совершенно различных климатических условиях.

Ещё цитата из Агассиза:

Пять тысяч лет назад негры отличались от белой расы в той же степени, как они отличаются сейчас, поэтому ни время, ни климат, на изменение места обитания не приводили к этим различиям.

За четыре года до того подобные соображения выдвигал Джосиа Нотт, в статье «Единство человеческой расы» (“Unity of the Human Race”, Southern Quarterly Review, 9, No. 17, 1846):

Нужели разумный человек может верить в чудеса, что в умеренных регионах Австралии или Америки белая раса изменится (сама по себе – АК) в австралийскую или индейскую? Как разум, так и факты противоречат такому соображению. На этот вопрос могут ответить только наблюдения и история, и у нас нет к этому никаких данных, что это когда-либо происходило или происходит сейчас.

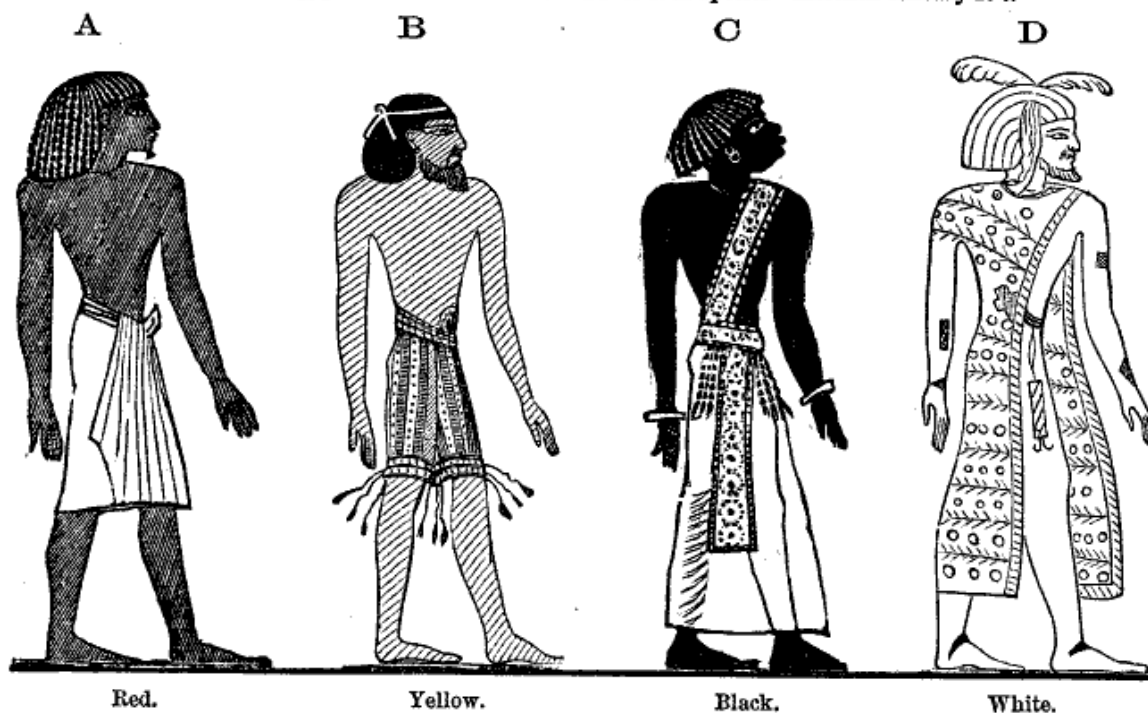
Я только могу заметить, что такие же «чудесные» соображения выдвигают сторонники концепции «выход из Африки», а именно что анатомически современный человек якобы вышел из Африки примерно 60 тысяч лет назад, естественно, чернокожим, и с тех пор побелел (и не только побелел, но и значительно изменил свою антропологию), причем сам по себе. Белых же людей вокруг не было, которые могли с ним смешаться, были только чернокожие. К этому была придумана теория о естественном отборе людей с более светлым цветом кожи за счет эволюционно благоприятного снижения количества меланина в коже и параллельного фотохимического биосинтеза витамина D, предотвращающего рахит. Теория хорошая, мне лично нравится. Одна проблема – она остается умозрительной, и экспериментально, насколько мне известно, никем не подтверждена, ни в каких модельных опытах. Все известные случаи перехода в другую расу, каких в мире предостаточно, происходили за счет межрасового скрещивания. Говоря о временных рамках, давно установлено, что в древнем Египте, например, жили люди и белой, и черной расы, и было это как минимум 4 тысячи лет назад. Я не могу поручиться за достоверность исходного материала в книге того же Джосиа Нотта (*Types of Mankind*), вышедшей в 1854 году, в которой он утверждал, что следующие рисунки были скопированы с египетских каменных памятников, и ниже воспроизвожу его иллюстрацию в качестве непрямого аргумента. Как бы то ни было, современная наука ответа на вопрос о времени и причинах происхождения рас не дает. Точнее, она дает соображения и интерпретации, причем многочисленные и противоречащие друг другу.

С другой стороны, нам известно, что около 5 тысяч лет назад (возможно, и раньше) носители гаплогруппы R1b, европеоиды, прошли через территорию современного Египта на пути своей миграции с востока на запад вдоль Средиземного моря. Так что светлокожие люди могли не быть автохтонами Египта, а появиться там с этой миграцией. Так что картины на египетских каменных памятниках 4 тысячи лет назад – тоже не самый сильный аргумент.

В любом случае факт остается фактом – в мире есть и чернокожие и светлокожие, есть раса негроидная и европеоидная (есть и другие расы), и либо мы должны признать возможность перехода одной в другую на каком-то этапе эволюции человека, причем в пределах времени существования *Homo sapiens* или его ближайших предков, или признать наличие двух разных общих предков белых и черных людей (о чем и писал Л. Агассиз), к чему у нас нет совершенно никаких биологических оснований. Скорее имело место первое событие, о спонтанном переходе, поскольку мы уже знаем, что у человека и шимпанзе был общий предок (см. ниже), а шимпанзе к «белой расе» совсем трудно отнести.

FIG. 1.

The ancient Egyptian division of mankind into four species—fifteenth century B. C.



Сейчас же перейдем еще ближе к основной теме настоящего очерка.

В 1850-м году Л. Агассиз заказал серию дагерротипов чернокожих людей, африканских мужчин и женщин, происходящих из разных племен. Как гласит современная версия, это было сделано для того, чтобы подтвердить расистские взгляды Агассиза, а именно показать, насколько белые и черные люди различаются, продемонстрировать расовое превосходство белых над черными, и показать, что они были созданы действительно раздельно. В итоге было изготовлено пятнадцать дагерротипов (размером 8.9x6.4 см), которые в настоящее время хранятся в музее археологии и этнологии Гарвардского университета. По современным же интерпретациям, Агассиз рассматривал эти фотографии как явное доказательство того, что человечество образовалось из различных биологических источников. Так ли это, автор настоящего очерка опять же не знает, не проверял по первоисточникам. Желаящие это могут попытаться сделать сами.

Недавно в Швейцарии было задумано организовать выставку «Агассиз и расизм», которая уже открылась во время написания настоящего очерка, в

конце июня - начале июля 2012 года в г. Гриндельвальд в Швейцарии. Организаторы выставки обратились в Гарвардский университет с просьбой предоставить им на время эти дагерротипы для экспозиции, и Гарвард ответил отказом. По заключению Гарварда, университет принял решение не выставлять эти фотографии как эксплуатирующие изображения обнаженных людей. Как сообщает газета "The Boston Globe" (от 27 июня 2012 г) в статье под названием «Гарвард в борьбе в отношении расистских изображений», некоторые академические ученые согласны с решением Гарварда, поскольку, по их мнению, эти изображения призваны не нести знания, а возбуждать ненависть (понятно, в отношении чернокожих). Как пишет газета, несмотря на унижительные изображения, люди на них смотрят в камеру с нескрываемым достоинством. Тем не менее, по мнению газеты, изображения, без сомнения, возмутительны, "disturbing", и их нельзя показывать на публике.

В итоге, Гарвард разрешил швейцарским организаторам показать только силуэты изображений, вот такие:



На самом деле, исходный дагерротип вот такой:

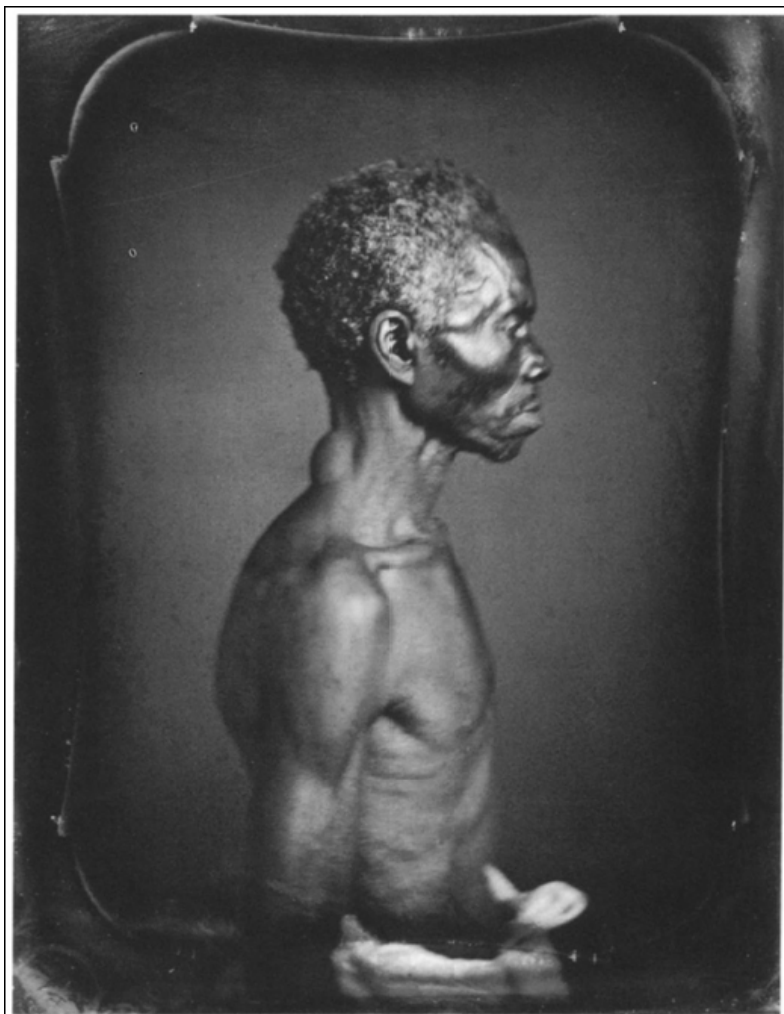


Фото 1. Раб по имени Ренти из Конго, с плантации Б.Ф. Тейлора, эсквайра, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

Я, признаться, не имею понятия, почему это изображение должно вызывать ненависть, и почему его нельзя «показывать на публике». Вспоминается эпизод из моего личного опыта, как в далеком 1984 году я беседовал с правительственным цензором, который запретил мою статью о том, что теперь называется «интернет». На мой вопрос почему, он ответил буквально следующее – «массам это знать не надо».

Должен сказать, что я совершенно не разделяю приведенные выше положения Л. Агассиза в пересказе современных авторов, и не испытываю никакого отталкивающего чувства по отношению к чернокожим. Один из них был моим очень толковым лаборантом в Гарвардском университете в 1980-х годах, и работал на спектрометре ядерного магнитного резонанса.

Другой – толковым техником на заводе по производству композиционных материалов в г. Грин Бэй, штат Висконсин, уже в начале 2000-х. Далее, я не вижу причин полагать, что расы появились и развивались на Земле независимо друг от друга, и что они были созданы Творцом. Точнее, в определенные исторические времена они, конечно, развивались отдельно друг от друга, поэтому и остались расами, а не перемешались с самого начала. Но они не «созданы независимо друг от друга», и более конкретные комментарии (и экспериментальные данные) по этому вопросу я приведу в данной статье ниже.

Я не вижу никаких причин полагать, что белые и черные – разные биологические виды, и я твердо верю в миграции и эволюцию, и я знаю, что далеко не во всех случаях «animals are naturally autochthones wherever they are found». По поводу того, что написано в Библии и какой расы были Адам и Ева можно ответить словами известного афоризма – «мне бы ваши заботы». Героями «Манаса» были киргизы, героями «Калевалы» – карелы, героями «Слова о полку Игореве» – русские, героями «Песнь о Гайавате» – индейцы, более того, одно племя – оджибуэев. Наверняка есть негритянские эпосы, в которые белые люди вообще не просматриваются. Библия написана (другие скажут – записана) европеоидами, потому главные действующие лица там – европеоиды, и возмущаться по этому поводу – это демонстрировать крайнюю степень «политкорректности», доведенной до абсурда. Вряд ли стоит ругать знаменитых художников Возрождения, которые изображали Адама и Еву европеоидами, а не монголоидами или австралийскими аборигенами. Для них это было совершенно естественным.

Короче, никакого особенного расизма в работах Л. Агассиза я не усматриваю, и уж тем более в его дагерротипах. Вообще расизм не в самих объектах, а в интерпретациях, ведущих к последующим действиям расистов. То, что нацисты называли себя арийцами – в одном этом проблем бы не было, если бы это не повлекло за собой концепцию о «сверхчеловеках» и «недочеловеках», унтерменшах, об «арийской расе», которой, как мы знаем, никогда не было, это раса европеоидная, и о последующем физическом уничтожении людей, не подпадающих под определенные категории, или, напротив, подпадающие под определенные категории. Вот что такое расисты – это люди, обосновывающие конкретные физические действия в отношении определенных популяций, народов, племен, имеющих определенные антропологические признаки, причем обосновывающие своими воззрениями, как правило, антинаучными.

Вот как расизм определяет Википедия:

«Расизм – совокупность воззрений, в основе которых лежат положения о физической и умственной неравноценности человеческих рас. ... В энциклопедии Britannica указывается, что расистским является убеждение в том, что расовые признаки имеют решающее влияние на способности, интеллект, нравственность, поведенческие особенности и черты характера отдельной человеческой личности, а не общества или общественной группы. Расизм обязательно включает в себя идеи об изначальном разделении людей на высшие и низшие расы, из которых первые являются создателями цивилизации и призваны господствовать над вторыми. Осуществление расистских теорий на практике порой находит своё выражение в политике расовой дискриминации».

Как мы заметим, все эти определения относятся к физическим действиям – «господствовать», «дискриминировать» (то есть обращать в рабство, принуждать сажать на отдельные места в общественном транспорте, оказывать конкретное предпочтение при принятии на учебы или работу, и т.д., и все это именно на основании антропологических отличий). Если Л. Агассиз действительно обосновывал подобные физические действия, и сам их применял на практике, то это несомненно расизм. Хотя в те времена это было совершенно общепринятым на практике и в повседневной жизни. Напомню, что только через сто лет после Агассиза в США было отменено правило для негров ездить только на задних сиденьях автобусов. Судить о деяниях прошлого на основании критериев сегодняшнего времени – это всегда чревато перебором, а скорее лицемерием.

Переходим к остальным дагерротипам Л. Агассиза. Я их размещаю по нескольким причинам. Во-первых, сделать их доступными для читателей Вестника и для русскоязычной аудитории. Во-вторых, чтобы показать, что ничего расистского в этих дагерротипах нет. Нужно иметь возбужденную фантазию, чтобы усмотреть в них что-то необычное. Автор этого очерка давно живет в США, и видел все эти типажи в спортивных раздевалках и на пляжах, в частности, на пляжах Карибского моря, где купальщики не обременяют себя одеждой (хотя надо признать, что значительно чаще типажи в США и на карибских пляжах все-таки не те, что на дагерротипах, они более метисные, сытые, спортивные и гладкие). В этом отношении призыв о том, что «массам это видеть не нужно» ничего, кроме смеха, вызывать не может. Хотя, впрочем, может – этот призыв показывает, до чего может довести извращенная «политкорректность», показное желание продемонстрировать себя в качестве поборника защиты «обездоленных».

Источник дагерротипов - Peabody Museum of Archaeology and Ethnology at Harvard University. Дагерротипы изготовлены J.T. Zealy в марте 1850 года.

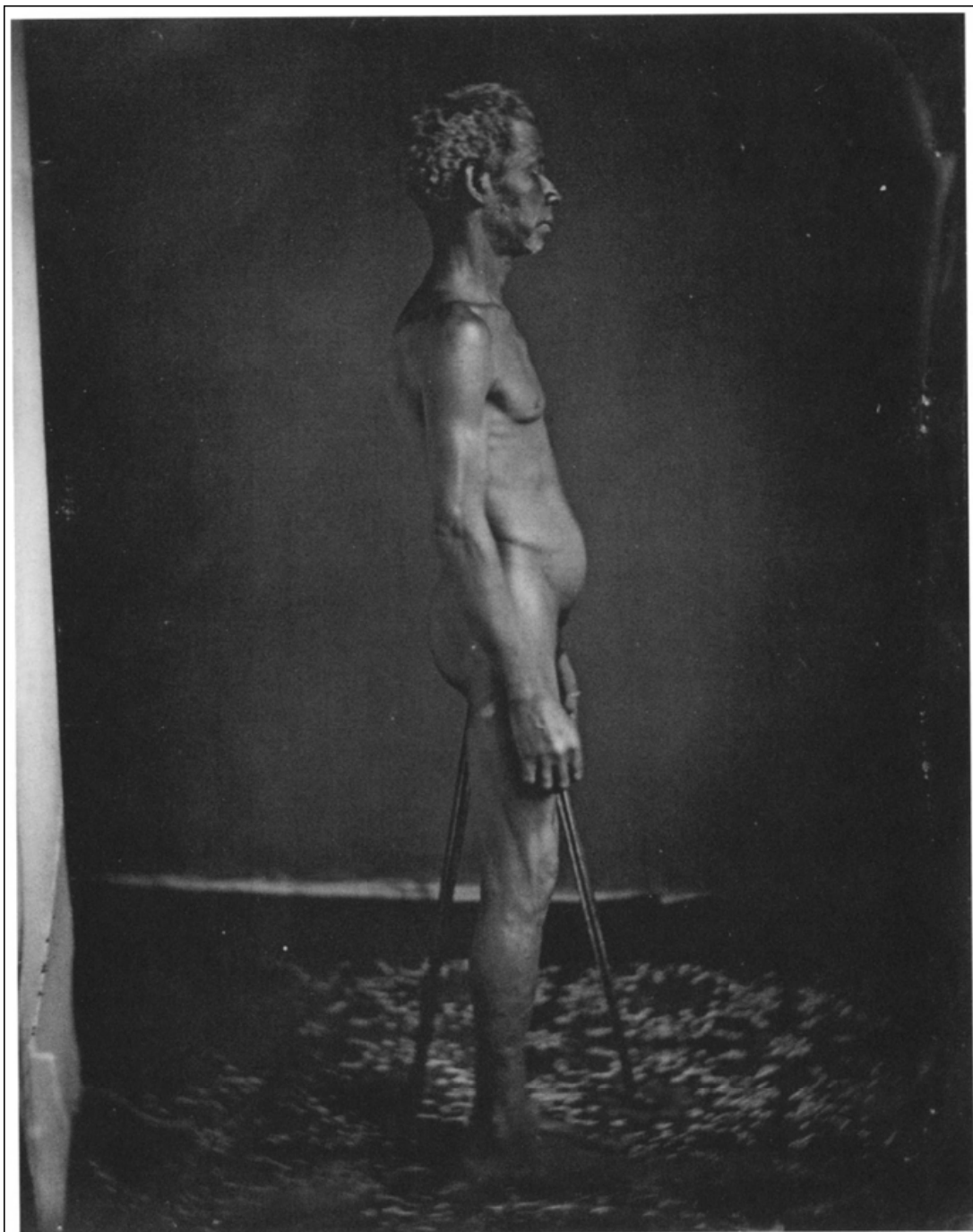


Фото 2. Раб по имени Альфред из племени Foulah, принадлежащий И. Ломасу. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

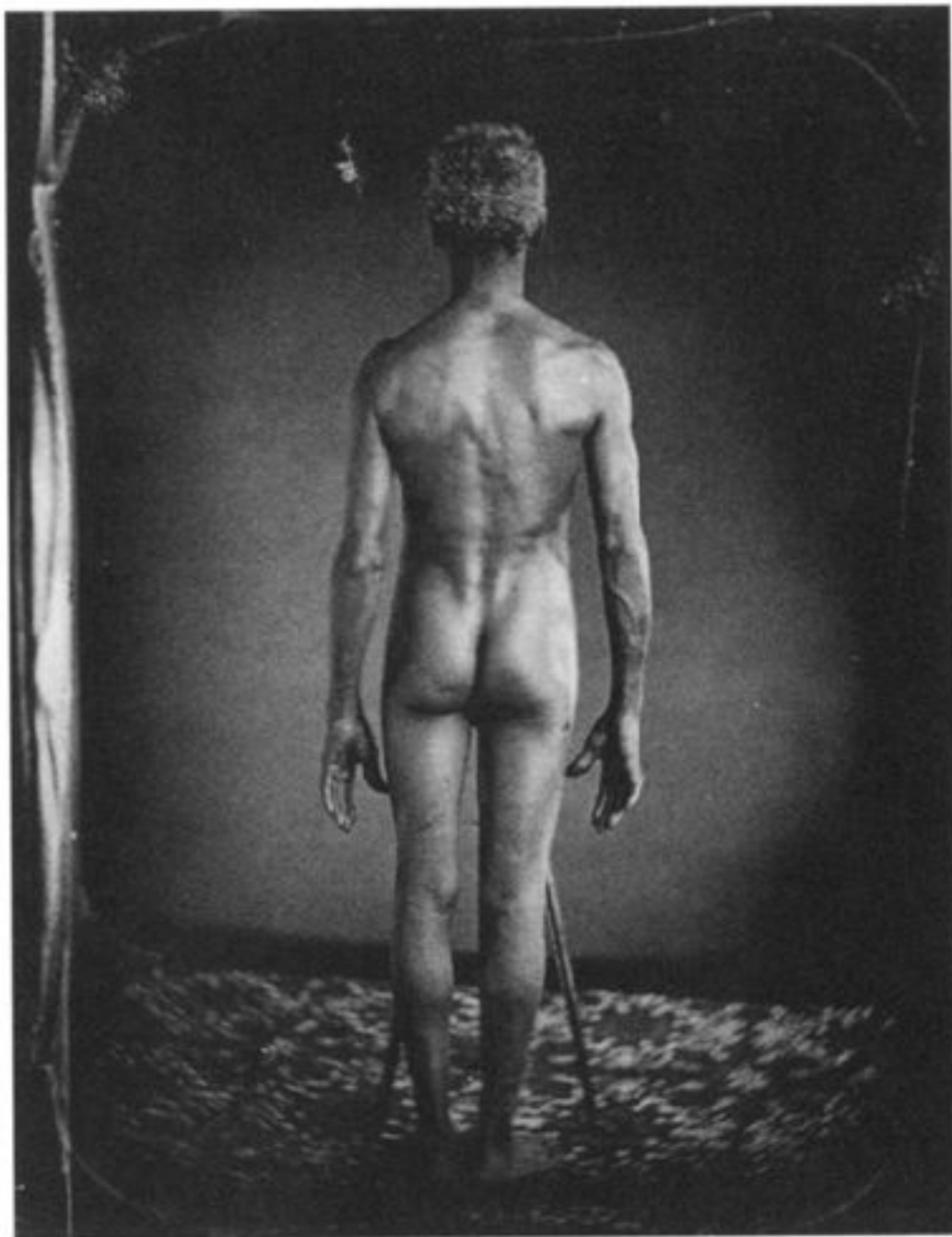


Фото 3. Раб по имени Альфред из племени Foulah, принадлежащий И. Ломасу. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

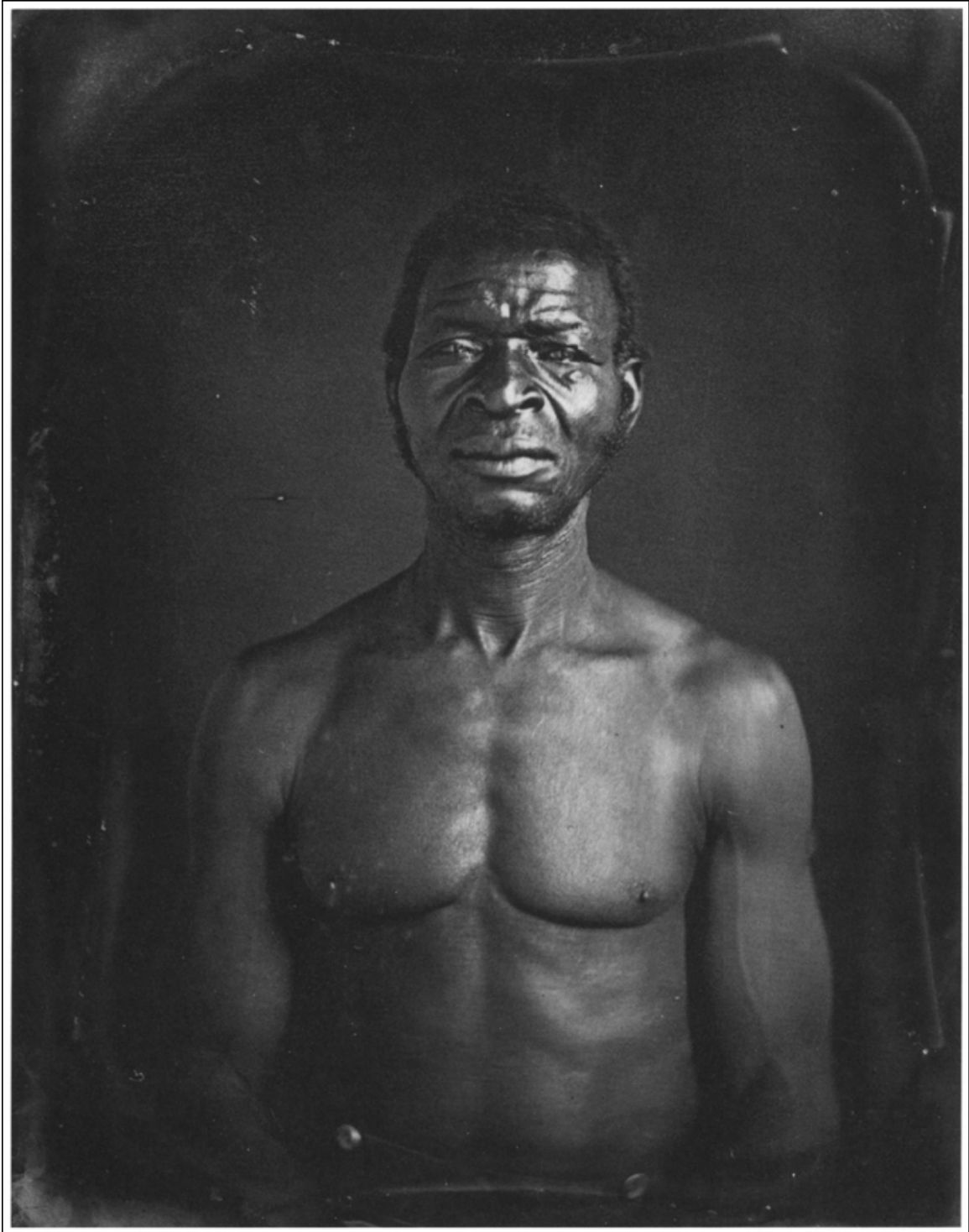


Фото 4. Раб по имени Джек из Гвинеи, с плантации Б.Ф. Тейлора, эсквайра, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

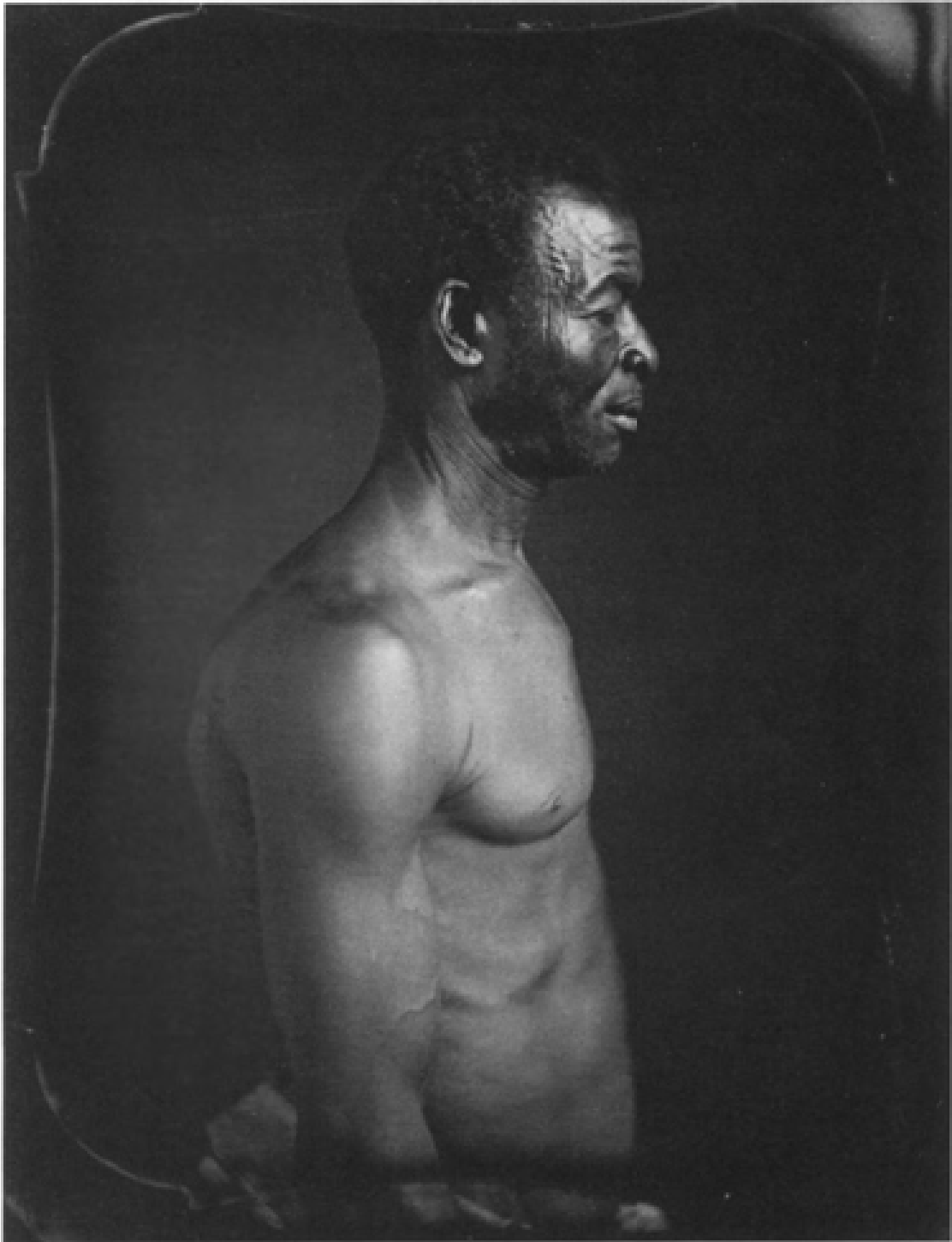


Фото 5. Раб по имени Джек из Гвинеи, с плантации Б.Ф. Тейлора, эсквайра, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

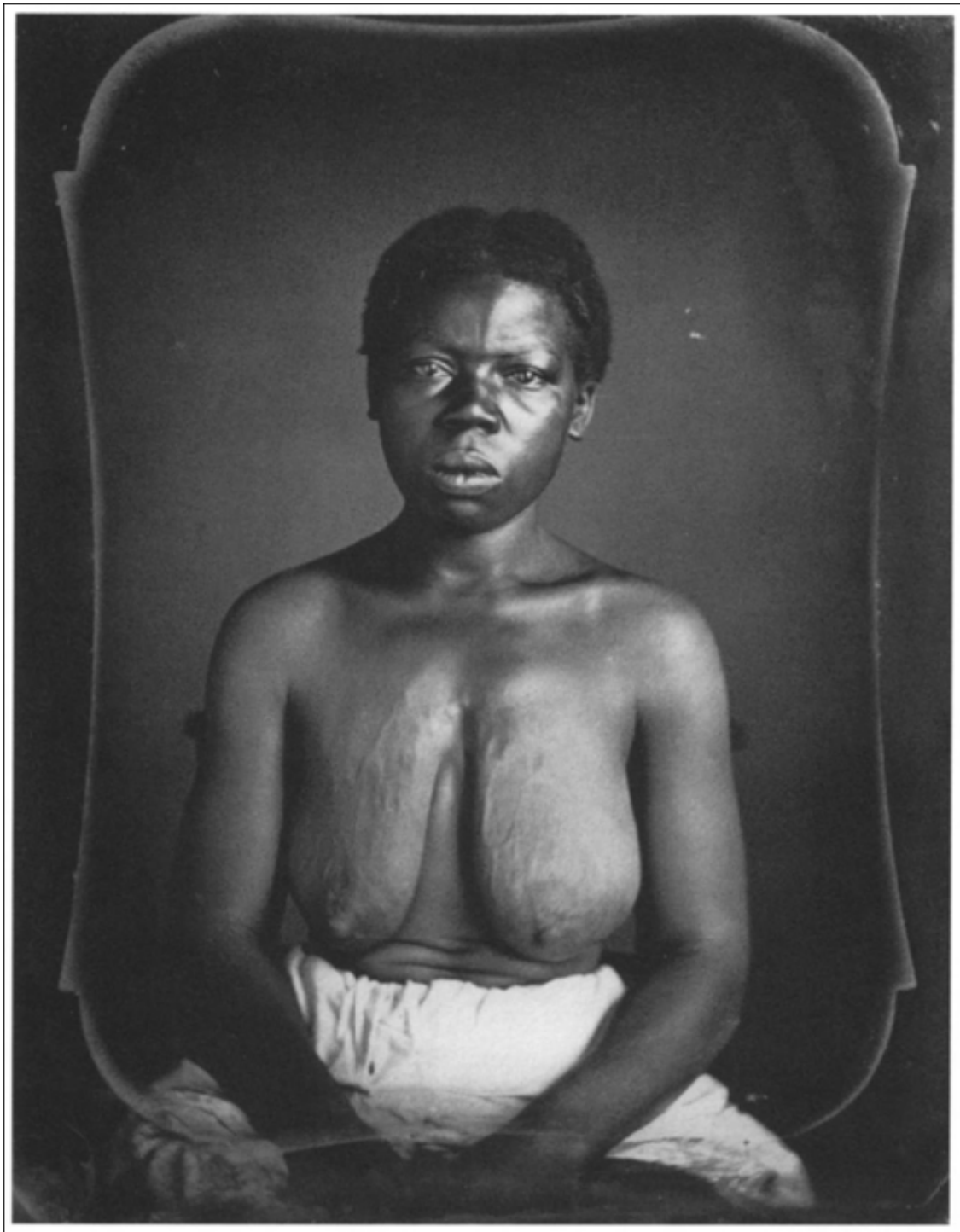


Фото 6. Рабыня по имени Драна, дочь Джека из Гвинеи, с плантации Б.Ф. Тейлора, эсквайра, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

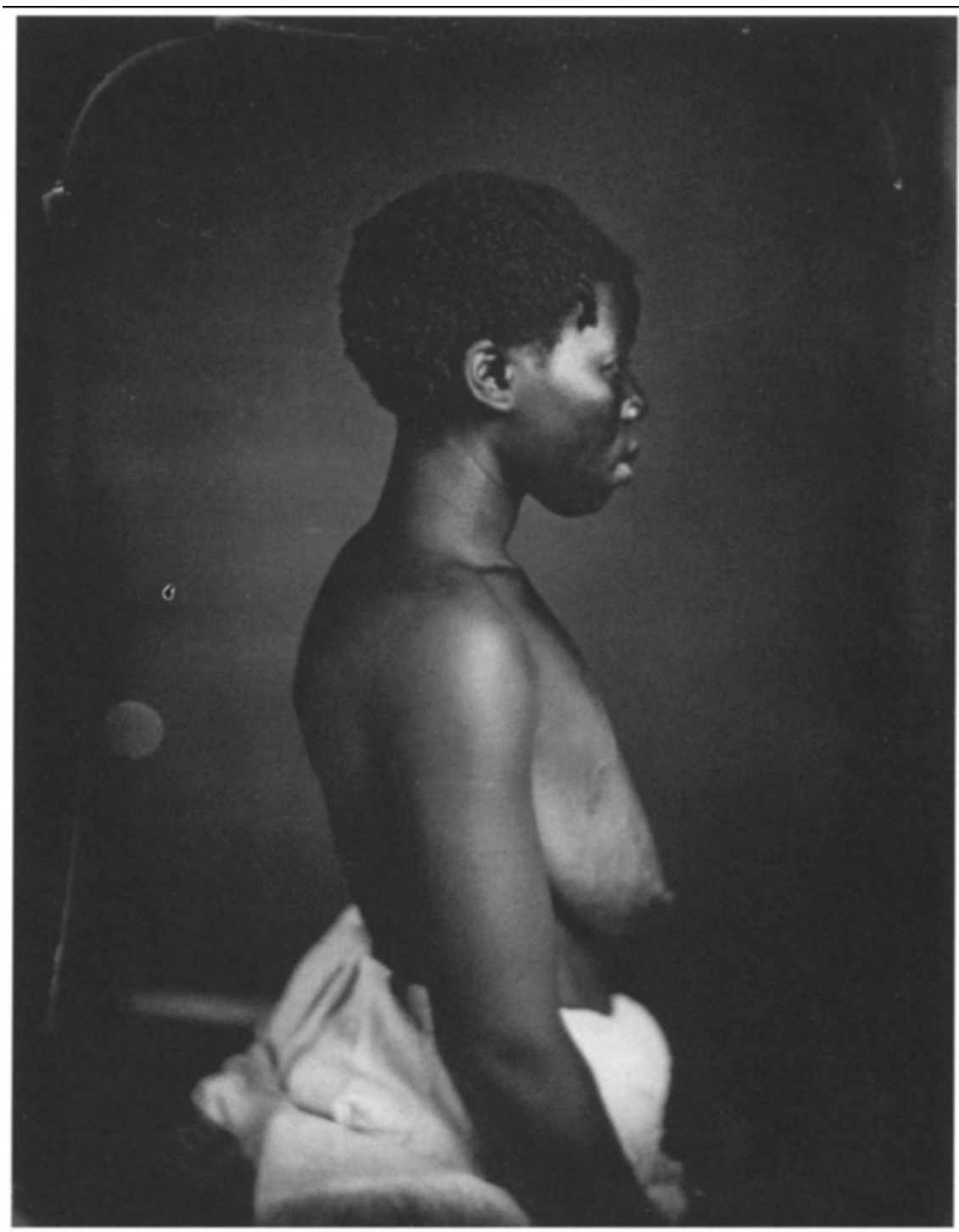


Фото 7. Рабыня по имени Драна, дочь Джека из Гвинеи, с плантации Б.Ф. Тейлора, эсквайра, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

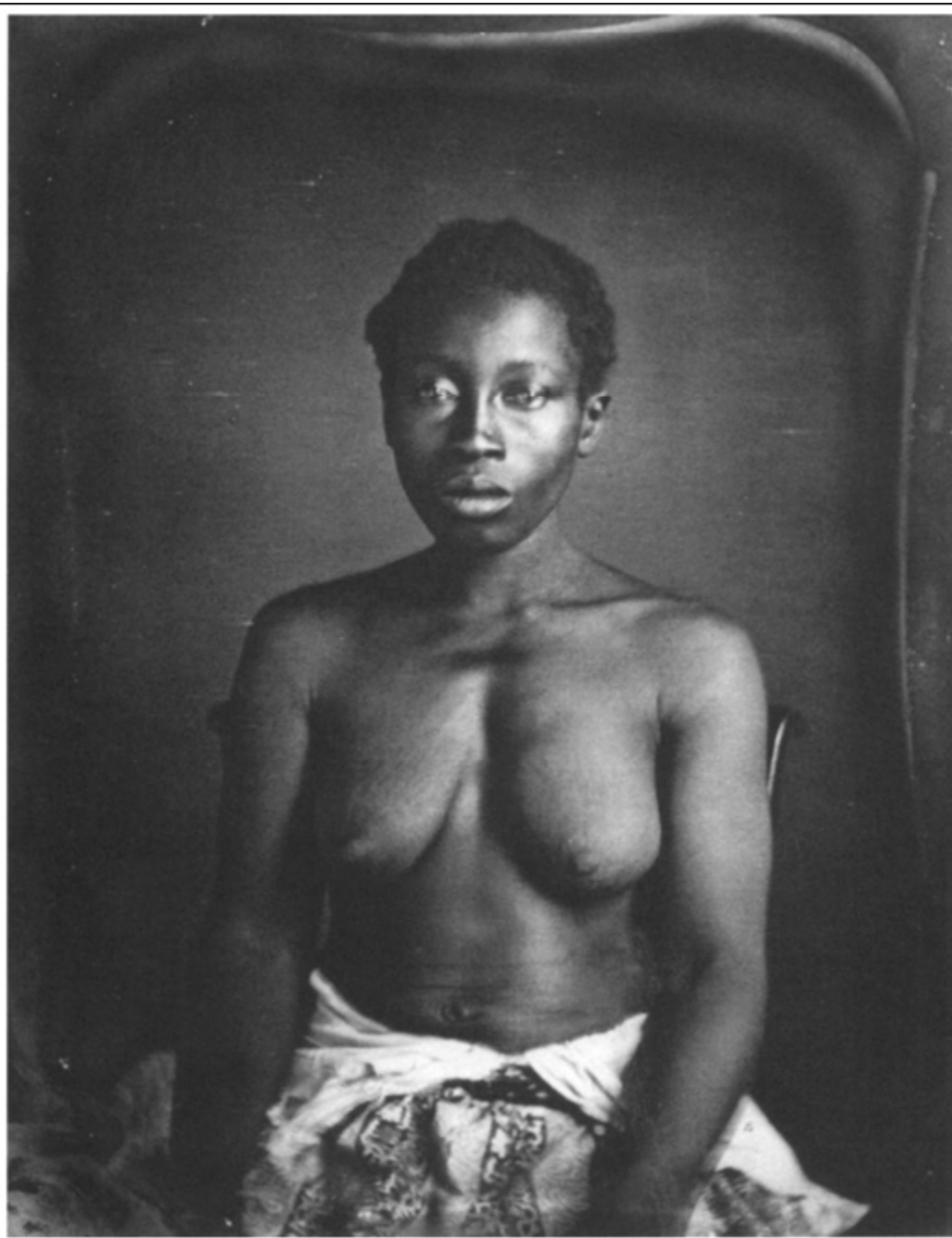


Фото 8. Рабыня по имени Делия, дочь Ренти из Конго, с плантации Б.Ф. Тейлора, эсквайра, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

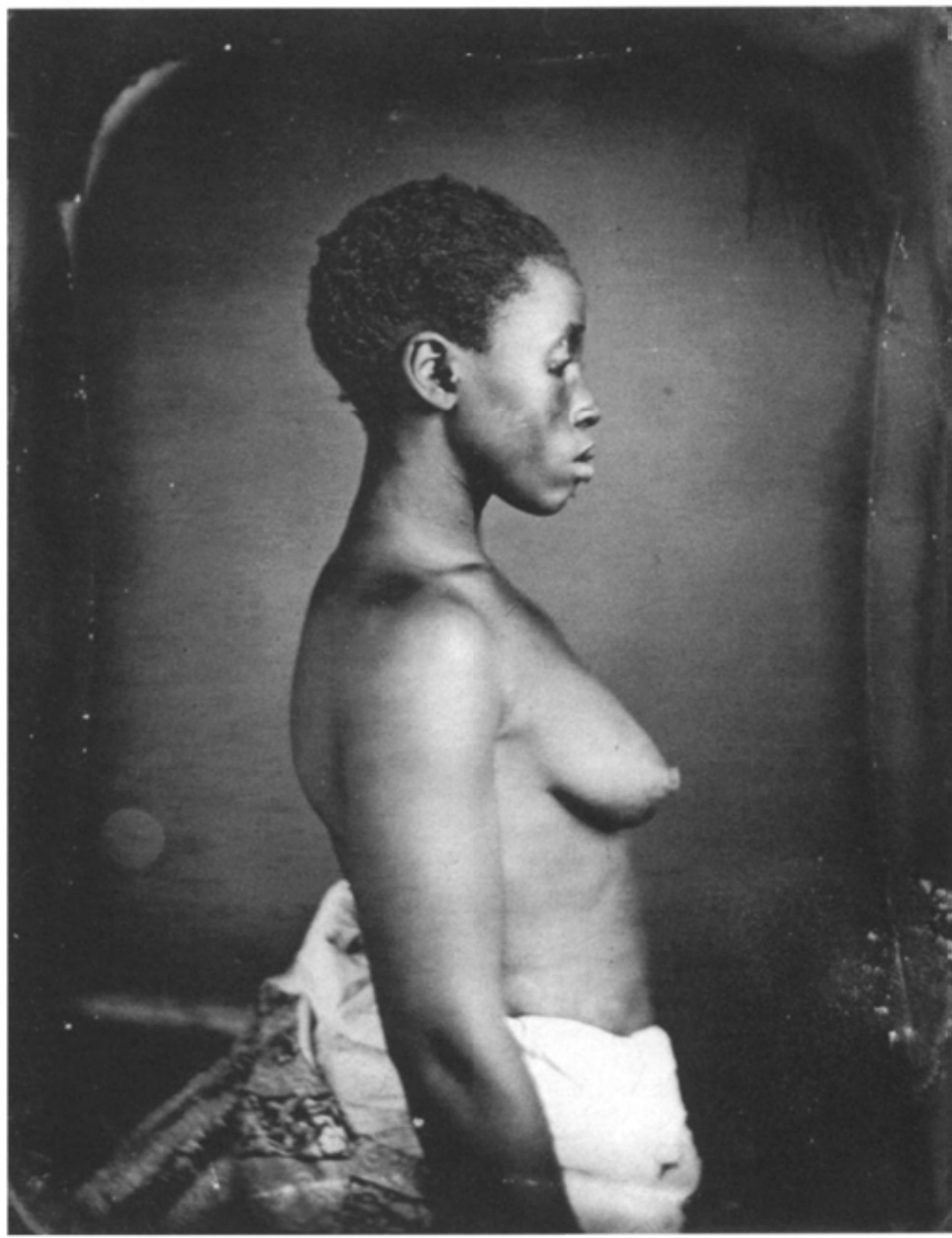


Фото 9. Рабыня по имени Делия, дочь Ренти из Конго, с плантации Б.Ф. Тейлора, эсквайра, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

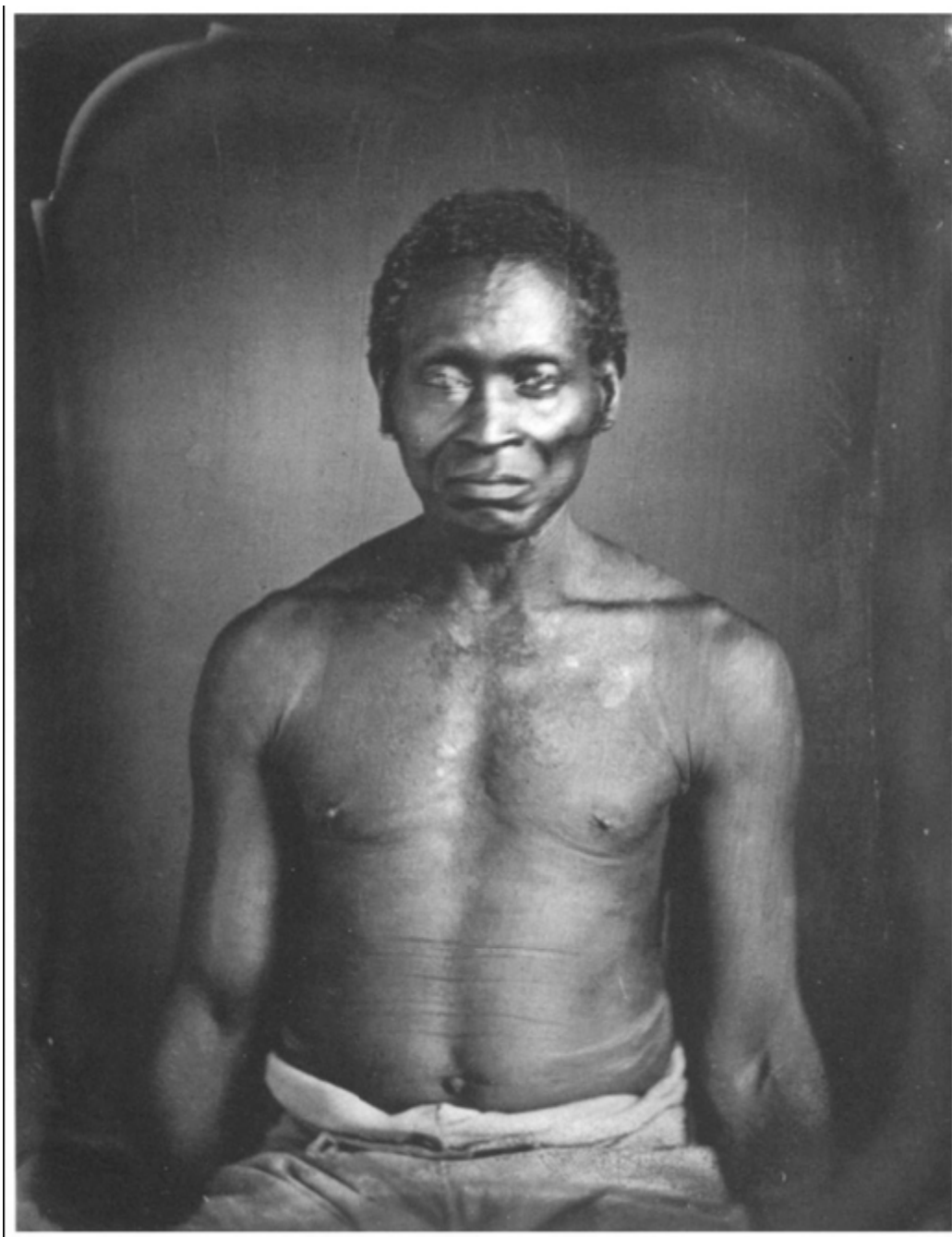


Фото 10. Раб по имени Фассена из племени Мандинго, с плантации полковника В. Хамптона, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

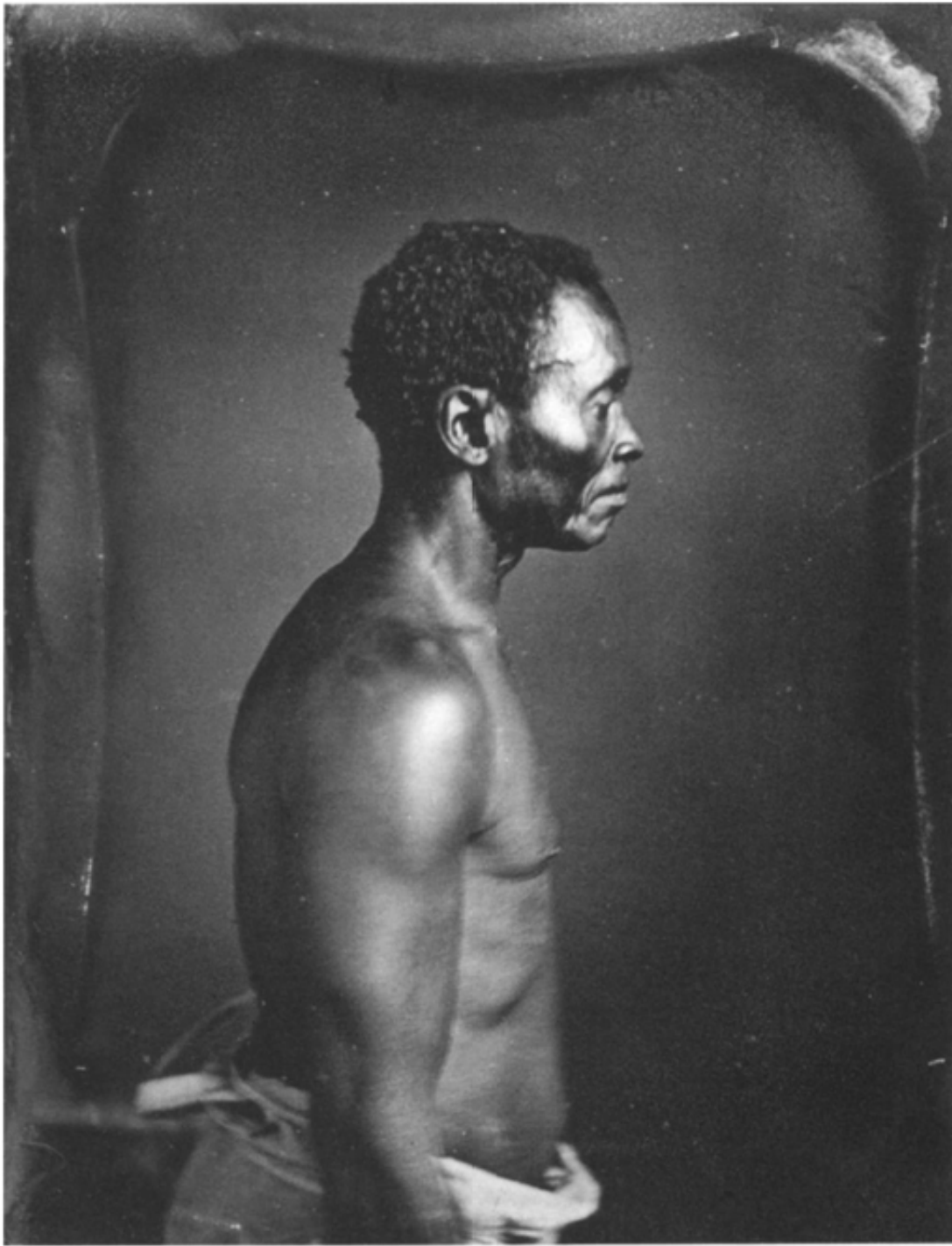


Фото 11. Раб по имени Фассена из племени Мандинго, с плантации полковника В. Хамптона, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

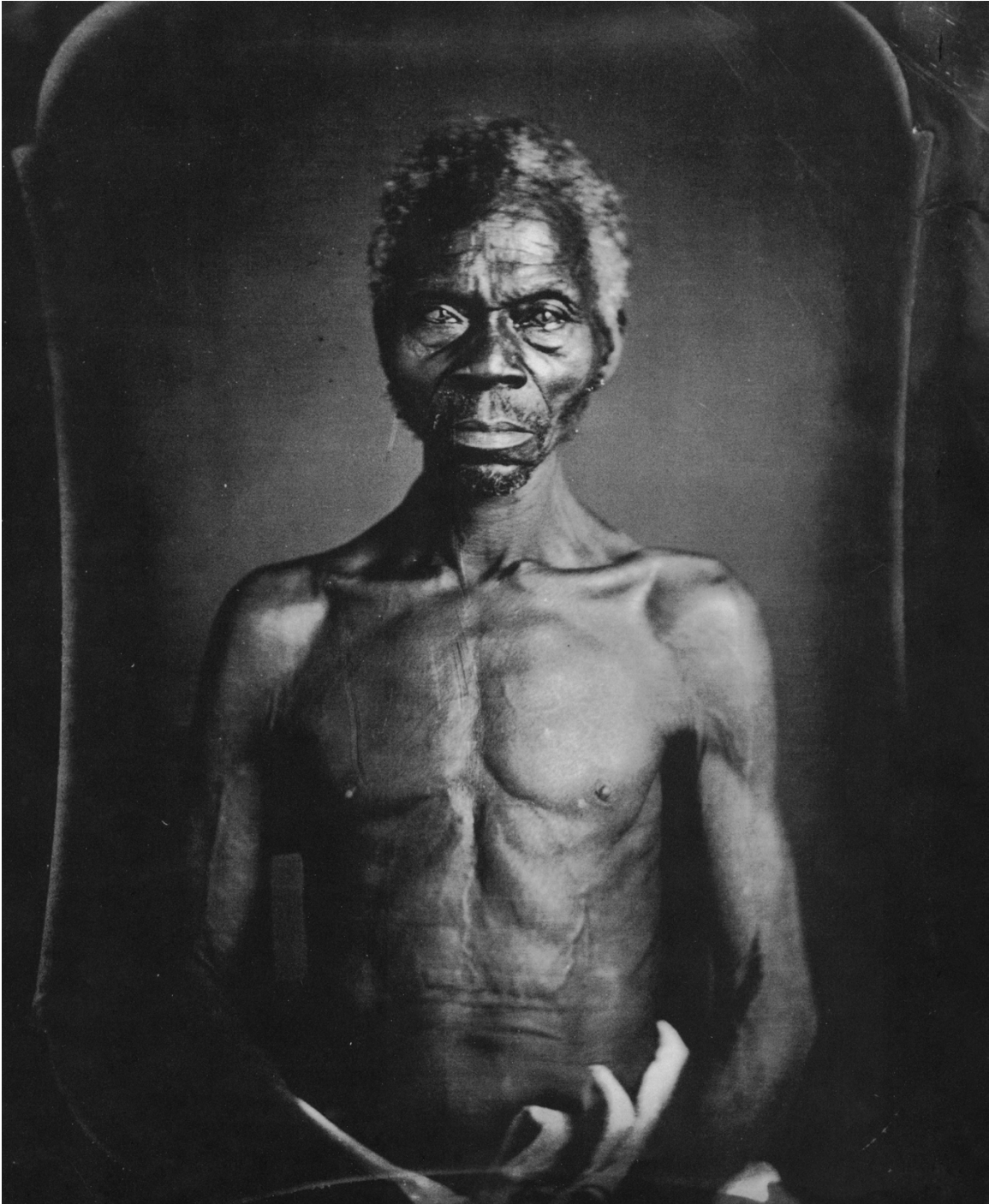


Фото 12. Раб по имени Ренти из Конго, с плантации Б.Ф. Тейлора, эсквайра, Южная Каролина. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

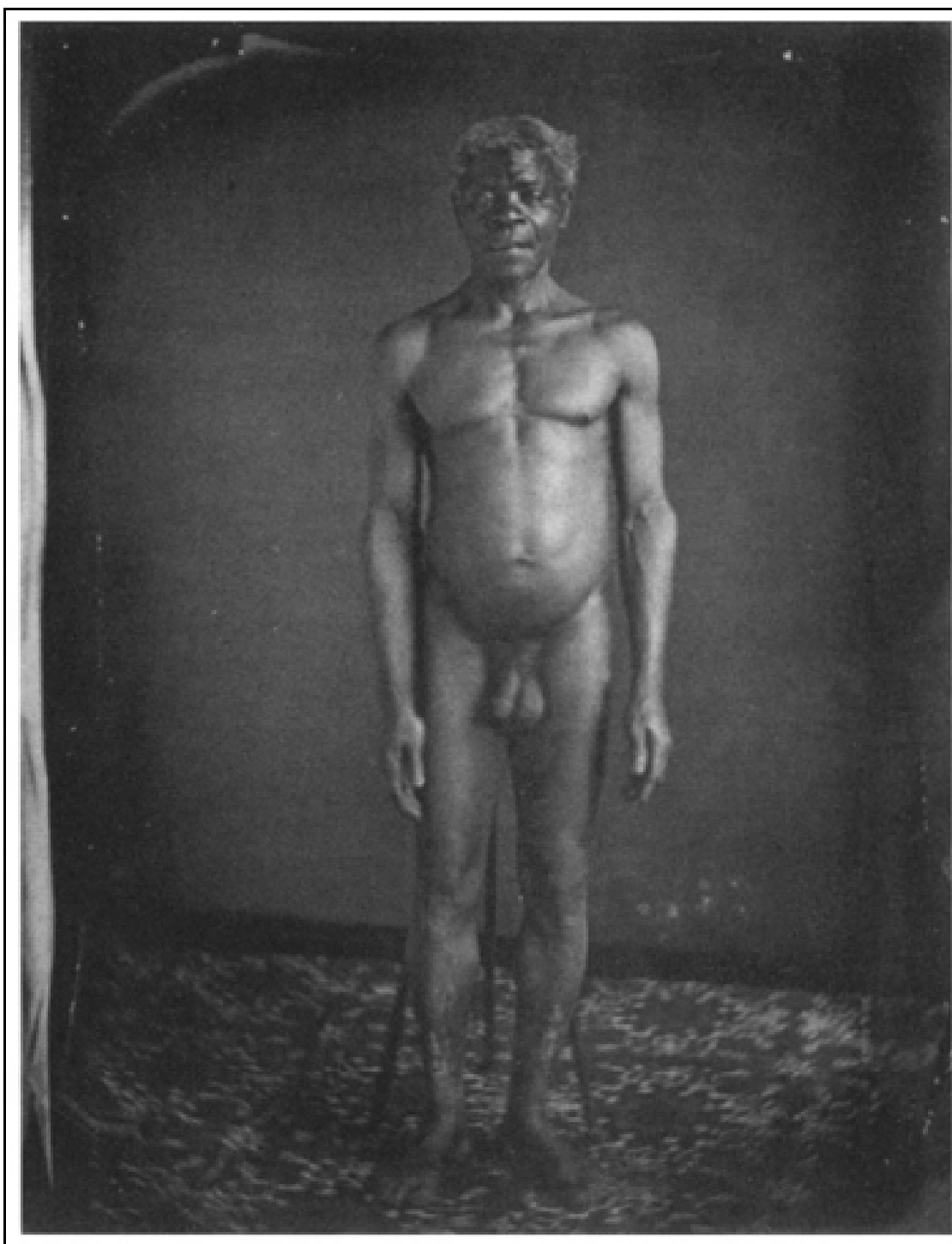


Фото 13. Раб по имени Джем из племени Gullah, принадлежащий Ф. Н. Грину. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

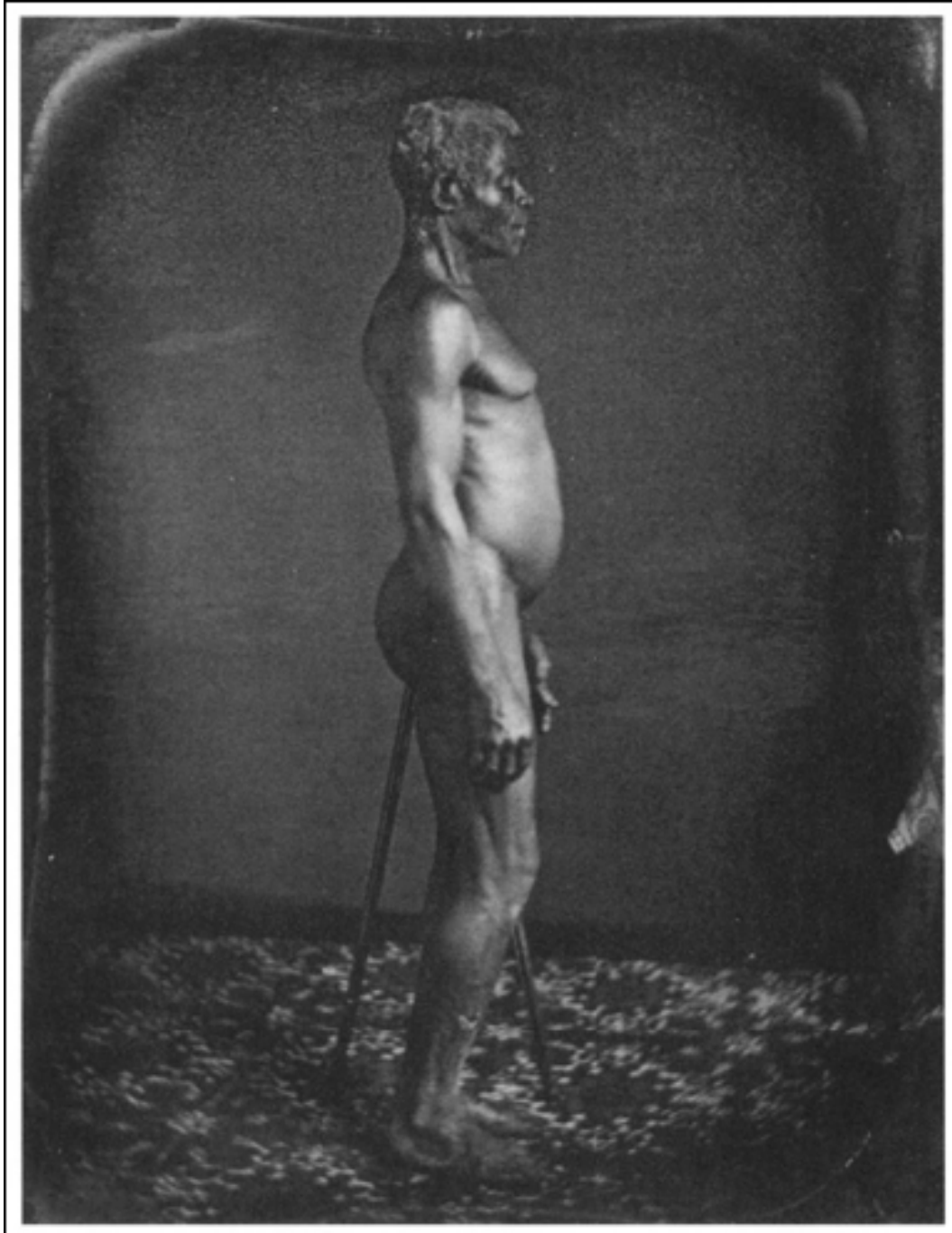


Фото 14. Раб по имени Джем из племени Gullah, принадлежащий Ф. Н. Грину. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет

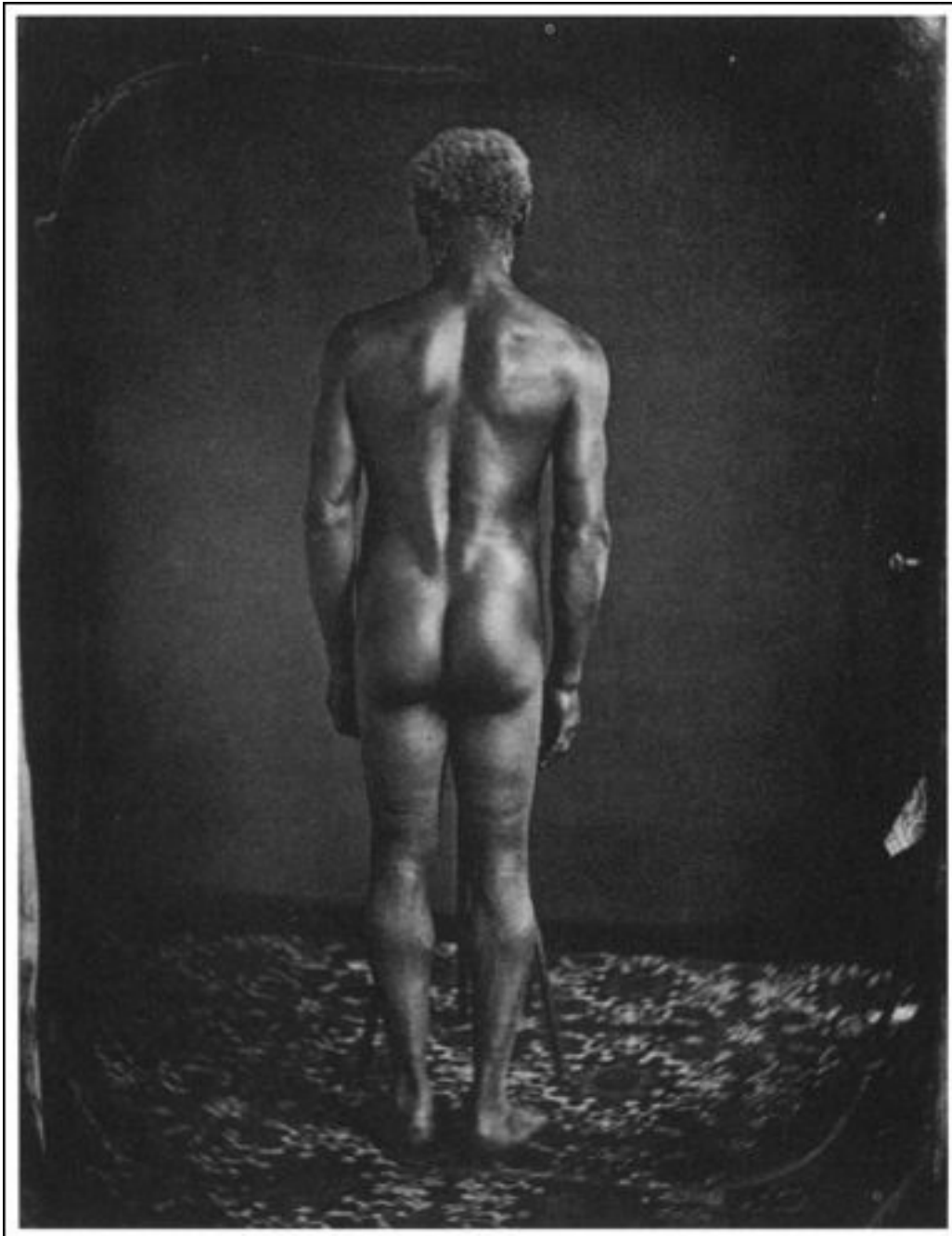
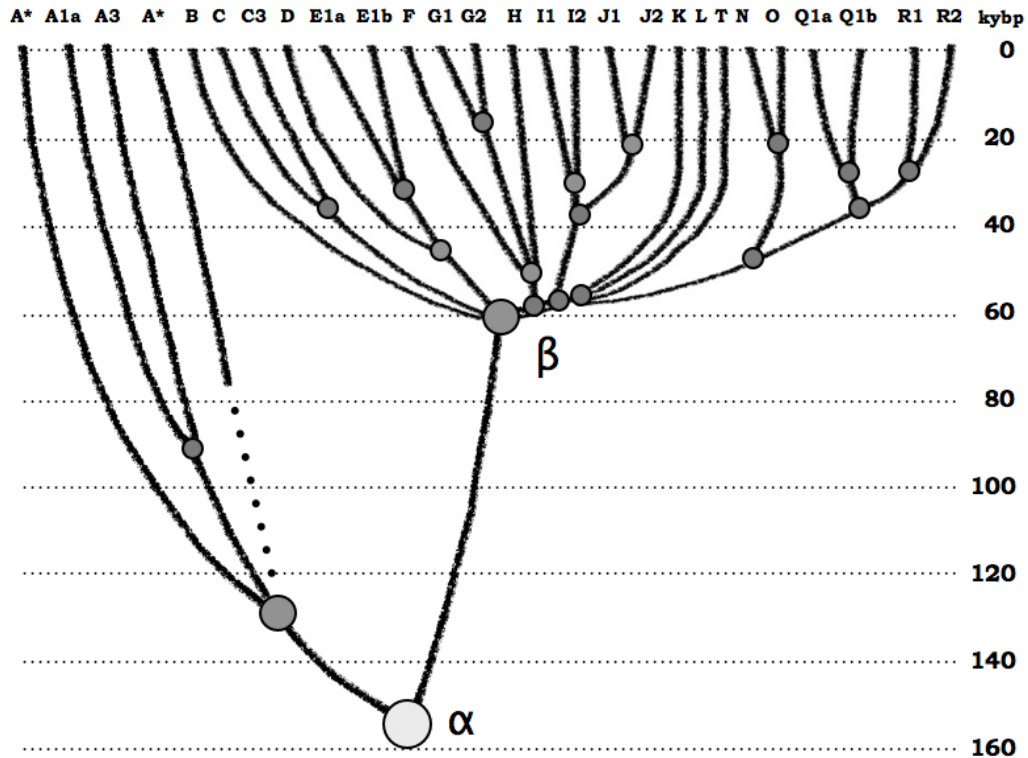


Фото 15. Раб по имени Джем из племени Gullah, принадлежащий Ф. Н. Грину. 1850 г. Музей археологии и этнологии, Гарвардский университет



Дерево гаплогрупп Y хромосомы человека, построенное на основании базовых (предковых) гаплотипов основных ветвей человечества. Для построения дерева было использовано 7 415 гаплотипов из 46 субкладов 17 гаплогрупп человечества. Вертикальная ось показывает время в тысячах лет. Альфа-гаплогруппа – это предковая гаплогруппа как африканцев, так и неафриканцев, бета-гаплогруппа – предковая гаплогруппа неафриканцев. Африканские генеалогические линии появились примерно 132 тысячи лет назад, неафриканские – примерно 64 тысячи лет назад, линии европеоидов – примерно 58 тысяч лет назад. «Появились» здесь относится к общему предку ныне живущих людей. Естественно, неафриканцы тоже ведут свою линию к альфа-гаплогруппе, но эти древние линии неафриканцев пока не обнаружены, и их связь с альфа-гаплогруппой – расчетная. Она выявляется из сопоставления гаплотипов африканцев и неафриканцев, которые очень удалены друг от друга.

Теперь о том, что некоторые ветви человечества действительно развивались в значительной степени отдельно. На диаграмме выше, взятой из международного журнала «Успехи антропологии» (Klyosov & Rozhanskii, *Advances in Anthropology*, vol. 2, No. 2, pp. 80-86), показано, что около 160 тысяч лет назад произошло расхождение двух принципиальных генеалогических линий современного человечества – африканские линии гаплогруппы А (точнее, совокупности гаплогрупп, которые суммарно

относят к группе «А»), и остальная ветвь человечества, которая впоследствии тоже разойдется по ветвям. Предки гаплогруппы В в значительной степени переберутся в Африку и станут более или менее чернокожими (видимо, как результат контактов с носителями гаплогруппы А) [см раздел ДИСКУССИИ ниже], многие носители гаплогруппы С приобретут монголоидные антропологические особенности, а также станут австралийскими аборигенами и полинезийцами. Вся правая часть верхнего букета составит исходно европеоидные гаплогруппы, большинство из которых и останутся антропологическими европеоидами и до настоящего времени. Многие носители разных рас перемешаются, и зачастую только анализ генома человека позволяет показать, кто в генетическом – и расовом – отношении были его (или ее) предки.

Как видно из диаграммы, африканцы и неафриканцы действительно развивались раздельно в течение десятков тысяч лет (во всяком случае их Y-хромосомы), что, собственно, и воочию показывают их антропологические различия, что и демонстрируют дагерротипы Л. Агассиза. Ничего нового в наше понимание антропологической разницы между белами и черными эти дагерротипы не внесли, если не считать деталей, понятных только профессионалам. Здесь надо отметить две важные особенности: (1) Ничего «расистского» в диаграмме нет и быть не может, это сугубо научная иллюстрация, показывающая объективную реальность того, что мы имеем в наших ДНК, (2) диаграмма выше относится только к мужской, Y-хромосоме, которая ведет свою четкую линию через десятки и сотни тысяч, и миллионы лет; естественно, в каждом следующем поколении антропологические особенности примерно усредняются между отцом и матерью; столь очевидные различия между большинством негроидов и европеоидов объясняются только тем, что их генеалогические линии действительно не перемешивались десятки тысяч лет, считая от альфа-гаплогруппы.

Обнаружение того, что африканские и неафриканские линии разошлись столь давно, примерно 160 тысяч лет назад, и что африканские линии не являются предковыми для остального современного человечества, явилось совершенно неожиданным положением для крыла современной науки, которое уже 20 лет утверждает, что «анатомически современный человек вышел из Африки». При этом авторы и сторонники это утверждения, которое на удивление быстро охватило «цивилизованный мир», совершенно не продумали, а собственно из кого этот «современный человек» вышел, из какой предковой гаплогруппы, а именно африканской, как они утверждали. ДНК показывают, что ни гаплогруппа А, ни гаплогруппа В, которые считаются «африканскими», не могли быть предковыми для «анатомически современного человека».

В последнее время вопрос с «африканским происхождением» запутался дополнительно, поскольку были обнаружены других, значительно более архаичные «африканские» линии, которые не имеют пересечений ни с «обычными» африканскими, ни с «неафриканскими» линиями. Их пока записали в гаплогруппу «A0», но и там они отличаются друг от друга. Если взять за точку отсчета ДНК шимпанзе, то «африканские» линии имеют одну картину мутаций, «неафриканские» - другую картину мутаций, причем эти две картины пересекаются в «альфа-гаплогруппе» (см. диаграмму выше), как и следовало ожидать, исходя из вида диаграммы. Но у африканцев линий «A0» картина вообще третья, не пересекающаяся, как отмечалось выше, ни с первой, ни с второй. Поскольку они самые древние, то, возможно, найдена причина «чернокожести» у носителей «африканских» гаплогрупп A и B, и их столь отличающейся антропологии. Хотя, конечно, 160 тысяч лет в значительной степени раздельного существования должны были существенно повлиять на антропологию.

В качестве наглядной иллюстрации приведем несколько гаплотипов, выбрав для них только те маркеры, которые мутируют очень медленно. Вот так выглядят 22-маркерные гаплотипы для (обобщенной) гаплогруппы A

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

и древних вариантов ныне восточно-европейской (в значительной степени) гаплогруппы R1a

12 12 13 - 11 11 - 11 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a)

и ныне центрально- и западно-европейской гаплогруппы R1b

12 12 13 - 11 11 - 11 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 11 12 (R1b)

Между предковыми гаплотипами R1a и R1b - всего 2 мутации, а между ними и гаплогруппой A - по 22 мутации. Вот такое расстояние, выраженное в мутациях, их разделяет.

У одного из «архаиков» линии A0 гаплотип следующий:

13 11 12 - 10 11 - 16 - 10 9 14 14 8 8 8 9 12 11 12 8 12 12 11 11 (A0*)

Он отличается от «африканской» гаплогруппы A на 27 мутаций, от R1a и R1b - на 25 мутаций от каждой. Иначе говоря, он удален вообще от всех. Естественно, мутационное расстояние в гаплотипах Y-хромосомы не является мерой того, насколько индивид удален или близок к

«анатомически современному человеку», Y-хромосома не определяет антропологию, она может только с ней коррелировать, если остальные антропологические факторы изменяются параллельно, или «симбатно». Антропология того (гаплогруппы A0), кто давал свой тест на анализ ДНК, мне неизвестна, но я не удивлюсь, если она вполне соответствует «анатомически современному человеку». Знаю только то, что он живет в США и неплохо зарабатывает, поскольку заплотил несколько сотен долларов за тестирование. Как было отмечено выше, антропологию в значительной степени определяют женщины, и в каждом поколении они вносят свой эквивалентный вклад. Поэтому постановка вопроса о «расовой неполноценности» негроидов в этом отношении совершенно неуместна. Наш носитель гаплогруппы A0 в его Y-хромосоме и по ней совершенно удаленный от всех вполне может оказаться доктором наук и профессором университета.

Иначе говоря, приписываемые Л. Агассиз утверждения, что негроиды и европеиды развивались отдельно, в известной степени (см. диаграмму выше) могут оказаться верными, если не рассматривать вклад женщин в это развитие. Этот вклад может идти в русле тех же негроидов, и не менять исторически сложившуюся антропологию (как, видимо, на дагерротипах Л. Агассиз), а может ее кардинальным образом сдвигать. В любом случае мы никак не можем привлекать сюда воззрений о «неполноценности» на основе антропологии, это было бы совершенно ненаучно и да, откровенным расизмом. Это же относится и к носителям архаичной гаплогруппы A0, как бы «раздельно» они бы не развивались. Вполне могло оказаться, что представители гаплогруппы A0 попали на дагерротипы, и опять же об их умственном и интеллектуальном развитии мы ничего не можем сказать из приведенных выше изображений.

Сделаем еще шаг вперед, и сопоставим гаплотипы A, R1a, R1b и A0 с гаплотипом шимпанзе. Я не буду в этой статье приводить сам гаплотип, поскольку статья об этом находится в печати (Klyosov, Rozhanskii, Ryabchenko, *Advances in Anthropology*), просто сообщу, что мутационные дистанции в 16-маркерном сверх-медленном гаплотипе равны:

Между шимпанзе и R1a и R1b – 69 и 68 мутаций, соответственно

Между шимпанзе и A – 70 мутаций

Между шимпанзе и A0 – 75 мутаций.

Поскольку между A и A0 мутации в основном различаются, то все три основные линии – европеоидные, «африканские» (в кавычках, потому что

мы не знаем, в каком регионе они возникли), и «архаичные африканские» отстоят примерно на одинаковое число мутаций от шимпанзе. Ясно, что речь идет об очень разных линиях современного человечества, но никакого расизма здесь быть просто не может. Есть просто констатация факта о том, что по ДНК-генеалогии Y-хромосомы мы различаемся.

Что такое – в понятиях временных дистанций – такое количество мутаций? 68 мутаций на 16 маркерах, то есть в среднем 4.25 мутаций на маркер, означает, что за время, необходимое для того, чтобы эти мутации произошли, они многократно «прыгали» вокруг этих средних величин. Статистико-математический анализ показывает (Адамов и Клёсов, 2009; Klyosov, 2009), что с учетом доли возвратных мутаций наблюдаемое число мутаций λ_{obs} (в данном случае 4.25) соотносится с фактическим числом мутаций λ следующим образом:

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

Поскольку $e^{4.25}$ равно 70.1, то число фактических мутаций в 35.55 раз превышает число наблюдаемых, и составляет 151 мутаций на маркер, то есть 2417 мутаций между шимпанзе и общим предком гаплогруппы R1a. Поскольку константа скорости мутаций в таком 16-маркерном гаплотипе равна 0.0041 мутаций на поколение, то общий предок шимпанзе и гаплогруппы R1a жил $2417/2/0.0041 \times 25$, то есть примерно 7 миллионов лет назад. Это согласуется с оценками генетиков, которые помещают общего предка шимпанзе и современного человека между 5 и 7 миллионов лет назад. 75 мутаций (4.6875 мутаций на маркер) с подобной поправкой уходят еще дальше во времени, примерно на 12 миллионов лет назад).

А вот как в формате тех же «сверх-медленных» 16-маркерных гаплотипов выглядят базовые гаплотипы гаплогрупп A, R1a, R1b и A0:

12 11 11 – 9 – 10 – 8 10 8 12 13 11 16 13 9 11 12 (A)

12 12 13 – 11 – 11 – 8 10 8 12 10 12 12 11 11 12 (R1a)

12 12 13 – 11 – 11 – 8 10 8 12 10 12 12 11 11 11 12 (R1b)

13 11 12 – 10 – 16 – 9 8 8 9 12 11 12 12 11 11 (A0*)

Теперь между предковыми гаплотипами R1a и R1b всего 1 мутация (в DYS617), а между ними и гаплогруппой A - 17 и 18 мутаций, соответственно. Так что (обобщенная) гаплогруппа A действительно далека от

европеоидных (в общем случае) гаплогрупп R1a и R1b. От гаплогруппы A0 они отстоят на 25 мутаций (гаплогруппа A), 20 и 21 мутацию (гаплогруппы R1a и R1b). Опять архаичная гаплогруппа A0 удалена от всех, и от гаплогруппы A даже дальше всех.

Вот такую причудливую генеалогию имеет род человеческий, во всяком случае в отношении мужской, Y-хромосомы. Похоже, что Луис Агассиз нащупал это различие в путях развития отдельных ветвей человечества, обойдя свое время на полтора-два года. Хотя, конечно, отказывать чернокожим в принадлежности к виду *Homo sapiens* ему вряд ли стоило.

Так все-таки, когда образовались расы? С негроидной африканской это можно предположить с наименьшими допущениями. Давайте попробуем, понимая, что это всего лишь гипотеза. Итак, от шимпанзе мы видим развитие трех основных линий –

- африканской (во всяком случае по месту сегодняшнего пребывания), которая образовалась примерно 120 тысяч лет назад; это, видимо, гаплогруппы-субклады A1a и нижестоящие по лестнице субкладов, и нижестоящие от субклада A1b,
- неафриканской (гаплогруппы от B до T), образовавшейся 64 тыс лет назад (включая монголоидов и европеоидов, которые разделились примерно 58 тысяч лет назад),
- архаичной (линии, объединяемые индексом A0), которая образовалась как минимум 180 тысяч лет назад, и, возможно, намного раньше.

Итак, как вариант предполагаем, что древнейшими африканцами были негроиды сводной гаплогруппы A0, которые являются потомками либо общего предка людей и шимпанзе (примерно 6-7 миллионов лет назад), либо другого общего предка, заметно более раннего (более 10 миллионов лет назад). Они либо исходно жили в Африке, либо туда переселились более 500 тыс лет назад. Они не расходились с неандертальской линией, поскольку неандертальцы не были негроидами и не жили в Африке. Это – совершенно другая линия современного человечества, но другая – по Y хромосоме. Это – основа негроидной африканской расы.

Когда примерно 120 тыс лет назад носители (сводной) гаплогруппы A отошли от альфа-гаплогруппы и мигрировали в Африку, то смешивание с носителями гаплогрупп(ы) A0 и дало современную африканскую расу чернокожих. Подобный прецедент был около 5 тысяч лет назад с носителями гаплогруппы R1b-V88, которые сошли с миграционного маршрута по Северной Африке на запад вдоль Средиземного моря, и

углубились в Африку, дойдя до современных Камеруна и Чада. Результат известен – они стали образцовыми негроидами:



(Фото из материалов дискуссии А.А. Клёсов и В.А. Рыжкова, опубликованной в майском Вестнике 2010, том 3, № 5, стр. 859; на фото – представители народности Подокве (Камерун), мужское население на 95% имеет гаплогруппу R1b)

Носители гаплогруппы В мигрировали в Африку примерно 46 тысяч лет назад (Клёсов, 2011), и судьба их была той же – они приобрели негроидную антропологию. Это может произойти по историческим меркам почти моментально – напомним, А.С. Пушкин даже в 4-м поколении от Абрама Петровича Ганнибала, прадеда по матери, сохранил определенные негроидные черты.



Итак, с возникновением и развитием негроидной расы гипотеза вполне имеет право на существование. Но как быть с бета-гаплогруппой на диаграмме выше? Она образовалась всего 60 с небольшим тысяч лет назад, и почти немедленно – по историческим меркам – разделилась на несколько будущих рас. Когда же эти расы успели образоваться? Хотя единой классификации рас нет, выделяют от четырех и более расовых типов, и помимо негроидов и европеоидов обозначают монголоидов и австралоидов, после чего в порядке признания как расы идут американоиды (американские индейцы), пигмеи и бушмены (койсанская раса). В понятиях ДНК-генеалогии американоиды – носители в основном гаплогруппы Q – вряд ли могли выделиться за 15-20 тыс лет в отдельную расу, они из сводной гаплогруппы NOR, видимо, исходно европеоидной. Для монголоидной расы временной «разбег» тоже довольно мал, особенно учитывая, что черепа с датировкой 18 тыс лет назад, найденные в Китае, имеют такую же монголоидность, что и сейчас. К тому же многие антропологи утверждают, что «лопато-подобные» передние зубы-резцы имеют очень древнее происхождение, по мнению некоторых антропологов – не менее сотен тысяч, а то и миллиона лет назад. Это совершенно не согласуется с «бутылочным горлышком» Y-хромосомы всего 64 тысячи лет назад.

Поэтому для объяснения истории и динамики рас необходимо не замыкаться на Y-хромосому, а вводить в гипотезу женщин с их мтДНК. Это дает резкое увеличение степени свободы в рамках гипотезы. Например, если женщины не проходили соответствующее бутылочное горлышко, как

показано на диаграмме выше, и их общие предки жили сотни тысяч лет назад и относились к различным расам – монголоидным, австралоидным, американоидным, то тогда довольно скоро после 60 тысяч лет назад, по мере миграции носителей гаплогрупп в разные регионы, происходил процесс передачи женских расовых признаков новым поколениям.

Естественно это не означало, что женщины в прошлом, ранее 64 тыс лет назад, или 800 тысяч лет назад, жили без мужчин. Это просто означает, что «бутылочное горлышко» популяции было растянутым на сотни тысяч лет, мужские ДНК-линии постепенно терминировались, и женщины имели потомство уже с новыми поколениями мужчин. Так формировались расы. В итоге общие предки мужских линий оказались относительно недавними, а общие предки женщин – древними. Они, женщины, и пронесли монголоидные лопато-подобные зубы через сотни тысяч лет, как, возможно, и европеоидные признаки, и австралоидные.

Это, конечно, пока только гипотеза. Ее нужно насыщать «экспериментальным материалом».



Источник – Википедия, статья про культуру колоколовидных кубков:
<http://ru.wikipedia.org/wiki/>

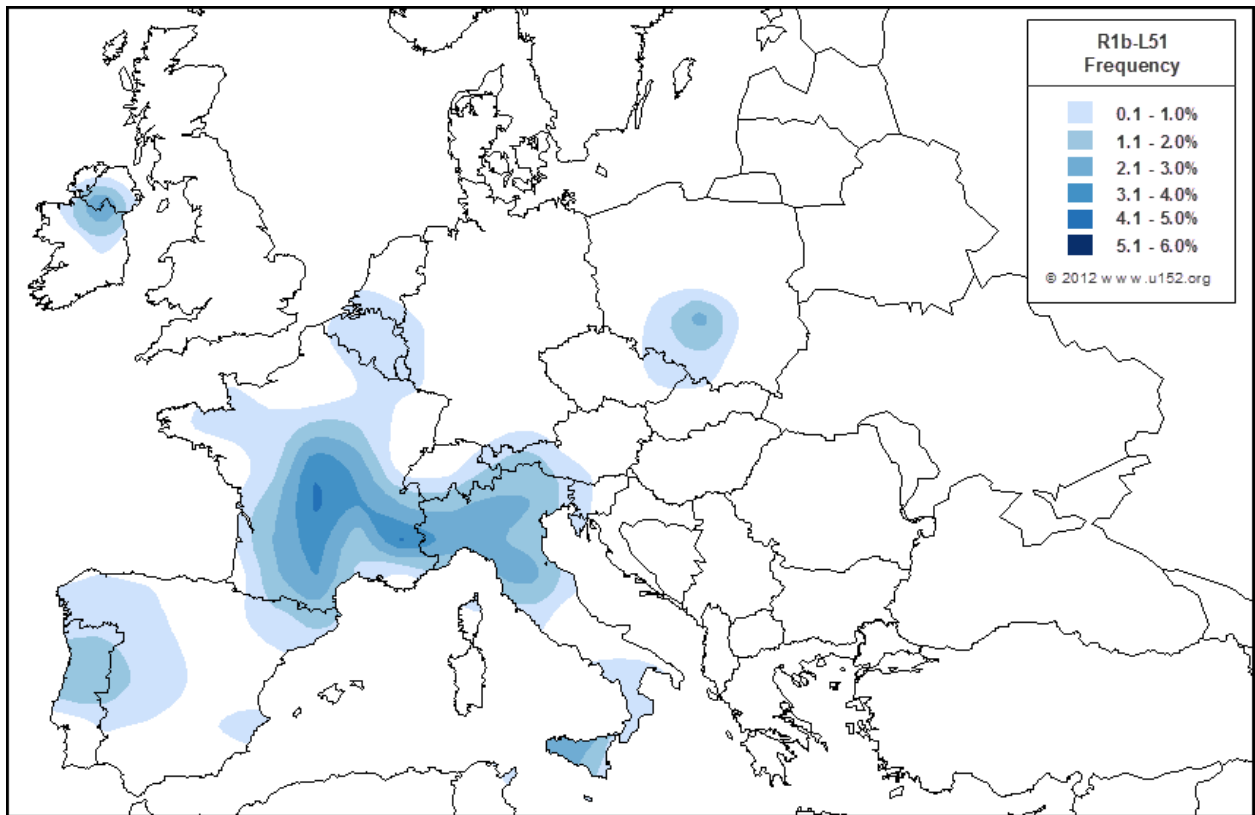
Это – общая картина миграции эрбинов в Европу и распространения по Европе в третьем тыс до н.э. Она в целом совпадает с датировками археологов. Например, начало культуры КК датируется 4800 лет назад, в Португалии-Испании, и далее датировки те же, что в по данным ДНК-генеалогии.

Как же трактуют картину популяционные генетики? Поскольку они датировки определять не умеют, и, как правило, занижают их раза в два-три (то есть на 200-300%), то у них R1b приходят в Европу около 10 тысяч лет назад. Соответственно этому для них подбираются археологические культуры. Далее, популяционные генетики строят «частоты распределения» гаплогрупп и субкладов, естественно, в наше время, и переносят те же частоты в прошлое. Поэтому картина получается совсем безумная.

Пример тому – обсуждение истории и распространения субклада R1b-L51, которое недавно состоялось на сайте World Families Forums, по теме “R1b-L51 from the West”.

Сначала была показана карта СОВРЕМЕННОГО распределения гаплотипов L51 по данным тестирования именно в Европе (см. карту ниже). Естественно, L51 оказались в Европе, а где же еще? На этом основании был сделан вывод, что L51 – именно европейского происхождения, как и его вышестоящий субклад L11. То, что L51 вдруг появился в Европе, без входных миграционных путей, никого на форуме не смутило. Узнаете

популяционную генетику? Все обсуждение строилось на «частотах» - повторяю, частотах в настоящее время, что и отражает карта ниже.



Источник - Richard Rocca,
<http://www.worldfamilies.net/forum/index.php?topic=10579.0>
http://www.u152.org/images/stories/L51_Map_with_Neolithic_Path_003.png
построено по данным Busby et al. (2011)

То, что L51 не выявлено на Балканах, хотя предкового L23 там предстаточно, дискутантов тоже не смутило. То, что входными путями для L51 могли бы быть - хоть как варианты для начального рассмотрения - юг Италии и Пиренеи, дискутантами и не упомянуто. Нет, родина - это центральная Франция, объявили они, потому что там частоты этого субклада наивысшие. И - пошли фантазии про L51 как археологическую культуру каменного века Chasseen-Lagozza, которая имела место во Франции в 6300-5800 гг., то есть когда никаких R1b там не было, они придут только через полторы тысяч лет. Откуда такое «соображение» появилось? Да потому что так предположили в статье Myres et al. (2010), которые использовали печально известный «метод Животовского» и, соответственно, значительно «углубили» датировки.

Вот так «популяционная генетика» делает свой вклад в изучение истории. Точнее, популяционные генетики.

Литература

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

Предисловие редактора к статье А.В. Кириллова

Как написал в сопроводительном письме автор последующей статьи, А.В. Кириллов – *«моя основная специальность – инженер-физик. Работаю в конструкторском отделе. ДНК-генеалогией интересуюсь несколько лет, более осмысленно – в последний год»*.

С одной стороны, можно только приветствовать, когда физики и другие представители естественных наук пытаются осмысливать положения лингвистики, подвергают их анализу «вдоль и поперек», и в результате выдвигают новые и интересные гипотезы, делают смелые обобщения, объясняют то, что лингвисты не смогли объяснить (во всяком случае, так им или нам представляется). С другой стороны, надо понимать, что у лингвистов, как правило, другой взгляд на эти вторжения в их науку. Взгляд часто категорически негативный, или в лучшем случае недоверчивый. В результате – отторжение.

К этому – несколько причин. Одна – совершенно разный тип мышления «физиков и лириков», в данном случае лингвистов. Знаю, что им это не понравится, но на мой взгляд (и по моему личному опыту общения) лингвисты часто (или обычно) рассуждают «не по закону, а по понятиям». Если «естественники» обычно пытаются докопаться до сути, им нужно увидеть исходные данные, на основании которых был сделан тот или иной вывод, то лингвисты (и часто историки) в дискуссиях оперируют другими «ценностями» – им важно, КТО именно выдвинул то или иное положение. При чтении их дискуссий это очень заметно, в качестве аргументов обычно приводится, что «тот-то сказал то», а им парируют, что «а вот тот сказал вот это». Это считается полноценным аргументом. Первичные данные, на основе чего было это сказано, в дискуссиях не запрашиваются и, как правило, не упоминаются. У естественников в дискуссиях обычно приводятся экспериментальные наблюдения, а кто именно их сделал – не так и важно.

Другая причина – для лингвистов или историков очень важно, чтобы положения «физиков» о лингвистике-истории были предварительно опубликованы, непременно в рецензируемых изданиях (которые они же, ясное дело, и рецензируют). Они считают это необходимым условием, иначе никакой дискуссии просто не может быть. В целом это правильно, но любую правильную вещь можно довести до абсурда. Получается, что никакие свежие мысли «со стороны» рассматриваться не могут. Вопросы рассматриваются и обсуждаются только в своем узком кругу. Более надежного пути к застою трудно придумать. Но им так хорошо, спокойно, так сказать, «тепло и сыро». Вспоминаю, что на мою пробную статью в

журнал «Вопросы языкознания» последовал немедленный отказ на двух главных основаниях – таких (длинных) миграций не бывает, и с тюркскими языками все давно ясно и известно. То, что я на самом деле писал про возможные прототюркские языки (которые совершенно не изучены), и приводил противоречия между «иранистами» и «тюркологами», рецензента совершенно не интересовало. Помещаемая в этом выпуске Вестника статья (Нормана Кисанова) про тюркские языки и этносы показывает, что не так все просто и известно про эти языки и их языковые предшественники. Не так все просто и во взаимоотношениях «иранистов» и «тюркологов», о чем я и писал в той статье в «Вопросы языкознания».

Впрочем, я в значительной степени оправдываю эту «замкнутость» лингвистов и археологов, потому что их пытаются учить все кому не лень. Это – их «оборонный рефлекс». Но и практически автоматически все отбрасывать – тоже не дело. Иначе говоря, мы выходим на понятное противоречие – либо им «просеивать» гипотезы «чужаков» в надежде увидеть что-то в самом деле новое, свежее, полезное, но на это нужно не только тратить время, но и иметь «открытый мозг», или встать в автоматическую позицию «нэ трэба». Мой опыт общения показывает, что большинство лингвистов или археологов (по крайней мере с кем я пытался общаться) ничего «просеивать» не хотят. Есть, правда, исключения. В предыдущем выпуске Вестника помещен разбор книги Ю.К. Кузьменко, в которой он активно использовал данные ДНК-генеалогии, правда, часто совсем устаревшие и откровенно неверные, но сама попытка заслуживает любого поощрения. В этом выпуске Вестника – продолжение этой дискуссии. Еще пример – ко мне обращались археологи, ведущие раскопки маханджарской культуры, они читают наши статьи по ДНК-генеалогии и пытаются осмысливать получаемые ими данные под этим углом.

Возвращаясь к тому, как профессиональные лингвисты оценивают «самодеятельность» тех, кто профессионально к их клану не принадлежит, приведу недавний пример. Не так давно вышла книга по археологии, с упором на «индоевропейцев», автор которой – физик по образованию. Историком и археологом он никогда не работал. Название книги и фамилию автора приводить не буду, щадя его самолюбие, но скажу, что книга не маленькая, объемом около 500 страниц. Я показал ее Л.С. Клейну, с которым, несмотря на нашу местами резкую дискуссию (Вестник 2011, февраль), сохранились нормальные отношения. Вот что он мне написал, в апреле этого года. Ответ привожу дословно, сняв только фамилию автора книги:

Уважаемый Анатолий Алексеевич,

Книгу, присланную Вами, я не оцениваю никак. Не знаю, в курсе ли Вы, что такой околонуточный литературы о славянах и индоевропейцах сейчас в России бездна. Учитывать ее никакого смысла (и времени) нет. Автора по фамилии (...) я среди специалистов не знаю. Текст, присланный Вами, бегло просмотрел. Источниками автор не оперирует, он оперирует гипотезами, сконструированными на основе других гипотез. При этом явно не знает необходимых фактов. Датировки у него частью устарелые. Культуру колоколовидных кубков выводит из культуры шнуровой керамики. Индоевропейцев выводит из степей по Гимбутас, а есть еще минимум четыре других гипотезы, не менее основательные. Для популярной книги слишком произвольно, для специальной – слишком поверхностно. А какие он на этом основании и в этом стиле строит концепции – да не всё ли равно?

Всех благ!

Л. Клейн

У меня нет оснований не доверять мнению Льва Самуиловича, профессиональному археологу и (в определенной степени) лингвисту, известному историку, автору книг. Да, собственно, его мнение вполне обосновано. Я здесь только хочу обратить особое внимание на слова «автора... среди специалистов не знаю». Это – слова важные. Чтобы быть специалистом, надо публиковаться в профессиональных изданиях, пройти рецензентов, в том числе негативно настроенных, участвовать в дискуссиях с другими специалистами, настоять на своих концепциях, войти с ними с соответствующие информационные потоки, набрать на них цитирование в профессиональных же изданиях, и так далее. Не сделав всего этого, автор так и будет числиться в «таких среди специалистов не знаю». В связи с этим вспоминается фраза из фильма «Москва слезам не верит», которую произносит жена генерала молоденькой девушке – «чтобы женой генерала быть, надо за лейтенанта выйти, да поездить с ним по гарнизонам».

В общем, читаем размышления физика о лингвистике и ДНК-генеалогии. Материал не редактировался, лишь в немногих местах я поместил сноски-поправки с фактическим материалом. Но для расставления необходимых акцентов приведу комментарий с первому важному положению, приведенному автором:

>Любая языковая общность имеет возраст и родину. Лингвисты определяют возраст языка как дату его распада на самостоятельно развивающиеся ветви. Соответственно, родиной языка называют место, где произошел распад: где носители языка заметным для нас образом разошлись.

Это, на мой взгляд, принципиально неверное положение. Я неоднократно высказывал его критику в дискуссии с С. Кончей, с чего начата помещаемая ниже статья. Вот – один из моих комментариев на этот счет, когда С. Конча заговорил о том, что до расхождения на ветки ИЕ язык был неким «недифференцированным языком»:

АК: > ...представления о недифференцированном индоевропейском языке являются довольно примитивными. Такого в прямом смысле никогда не было. Расхождение языков – это не расхождение из одной точки, по выстрелу стартового пистолета. Это – непрерывный, накладывающийся процесс. В итоге – да, расхождение по ветвям.

Добавлю – при любом варианте расхождения языков (тысячелетия назад) наблюдаемые сегодня фрагменты, обрывки и ошметки, оставшиеся от разных времен и регионов, принимаются лингвистами (по умолчанию) за «ветви», якобы разошедшиеся от одного места и в одно время. Отсюда цитируемое выше заблуждение автора про (определенные) «возраст и родину». Это как в лесу наблюдать только кончики (и прочие фрагменты) ветвей, и принимать по умолчанию, что они все разошлись из одного места на стволе, и пытаться это место рассчитать. Но оно всегда получится фантомным. Поскольку лингвисты все равно не имеют других вариантов, кроме как иметь дело с фантомами, то можно только утешаться тем, что эти фантомы получаются разного возраста, и это можно обсуждать. Но при этом надо понимать, что это фантомы, что возраст их условен, и что никакой «родины» там нет. Есть ошметки и есть условная экстраполяция на очередной фантом.

На самом деле ничего страшного здесь нет, поскольку есть дополнительные реперы для привязки «на местности и во времени» – это археология, и – теперь – ДНК-генеалогия. Эта методология и есть путь к «общей теории поля» – поля лингвистики, поля археологии и поля ДНК-генеалогии.

Союз лингвистики и ДНК-генеалогии

Андрей В. Кириллов

Диалог А.А. Клёсова и С.В. Кончи (Клёсов, Конча, 2012) навел на следующие размышления.

Любая языковая общность имеет возраст и родину. Лингвисты определяют возраст языка как дату его распада на самостоятельно развивающиеся ветви. Соответственно, родиной языка называют место, где произошел распад: где носители языка заметным для нас образом разошлись.

Европейский субклад гаплогруппы R1a (ее носителей далее называем “ариями”) в миграции из Центральной Азии на Балканы нигде не наследил. – В том смысле, что за ним нет шлейфа “оставшихся в лавке”: ни на Русской равнине, ни на Среднем и Ближнем Востоке¹. Там везде имеем следы лишь возвратных миграций ариев с Балкан в Центральную и Южную Азию, и затем вторичных миграций в сторону Балкан. А это МОЖЕТ означать, что в первом походе на Балканы рискнувший на такой поход род ариев не распадался на жизнеспособные части. Он развивался, изменял язык, однако сохранял, по-видимому, родовую целостность. Был языковой общностью. Вопрос – где и когда она распалась.

10,1–9,6–9,4 тысяч лет назад (далее – т.л.н.) в Анатолии имеем следы протоиндоевропейского (индоевропейского на стадии развития) языка (Klyosov, Rozhanskii, 2012, со ссылками на лингвистов).

8,0–7,8 т.л.н. – запустение анатолийских и, в целом, ближневосточных городов и телей археологической культуры докерамического неолита Б (Wikipedia, со ссылками на археологов).

7,5 т.л.н. – образование балканской археологической культуры Винча, яркой приемницы докерамического неолита Б (там же).

6,5 т.л.н. – распад культуры Винча (там же).

¹Это не совсем так. Архаичные гаплотипы R1a остались в Индии, Непале, Пакистане, Иране, на Коморских островах, в Египте, Омане (Klyosov & Rozhanskii, *Advances in Anthropology*, 2, No. 2, 1-13, 2012) [прим. редактора].

Индоевропейская, по языку, общность ариев распалась, вероятно, где-то между 8,0 и 6,5 т.л.н. – Или в Анатолии, или по ходу из Анатолии на Балканы через Кавказ и причерноморские степи (прямой путь был уже отрезан проливом Босфор), или на Балканах. Может ли решению этого вопроса помочь ДНК-история? – Безусловно. Поскольку она средствами точных наук изучает пути и времена миграций древних родов. Смотрим имеющиеся данные этой науки, сопоставляя их с данными лингвистов:

7 т.л.н. – распад индоевропейской языковой общности (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009).

7,8 т.л.н. – возраст общего предка ариев Пакистана и тех ариев, которые, став индоевропейскими, по языку, вернулись от Средиземноморья через Русскую равнину на север Индии (Klyosov, Rozhanskii, 2012).

7,7 т.л.н. – возраст общего предка ариев “центрально-европейской” ветви и ариев Русской равнины (Там же).

7,4 т.л.н. – возраст общего предка ариев “северо-западной” европейской ветви и ариев Русской равнины (Там же).

6,8 т.л.н. – возраст общего предка ариев “старой” европейской ветви и ариев Русской равнины (Там же).

8,1-7,3 т.л.н. – возраст общего предка ариев Алтая, говорящих на языках алтайской языковой семьи, и ариев Русской равнины (Там же). (Здесь и далее пока не смотрим на изменившийся, возможно много позже, язык ветвей ОДНОГО И ТОГО ЖЕ арийского рода, значительная часть которого сегодня проживает на Русской равнине и составляет на ней около 50% населения, а в южных районах – до 65%. Нас интересует, когда он делился на расходящиеся от него ветви “эмигрантов”).

7,3 т.л.н. – возраст общего предка ариев Тувы, сегодня принадлежащих к алтайской языковой семье, и ариев Русской равнины (Там же).

7,9 т.л.н. – возраст общего предка тюркоязычных ариев северо-западного Китая (если не учитывать сомнительную замену DYS392=11 на DYS392=12) и ариев Русской равнины (Там же).

7,2 т.л.н. – возраст общего предка ариев Непала и Русской равнины (Там же).

6,65 т.л.н. – возраст общего предка восточногогималайских ариев и русскоравнинных (Там же).

Перечислил все данные, за исключением одиночного гаплотипа, дающего (из-за того, что он один) очень высокую погрешность.

Чтобы лучше осознать географию миграций, более наглядно представим эти ДНК-ветви загадочного “анатолийско-балканского” общего предка, от клана которого почти в одно и то же время произошли арии Русской равнины и всех других регионов, из вышеперечисленных:

- 7,4 т.л.н. – время жизни общего предка ариев Русской равнины и “северо-западной” ветви Европы.
- 6,8 т.л.н. – ...Русской равнины и “старой” ветви Европы.
- 7,7 т.л.н. – ...Русской равнины и “центрально-европейской” ветви.
- 8,1-7,3 т.л.н. – ...Русской равнины и Алтая.
- 7,3 т.л.н. – ...Русской равнины и Саян (Туву).
- 7,9 т.л.н. – ...Русской равнины и северо-западной части Китая.
- 6,65 т.л.н. – ...Русской равнины и Восточных Гималаев.
- 7,2 т.л.н. – ...Русской равнины и Непала.
- 7,8 т.л.н. – ...Русской равнины (вернее, пришедших с Русской равнины в северную Индию) и Пакистана.

Осреднение по указанным временам дает 7,4 т.л.н. Это – ориентировочная дата рождения арийских (условно балканских) кланов, которые понесли не только свои субклады, но и язык индоевропейской общности на огромные расстояния в разные стороны. И дата, как видим, неплохо согласуется со временем распада индоевропейской языковой общности: 7 т.л.н., по версии последователей С.А. Старостина. Обе даты указывают на Балканы: культура Винча.

Но что если отправка была все-таки растянутой во времени? Где могли быть ее истоки, самое начало? – Вопрос беспокоит лингвистов, бьющихся над проблемой локализации носителей языка индоевропейской общности накануне ее распада. И тут все зависит от информативности ДНК-тестов и погрешности вычислений:

1) Если вышеуказанный интервал дат окажется верным, т.е. дальнейшие ДНК-тесты и расчеты, в целом, подтвердят его, то родиной распада индоевропейской языковой и родовой общности следует считать

современную Турцию (Анатолию), поскольку древнейшие даты 8,1-7,8 т.л.н. – это еще анатолийские времена ариев.

2) Если дополнительные ДНК-исследования и уточнения (а они последуют, вне всякого сомнения) “стянут” вышеозначенный разброс данных к интервалу 7,7-7,0 т.л.н., например, то это будет означать, что, с точки зрения ДНК-генеалогии, Анатолия отпадает как претендент на родину индоевропейской языковой общности, поскольку там ариев уже не было 7,7 т.л.н. (см. даты в начале статьи)².

3) А если уточнения “стянут” разброс времен распада индоевропейского, по языку, рода куда-нибудь после 7,5 т.л.н., то отпадут и причерноморские степи, потому что (напоминаю) 7,5 т.л.н. – это уже постанатолийская культура Винча на Балканах, а не на пути туда.

Так ДНК-генеалогия поможет разрешить двухсотлетний спор лингвистов о месте и времени распада индоевропейской языковой общности.

Впрочем, имеется и такое соображение. Общность индоевропейских, по языку, ариев была, вероятно, святой для них, поскольку имеем ДНК-шлейфы ариев 17/20 – 12 т.л.н. и (очень много “наследивших”) после 8/6,5 т.л.н., но нет таковых между 12 и 8/6,5 т.л.н. Поэтому возможен вариант, что наш “интервал распада” 8,1-6,65 т.л.н. (или меньший, после уточнения) – это период роста все еще не распадавшегося клана “анатолийско-балканских” геологоразведчиков и металлургов внутри сохранявшей себя общности носителей индоевропейского языка. И лишь где-то в конце этого интервала, с учетом погрешностей, была дана отмашка геологоразведчикам клана идти на дальние поиски металлических руд и богатых месторождений.

Впервые за долгие 5 т.л. решительно разбивалась, видимо, сакральная общность ариев, говоривших на едином индоевропейском языке. И потому вероятнее не растянутый во времени обыденный отрыв людей, а сравнимая с катастрофой единовременная акция раскола общности (прежде всего, металлургов) на сравнительно небольшие семейные кланы, способные,

² Здесь, видимо, недоразумение. 7.7 тыс лет назад – это датировка жизни общего предка популяции R1a для рассматриваемой популяции. Это вовсе не означает, что часть потомков не последовали за миграцией и не остались там жить. Например, на Русской равнине возраст общего предка популяции R1a – 4600 лет назад, но потомки живут и сейчас [прим. редактора].

однако же, исключить урон кровосмешения.

Какие-то из этих кланов оказались в более дальних родственных отношениях с тем кланом, потомки которого окажутся впоследствии на Русской равнине, и они показали более древних общих предков с “русскоравнинниками”. А “восточногогималайцы” с “русскоравнинниками” были в самых близких родственных отношениях, и потому имели сравнительно недавнего общего предка.

По такой логике, начало распада индоевропейской, по языку, общности было обозначено, видимо, около 6,5 т.л.н. геологоразведчиками и металлургами так называемой Балканской металлургической провинции. И эта дата, кстати, соответствует времени распада археологической культуры Винча на Балканах: опорной и древнейшей культуры европейского неолита.

А есть ли другие взаимоувязки компаративной исторической лингвистики и ДНК-истории (она же – ДНК-генеалогия, с уклоном в исторические выводы)? Присмотримся внимательней к тому, как последователи С.А. Старостина определяют языковые семьи и даты их распада:

Таблица 1. Языковые семьи, согласно (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009)

Языковая ГИПЕРСЕМЬЯ		Языковая МАКРОСЕМЬЯ		Языковая СЕМЬЯ	
Название	Время распада, т.л.н.	Название	Время распада, т.л.н.	Название	Время распада, т.л.н.
Борейская	17-15	Евразийская	12	Индоевропейская	7
				Алтайская	8
				Уральская	6
				Дравидийская	5
				Картвельская	4-3
				Эскимосская	2
		Афразийская	12	Кушитская	9
				Семитская	7

				Чадская	7
				Омотская	7
				Берберская	3
				Египетский	изолят
		Синокавказская	10	Северокавказская	6
				Синотибетская	6
				Енисейская	2
				На-дене (ГИПОТЕЗА)	
				Баскский	изолят
				Бурушасский	изолят
		Австрическая (ГИПОТЕЗА)	10	Австроазиатская	7
				Австронезийская	5
			

Эти данные сопоставим с данными ДНК-генеалогии:

17-15 т.л.н. – распад борейской языковой общности (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009).

16,0±1,4 т.л. – возраст общего предка гаплогруппы R1b (Клёсов, 2008б). Из другого источника – 17-16 т.л. (Клёсов, 2010г).

17,1±2,4 т.л. – возраст общего предка гаплогруппы R1a (Клёсов, 2010в; Klyosov, Rozhanskii, 2012). Хотя, по другой методике расчета, с теми же данными, имеем немного бОльший возраст ариев: 19,6±2,8 т.л. (Там же); а по другим данным, только европейским – 18,5 т.л. (Клёсов, 2011б).

Как видим, в пределах погрешности с доверительной вероятностью 95%, ДНК-даты совпадают друг с другом и с оценочной датой распада борейской языковой общности.

Отделившиеся носители гаплогруппы R1b (в дальнейшем – “эрбины”) около 16 т.л.н. начали смещаться из Центральной Азии в сторону Средиземноморья, продолжая делиться. Они (увидим ниже) породили, вероятно, языковые общности синокавказскую и афразийскую.

Тогда ариев, оставшихся в алтайско-синьцзянском регионе, логично будет ассоциировать с носителями преобразования борейской языковой общности в евразийскую, которая впоследствии – на вершинной стадии своего развития – распалась и образовала евразийскую макросемью языков. Проверим это:

12 т.л.н. – распад евразийской языковой общности (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009).

12,98 т.л.н. – возраст общего предка независимых древнейших ветвей ариев Пакистана и ариев южной, дравидийской Индии (Klyosov, Rozhanskii, 2012).

11,6 т.л.н. – возраст общего предка независимых древнейших ветвей ариев северной (индоевропейской, по языку) и южной (дравидийской, по языку) Индии (Там же).

11,65±1,55 т.л.н. – возраст общего предка ариев, ныне живущих на Балканах (Там же).

Имеем и здесь хорошие корреляции с лингвистами.

Напрашивается вывод, что около 12 т.л.н. (осреднение по 12,98; 11,6; 11,65) от алтайско-синьцзянской евразийской, по языку, большой общности ариев отделилась общность семейных кланов, ушедшая южным путем в Анатолию и затем в Европу. Вероятно, каждый из тех кланов имел общего предка, жившего около 12 т.л.н., но в совокупности они показывают возраст, приближенный к возрасту общего предка всей гаплогруппы R1a в Европе: 18,5 т.л. (Клёсов, 2011б). Своим уходом та общность “прозападных” семейных кланов аннулировала языковую общность “евразийцев”: сделала ее неполной, вымирающей. И обозначила – собой – начало преобразования евразийской языковой общности в индоевропейскую, которая впоследствии – на вершине развития – распалась и образовала индоевропейскую семью языков. Проверим это:

7 т.л.н. – распад индоевропейской языковой общности (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009).

6,8 т.л.н. – возраст общего предка ариев “старой” европейской ветви и ариев Русской равнины (Klyosov, Rozhanskii, 2012).

7,4 т.л.н. – возраст общего предка ариев “северо-западной” европейской ветви и ариев Русской равнины (Там же)...

Впрочем, это все видели выше. Здесь – опять хорошая корреляция данных ДНК-генеалогии и компаративной лингвистики “школы Старостина”.

Заметим, что общий предок ариев “индоевропейских”, “дравидийских” и “древних пакистанских” жил около 12 т.л.н., во время распада евразийской языковой общности. Напрашивается такой сценарий:

Около 12 т.л.н. от одного из арийских кланов, начавших миграцию от Алтая к Средиземноморью южным путем, отделились два клана поменьше, которые на запад не пошли, а свернули к теплу современного Пакистана и южной Индии. Соответственно, они стали уклоняться от языка распавшейся евразийской общности каждый в свою сторону. Например, южноиндийские арии – к дравидийской языковой основе. Более развитые “дравидийцы” прошлись по языкам местных носителей других гаплогрупп и стерли их. Впоследствии по “пакистанским” ариям прошлись еще более развитые арии: вернувшиеся с Балкан “индоевропейцы”, – и стерли язык “пакистанцев”. Тогда как “дравидийцы” пришельцев к себе не допустили, и тем сохранили родную языковую семью. К чему клоню:

Лингвисты показывают, что дравидийская языковая семья произошла от евразийской. “Евразийцы”, по нашей логике – это арии. Тогда естественно предположить, что арии же развивали язык и дравидийской общности. И возраст общего предка “дравидийских” ариев и “индоевропейских” совпадает с датой распада евразийской общности, родительской для дравидийской и индоевропейской. Все сходится.

Если признать, что арии были разносчиками языков евразийской макросемьи, то вычисление возраста общего предка ариев любой из “индоевропейских” ветвей эмиграции, с одной стороны, и, например, общего предка ариев среди носителей картвельских языков, с другой – покажет вероятное время, когда родилась общность носителей картвельского языка. (Лингвисты сказали бы: “...когда родился пракартвельский язык”, – не в терминах суть). Если покажет 17-18,5 т.л.н. или около 12 т.л.н. – значит, “картвелы” отделились сразу. И это подтвердит взрывной характер распада евразийской языковой общности, с одновременным образованием и праиндоевропейского языка, и прадравидийского, и пракартвельского (возможно, для лингвистов имеет значение не только время распада языковой общности, но и время ее рождения). А покажет возраст существенно моложе 12 т.л.н. – на это имеются несколько вариантов объяснения, которые потребуют дополнительных исследований.

Перейдем к языковым линиям, вероятно, эрбинов – братьев ариев:

12 т.л.н. – распад афразийской языковой общности (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009).

На эту же дату приходится распад натуфийской археологической культуры (12,4-11,8 т.л.н. калиброванных: Хронология позднего палеолита из Википедии, со ссылками), которая простиралась от Египта до Евфрата. По дате образования натуфийской культуры: 15,1-14,8 т.л.н. калиброванных (там же) плюс, ориентировочно, 2 т.л. миграции до этого из Центральной Азии – получаем дату рождения гаплогруппы R1b.

12 т.л.н. для распада афразийской языковой общности можно подтвердить, думаю, возрастом общего предка эрбинов чадских и семитских, например.

10 т.л.н. – распад синокавказской языковой общности (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009).

“Общие предки среднеазиатских серий гаплотипов [(R1b1a1) – уточнение мое] с европейскими (R1b1a2) [“северокавказскими”, по языку носителей, попавшими в Европу с северного Кавказа через Анатолию – уточнение мое, на основании цитируемой работы] жили примерно 10 тысяч лет назад, видимо, на миграционном пути от Центральной Азии к Кавказу и Ближнему Востоку” (Клёсов, 2011г).

Общие предки среднеазиатских серий гаплотипов (R1b1a1) с европейскими “афразийскими”, по языку носителей, сериями гаплотипов (R1b1c), попавшими в Европу через северную Африку и Гибралтар, – жили примерно 16 т.л.н. (Там же). И эта дата совпадает с рассмотренной выше датой рождения гаплогруппы R1b, а также с датой распада борейской языковой общности на первые ростки макросемей. Среди них, по нашей логике – две основные эрбинские (афразийская и синокавказская, которая к Средиземноморью вышла только своей северокавказской ветвью) и одна арийская (евразийская, которая к Средиземноморью вышла только своей индоевропейской ветвью). Причем, эрбинские субклады, вышедшие к Средиземноморью, делились, следующим образом, по языку: носители субклада R1b1a – “северокавказцы”, а R1b1c – “афразийцы”.

После 4,8 т.л.н. “северокавказцы” (той ветвью, что через Анатолию шли на Балканы) с юга Европы и “афразийцы” с запада (через северную Африку и Пиренеи) оккупировали Центральную и Западную Европу (Клёсов, 2010а,б) и стали предками бОльшей части современных западноевропейцев. Они таким образом вынудили клан основных арийских металлургов и волхвов, носителей ведической памяти, мигрировать из балкано-карпатского региона к Уралу, сквозь населявшую степи Русской равнины общность

археологических культур “ямных погребений” – вероятно, тоже эрбинских (Там же) “северокавказцев”, по языку, но менее воинственных.

Кстати, бывшие североафриканцы на Пиренеях оставили археологические следы древнеегипетской культуры (Клёсов, 2012), о чем не принято говорить в академических кругах, тем более – пристально изучать и делать выводы. И то, что фараона Тутанхамона, по останкам, определили как эрбина – тоже не афишируется (Клёсов, 2011в).

6 т.л.н. – распад северокавказской языковой общности (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009).

6 т.л.н. – возраст семейного клана эрбинов, ушедших с Северного Кавказа в Анатолию, откуда около 4,8 т.л.н. они начали оккупацию Центральной и Западной Европы (Клёсов, 2010а,б) ...

Как видим, история борейских языков (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009) и Y-хромосомная история ариев и эрбинов хорошо накладываются друг на друга.

Поэтому, во-первых, имеет смысл рассматривать гипотезу, что “родители” ариев и эрбинов: носители гаплогруппы R1, – были носителями языка борейской общности, и что их “дети” разнесли тот язык (в его развивающихся производных) по всей планете. Они это делали, как правило, сами, но, видимо, не обошлось и без посредников – носителей других гаплогрупп, усвоивших языки борейской гиперсемьи.

И во-вторых, очень хорошая взаимная увязка данных ДНК-генеалогии и компаративной лингвистики подсказывает завязать отношения и вести взаимно заинтересованный диалог с авторами статьи (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009). По крайней мере, с ними не нужно искать исходные, опорные точки общего дела и общих выводов: они очевидны.

Например, ДНК-генеалогия способна подтвердить строение генеалогического дерева языков на временных глубинах более 10 т.л.н. Такие времена компаративными лингвистами обычно вычеркиваются из рассмотрения, за них критиковали С.А. Старостина.

И диалог с авторами статьи (Gell-Mann, Peiros, Starostin, 2009) я повел бы следующим образом. Отметил бы, как показано выше, очевидные моменты общих интересов и взаимного подтверждения выводов, по результатам осмысления обзорных работ этих авторов. А потом задал бы конкретный вопрос, с некоторыми пояснениями, типа:

“У нас, ДНК-генеалогов, имеется (Rozhanskii, Klyosov, Zolotarev, 2012, со ссылкой в интернете) подкрепленное лабораторными исследованиями и расчетами генеалогическое дерево европейских родов из тех, которые, по нашей логике, до 4,8 т.л.н. говорили на родных для них языках индоевропейской языковой семьи. Представители этих родов, особенно в кентумной части Европы, возможно, стали затем осваивать двуязычие, с влиянием (на продолжавший развиваться индоевропейский субстрат) языков синокавказской и афразийской макросемьи.

Могли бы Вы продолжить свое генеалогическое древо языковых общностей и обозначить на нем времена распада языковых групп и подгрупп индоевропейской семьи? Разумеется, такие попытки предпринимались другими школами компаративной исторической лингвистики. Но, в силу вышеобозначенных системных взаимоувязок данных, для ДНК-генеалогии представляет особый интерес современная информация именно от Вас.

Небольшое пояснение. Вычислительный аппарат ДНК-генеалогии и всех ее исторических реконструкций опирается на изучение скоростей мутаций в наших половых хромосомах. Но эта наука заинтересована не только в поверочных уточнениях скоростей мутаций на основе многовековой “бумажной” генеалогии, но и в проверках справедливости своих ретроспекций на основе сопоставления их с данными других наук.

Лингвисты, заинтересованные в том же, сегодня пытаются использовать данные популяционной генетики. Но эта несомненно важная и полезная наука занимается генетическим анализом популяций, без критического рассмотрения (и, соответственно, развития) методов исторических реконструкций. У нее отсутствует научно приемлемая методология изучения жизни популяций во времени, и оттого нет желания критически обосновывать свои примитивные (В ЧАСТИ “ИСТОРИЗАЦИИ”) методы и сопоставлять их с данными других наук.

А в любой науке это желание должно присутствовать, на наш взгляд. Поэтому предлагаю сотрудничать. Все наши предки были носителями не только языков, но и гаплогрупп – негенных химических меток в ДНК половых хромосом. И так же, как языки, эти метки изменялись и изменяются с теми или иными постоянными, в среднем, скоростями, не теряя при этом принадлежности к своей родной гаплогруппе и ее субкладам (соответственно, у языков – не теряя принадлежности к родной языковой макросемье, семье, группе и ее подгруппе).

Конечно, жесткой привязки языка к гаплогруппе нет, поскольку свою гаплогруппу поменять нельзя, а перейти на другой язык можно. Однако даже если у какого-то рода, или союза родов, представляется вероятной полная или частичная смена его языка, внутри рода непременно должны были появиться носители нового языка: из другого рода, с другими

гаплогруппами. – А это уже можно проследить средствами ДНК-истории. Причем, пришельцы должны были обладать настолько привлекательными достоинствами, что вместе с ними закрепился и язык. – А это можно проследить средствами археологии. Надеюсь, в скором времени археология откажется от политических соображений выгоды бесконечных споров и решится на привязки типичных захоронений, в рамках той или иной археологической культуры, к гаплотипам извлекаемых останков: по сути – к ДНК-паспортам носителей тех культур (технически это возможно, и уже не очень дорого). И тогда реконструкция истории и доисторических событий методами ДНК-генеалогии, наряду с расчетными методами реставрации этой науки картины делений и перемещений родов по планете, обогатится дополнительной обширной информацией из ДНК-документов в подлиннике: без толкований данных и расчетов, всегда оставляющих лазейки для споров ради “научных” споров любой ценой.

Предлагаю в сопоставлении наших ДНК- и лингво-генеалогических деревьев искать ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ ТОЧКИ СОПРИКОСНОВЕНИЯ компаративной исторической лингвистики и ДНК-истории. Процесс взаимоувязок данных, надеюсь, даст также немало подсказок и идей для нашего дальнейшего – совместного – успешного развития”.

К подобному письму хорошо бы иметь не одно, а два генеалогических дерева субкладов, с привязкой ко временам заметных распадов общностей: и для арийских, и для эрбинских великих мигрантов – ярчайших, в прошлом, воинов разума. И тогда сможем обозревать субкладный (родовой) фундамент, вероятно, всей борейской гиперсемьи языков планеты.

Возникает большой вопрос. Как получилось, что носители многих других, не арийских и не эрбинских, гаплогрупп и субкладов и, соответственно, других и тоже очень древних языков и диалектов – сравнительно недавно почти всюду на Земле от родных наречий отказались и заговорили на языках борейской гиперсемьи?

Немного интерпретаций, возможно, фантазийных

65-25 т.л.н. приуральскую и новоземельскую Арктику, тогда подогреваемую фёном, заселяло праведическое родовое ядро “дважды сапиенсного” человечества – ядро вдохновенного разума и очень глубокой памяти. Оттуда в Европу проникли первые и вместе с тем высочайшие импульсы так называемых ориньякоидных и граветтоидных археологических культур, которые затем “играли” на понижение у выходцев из Гипербореи и их потомков, не знавших наставления ведических волхвов... Однако, 23-22 т.л.н., накануне ледникового максимума, из погибавшей родины разума

впервые ушел один из опорных кланов волховского мегарода и расселился в алтайско-синьцзянском регионе под “вывеской” гаплогруппы R1. На мой взгляд, уровень развития того клана и укорененная в нем волхвами-мастерами “заточенность” под новые усилия и еще большие свершения оказались настолько высокими, что многие потомки последних беженцев из Заполярья этим родовым, для них родным бесстрашием и радостью быть постоянно впереди себя могли “покорять” умы, сердца, а значит – и средства самовыражения людей.

Часть эрбинов, “заболевшая” агрессией и властью, подмяла под себя Западную Европу, пока их сородичи на свой лад поднимали Египет и Шумер. Однако, они в Европе не смогли закрепиться родными языками из синокавказской и афразийской макросемьи. Поскольку европейки, оставляемые в живых для рождения рабов или преемников агрессоров, говорили на кентумных индоевропейских языках, привитых Европе 7,5-4,5 т.л.н. с Балкан. А раннее воспитание детей определяют именно женщины. Они, вероятно, сохранили арийский строй языка, который в тех условиях опускался к формализму и упрощениям выразительности. Так поменялся Y-хромосомный состав Западной Европы, но индоевропейские языки выжили: на уровне двуязычия их носителей, затем отказавшихся, по большей части, от языков грабителей, каковыми тогда, вероятно, представлялись многие эрбинские завоеватели.

Впрочем, уход арийских металлургов с Балкан обозначал и их временное технологическое поражение, поскольку из Анатолии в Европу эрбины понесли мышьяковую бронзу – металл более прочный, чем ковкая медь. Его недостатками были испарение мышьяка при переплавке (если орудие сломается) и вредность производства. Балканские арии вернули себе первенство в высоких технологиях на Южном Урале и юге Западной Сибири: они там стали плавить оловянную бронзу, без недостатков мышьяковой.

Для сравнения с вероятной агрессивной политикой эрбинов, которую затем возобновил имперский Рим, привожу пример, на каком уровне и каким путем арийские, видимо, “постанатолийские” металлурги так называемой Балканской металлургической провинции 7-6 т.л.н. развивали регион современного ЕЭС – за тысячу лет до рождения Шумера и Древнего Египта и за 2 т.л. до эрбинского вторжения в Европу:

“Горняки и рудознатцы V тыс. до н. э., вгрызавшиеся в рудоносные известняки и доломиты горного урочища [Аи бунар в Болгарии – *уточнение мое*], абсолютно не желали, чтобы взгляд посторонних даже касался их работ (об этом мы скажем ниже). Однако исследования этого редкостного и древнейшего в Евразии памятника горного дела позволили, наконец,

осознать, сколь тяжела, таинственна и непривычна для той эпохи оказалась работа по извлечению из тисков скальной породы той драгоценной руды, что должна была служить исходным материалом для выплавки меди. ...

Выработки представляли собой, как правило, круто наклонные, длинные щели... Бурение показало, что там их глубина могла достигать 25-30 метров [представьте вид вниз с десятого этажа – *уточнение мое*]!

Тотальный объем извлеченной на Аи бунаре медной руды мог достигать примерно 30000 тонн. В реальности, исходя из приблизительных норм древней технологии, плавка этой руды могла дать приблизительно 1000 тонн меди” (Черных, 2009).

Орудия труда (а не оружие и украшения, как правило), отлитые из меди Аи бунара, упрочняли, если нужно, ковкой, и торговали ими за сотни километров (Там же).

Так начиналась великая европейская цивилизация, о которой мы, по сути, мало знаем, и которая разнесла по Европе индоевропейские языки.

А разнесли их, вероятно, арийские (балканские) геологоразведчики и металлурги. Они исходили всю Европу, распространяя по пути гончарные технологии, производящее хозяйство как разумное дополнение к охоте и собирательству, медь (тоже по желанию), а также выразительность и гибкость языка, которые отвечали великим арийским достижениям и, в целом – высокой, но не высокомерной сообразительности ариев по любому вопросу, что многих привлекало к ним и их мировоззрению.

Когда волна балканских металлургов-ариев, уходивших от эрбинской агрессии, докатилась 3,8-3,6 т.л.н. до Южной Сибири и Алтая (Клёсов, 2008а; Klyosov, Rozhanskii, 2012), она, вероятно, там встретила сородичей, с которыми рассталась относительно недавно: за 3 т.л. до встречи, т.е. во время “веерной” эмиграции ариев, предположительно, с Балкан. Языки воссоединившихся ариев, как и их мировоззрение, не успели разойтись неузнаваемо.

На мой взгляд, именно ту, судьбоносную для будущей России, встречу описывает дощечка 9-А “Велесовой книги”. В ней говорится о детях Славуни, среди которых было три дочери; и обитали они, по дощечке 7-Ё, в Пенджабе (это, возможно – “пятиречное” верховье Иртыша, западные отроги Алтая). Дочери вышли замуж за конных “вестников”-вестовых нарождавшейся Андроновской общности культур. Прозвища связанных были “Утренник”, “Полуденник” и “Вечерник”: по тем направлениям, от Алтая, на которых они работали (восточное, южное и западное, соответственно). Так дети Славуни – славяне – еще раз породнились с давними сородичами ариями: образовали “славяно-арийский” союз племен, который разрастался

в сторону Семиречья, расположенного в юго-восточном Казахстане. А затем обстоятельства вынудили эти рода мигрировать на Русскую равнину, причем – двумя путями (северным и южным), из-за чего в толкованиях книги возникает путаница.

Славяне, тоже произошедшие из арийского клана геологоразведчиков и металлургов 6,5-7 т.л.н., постепенно утратили с ним связь, из-за большого расстояния между Алтаем и центром металлургии на Балканах, и занимались они, главным образом, скотоводством, которое вынесли из Малой Азии. Но от них балканские специалисты по цветным металлам, вероятно, имели важную информацию об урало-алтайско-тяньшаньском регионе, богатом цветными металлами. Без нее “балканцы” не рискнули бы двинуться в Зауралье через безрудные, с их точки зрения, степи огромной Русской равнины. Кстати, небольшие месторождения олова (это более редкий, чем медь, металл, который наметил дальнейший прорыв арийских металлургов к бронзе на основе медно-оловянных сплавов) имеются в Центральной Европе, тогда как ближайшие крупные – на Британских островах, Пиренеях и в урало-алтайском регионе. И нужно было выбирать, с учетом начавшегося эрбинского вторжения в Европу. Балканский клан металлургов и волхвов, сумевших сохранить Ригведу и другие Веды, пошел к Уралу сквозь “ямников”.

...А поскольку у Славуня были еще и сыновья, то на Русскую равнину из алтайско-тяньшаньского региона (зауральская “страна городов” к тому времени была оставлена) пришли арии, у которых за 3 т.л. до их воссоединения был общий предок по мужской линии, но у которых за это время раздельной жизни в ДНК накопился чуть разный “почерк” мутаций, а также сложилось, после взаимных притирок, немного другое – сатемное – индоевропейское произношение.

Один из детей Славуня: младший сын по имени Рус, – не имел своей вотчины на Русской равнине (подобно древлянам, северянам и т.д.), поскольку его потомки стали родом-посредником, объединявшим и укреплявшим разбросанные по Равнине арийские рода славян и ариев, да и не только арийские рода. Поэтому на ней многие арии, и не только они, стали называть себя русскими – принадлежащими к мировоззрению и помыслам славянина по имени Рус.

И если полякам, украинцам или белорусам (народам, проживающим на Равнине, у которых арийская гаплогруппа явный лидер, в процентном отношении) не нравится, что их равнину называют “Русской” – читайте “Восточно-Европейская”, то на мой взгляд, суть не в терминах или сравнениях культур, а в глубине и целостности памяти ведического рода, когда-то породившего и наставлявшего почти все человечество. Та память

имеет силу и безусловный интерес хранить свой род как раз в многообразии его культур и вариантах здравого смысла. – В той силе творческого разума, которая единственно способна противостоять любим: и внутренним, и внешним, – проявлениям имперского мышления.

Имеется еще один большой вопрос. Как получилось, что арии от западных склонов Гималаев и до Балкан нигде не “наследили” ни гаплогруппами, ни языками? Ведь сильный род растет быстро. И через несколько веков, тем более – тысячелетий, он превышает размеры, с которыми можно компактно, без отстающих, мигрировать, успешно охотиться и т.д. Дам предварительные обоснования:

Первый поход ариев к Средиземноморью был не обычной миграцией, со скоростью порядка 1 км в год, а рейдом сообщества арийских родов в погоне за полярными сияниями, совершавшими 12 т.л.н. петлю геомагнитного экскурса через алтайско-сибирский регион и Гималаи к Малой Азии и далее на север. Эти небесные “колесницы Арджуны” (или же “райские сады”) сыграли большую роль в истории не только ариев, но и других мегародов, с их гаплогруппами. Имею основания предполагать, что путь от Центральной до Малой Азии арийские преследователи полярных сияний – воодушевившиеся эксгиперборейские хранители памяти о тех сияниях – “пробежали” за несколько десятков лет. Поэтому 11,5-12 т.л.н. носители зародыша индоевропейского языка отделились и в тот же период, по калиброванному углероду, “засветились” уже в Анатолии и Палестине. По-видимому, они там образовали культуру докерамического неолита А, или Иерихон А, на базе многих местных достижений (за исключением, наверное, производящего хозяйства и мягких сортов пшеницы, принесенных с их родины – западных склонов Гималаев).

Однако немалая часть ариев, вероятно, продолжила погоню за полярными сияниями, которые все круче заворачивали к северу и возвращались в Заполярье. На севере Европы настойчивых преследователей остановили сильные холода, которые никак не давали подобраться к памятным умеренным холодам Крайнего Севера. Зато на подступах к утерянной когда-то родине, и в относительной близости к магнитному полюсу (это немного улучшало общее самочувствие, бедственное во время геомагнитных экскурсов), арии познакомились с восхитительными, по части охоты на северных оленей, достижениями свидерской культуры, дата рождения которой, по калиброванному углероду, немного превышает дату рождения “анатолийско-балканского” субклада ариев. С характерными для свидерской культуры наконечниками стрел, а также некоторыми другими заимствованиями, не только материальными, “северяне” через тысячу лет вернулись к сородичам на Ближний Восток и преобразовали

докерамический неолит А в Б. И свои новые SNP-мутации, если они успели появиться, влили в “общий котел” там разраставшегося рода ариев.

От контактов со свидерцами имеем “северный след” в культуре Иерихона Б. Балтийский берег, куда указывает С.В. Конча – маловероятный кандидат на родину потери ариями и, соответственно, арийским (индоевропейским) языком целостности своего развития. Однако ещё В.А. Сафронов заметил (Сафронов, 1989), что в первых ближневосточных городах появились “северные” наконечники стрел, одновременно изменилась архитектура зданий... В таком случае вероятно “северное” влияние и на язык арийской общности, задержавшейся на Ближнем Востоке на 4 т.л.

Еще один вопрос, касающийся археологии. Если основы производящего хозяйства, с его первыми стационарными поселениями-телями и городами, считать принесенными на Ближний Восток из алтайско-синьцзянского региона, то где же в северном Китае раскопки и находки истоков ближневосточной революции? В Китае, к сожалению, “прикрывают” любые, особенно – сенсационные открытия (в частности, изучение мумий, выборочного ряда земляных пирамид и холмов, похожих на тели), если они имеют отношение к европеоидам, которые, оказывается, населяли северную и центральную часть страны от глубочайшей древности и до сравнительно недавнего времени.

...Надеюсь, не сильно уходил от темы, заявленной в названии статьи.

Литература

Клёсов А.А. (2008а). Откуда появились славяне и «индоевропейцы»? Ответ дает ДНК-генеалогия. – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.1, №3, с.400-477.

Клёсов А.А. (2008б). Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.1, №4, с.568-630.

Клёсов, А.А. (2010а). Гаплогруппа R1b (часть 1). – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.3, №2, 249-299.

Клёсов, А.А. (2010б). Гаплогруппа R1b (часть 2). – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.3, №3, 406-475.

Клёсов А.А. (2010в). Древние («неиндоевропейские») гаплотипы гаплогруппы R1a1 в северо-западном Китае. – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.3, №6, 925 – 941.

Клёсов А.А. (2010г). О месте и времени происхождения гаплогруппы R1b (с удивлением читая Wikipedia). – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.3, №12, 2084 – 2109.

Клёсов А.А. (2011а). ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 1). – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.4, №5, 988-1014.

Клёсов А.А. (2011б). ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2). – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.4, №7, 1367-1494.

Клёсов А.А. (2011в). Гаплотип фараона Тутанхамона (1333 – 1323 до н.э.) и его возможное происхождение. – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.4, №11, 2063-2069.

Клёсов А.А. (2011г). Происхождение древних субкладов гаплогруппы R1b – территории и времена. – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.4, №12, 2227-2245.

Клёсов А.А. (2012). Любопытный поворот истории про гаплотип фараона Тутанхамона и его происхождение (Продолжение, начало в Вестнике 2011, ноябрь, т. 4, №11). – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.5, №1, 2431-2436.

Клёсов А.А., Конча С.В. (2012). Лингвистика и ДНК-генеалогия: очередная попытка найти взаимопонимание на общем поле. Переписка. (Предисловие – Клёсов А.А.). – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.5, №5, 422-523.

Рожанский И.Л., Клёсов А.А. (2009). Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т.2, №6, 974-1099.

Сафронов В.А. (1989). Индоевропейские прародины. – Горький.

Черных Е.Н. (2009). Степной пояс Евразии: Феномен кочевых культур. – М.

Gell-Mann M., Peiros I., Starostin G. (2009). Distant Language Relationship: The Current Perspective. – Вопросы языкового родства, №1, 13-30.

Klyosov A.A., Rozhanskii I.L. (2012). Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the Legendary Aryans as Witnessed by the DNA of Their Current Descendants. (Published in Advances in Anthropology, vol. 2, No. 1). – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 5, №3, 162-198.

Rozhanskii I.L., Klyosov A.A., Zolotarev A.S. (2012). IRAKAZ - a database of extended haplotypes of R1a haplogroup. Introductory notes. - Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 5, №5, 553-559.

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

Комментарии автора книги и ответ

А. А. Клёсов

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

ПРИМЕЧАНИЕ: Профессор Ю.К. Кузьменко дал согласие на воспроизведение своих комментариев.

А. Клёсов:

Уважаемый Юрий Константинович,

Искренне рад ответу и комментариям.

Во-первых, понятно, что Вы не со всем согласны. К этому могут быть две основные причины - (1) Вы знаете те ФАКТЫ, которые не знаю я, и (2) Вы делаете другие ИНТЕРПРЕТАЦИИ. Первое для меня самое ценное, и это отличает профессионала (в данном случае Вас - в лингвистике и, возможно, археологии) от меня (в том и другом непрофессионала).

У профессионала-лингвиста (археолога) факты выстроены в свою профессиональную систему, у меня они разрознены и встроены в МОЮ профессиональную систему. Неудивительно, что конечный результат может быть другим.

Беда, как мне представляется, в том, что в лингвистике и археологии (и других науках, конечно) часто интерпретации принимаются за факты. И эти "факты" бронзовеют со временем. Вот там-то встреча двух наук (например, лингвистики и ДНК-генеалогии) становится особенно болезненной. Смысл и цель этой встречи и состоит, на мой взгляд, в том, чтобы переосмыслить и переформулировать, какие "факты" на самом деле были интерпретациями, и были ли возможны другие интерпретации, основанные на тех же наблюдениях.

После этого вступления давайте бегло (пока) рассмотрим Ваши возражения, и посмотрим, они основаны на фактах или интерпретациях (с той и другой стороны).

>Кое с чем я, правда, не вполне согласен. 1. Это особенно касается R1b. Конечно, это исконно не индоевропейцы, но во время формирования протогерманского большая часть носителей этой группы уже говорила на индоевропейских языках, прежде всего на протоиталийском. Данные лингвистики, археологии и генетики в этом случае хорошо коррелируют. По крайней мере мне так казалось.

Итак, исконно это были не индоевропейцы. Важно, что Вы с этим согласились. «Исконно», как я понимаю, это до прибытия их в Европу 4800-4500 лет назад (я ставлю две границы даты, потому что ДНК-генеалогия дает 4800 лет для прибытия R1b на Пиренеи, и археология с этим согласуется в отношении самой ранней датировки культуры колоколовидных кубков, а также тем, что раскопки с датировками ранее 5000 лет в Европе R1b не выявили; ДНК-генеалогия также дает 4500 лет назад для прибытия R1b с Ближнего Востока в Европу через Сардинию и Апеннины, через Балканы, и, видимо, фронтально полосой от Черного до Балтийского моря с востока на запад). И вдруг после этого они заговорили на индоевропейский языках, а именно уже говорили «*во время формирования протогерманского языка*», и «*говорили на протоиталийском*».

Я пока не вижу, в чем именно Вы не согласны. Я пишу, что R1b прибыли в Европу как носители неиндоевропейских языков, и во временном интервале от 4800-4500 лет назад (то есть от начала III тыс до н.э.) до середины-конца II тыс до н.э. продолжали говорить на неИЕ языках. Далее, я предполагаю, что индоевропейские языки в Европу принесла гаплогруппа R1a, причем это были как R1a 9-8 тыс лет назад, хотя язык в те времена был пра-ИЕ, и, конечно, значительно отличался как от современных, так и от ИЕ языков 3 тысячи лет назад, так и R1a, прибывающие волнами в Европу с конца II тыс – начала I тыс до н.э., с уже сатемным (если угодно) ИЕ языком. Далее, я предполагаю, что основной толчок к распространению ИЕ языков по Европе дали «кельты» Гальштата, которые были R1a и тоже прибыли с востока. Только этим я могу объяснить известное бурное радиальное распространение «кельтов» от Гальштата (условно говоря) по всей Европе всего за несколько сотен лет, если не за несколько поколений. Это не могли распространяться люди, с такой-то скоростью, но за несколько поколений могли распространяться языки и прочие культурные признаки, если к этому была потребность (экономическая в первую очередь).

Вот и давайте непредвзято посмотрим, КОГДА в этом интервале (между 4500 лет назад и 3000-2500 лет назад) формировался протогерманский язык, откуда сведения, что они говорили на протоиталийском, и откуда вообще в Европе взялся ИЕ протоиталийский язык, если он на самом деле был индоевропейским, если R1b прибыли с неИЕ языком. Наиболее правдоподобный ответ тогда в том, что протоиталийский язык появился от R1a, которые с 9-8 тысяч лет назад жили в Европе, и были вытеснены прибывающими R1b на Русскую равнину примерно 4600-4000 лет назад.

Как видите, Ваше несогласие –

Это особенно касается R1b. Конечно, это исконно не индоевропейцы, но во время формирования протогерманского большая часть носителей этой группы уже говорила на индоевропейских языках, прежде всего на протоиталийском

- вполне может быть примирено с данными ДНК-генеалогии, изложенными выше. Если расставить датировки (лингвисты, к сожалению, это обычно не делают), то возможно мы получим непротиворечивую картину. Над этим нужно поработать.

Отдельная тема здесь – это наличие у современных R1b на Пиренеях (и на юге Франции) баскского языка. Я пишу, что этот язык 5000 лет назад и был языком эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, и переключка его с северно-кавказскими языками подтверждает это. Так что этот язык не просто язык отдельной ветви R1b, прибывших на Пиренеи, а его корни уходят значительно глубже, на Кавказ, и, видимо, до того, в динамике языков. Но тогда это и должен был быть исходный язык культуры колоколовидных кубков, заселяющих Европу. Но ветвь R1b, входящая с Ближнего Востока через Апеннины, могла подхватить и протоиталийский язык там, и если это действительно был пра-ИЕ язык (кентумный??), то он и мог быть унаследован от древнейших R1a в Европе. Кстати, недавние данные по анализу генома басков действительно показали, что баски прибыли на Пиренеи исторически не так давно, и практически полностью вытеснили автохтонное население (механизм «вытеснения», как Вы понимаете, мог быть самый разный, но скорее всего был один).

Как видите, здесь переплетение разных факторов, но ни один из них не взят с потолка, у каждого есть свое основание. Нужна «оптимизация факторов», чтобы построить непротиворечивую картину.

2. Вы говорите, что процент финноугорских гаплогрупп слишком мал у германцев, чтобы можно было бы предполагать их влияние. Но Вы имеете в виду только хромосомные гаплогруппы. Отношения же германцев и финноугров было

таковым, что германские мужчины брали в жены финноугорских жен. Самые ранние исторические свидетельства говорят именно об этом, поэтому хромосомные гаплогруппы нам ничего не покажут. Вернее они показывают только сильное финноугорское влияние на самые северные германские языки, что я хотел показать в своей немецкой книге, где у меня, к сожалению, еще не возникло идеи привлечь данные генетики.

Да, безусловно, я имел в виду только мужскую, хромосомную гаплогруппу N. В лингвистике (будущего) роль мтДНК непременно должна рассматриваться, но есть хорошая вероятность, что это мало что даст. Это даст только тогда, если приток жен был действительно «однородный», одной гаплогруппы. Если именно так было у германцев, и они действительно брали преимущественно финноугорок, это проявится в спектре мтДНК в Германии (особенно в ископаемых ДНК). На деле обычно жен (и подруг) добывали в самых разных местах, и с мтДНК получается полная какофония. Мы обычно видим достаточно четкие миграционные векторы мужских гаплогрупп-гаплотипов, но полную прозрачность мтДНК. Здесь «прозрачность» - как у вращающегося винта вертолета, через который мы и видим четкие линии мужских гаплогрупп. Хотя, возможно, есть исключения, и к Германии они могут проявиться. Это надо внимательно посмотреть.

Ниже - предварительные результаты этого рассмотрения. На диаграмме ниже - общая картина мтДНК в современных Финляндии и Германии. Видно, что и там и там основная гаплогруппа N. Но проблема в том, что эта гаплогруппа основная по всей Европе в целом, те же 42% и в Финляндии, и в Германии, и везде. Поэтому это не показатель в данном контексте. А остальные гаплогруппы прыгают между показателями в Финляндии и Германии, та самая хаотичность, о которой я писал выше. Примеры -

U5 в Финляндии 19%, в Германии 6%

U в целом в Финляндии 25%, в Германии 15%

J в Финляндии 6%, в Германии 10%, то есть почти вдвое больше.

V в Финляндии 6%, в Германии 3.5%

U5 в Финляндии 19%, в Германии 6%

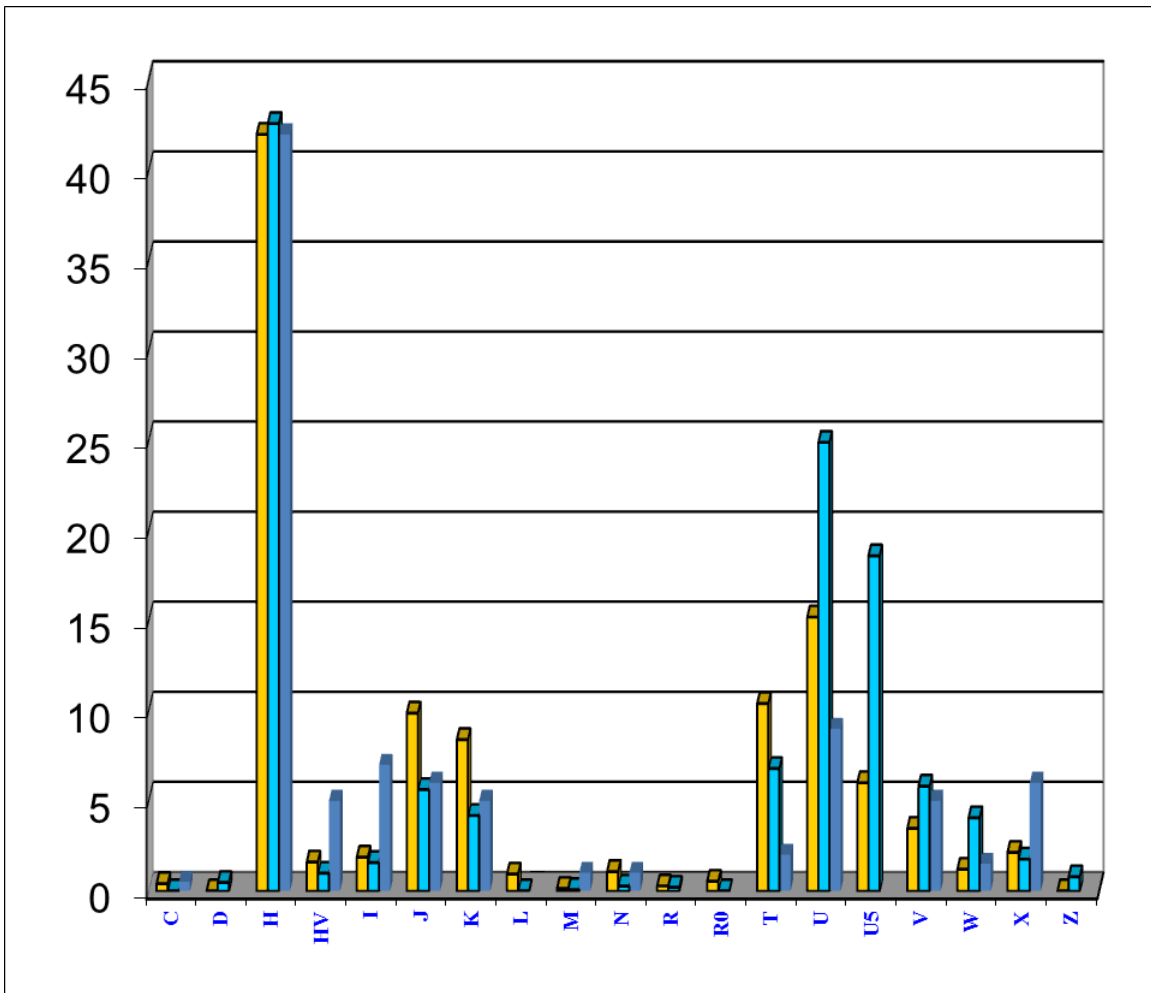
T в Финляндии 6.8%, в Германии 10%

W в Финляндии 4%, в Германии 1.2%

K в Финляндии 4%, в Германии 8%

D и Z в Финляндии есть (от 0.5 до 1.0%), в Германии нет.

N в Финляндии в 4 раза меньше, чем в Германии.



Доля гаплогрупп мтДНК в современной Европе (темно-синий цвет), и отдельно в современной Германии (желтый) и Финляндии (голубой цвет). По вертикальной оси - процентное содержание. По горизонтальной оси - гаплогруппы.

Я не говорю, что эти данные дают определенный ответ, но говорю, что картина сложнее схемы. Более того, гаплогруппа Н резко пошла в рост только в ходе заселения Европы эрбинами (R1b) в III и II тыс до н.э. Общая картина по данным ископаемых гаплотипов такова, что гаплогруппу Н, видимо, принесли в Европу будущие арии, носители гаплогруппы R1a, в переходный период от мезолита к неолиту, примерно 9-8 тыс лет назад, мигрирую по южному пути через Анатолию на Балканы. В раскопках периода мезолита гаплогруппу Н пока не нашли, но это всего на 15 образцах (Ricaut et al, 2012, Advances in Anthropology). Она резко появляется в неолите (датировки 9000-5500 лет назад), хотя гаплогруппы

R1b в Европе в те времена еще не было. Из 68 образцов четверть – гаплогруппа Н, самая большая пропорция.

По данным Haak et al (2008), на стоянке в Германии (Эйлау) с датировкой 4600 лет назад, где все найденные мужские гаплотипы оказались гаплогруппы R1a (кстати, гаплотипы совершенно типичны для современных на Русской равнине), там же найдены мтДНК гаплогруппы Н, K1b (три), K1a2, X2 (две), I, U5b. Интересно, что в Индии, согласно (Sharma et al, 2005),

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

Как бы кто их не называл, но гаплогруппы М действительно нет ни в Германии, ни в Финляндии, ни вообще в Европе (на уровне 0.1% и менее), но в Индии ее 134 из тестированных 183 человек (три четверти) [Behar et al, 2010]. Это, видимо, дравидская гаплогруппа. А вот Н, I, K, U – это те, которые были найдены в семье R1a в Германии 4600 лет назад. Вполне возможно, что в Индию их принесли арии через тысячу лет после датировки захоронения в Эйлау. В нынешней России гаплогруппа Н составляет 85 из выборки в 198 человек, то есть 43% (у белорусов 39%, что практически то же самое), как вообще в Европе, на втором месте – гаплогруппа U5 (10.6%), что больше чем в Германии (6%), но столько же, сколько в Финляндии (10.3%). В современной Турции гаплогруппы Н – 25%, хотя там она тоже на первом месте по численности. Возможно, оттуда она и сопровождала древних предков ариев, 10-9 тысяч лет назад, в Европу. А вот U5 в Турции только 5%, она там на седьмом месте.

Если взять совершенно наугад, например, деревню Сараево Ярославской области, то там состав мтДНК такой (Назарова, 2011):

-- Н	38%
-- W	19%
-- T (T* + T1)	19%
-- preV2, I, U, X	6% (по одной из 16 образцов)

С приходом R1b доля гаплогруппы Н в Европе несколько падает (от 23% до 18%), причем это во времена заселения Европы движением колоколовидных кубков (от их прибытия до 3700 лет назад, то есть примерно за пятьсот-тысячу лет), а потом опять начинает бурно расти. Мы знаем, что в эти же времена носители гаплогрупп R1a, I1, G практически исчезают из центральной Европы, R1a уходят на Русскую равнину, и с ними уходят

часть гаплогруппы Н, которая в наше время наряду с R1a доминирует на Русской равнине, достая в среднем до половины всего населения. Остается только предположить, что изгнав и уничтожив мужчин R1a, эрбины оставили женщин, отсюда и резкий рост численности женской гаплогруппы Н в Европе параллельно с резким ростом численности носителей R1b.

Мы пока не знаем, какие мтДНК сопровождали эрбинов до их прихода в Европу. Но по немногим данным знаем, какие мтДНК гаплогруппы нашли у хуннов Забайкалья, например (Пилипенко и др., 2011) среди выборки из 12 ископаемых гаплотипов. Там три D, два C, два A4, и по одному B4, B5b, C5b1b, U2a и U7. В Европе таких мало, малые доли процента, или нет. Гаплогруппы D и B, например, распространены в Японии (38% и 13%, соответственно), гаплогруппы D у якутов 30%, у узбеков 11%. Так что хунны своими женщинами в Европе не отметились.

3. Я нигде не сочувствую гипотезе палеолитической непрерывности. Наоборот, считаю ее абсолютно неверной.

Согласен. Видимо, меня несколько ввело в заблуждение, что Вы ее там излагаете, и в нескольких местах. Да я и не писал, что Вы ей сочувствуете. Вот что я на самом деле описывал:

«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».

И еще:

«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».

4. Вы ругаете меня за то, что я пользуюсь данными современного распределения гаплогрупп. Но других данных фактически нет. Случаи анализа древних останков слишком немногочисленны и фрагментарны.

Дело не в том, что Вы пользуетесь данными современного распределения, все мы пользуемся. Но их можно переносить на древние времена только «плавно», принимая во внимание картины миграций, наличие тех самых фрагментарных данных по ископаемым гаплотипам, и прочие вспомогательные данные. Ни в коем случае нельзя переносить современные данные на древность, там все было по-другому. Но это бич популяционных генетиков, что они обычно переносят. Раз R1a в Европе много сейчас, значит, это и 30 тыс лет назад так было. А отсюда – фантазии про всякие «убежища» в ледниковый период. Раз R1a сейчас много на Русской равнине – значит, и 15 тыс лет назад тоже было много, опять сказки про «украинское убежище» во время ледников. Вы не представляете, как академическая литература набита этими баснями. Wiik, которого Вы, по-моему, цитируете, употребил название «украинская гаплогруппа R1a» 37 раз (!) в своей статье. Хотя Украина и Польша имеют то же содержание R1a, а Россия – еще больше.

5. Наконец, самое важное для Вас возражение. Вы ругаете меня за то, что я использую данные популяционной генетики. Я, к сожалению, не в состоянии профессионально оценить Вашу теорию и их идеи. Как неспециалист, я просто не имел права отбросить все их многочисленные публикации, хотя признаюсь, что Ваши идеи более соответствуют моей лингвистической реконструкции.

Это я прекрасно понимаю. Потому и возражал, чтобы Вы более критически относились к данным популяционной генетики. К сожалению, ни на Западе, ни тем более в России нет хорошей школы популяционной генетики. То есть гаплотипы-гаплогруппы они определяют (в России – только короткие), распределения описывают, но не более того. Альтернативные варианты объяснений вообще не рассматривают, статистический анализ просто неграмотный (обычно используют программы, не думая), и так далее. Поэтому их результаты всегда приходится пересчитывать.

Рад возможности дискуссии. Вообще было бы хорошо, если бы наши взаимные аргументы можно было бы опубликовать. В такой живой манере сложность проблемы и ходы ее решения доходят значительно лучше, в том числе и до меня. А значит, и до других.

Всего хорошего.

А. Клёсов

Ethnic affiliation of Scytho-Sarmatians

N. Kisamov

nkisamov@mail.ru

The following is a review of the main arguments for a Turkic origin of the Scythian-Sarmatian people, with assertions somewhat grouped together by respective disciplines, although everything is invariably interlaced and conflated. This review has no chance of being all-encompassing, the subject is just too large and complex. Every piece of evidence can be used as an argument, every literary reference has its own depth and place, and the body of evidentiary material continues to grow exponentially.

The arguments are cited generically, without references, as these are readily available on the Internet. In most cases, the volume of publications for each point is quite substantial, on-line and in print. For the purposes of argument, the documented evidence is attested evidence, not ascribed evidence. To be attested, either a modern trait must be traceable into the past by historical or ethnological testimony of contemporaries, or be shown with appropriate testing that the trait existed in the past. The historical period is the literate period, with written evidence, everything else is pre-historical. Archeological, anthropological, and other pre-historic evidence is by nature mute, following the golden rule that "pots don't talk". An artifact found today can't be ascribed to today's population unless there is direct link between the population and the people that left that artifact. An absence of evidence at present is a positive evidence for the absence of the phenomenon.

It is widely recognized that the terms "*Scythian*" and "*Sarmatian*" are multi-dimensional. For the Scythian kingdom described by Herodotus, Scythians were an empire that at for a generation included Medes, and in more static description included Greeks, half-Greeks, and Sarmatians that on Herodotus' scale were ethnologically indistinguishable from the Scythians, some land tillers, some forest people, nomadic Acatyrsi Scythians, and so on. Some vague folks were just called Budini, in Türkic a term for a human mass, perhaps a Finnic tribe [*"Old Türkic Dictionary"*, Ed. Nadelyaev V.M. et al., 1969: "*budun/bodun/boðun/boiun*" = population, subjects, people]. Like any other empire in the world and at all times, the Scythian empire had a ruling ethnos (now politely termed "titular") and subject ethnoses, and thus the "imperial" Scythians were likely multi-lingual and multi-cultural. Presumably, that does not make Scythians themselves ("*proper*", or "*per se*") linguistically, culturally, and traditionally any more

amorphous than, for example, Bourbons in five centuries made Europe amorphous.

When the Scythians were pushed to retreat, and their empire shrank to a kingdom and to smaller principalities, they were reduced to the Scythians proper, fairly homogeneous in their language and culture. It would be dead wrong to state that the European Scythians in a millennium did not absorb linguistic and cultural influences of their neighbors, that the Scythians neighboring Greece did not become somewhat Hellenized, neighboring Illirians - Illirianized, and so on till we pass China. Some were totally assimilated, lost their ethnic identity, culture, and original language, while others prevailed in the melting pot and became Tabgaches (Tuoba in Pinyin), Empire Wei, and a dozen of other Chinese "dynasties", while the third group carried the nucleus of their culture and language into the modern times.

In the last 20 years (1990-2010), the Scytho-Oseto-Iranian Theory has been retreating, first allowing a presence of non-Iranic elements among the Scythians (treating Scythians in the "imperial" mode), then stipulating multi-cultural and multi-linguistic people (still treating Scythians in "imperial" mode), thus preserving the Iranic prevalence, and finally retreating to a position of non-Iranic Scythians ruled by a great Iranic dynasty (treating Scythians in "proper" mode). This series of metamorphoses yields only to the facts, not to the theory and not to the opponents, and the retreating process went bit by bit, yielding only as much of the conceptual territory as the facts forced it to yield, and without overt recognition that the yielding was to the particular ethnicity against which the whole Scytho-Oseto-Iranian Theory was concocted. For the purposes of the following argument, the Scythians are solely the Scythians proper, without any mixing or non-Scythian nationals to confuse the subject.

In the world prior to the 1700's, the Scythians were known in Europe only from the works of the ancient writers, principally Herodotus. At that time, the accepted wisdom was that the Herodotus' Scythians were precursors of the Türks, with the Türks branching into Slavic, Mongol, Finnish, Baltic, Ugrian, and other unspecified variations. There was a 2-millennium-long string of historical references linking Herodotus' Scythians, Assyrian Ashguzai, and the Hebrew Ashkenazi with the Türks, it was not a scientific concept, but common knowledge. This knowledge was not based on archeological discoveries and artifacts, anthropological measurements, or biomarkers of modern science. It was fed by the utilitarian needs of the rulers, trade, war, and at times religion. There was a need to communicate with Cimmerians, Scythians, Sarmatians, and Türks. Statesmen had their emissaries, translators, interpreters, and scribes, their storage of records, and schools to prepare diplomatic staff. On the proficiency and perpetuity of the diplomatic system depended fates of the rulers and

countries; and the palace chroniclers and poets had to record for posterity the affairs with the foreigners.

On encountering a new intruder, rulers had to search in their cellars for the right tools, and meet the new challenge by utilizing whatever expertise was on hand. Thus, it came down to us through the ages that Cimmerians and Scythians were somehow related, that Scythians and Sarmats were somehow related, that on the western front, Scythians and Sarmats were somehow related with Huns and Avars, then with Bulgars and Bechens, then with Kipchaks and Oguzes, and finally with Tatars. On the southern front we have Ashguzai and Saka, then Saka and Hunas or Chionites, then Hunas, Masguts, and Savirs. On the eastern front we have Kangars, Huns, Usuns, Tokhars, and Türks in general or chopped down to a tribal level.

By the 10th c. AD, the Cimmerians, Scythians, and Sarmatians were long gone, but the diplomatic tradition, reflected in chronicles and histories, kept recollecting the old knowledge, applying the old term to the new and new players crossing the thresholds of the states. Every new intruding rising power, if it did not absorb the existing state apparatus, started history from the moment of its rise; so the Medes started with Saka, ignorant of the Ashguzai; but their literate Greek neighbors have Medes ruled over for 27 years by the Scythians/Ashguzai, while the Medes call the same Scythians Saka. In the east, the Hans started with Huns, holding them to be Juns, who previously were also called Zhou. Or Zhou belonged to the Juns (Latinized as Rong in Pinyin). Once the new power coheres and bureaucratizes, the continuity sequence restarts, the Huns are connected with Se (Saka), the Se with the Türks, and from there it is a breeze.

In the flow of the diplomatic events, when rulers encountered newcomers, the traders were a pool of knowledge. The traders had to bargain, place orders, and specify quality and quantity of goods; they had to deal with every tribe and principality along the way; they had to know who is who and how to deal with everyone; they were a pool of linguistic and customs knowledge, always ready to be called upon in time of need, to advise on how to communicate with the strangers, or fill in as foreign service staff when nothing better was available. Historians used the eyewitness accounts of traders and travelers, and that's how it came to us from the lips of the historians.

Then there was mercenary nomadic cavalry serving in every army of the Eurasia. The courts had to deal with them, sometimes on a very intimate scale, because a number of rulers used nomadic mercenaries as their Praetorian Guard. The times were changing, the rulers changed, nomadic tribes changed, but the communication between the rulers and mercenaries remained continuous and permanent.

The courts had an intimate knowledge of the nomadic languages, and when the ancient writers tell us who is like whom, it should not be taken lightly, or dismissed offhand because the ancients were confused and had no clue. They were not confused, and they did have clue. Their knowledge came to us that Scythians were precursors of the Türks, and that was how we entered the Modern Age.

Before the Northern Pontic area fell into the lap of the Russian Empire, there was no known nomadic archeology to contend with. And only when the spectacular kurgans and their contents became known in the West, the question of their attribution came to the attention of the Western scientists. Archeological excavations in the 19th c. have shown that Herodotus and other historians faithfully recorded specks of the Eurasian peoples' history. Archeological excavations created a tremendous opportunity to analyze and absorb the newly found predecessors into the "we-world" of the then Western Europe.

Early in the 19th c., Heinrich Julius von Klaproth (1783-1835) was commissioned for ethnographic expedition to the recently seized portions of the N. Caucasus, in 1812-14 he published "*Reise in den Kaukasus und nach Georgien unternommen in den Jahren 1807 und 1808*" (I-II, Halle and Berlin, 1812-14) with an appendix, entitled "*Kaukasische Sprachen*", where for the first time von Klaproth formulated a hypothesis of Scytho-Sarmatian origin of the Ossetic language. At that time, the Georgian term Ovs covered numerous tribes north of Georgia, including the Türkic Balkars and Karachais, called Ases by the Irons and Digors. In his 1822 work, von Klaproth completed the sequence Scytho-Sarmatians > Alans > Ossetes ("*Memoire dans lequel on prouve l'identite des Ossetes, peuplade du Caucase, avec les Alains du moyen-age*" ("*Nouvelles annales des voyages No 16*", 1822, pp. 243-56).

K. Zeiss furthered that hypothesis with a publication in 1837; based on the religion and territory of the Persians, and common Scythian and Persian words, he suggested to identify Scythians with the Persian-lingual tribes. The sequence was completed by the prolific writer count Vs. Miller and philologist V.I. Abaev (Abaev V.I., 1949, "*Ossetian language and folklore*", Moscow-Leningrad). The Scytho-Osseto-Iranian Theory was officially canonized in the USSR, with a corollary that the Türkic people in Europe were a mass of invaders asking for ethnical cleansing. At the end of the WWII war, in preparation of a campaign against Persia and Turkey, all Muslim "invader" peoples were deported from the Caucasus and Crimea, taken from their paradise valley homes to the cattle cars, and dumped in the Kazakhstan semi-desert.

V.I.Abaev's work was introduced in the western linguistical publications, and his conclusions were widely accepted by the Western linguistics, although his work has never been translated into the western languages. The greatest pearls of the

V.I. Abaev's book did not gain linguistic appreciation: that Ossetic lexicon is 80% non-IE, that only about 10% of the Ossetic lexicon belongs to the Iranian family [Abaev V.I., 1949, "*Ossetian language and folklore*" p.103: "Hence we have about 20 % of elucidated Indo-European words (*i.e.* 10% Iranian IE and 10% non-Iranian IE - *author*). ... from the major languages of the Near East Asia: Arabian, Persian, Turkic and Georgian...the number of these words also reaches 800 (20 %).

Accepting for the remaining somehow "elucidated" words the maximal figure of 400 (another 10 %), we still have about 2000 words remaining, *i.e.* 50% of the dictionary not touched by the linguistic analysis (*i.e.* *the Caucasian languages, specifically the local language of the deported and not mentionable Nakhs-"Chechens" - NK*"), that the key linguistic properties of phonology [Abaev V.I., 1949, "*Ossetian language and folklore*" p. 25: "For the Indo-European languages these (*Ossetian-NK*) phonemes are alien"; p.96 "from the different angles, we witness that the correct presentation of the Ossetian phonetics cannot be made while ignoring the Caucasian-Japhetic (*i.e.* *non-IE - NK*) phonetic facts.

The attempt to reduce it all to the "Indo-European" can cause only that a number of the most interesting phenomena would end up outside of the sphere of the scientific research", agglutination, morphology, semantics [*Ossetian language and folklore*" p. 99: "we have well developed agglutinating declination, and each Ossetian case finds more or less exact typological equivalent in the declination of some of the Caucasian languages (*i.e.* *non-IE - NK*) with the same semantic meaning and the same syntax function"], and syntax [*Ossetian language and folklore*" p. 108: "We find a similar (*to Ossetic - NK*) picture both in neighboring Japhetic languages (*i.e.* *non-IE - NK*), and in the languages of the Finnish and Turkic groups" (*i.e.* *non-IE - NK*)] of the Ossetic language are not compatible with the IE and Iranian linguistic family [*Ossetian language and folklore*" p.95 "the scope and the importance of this non-Iranian both in the language and in folklore the Ossetes cannot be hidden from any researcher with the most superficial acquaintance"; p.95: "the number of facts in the Ossetian language which, because of the impossibility to connect them with the facts of the Iranian, Aryan or Indo-European, were until now left out from the circle of attention of the traditional linguistic school"].

Thus, forgetting phonology, agglutination, morphology, semantics, and syntax, if a name in Olbia happened to sound like an Ossetic word, there are 90% chances that Ossetic word is not Iranian, 80% chances that that Ossetic word is not IE, and 50% chance that it is Caucasian Adyge or Nakh word.

Besides lexicon, the agglutination in Ossetic as an IE language makes it a white crow: of the 450 IE languages, 440 are black sheep flexive languages, and about 10 held as IE are white crow agglutinative languages. If like Ossetic, they are

unrelated to IE in phonology, agglutination, morphology, semantics, and syntax, and carry 20% of IE lexicon, in a court of law they would retain their freedom only with an overly sympathetic jury. If Ossetic has anything to do with the Scytho-Sarmatian languages, any objective jury would conclude that the Scytho-Sarmatian languages were also agglutinative, like the Türkic or Nakh. As for V.I. Abaev's mastery in oblique phraseology, in 1949 in the Former USSR the deported Nakhs were not mentionable by sane people, hence the "Caucasian-Japhetic" euphemism.

Still, in the USSR the archeologists fell in line and defined their digs as Iranian-lingual Scythians and Sarmatians, archeological cultures were published as Iranian-lingual, the history was re-written in the umpteens time, and 200+ ethnic groups in Russian public schools were informed on the Iranian-linguality of the Scythians. Close to a hundred of these groups were of Türkic origin, the state was robbing their children of their own history on an industrial scale. From about mid 1950's to about 1990's, when teaching of history in the Former USSR was interrupted to re-write the history again, the Türkic teachers of Türkic children had to teach kids with a full knowledge that they are teaching a blatant, state-dictated, politically motivated lie.

There were alternate opinions, like those of K. Neumann, 1855 (K. Neumann, *"Die Hellene im Skythenlande"*, Berlin, 1855), who came to differing conclusions. G. Moravcsik in 1958 published his work that promised to decimate the new paradigm (G. Moravcsik, *"Byzantinoturcica II"*, Berlin, 1958). The alternate opinions managed to introduce a factor of inconclusiveness in the concept, but failed to impress the "consensus" of European scientific community into revising the upsurging concept. Some scholars hedged their opinions by qualifiers. Others dropped the shades and selected sides, joining the universal acquiescence of the Indo-European concept by the European scientific community. In the 1930's, the brilliant Russian school of Turkology was physically wiped out, and the half-baked replacement scholars had to follow the 1944 edict against "ancientization" of the Türkic history. There were opinions, but no voices, not even the kitchen table whispers. At the conclusion of his 1949 work, V.I. Abaev declared that any alternate opinions are unscientific, thus putting all potential improvident dissidents on notice.

The Dark Age did not end in 1960's with publication of the works of L. Gumilev and O. Suleimenov, who dared to break the cover of silence, against all odds the Scytho-Oseto-Iranian Theory is still a sole doctrine of the Russian Academy of Sciences. In the process, the ancient Iranians unwittingly gained brand new faces, they become flatter-faced, shovel-fanged semi-Mongoloids with somewhat Caucasoid appearance, with ladies a little more pronouncedly Mongoloid than the men. Welcome to the good company, my friends!

A separate Scythian-related question is the ethnonym Türk. If it came after a leader under that name, it happened many centuries before the name Türk became an ethnonym, and still more centuries before the name Türk became a politonym in the 6th c. The first known records of the Türks are millenniums older than the modern notions of the linguistic family and the ethnos termed "Türkic". "In the mid-first century AD (i.e., before 50 AD - NK), *Turkae* "Turks" are mentioned there (living in the forests north of the Sea of Azov - AK) by Pomponius Mela." [C. Beckwith (2009), "Empires of the Silk Road", p.115, K. Czegledy (1983), "From east to West", P. Golden (1992), "Introduction to the history of the Turkic people"]. This is smack in the middle of the Sarmatian territory, during the period of Alan leadership, when the Roman Empire just started paying an annual tribute to the Sarmatian Alans.

In the mid-first century AD the N. Pontic steppes were occupied by Sarmatians, the conglomerate of many European tribes headed by the Alan rulers, and among the many tribes already were the tribes of *Turkae* "Turks". The *Turkae* "Turks" are also mentioned in the "Natural History of Pliny the Elder (i.e, before 77 AD - NK), spelled *Tyrkae* "Türks". [C. Beckwith (2009), Ibid, p.115, D. Sinor (1990), "Cambridge History of Early Inner Asia", p. 285]". These Latin classical references to the Türks are direct and overt, and should be familiar to any proponent of any Eurasian ethno-linguistic theory, they should be complemented by the toponymic terms that are still mistreated as of unknown provenance or ascribed to Iranians against protestation of the Turkologists.

In the Middle Asia, in the land of Massaget (future Alans) Sarmats, in the Antique period are minted coins that use the word "Türk" as an adjectival synonym of the word "state" [A. Mukhamadiev, 1995, ("Linguoethnohistory of the Tatar people")]. Nearly simultaneously, Ptolemy places *Huns* and *Ases* in or around the present Moldova, into the territory populated by the Sarmatian Yazygs; he also places the Hunno-Bulgarian patently Türkic tribe *Savars* right in the N. Pontic seven rivers area in the headwaters of Don and Sever (*Savar* - NK) Donets, and places the Scythian *Agathyrs* around the Carpathian mountains contiguous with *Savars*, and located in the Yazyg territory. The ancient geographers throw a real monkey wrench into the machinery of the Scytho-Oseto-Iranian Theory, conflating Sarmats with the Türks, Huns, and Savars centuries before their alleged appearance in the Central and Eastern Europe.

From the historiographical standpoint, the body of the Scythian-related scientific publications is yet to be analyzed statistically, both retrospectively and as a running total. On the source study, vast layers of material remain unturned, for example the fundamental work of Agustí Alemany, 2000 ("Sources On The Alans" Universitat Autònoma de Barcelona, 2000) completely omitted Islamic sources,

which yet may add valuable information on the notion of Sarmatians. A retrospective statistical analysis of the Classical writers can provide a three-dimensional image of the references, and locate the centerline for the perceptions of the contemporaries, the perceptions so cavalierly dismissed by the architects of the Scytho-Osseto-Iranian Theory.

A running total of the genetic publications may give a “consensus” picture quite different from that advertized as “consensus of scientific community”, and it would have an advantage of reflecting the facts on the ground. For example, a cursory look on the references to the Türkic analogies pertaining to the Kurgan cultures versus the overall analogies tends to create an impression that the facts on the ground are unambiguously leaning toward the Türkic side, but a more accurate statistics may reveal a much richer picture. Statistically, the advertized “consensus” may not exist at all.

1. The key word here is documented vs ascribed. Among the Turkic people, the Kurgan burial tradition extends to the present. Except for the Turkic people, no other group has practiced Kurgan burial rite, which is an extension or rite of Tengriism. Documented are only Turkic people, the others are either cultural borrowings (Phillip, the father of Alexander; Rus princely burials, etc.), or ascribed to nations without documented evidence (Scytho-Iranians, Germanics, etc.). Cultural borrowings are easily detected, because as an alien tradition the kurgan burials do not extend to the body of the people, they only mark the elite, while the Turkic kurgan burials are a fabric of the national etiology, and the Turkic ordinary burials differ from the elite burials only in opulence.

In case of the Slavs, archeologists and anthropologists state in unison that no Slavic remains were found because the Slavs cremated their deceased, that shows that the Rus princes of Slavs were not Slavs, they were buried in a tradition alien to the Slavs. The most important attribute of the Tengrian burials, and least understood by uninitiated archeologists, are the provisions for travel: food in dishes, cart or horse for transportation, and a set of travel necessities that reflects the time and space, like whetstone, knife, bow and arrows, axe, and so on. Naturally, nobody sets out for travel naked, so the deceased are properly attired in their travel caftans, travel boots, bonnet hats, and belt carriers. It is well known that none of these typical Scythian, Hunnic, and Turkic funeral traditions can be found in the innate Indian or Iranian historical last rites.

2. The key word here is documented vs ascribed. The use of ochre in burial ritual, like in item 1, is documented only among the Turkic people, including today's Sakha and their ancestors yesterday's Kurykans.

3. Kipchak balbals typologically are identical with the Cimmerian and Scythian balbals. Two types of balbals are distinguished, one representing a deceased, and

the other representing his or her slain enemies. The first type is a sculptural depiction of the deceased, the second type symbolizes victories, and range from untouched slab (*menġü* in Turkic, *mengir/menhir* in English) to slightly touched to reflect a specific individual, usually a shape of his distinct hat. Until enough positively identified samples were accumulated quite recently, archeologists could not positively tell the attribution of the balbals, even now museum exponents carry a generic description "sculpture from nomadic kurgan" for both Scythian and Kipchak sculptures. No traces of the balbal tradition were ever found in Indian, Brahman, or Iranic ethnology.

4. Archeologists uniformly link the Scythian and Hunnic archeological cultures, denoting a common cultural and ethnological origin. The spread of the Scytho-Siberian culture is beyond anybody's imagination, the diagnostic hallmark of the culture is the Scythian Triad, found along a strip of 14 time zones. At the dawn of the Common Era, the whole length of the strip was populated by a continuum of the ethnically Türkic people, most of whom did not suspect that in the future they will be called "*Türkic*". Most of that length has no traces of Iranic archeological cultures.

The spread of the Seima-Turbino metallurgical province (1800-1500 BC) overlays the same territory, it is centered in the Altai, it reaches the Middle East on one end and China on the other. In the Middle East, it is attributed to the horsed nomadic tribes with transparently Türkic names recovered from the Sumerian cuneiform writing, Guties and Turuks, that happened to be allophonic with the Türkic Guzes and Türks; in addition to the names of the Middle Eastern horse husbandry people being nearly identical with the generic names of the Türkic tribes, they also wielded unique cast bronze axes with unique method of joint with the handle. Those were the same axes found zillions of kilometers away in the Altai area, and the same unique axes were found zillions more kilometers away in the Inner Mongolia and Northern China, in the territories populated by nomadic animal husbandry people [R. Bagley "*Early Bronze Age Archaeology. The Northern Zone*" (i.e. South Siberia - NK)//M. Loeuwe, E.L. Shaughnessy, eds "*The Cambridge History of Ancient China: From the Origins of Civilization to 221BC*", Cambridge University Press, 1999, p. 223)] whom the Chinese called Juns and Zhou. More than that, the Chinese word for the knife "*ge*", and Greek word for knife "*akinak*" happened to be allophonic and congruent with the Türkic word for knife "*kingirak*" that the ancient Chinese rendered as Zhou "*ching*" [G. Dremin "*Scythian Vocabulary*", <http://kladina.narod.ru/dremin/dremin.htm>, look for *akinak*].

5. Linguistic theory of V.I. Abaev (Scytho-Oseto-Iranian Theory) is a complete fake, Abaev eluded certified lexicon (quite a few words, by the way, including Caucas and Caucar for Caucasus, i.e. White Rockies and White Snow (tops) in ancient Scythian and in modern Turkic, like in Kapckoe Mope = Kar Sea = Snow

Sea), and instead used names from the Olbia graves, which ethnically could be anybody's graves, even if the paleography was correct, which is doubtful. The gravestones were demolished in the 19th c., so there is nothing to verify what was written on the gravestones, they could have been bi-lingual, but at the time no European scholar could foresee the discovery of the Türkic alphabet.

In modern science, the names as literary evidence are discounted, with the sole exception of the Scytho-Osseto-Iranian Theory. That means that we have documented literary evidence on the Scythian language, it has Turkic lexicon, and we have none of the Iranian or Indian lexicon. [Assyrian records, A.D. Mordtmann, "Über die Keilinschriften zweiter Gattung", ZDMG XXIV, 1870, p. 50; Classical records, G.Dremin "Scythian Vocabulary", <http://kladina.narod.ru/dremin/dremin.htm>, see review; http://s155239215.onlinehome.us/turkic/27_Scythians/ScythianWordListSourcesEn.htm]. Further more, for his Olbian reconstructions V.I. Abaev used the Digor language, the language that remains mutually unintelligible with the "Ossetian" Iron language which he ventured to prove to be Iranian. Just zeroing in on the strictly linguistic aspects of that linguistic theory flags out that the theory has neither a substructure, nor a superstructure to hold the hot air in.

6. In the millennia-long literary tradition, a drawn-out string of historical references specifically linked Herodotus' Scythians with various Türkic tribes, such as the Huns, Türks, Bulgars, Khazars, etc. Between 400 AD and the 16th century the Byzantine sources use the name Σκῆθαι in reference to twelve different Türkic peoples, the overall number of such references in the Byzantine sources, counted by G. Moravcsik, is astronomical, numbering in thousands (G. Moravcsik, "Byzantinoturcica II", Berlin, 1958, p.236-39). The Scytho-Iranian Theory makes a joke of itself and its subject by ignoring the two millennium-long continuous experience of the foreign affairs department at the Byzantine court, its staff of interpreters, its spies, informers and scribes, and making light of the experience of the Byzantine and Roman diplomatic corps who were intimately familiar with the Persian, Parthian, and Scythian languages and their temporal variations, and never identified Scythian with Iranic or even with the Sogdian languages.

In the Near East, Scythians were called Ashguzai (Assyrian and related records) and Ashkenaz (אֲשְׁכַּנַּז 'šknz and אֲשְׁכַּז 'škuz, Hebrew, Biblical records, pl. Ashkenazim), identified solely with the Türkic tribes, including the Judaic Khazars who migrated to Germany. The transparent Türkic-based etymology of the ethnonym *Ashguzai/Ashkenaz* is Tribal People *As-kiji* or As Tribe *As-guz*, where *As* is a generic word for "tribe" and a tribal ethnonym, *kiji* is "people" and *guz* is "tribe"; this is conventional and oft-repeated scheme of naming Türkic tribes, with uncounted examples. In modern times, Ossetians call their Türkic Balkar neighbors with an ethnonym *As*, and *Ases* are known to be members of the Türkic Kaganate. The European and Near Eastern evidentiary records on the

Scythians mutually corroborate, they are consistent each with other, and point amply to the Türks, completely excepting Iranians, Persians, Khorasanis, and everybody else deemed to be Iranian and located within the ancient European and Near Eastern horizons.

7. The Biblical literary tradition, shared by the Christians and Moslems, directly connects the righteous progenitor Noah (Koranic Nuh) with the Scythian Ashkenazim, and Ashkenazim with the Türks. The canonized version of Genesis in the Bible lists Noah's son Japheth, grandson Gomer (*the Hebrew form of Cimmerian* - NK), and great grandsons Ashkenaz (*Biblical Scythians* - NK), Riphath, and Togarmah (*Biblical Tokhars* - NK). The letter of the Khazar Kagan Joseph traces Khazar's ancestry to the Noah's third son Japheth, then to the ancestor of all Türkic tribes his grandson Togarma, and his ten grand-grandsons Uigur, Dursu, Avar, Hun, Basili (Balkars - NK), Tarniakh, Khazar, Zagora, Bulgar, and Sabir. The Biblical account is weightily corroborated by modern research, the popular among the Siberian peoples haplogroup Q is abundant among the traced to the Türkic Khazar descent Ashkenazi Jews, and their distinct alleles are conformally dated by not more than a thousand years back*. Linguistic evidence also supports the Biblical account, the Mayan tribes of the American Indians, who belong to the haplogroup Q, were found linguistically connected with the Türkic linguistic group. This line of corroborating literary, genetic, and linguistic evidence leaves no wiggle room for the Scytho-Iranian Theory.

(*Indeed, a common ancestor of Jewish bearers of haplogroup Q lived 675±125 years ago [Klyosov, A.A. (2008) *Origin of the Jews via DNA Genealogy. This Proceedings, vol. 1, No. 1, 54-232*] – Comment by the Editor)

8. Since the Scytho-Iranian Theory was exclusively linguistic undertaking in conflict with history, literary sources, archeology, anthropology, odontology, and ethnology, the linguistic evidence is the most weighty counterargument. Linguistic comparison of IE and Altaic (read: Turkic) pra-lexicons [A.V. Dybo, "*Pra-Altaiian World According to Comparative-Historical Linguistic Semantic Reconstruction (abstract)*" <http://altaica.ru/LIBRARY/semrec.htm>] found that pra-IE does not have lexicon for mounted riding, instead pra-IE has riding carts and chariots, while the pra-Altaiic has developed vocabulary for mounted riding. The core of the pra-Altaiian economy was seasonal pastoralism, or developed seasonal hunting with a corral component, it has terms with horses and riding; the role of agriculture was less significant. In the Proto-Altaiic, the terminology of clothing and footwear is more differentiated, for example, it contains the names for pants and kneeguards (associated with horse riding), which the PIE does not have.

The mobile pra-Altaiian has more terms related to the boats/rafts (e.g. *salla* in Turkic, *sail* in English). The core of the pra-Indo-Europeans' economy were agriculture and well-developed sedentary pastoralism. There is a sea of

difference between sedentary pastoralism and nomadic pastoralism not only in the skills and technology involved, but also in drastic difference in the types of the herd animals, one can drive horses, cows, sheep, and pigs around the village, but one can't drive them across a waterless steppe range. The lexical evidence excluded the possibility that the IE people were engaged in nomadic horse husbandry, which is impossible without super cowboy-type lifestyle of the Eurasian nomads, excluded that IE people could drive huge herds of horses for thousands miles between summer and winter pastures, live in mobile home wagons, or knew the technique of portable yurt construction.

The pra-IE reconstruction does allow for horse terminology, for stable maintenance of horses, their local pasturing, cart riding, and terminology associated with sedentary horse husbandry, that culture reached Middle East that already had donkey husbandry technology, but any IE horse husbandry that reached the Indian subcontinent was somehow copiously lost among the local Indo-Arians. India did not know the culture of horses until the migration of the Saka (Ch. Se/Sai/Sæk) Scythians a millennium after the arrival of the Indo-Arians.

9. The mobile nomadic society with mobile property can't survive without codified means to identify and authenticate property. Such identification is provided by tamgas. Systematic historical cataloguing of Turkic tribal tamgas is documented from the 8th c. on, the tamga markings and whole "tamga encyclopedias" are registered across Eurasia, most of the Turkic nations, and only the Turkic nations have retained their historical tamgas, some peoples preserved their tamgas to a clan and family level. Archeologists specifically identify the ancient tamgas with the Eurasian nomadic pastoralists, and among the Turkic people this trait has survived through the Christian and Islamic periods, while the Indo-Iranians, Indians, Persians (non-Turkic), and Brahmans have no historical recollection of the tamgas in their past. Specialists figured out the development of tamgas between branches and generations, making tamgas a tracing tool.

The traditional Scythian territories of Crimea and Dobruja are notable for the wealth of their tamgas. As with the elite burials, tamgas among the other ethnicities are either cultural borrowings (some recorded dynastic tamgas), or they are arbitrarily ascribed to nations without a thread of documented evidence (e.g. "Iranian-lingual"). Unfortunately, explorations of uncultured archeologists wiped out most of the unknown "primitive" markings from the pages of history, some of the greatest discoveries were saved by a chance encounter of a learned professional.

10. Europe, and the European languages carry a heavy load of Turkisms, many of which are explainable by their Scythian origin. Ironically, that can't be said about Iranian languages, whether Eastern or Western Iranian, Southern or Northern Iranian, or even Ossetian with its sprinkle of 10% Iranian lexicon. While the ancient Turkisms of possibly Scythian and Cimmerian origin are noted in the Frisian,

Camry, Vulgar and proper Latin, Germanic, English, and Romance languages, Scythians and Cimmerians did not leave a trace of Iranian languages in these European languages, at least no trace is recorded in the linguistic literature.

The same observation is true in other areas ascribed to the Iranian speakers in the huge territories of the Eurasia steppe belt of the pre-Scythian times, the various languages of the people in those territories are notable for the absence of any Iranian traces in their languages. Not only the toponymy of the Central Asia is predominantly Türkic, the traces of the Middle Persian language there date to no earlier than the Sassanid period. The reconstruction of the Sogdian language, the language of the settled population in the Central Asia, leads not to a proto-Iranian language ("proto-Eastern Iranian") ascribed to the Scythians, but to the post-Scythian Old Persian language of the Iranian Plateau. Once again, the Iranian language of the Scythians is nowhere to be found.

11. Few inscriptions found in kurgans or adjacent settlements were written in runiform alphabet and read in Türkic languages. Among such inscriptions with known provenance is the Issyk inscription found in the grave of a presumably Saka prince (500 BC), alphabetic characters found in the Hunnic princely grave (13 AD), inscriptions of the Humar fortress in the Caucasus (ca 10th c.), and inscription from the Samara Bend city (ca 10th c.). In spite of the scarcity of the preserved inscriptions, they substantially complement other written materials in Türkic runiform scripts in the Kurgan culture territories, facilitating cross-reference and reading.

12. No nation with lactose intolerance could have survived nomadic diet of milk and meat. Infants would have died out even in good years, and there was no substitute for nomads following their herds. Iranians and Indians (and Chinese) are known for their lactose intolerance. This is a very weighty argument, the Brahmins did not bring to India neither their kurgan burial tradition, nor their nomadic lactose tolerance, ditto Iranians to the Iranian Plateau. They were grain-eaters. Genetically, lactose tolerance is an abnormal deviation among humans, it is known to arise twice within two unrelated human populations, with two independent genetic modifications that propagated within two non-agricultural pastoral economies. The estimated duration to get 50% lactose tolerance is 6,000 years, and even Mongols, who switched to animal husbandry at about 200 BC, have only about 50% tolerance.

(The question of the origin of lactose tolerance is a controversial one, in terms of when, where, and which population was the first to be able to consume milk without suffering lactose intolerance. Itan et al (2009) have considered the present-day frequency of 13910T allele which signify a polymorphism strongly associated with the ability to produce lactase in human organism and, hence, digest lactose and therefore painlessly consume milk by adults, and concluded that the origin of this SNP in Europe was about 7500

years ago, in a region between the Balkans and central Europe. This would be inconsistent with the Turkic origin of lactose tolerance. However, lately two more works have been published which shed more light to the problem. Lacan et al (2011) have found no 13910T in excavated bones of bearers of haplogroups G2a and I2a1 (20 and 2 in 22 samples respectively) in la grotte des Treilles in South France, dated 5000 years ago. It is consistent with the data that R1b have appeared in the Pyrenees little later, 4800 ybp (years before present), and it was them who brought lactose tolerance SNP (and the respective lactase gene) to Europe. A few month ago a new study was published which found that 27% among excavated bones in the Basque country in the Pyrenees, dated 5000-4500 ybp, carried 13910T SNP (Plantinga et al, 2012). It fits again to the hypothesis that it was R1b who brought lactose tolerance to Europe, and that R1b belonged to the proto-Turks in Asia some 16,000-6,000 years ago – Comment by the Editor)

13. Anthropology and demography recognized importance of safe drinking water for the survival of humanity, and defined two methods of disinfecting drinking water that divided humanity into two sundered camps, boilers and alcoholics. Boilers disinfect their drinking water by boiling, they developed the culture of tea; alcoholics disinfect their drinking water by mixing it with fermented products, they developed the culture of wine, beer, koumiss. However important was the safe drinking water for sedentary populations, tied to the same water sources for generations, it was even more important for the nomads that had to cross desert tracts as a routine part of their economy; a murrain of the horses could be tolerated, but epidemic among shepherds ensues a disaster.

The sparseness and isolation of the nomadic population exaggerated the problem: an epidemic involving only few dozen people on the march, driving their herds to the remote pastures, could wipe out a whole clan. Scholars accurately divided the sedentary world in respect to the water disinfection, but the nomadic landmass largely escaped their scrutiny, and the role of fermented milk drinks in carrying on cultural and technological exchanges between sedentary isolates so far remains in a shade. The ancient writers mention fermented koumiss, also spelled out as fermented mare milk, as a drink of the Scythians, Sarmatians, Huns, Türks, and anything in between and afterwards, the Türkic koumiss tradition belongs as much to the modern times as to the 1st mill. BC.

The Türkic diluted koumiss is called *airan*, it is lactose free, and can be used by sedentary people noted for their lactose intolerance, in Iran it is called *doogh*, and is drunk equally by its Türkic and non-Türkic population. Notably, in contradiction with the Scytho-Oseto-Iranian Theory, the Indo-Arian India belongs to the boiling world, the Indo-Arians did not bring the most essential horse nomadic sanitary tradition to the Indian subcontinent. The “Ossetes” have no part of it, while the distinctive feature of the neighboring Karachai-Balkarian kitchen is koumiss, along with the typically Scythian fare of the horse-flesh, foal shashlik “kazi” etc.

The “Ossetian” Digors, however, have little to do with the “Ossetes”, not only the “Ossetes” do not understand the Digor language, are Christians versus the Moslem Digors, but the Digor cuisine is also distinct from the “Ossetian”, it is the cuisine of their neighbors Türkic Balkars, with koumiss and horse-flesh. This distinction goes to the past, in 1779/1783, Jacob Reineggs identified Digors with Bulgarians-Utigurs, Besse singled out Digors for a close kinship of Digors, Balkarians, Karachais and Hungarians. In China, fermented koumiss is an isolated tradition of the Türkic pastoralist minority there, the sedentary agriculturists there keep drinking solely boiled tinctures. Neither Chinese, nor Indians had a prohibition against the airan-type drinks, and in Muslim countries it was allowed under Sharia, thus excepting a possibility of the alien tradition suffering from ideological injunctions.

14. Had anybody ever see a blond Brahman, Indian, or Persian? Chroniclers repeatedly mention light-haired Turkic tribes of different provenance (Tele, Usuns, Kipchaks, etc.). Apparently, the genes for the light hair and eyes accumulated among the northern Turkic people who coexisted and admixed with Fennic people, that admixture is reflected in the proportion of the haplogroup N among the Turkic people. The Caucasoid remains found in the Altai royal kurgans, and the Caucasoid remains found in the Tarim basin were all found to be consistent with Uigur or South Siberian Türkic population [http://s155239215.onlinehome.us/turkic/60_Genetics/ThorntonSchurr2004-OJATarimUigurGenetics.pdf].

At the same time, in all chronicles that describe Brahmans, Indians, or Persians, descriptions never mention that "Brahmans are blonds", or that they are notable for their light eyes. Ditto for the Indians. Ditto for the Persians. Solely for the Western Iranian people (excluding Kurds, Lurs and Bakhtiari), anthropological descriptions for the Iranic people do allow some Near Eastern type dull green eyes and 7% non-black or dark brown hair, an obvious admixture to their genetic pool. No wonder, these people lived with the Semitic and Near Eastern Guties, Turuks, and other nomads for 2.5 millennia, plenty of time to gain some variety while preserving their core phenotype. On trekking across Central Asia, the Indo-Arians conceptually could not totally lose their blondish genetic phenotype, and also all the hallmarks of the traditional nomadic economy and culture, all the while preserving their Arian language an intact virgin.

15. Nearly all remains in the kurgan burials were found to be of Caucasoid-Mongoloid admixture with clinal distribution of Mongoloid component receding from the east to the west - Bouakaze, 2009, http://s155239215.onlinehome.us/turkic/60_Genetics/TeleGeneticsBouakaze2009En.htm; Keyser, 2009, http://s155239215.onlinehome.us/turkic/60_Genetics/TeleGeneticsKeyser2009En.htm. Non-admixed Caucasians are rare and noted by archeologists as atypical addition to the local population. Neither the Aryan, Indo-Arian, Indian, or

Persian studies ever identified any notable fraction of Mongoloid admixture in their make-up. On top of that, their inhibitions do not allow Mongoloid admixture, and their marriage traditions preclude the massive penetration of Mongoloid traits into the bulk of their population. That is confirmed by genetic analyses, the few thousand Mongols of the Chingizid Persia did not leave significant genetic imprint on the Persian population, the nomadic armies that ruled India did not leave significant genetic imprint on the Indian population, and the Caucasoid-Mongoloid descendents of the kurgan burials are not traceable in the Brahman caste.

16. The flood of recent genetic studies of the kurgan culture internments clearly left the Indo-Iranians outside of the picture. A simple statistical compilation of the genetic cognates leaves Turkic people squarely in the center (Tuva, Kazakh, Altaians, N. Altaians i.e. Kipchaks, Teleuts, Shors, Turkish, Sakha-Yakuts), with fringes occupied by Fennic Mansi, Tunguses, and Portugese, and the rest are framed into a wreath of murky definitions like Paleo-Siberian, Asiatic, Central Asian, and North-Eastern Asian, which likely describe the very same core group and fringes. Notably, two studies of Andronov culture kurgans brought up mixed Caucaso-Mongoloids and blue eyes - Bouakaze, 2009, http://s155239215.onlinehome.us/turkic/60_Genetics/TeleGeneticsBouakaze2009En.htm; Keyser, 2009, http://s155239215.onlinehome.us/turkic/60_Genetics/TeleGeneticsKeyser2009En.htm. Nowhere under the blue sky are mentioned any genetic Brahman Aryans or Iranians close to the kurgans. A small fraction of Indians is mentioned in one study, confirming millennia-old alliance of Central Asian nomads and Indians, especially visibly reflected in the Buddhist influence in the earliest recorded Turkic toireutics [C. Lalueza-Fox, 2004, http://s155239215.onlinehome.us/turkic/60_Genetics/CentralAsian13BC-1BC_gensEn.htm]. The sparse and open nomadic population did absorb some input from huge Indian human mass, but the reverse is not true, except for the ethnic isles in India (e.g. Gujratis, Jats) and in Afganistan-Pakistan (e.g. Duranies, Saka clan of Pashtuns) the nomadic admixture was statistically insignificant to affect the indigenous population on the Indian subcontinent as a whole.

(Many of the mentioned populations are, at least in part, bearers of haplogroup R1b, such as Tuva, Kazakh, Altaians, Teleuts, Shors, Uighurs, Kalmyks, Khakasses) [Klyosov, A.A., 2012, Advances in Anthropology, vol. 2, No. 2, pp. 87-105] - Comment by the Editor)

17. Of the nominally 82 distinct Turkic ethnic groups, many of which consist of distinct subgroups that are separate ethnicities in their own right, only a smaller portion has been genetically examined, and of those only a small portion was examined comprehensively. However, the available picture provides sufficient information to depict an exceptional picture. The spectrum of admixtures across

the range of the genetic portraits is consistent with the literary and archeological Eurasian spread of the Scythian and Sarmatian people, among the Türkic phylum it includes characteristic genetic lines innate for Tunguses, Mongols, Chinese, Kamchatkans, Eniseans, Fennic people, Tibetans, Indians, Caucasian peoples, Balkan peoples, Slavic peoples, West European, and Scandinavian peoples. That Eurasian genetic spread of admixtures, although still with essentially incomplete inventory, can't be matched by any other group in the Eurasia, and specifically by the people tapped in the construct of the Scytho-Osseto-Iranian Theory [Graphical images: Türkic Genetic Charts]. The Türkic genetic picture is perfectly consistent with the literary records, myths and sagas, archeological, anthropological, and ethnological evidence.

18. Two facts are well-established, one that the Scythians originated in the Altai area and moved to Europe from there. It was established by tracing the route of the Scythian kurgans [Alekseev A Yu. (2001), *Chronology of Eurasian Scythian Antiquities Born by New Archaeological and 14C Data* // Radiocarbon, Vol .43, No 2B, 2001, pp 1085-1107], and the other that Amerindians descended from the Eastern Eurasian peoples. Naturally, the IE people originated in the Western Eurasia, their Indo-Arian branch trekked eastward to the Indian subcontinent and the Near East from the Eastern European Plain after 2000 BC, they predictably should be genetically different from the Amerindians, and predictably some Siberian and Eastern Eurasian people would share some markers with the Amerindians. This obvious foresight found confirmation on both sides. The mtDNA Hg X is a suitable marker restricted to the northern Amerindians, including Ojibwa, Nuu-Chah-Nulth, Sioux, Yakima, and Na Dene-speaking Navajo (Brown M.D. et al., (1998) "mtDNA haplogroup X: an ancient link between Europe/ Western Asia and North America?" // Am J Hum Genet 63 pp.1852-1861). The historical Indo-Iranians do in fact lack the mtDNA Hg X, while it is present, first of all, in the Türkic Azeri population (4%). It also shares the appellation As-People of the Ash-guzai Scythians, and also happened to live in the historical Scythian Sakacene in the territory of the modern Azerbaijan. Then it is present in the Türkic Bashkir population (4%) that straddles the Ural mountains. Also it is present in the Türkic Chuvash population (1%) that now straddles the Itil/Volga middle course; then it is present in the Türkic Nogai population (4%) that migrated to the Eastern Europe from the Central Asia in the course or after the Mongol conquest; then it is present in the Türkic Turkish population (3%) that generally migrated westward from the Central Asian Oguz Yabgu state early in the 11th c. AD.

The genetic marker is consistent with the linguistic observations, it was found that the agglutinative Na Dene languages share some basic lexicon with the Türkic languages. What is especially interesting, the mtDNA Hg X appears to be a female companion of the male Y Hg R1b, its spread duplicates the 3rd mill. BC route of the Hg R1b from the Eastern Europe by circum-Mediterranean and

overland routes to the Western Europe, with some traces left in the area between the Middle Asia and the Near East by the Scythian, Hunnic, and Türkic horse riders.

Under the Scytho-Iranian Theory, the picture would not be so decisively black-and-white, the Indo-Arians would be obligated to share at least some of the Türkic and Amerindian traits. The biggest problem of the Scytho-Iranian Theory is in its utter inability to predict future developments, like the results of the Scythian kurgans' C14 radiocarbon tracing, the Türkic-Amerindian-Ash-guzai Scythian genetic links, or the phenomenon of Hg X appearing in the west of the Eurasia and in N.America. It is a backward-looking solely linguistic theory, with a myopic time limits horizon within the 17th-20th cc. on the outside.

19. Anthropological studies invariably uncover Caucaso-Mongoloids from the oldest to the newest uncovered kurgans. No kurgans of any time period found population free of Mongoloid admixture. Odontological examinations corroborate craniological studies, and like the craniological results they indicate a growth in the proportion of the Mongoloid component starting in the 1st mill. BC that amplified the initial Mongoloid contribution. In the vicinity of the Aral Sea, along the Central Asian rivers, the original population was Uraloid (read: Fennic, i.e. originally East Asian); aridification at the end of the 2nd mill. BC displaced the Central Asian Uraloid population to the north, to the Urals and northern Central Asia, likely adding their Uralic genes to the genetic pools of the Andronov culture.

Linguistic speculation on the fate of the Central Asian Uraloid population does not exist, but it is unlikely that anybody will ever suggest that the distinct Uraloids were IE speakers. The 2nd mill. BC was the time of opposing migrations, part of the N.Pontic agrarian population was migrating south-east across Central Asia to the Iranian Plateau and Indian subcontinent, and the Central Asian pre-agricultural Uraloids were migrating north and north-east toward the forest-steppe belt.

20. The maps of the modern Eurasian and European blood group distribution shows a clear dividing line cutting the Eastern Europe into northern and southern halves. The northern half of the Group B allele runs latitudinally across the Moscow latitude along the archeological line that separates kurgan burials zone south of the Oka River from the Fennic area north of that line. The southern half, where the frequency of the Group B allele exceeds 15%, runs across Ural mountain range in the east to the Hungary in the west, abutting the Black and Caspian seas, and extending deep into the northeastern Caucasus area almost reaching the modern Iran, it closely matches the historical belt of the Scythian, Sarmatian, Hunnic, and Turkic tribes.

The modern Eurasian distribution of the Group B allele maxes out in the meridional center of the Eurasia, with the highest values coinciding with the map

of the Ephtilite state, Middle Asia, and extending via historical lands of the Turkic Tele tribes east of the Ural mountains all the way to the Kar Sea. The blood group B is not a Mongolic trait. Notably, the elevated levels of blood group B in the north-east of the Western Europe coincides with elevated traces of Turkic languages in the same areas. The blood group B distribution is consistent with the Turkic Scytho-Sarmatians, and can't be explained with the Scytho-Iranian Theory, which obviously would generate a drastically different distribution.

21. Hippocrates, *"De Aeris, Aquis et Locu"*, lib. iv., and Strabo noted a weird practice of artificial cranial deformation among the Scythians. Same practice is extensively documented among Sarmatians, and its traces are documented in the area of the Central Europe that Ptolemy called "Sarmatia". The *"Smithsonian Report"* for 1859 published an article by Prof. A. Retzius that describes that the custom of artificial cranial deformation still existed in the south of France (which were lands of Burgundian horse nomads) and in parts of Turkey. That custom was described among the Kushans, Huns, Avars, Kangars, Bulgars, and Türks, and among other Türkic people. Notably, that custom was also observed among R1b people in Egypt, both the skulls of Tutankhamen and Nefertiti were artificially deformed. That custom was not documented among the Indo-Iranic people; more than that, the *"Encyclopedia Iranica"* emphatically declares that Iranian people did not practice artificial cranial deformation. The custom of artificial cranial deformation is extremely ancient, it was noted on the Neanderthal skulls.

22. Chinese chroniclers noted very specifically the nomadic dress, with bashlyk bonnet hat and left-lapel caftan and leather boots and waist belt. No ethnographic description of Brahmins, Iranians, Indians, etc. ever noted bashlyk hats, but to these days they are the national dress in Kazakhstan, Bashkiria, and everywhere else where we have ethnographic evidence on the Türkic people. The bashlyks of the modern Russian generals arise to the Cossack bashlyks that is an inheritance of their Türkic past. The symbology of the nomadic belts is paramount throughout millennia, from the Scythian monuments to the present pastoral Turkic and Mongolic population, although in modern times belt as a tool shack is replaced by automobile trunks. As far as the Indo-Iranians are concerned, on the ancient pictures experts discriminate them from the Turkic people precisely by their distinctly different attire incompatible with the depictions of the Scythian and Türkic traditional dress. Notably, the Türkic attire, together with its terminology, became a typical dress for the Slavic peoples to a degree that it is rated as inherently Slavic, which makes Slavs incompatible with the Indo-Arians in this one ethnological aspect.

23. From the first historical records, a sequence of nomadic warriors served as mercenaries under the general names of Scythians, Huns, and Türks. No small or great empire in Eurasia escaped paying tribute to the mounted nomads and enlisting them as mercenaries. The Alexander sarcophagus of the 4th c. BC depicts Greeks fighting Persians, and all "Persians" uniformly wear Scythian (or Kazakh, or Bashkir) bonnet hats and riding boots, the Persians proper are nowhere to be found there; it also depicts a Parthian shot two centuries before the Parthians entered the pages of history. Until the Modern times, no army of sedentary agricultural states could resist the cavalry armies, and no empire could master a cavalry force compatible with the Scythian, Hunnic, or Türkic armies, or compete with their military aptitude, and that includes the states of Indo-Iranians, Indians, Persians, and the forces of the Brahmans. The continuity of methods, organization, strategic and tactical maneuvers, arms, training, dress, military aptitude, and trustworthiness of the Scythian, Hunnic, and Türkic mercenaries makes them uniquely distinct across time and Eurasian space.

24. Huns, Türks, and Scythians demonstrate an amazing congruence of their geographical and political development. At the dawn of the historical period, when literacy was limited to the Middle Eastern area of the inhabited world, the people called Kang left their footprint in the space spanning from the Middle Asia to the Middle East. A millennium later, in the historical period, Scythians ventured from their states in South Siberia and Tuva to establish their states in the Middle East and N.Pontic area. In the next historical period, Huns established their state covering South Siberia and Tuva, reaching from the Middle Asia to the Far East, and eventually establishing a state in the Eastern and Central Europe. A few centuries later, in the same geographical space the Türks stretched their Türkic Kaganate state from the Central Asia to the Eastern Europe, while their Türkic opponents established the Avar Empire, Bulgar Empire, and Khazar Empire that extended from Volga to Central Europe and Balkans. All these expansions, in addition to the temporal symmetry, have a common denominator: these people were horse-mounted warriors, they produced vast herds of horses, they valued trade opportunities, they expanded from a steppe pasture area to a steppe pasture area, and they settled in the choicest suitable areas. The sedentary agricultural states of Rome, Greece, Persia, Khorasan, India, and China abutted the steppe empires on the west and south.

25. Most of the time, the productivity of the nomadic horse husbandry far exceeded the productivity of the sedentary agriculturists. Animal pastoralists needed free markets to sell their surplus horses and animal raw materials. The value of GDP can be derived from the size of the cavalry army: 1 warrior per family and 30 horses (with sheep converted to equivalent horses at 10 sheep per 1 horse) produce annually 20% or 6 horses for sale per family. At 20 solidi a head and 20 solidi/lb, it is 6 lb of gold per family if they sell all their merchandise at

Byzantine market prices. The local markets probably were able to provide only 10% of that, or 0.25 kg of gold, or 5 kg of silver annually per family [Angeliki E. Laiou, Editor-in-Chief, *The Economic History of Byzantine: From the Seventh through the Fifteenth Century*, 2002, Dumbarton Oaks, <http://www.iisg.nl/hpw/byzantium.pdf>]. A 10,000-strong army represents a 40,000 to 50,000-strong tribe with potential annual trade income of 2,500 kg of gold, or 50,000 kg of silver at local market prices, not exactly living in poverty, but only when there is a trading partner available. C. Beckwith noted that at all times the first objective of the nomadic Scythians, Huns, and Türks was the trade, every peace treaty that reached us required allowance and facilitation of free trade on the part of the sedentary states. Here is notable the unique ethnological similarity between the Scythians, Hunnic, and Türkc people [C. Beckwith, 2009, *Empires of the Silk Road*].

26. The extensive Indo-European and Türkc ethnology documents such cultural attributes as dress, food, drinks, conservation of produce, family relationships, housing, sanitary traditions, military traditions, societal organization, cosmological concepts, literary traditions, mythological and folk tale traditions, art, and a myriad of other traits. In many cases, the prominence of these traits far exceeds the significance of the other characteristics. For example, the Scythian mercenaries were a major, if not the only, force in the armies of a number of the states, during almost a millennium period. The Scythian warriors in the Scythian conical hats, Scythian boots, Scythian pants, on the Scythian horses, and with Scythian composite bows are shown innumerable times in the historical records, and became a staple image of the generic Scythian. The Ossetian ethnography of the historical period would have to come up with at least a remote echo of these mercenary military traditions wearing Ossetian conical hats, Ossetian boots, Ossetian pants, riding the Ossetian horses and with Ossetian composite bows. In the absence of such ethnological links, the Indo-European theory remains a murky propaganda myth. The so-called universal acceptance can become a scientific concept only when the multidisciplinary evidence converges to the same conclusion. As we know, it not only does not converge, it stubbornly keeps conflicting with it.

27. The Türkc traditional succession order is Lateral Succession, senior brothers of the dynastic clan pass the rule from older brother to younger, and when they run out of brothers the next in line is their nephew, an oldest son of the senior brother who had to have served as a ruler. Children of brothers who for any reason did not serve as rulers were bypassed in the succession order. Passing of the scepter from brother to brother was noted among the Scythians, Huns, and all Türkc people. Lateral Succession is an oddball tradition in the human societies, it was noted among a handful of people in the world, and it is

drastically different from that of the IE people (and Chinese too). That Türkic custom was also the rule in the initial Rus society [http://en.wikipedia.org/wiki/Order_of_succession#Lateral_succession].

28. A drastic difference between the Türkic and IE tradition is the equality of sexes (pre-Islamic, pre-Christian, and not under influence of sedentary agricultural nations). In the Age of Enlightenment, the inequality and equality of sexes was expressed in terms of *Patriarchate* and *Matriarchate* by the people grown up with a mindset of the male-dominated societies, the concept was applicable to the Türkic societies only superficially. In the literary tradition, the equality of sexes was reflected in the story about the Scythian Amazons, the story about Scythian girls marrying only after killing an enemy, in the archeology it is noted in the presence of the female warriors buried under the Scythian and Sarmatian kurgans; in the Türkic literary traditions the equality is embedded in the canvas of the story, the specifically Bulgarian single combat between an admirer and his bridal selection; and in real life, in the Türkic societies the women still enjoy nowadays a commanding status incompatible with the surrounding population whose traditions were born from the agricultural sedentary past.

The high status of the women in Turkic societies was shocking and was noted by all travelers grown up in the Middle Eastern Persian and Arabic tradition, by European travelers, and by the Chinese observers. On the Scythian female status we have only sensational anecdotal testimonies, but for the Turkic societies we have literary evidence that women were the owners of the state, people, and land, and men respected the matrilineal priority. Women called assemblies for the election of the heads of state, and the maternal tribe was evaluating and approving or declining male candidates for the leadership position. Nothing of this nature is documented in the agricultural societies, among the Iranians, Indo-Iranians, or Indians; to the contrary, females in those societies are traditionally abused and subservient.

29. The Scytho-Iranian Theory has a real problem with the Scythian pantheon and rituals. The Indo-Iranian/Scythian parallels wonder wildly, and etymology either gets lost, or defaults to the Türkic-based terms. In contrast, the Türkic etymology is direct and transparent: 3000 years later, Papai is still a forbearer, and Ar (Ares in Greek) is still a man and a warrior. The ritual of paying homage to Ares with a sword as a symbol is recorded for the Scythians, Eastern Huns (Yin Han Shu, story about pilgrimage to the ancestors to the Yung Yang mountain, *ching-lu* sword, and ritual drinking the blood-wine mixture from the cup made of the skull of the Tokharian king), and for the Atilla's Western Huns. The tradition of making ritual drinking cup of enemy's royal head is consecutively noted for the Scythians, Huns, Bulgars, Kangars, and other Türkic tribes. Ditto for the ritual of sacred oath, where both participants partake to drink jointly the bloody mix from the cup, cheek to cheek, for Scythians it is depicted on ceramics

and described verbally, for the other Türkic players it is recorded in the chronicles. None of the veneration of ancestors, sword as a symbol, drinking cup of crania, or oath by joint drinking blood mix from such cup was recorded for the Indo-Iranians.

30. The Scytho-Iranian Theory has a real problem explaining how at least 20 Türkic nations west of Altai mountains inherited the Scythian myth “Sons of blind” recorded by Herodotus, and developed into at least 20 versions of the myth recorded at numerous Türkic people and their subdivisions in the dastans (poems, frequently musical and oratorical) under the same name, “Kerogly”. Although in the past 2700 years the story blossomed with different flowery details, various scenery, and a spectrum of eponymic heroes, the core of the story remains exactly as was relayed by Herodotus in the 5th c. BC: the nomadic conquerors blind the vanquished men and force them to slave caring for their horses; the sons of the conquered blind raise in revolt; rebellion takes a global character; in the head of the uprising fights the “Son of blind”, called “Kerogly” in the Türkic legends; the victorious rebels marry wives and daughters of the vanquished Scythians, in the Türkic legends of the various oppressors.

In 1937, 12 years before the Scythians were officially decreed to become Iranians, in Moscow was staged an opera “Kerogly” by Uzeir Abdul Gusein Ogly Gadjibekov, attended by then USA ambassador to the USSR J.E. Davies. The plot of the opera was captioned in his memoirs: “opera “The sons of a blind man”. It was the characteristic story of the oppression of the people by the ruling Khan, who destroyed the sight of his Master of the Horse because he did not get him a horse that he desired and the vengeance of the son, who became a bandit leader of the people. The performance was very interesting and unique.” [Joseph E. Davies, 1941, “Mission to Moscow”, p.317]. It is superfluous to state that neither Ossetians (other than the Balkarians and Karachais), nor Indo-Iranians, nor any Brahmans have a “Sons of blind” myth on their books that they pass on to their posterity and disseminate among other Iranic people as flowery poems or operas.

31. In the arena of politicized history, some consequences of the Scytho-Iranian Theory lead to a circus-like comedy situations. Take Ossettes, a textbook example of a scientific folly. In Türkic, *yassı* is “flat”, *alan/alañ* is “flat (location)”, *alan yazı* is “plains” [H-M. Yiliuf, 2008, “Origin of Some Ethnonyms (Kirgiz, Kazak, Circassian, Alan, Yas, Kaytak, Kaysak, Alash, Khakas, Walach, Roma, Dungan)”, Semey, Republic of Kazakhstan, ISBN 9965-13-699-8], the Georgian term “Ovs” had no linguistic or ethnological meaning that we know of, the term was applied to the nomadic tribes north of Georgia, it was a geographical definition for hate-and-love neighbors, whose name in Türkic was *Yassı/Assı* “flat”, and *Taulu* “of upland, of plateau”, i.e. “mountaineers”.

The Russian conquest early in the 19th c. (Digoria, the present North Ossetia, was occupied in 1767, Balkaria in 1828) captured the N.Caucasus lands with numerous ethnic names, including the people Digors (politically in Northern Ossetia), Irons (politically in Southern Ossetia), and Taulases (Tawlases/Tavlasas, self-name *Tualläg*, Türkic *Tawlu* "mountaineer", politically in Southern Ossetia), whom the Russian military administration, with all the military decisiveness and intellectuality, at first termed Tatars. During the Russian conquest, a Russian military report of 1834 called Karachais and Balkars the "Ossetian tribes". Then territory was subdivided into military districts and one of them was termed Osset. Not the Balkars and Karachais with their self-name Ases (Balkars - Ases, Karachais - Kara Ases/Harase = Black Ases), but their neighboring tribes were assigned their ethnonym.

It took generations and repeated registration and passportization to induce people to get used to the new politonym, and now each Ossete has 2 or even 3 ethnonyms, with the latest addition of the Northern and Southern Ossetias. Meanwhile, the Iron Ossetes continue to call their Türkic Balkar neighbors Ases, and Karachais - Ghara-Ases). Thus, neither Irons, nor Digors, nor Taulases call themselves Ases, it is their name for the neighboring peoples. The Balkars hold themselves to be Ases, their substrate self-appellation is Alan, they do not use the term Ases for Ossetes, or Irons, or Digors, or Taulases,.

In Türkic, the Tauly Ases are Mountain Ases, they were the closest neighbors to the Georgians, and gave their name to the Georgian term "Ovs". Ases were a dynastic tribe of the As-Tokhar confederation, and As was an ethnonym of the ruling tribe and politonym for all other members of the confederation. But after the Russian military blunder of naming Ossetes after the once-dominant Balkars-Ases, now the Ossetes became Ases themselves, and claim the legacy of Alans. The absurdity made a full half-circle, without the Türkic Balkars-Ases, the Ossetes would not have their given appellation.

Take Azeris, whose name is a calque of *As-kiji* and *As-guzes*, following another Türkic naming convention for naming the tribes: *As-eri* is As People. Historically, a southern group of the Ashguzai Scythians settled in the immense foothill valley south of the Caucasus. Their land gained a name Sakastan, Sestan, Seistan, and the like. They remained there ever since, keeping their ethnonym Azeri for two and a half millennia, that's how they were known to all their neighbors, including the Achaemenids, Parthians, Persians, and Arabs. Ibn Hawkal (traveled 943-969, written in 977) reported that in Caucasus are two lingua franca, Azeri and Persian; that was more than two centuries before the Mongol invasion and the alleged Turkification of the Azeris. For exactly the same reasons two powers, one in the north, and the other in the south, ventured to falsify for their own empire-building ambitions the history of the Azeri people, de-"ancientize" their history, steal and re-manufacture Azeri ethnicity and history, and in the process pauperize their own histories. The absurdity caused by the Scytho-Iranian Theory made a full half-circle.

32. The Iranian/Ossetian Scythian theory has all the traits of a politically correct theory. It is built on a thinnest foundation of an obscure language, is not supported by the evidence, and does not provide a foresight connected with what is usually called a scientific theory. Some evidence, like the infamous Zelenchuk inscription, has all traits of a purposeful fabrication: not only there is no trace of either the monument, nor of the cemetery claimed by the author of the theory, but the published inscription was successfully read in four languages belonging to three separate linguistic families, a sure sign of certain nonsense. The cultural heritage, traceable for millennia among other peoples of the world, has not been shown to display links between the Ossetian, Pashtu, or other Iranian-speaking peoples, and the details of the Scythian life described by the ancient writers.

No traces specific to the Scythian nomadism of the historical period found their parallels in the historically attested Indo-European societies. It is well shown in the work of a prominent expert on nomadism A. Khazanov [A. Khazanov, *Nomads and the Outside World*, Cambridge University Press, 1984]. A. Khazanov noted a telling detail on the meaning of the kurgans: the fill of the tested kurgans was of the best humus transported over great distances, in incredible quantities for large kurgans. A. Khazanov interpreted that as the Scythian kurgans representing pasture, the deceased were given not only horses for travel, but were also supplied with a symbolic pasture for the horses. Every nomad knew that a well-fed horse was a necessary condition for a successful enterprise, and what could be more important than the travel to Tengri for reincarnation. As often happens, later generations are unaware of the reasons for their rites, and probably the modern followers of the Kurgan tradition do not have a clue on why they are building kurgans. Naturally, the historical Indo-Iranians did not built pastures for their deceased, for them kurgan was an alien and weird custom.

Conclusion

Each presented argument may be infinitely extended to ever smaller incongruent details and traits, the arguments may be disputed, reinterpreted, or skillfully explained away, but the compound picture created by the preponderance of the multi-disciplinary evidence can't be dismissed. As a theory, the Scytho-Osseto-Iranian Theory has utterly failed, it is unable to explain the past, and is unable to predict the future discoveries, or even to advise on the perspective directions for research.

The de-facto rejection of the Scytho-Osseto-Iranian Theory is happening in front of our eyes with publication of studies that penetrate deeper into the substance of the facts, bringing up new and newer controversies and conflicts with the scummy Theory. The "consensus" opinion in favor of the Iranian paradigm is

not really there, with only the IE portion of the global science lagging somewhat behind in adjusting to reality, probably because of the embarrassing vested mass of the past IE efforts and publications. Fortunately, re-evaluation or abandoning of the Iranian paradigm promises to be a boon to the major parties involved, that of Russia, China, Iran, and India, even though the last does not carry a burden of colonial and empire-building aspirations anyway; they will be able to recover their history in a more multi-color, richer, and open fashion, giving credit where the credit is due, and immensely enriching the narrative of their brilliant national histories.

For the historical period, efforts to negate the eyewitness accounts of the contemporaries over and over again bring nothing but failures. Every effort to negate evidence leads to the opposite, a raise of additional, usually independent, corroborating evidence. The evolutionary contiguities between the archeological and literary Scythians and the Türkic people are unmistakable, while in the Scytho-Osseto-Iranian Theory the descendance consist of few dots bridged by gaping disconnects. The cleanest method to follow the Scytho-Osseto-Iranian Theory is to monitor the operation of the “Lord of the gaps” that mysteriously fills evidentiary gaps with notional testimonials, otherwise called speculative interpretations.

M. Gimbutas artfully reconstructed the IE mythology, religion, and gender relations in the context of the IE's westward kurgan migrations, riding the “Lord of the gaps” to construct the most popular IE creationist story, the so called “mainstream consensus”. The Lord did hold its supremacy until the moment of truth, when it encountered the earthly facts: M. Gimbutas confused the eastward movement of the IE's with the much prior westward movement of the Kurgan people, with the two movements separated in time by a whooping millennium and then some. Her conflation let the “Lord of the gaps” loose, but once the gaps are filled with the reproducible mundane evidence, the interpretive arches bridging the gaps collapse in a house of cards fashion.

The tell-tale indicators show up at the first glance at the evidentiary references. The staunchest proponents of the Indo-European paradigm immediately stumble into problems as soon as they leave the sphere of airy constructions and descend to the earthly world. To avoid invoking the ubiquitous Eurasian Türkic sea, the sneakiest proponents turn to the ethnology of Mongols and Chingiz-Khan, the others use Türkic ethnological parallels, in clear manifestation of the lack of the IE examples, independently of the trait on hand: be it yurts, kurgans, burial rituals, mounted warriors, horseflesh, kumis, all kinds of artifacts, myths and legends, genealogical lines, etc.; one way or another they all default to the Türkic examples.

In case of Mongol and Chingiz-Khan detour, the purity of example is solely terminological, the Proto-Mongols foot hunters *Dunhu* were associated with the Türkic ethnoses ever since they were subjugated by the Hunnic Maodun in ca 200 BC; some Türkic tribes from the old were called Mongols after in 93 BC half-a-million Huns submitted to the Syanbi Mongol minority and adopted the Mongolic name Syanbi. They continued their unimpacted daily life under the Syanbi politonym, and largely preserved their distinction until the conquest of the Oirat Mongols in the 15th c.

Similarly compromised are the Chingiz-Khan examples, his genealogy ascends to the Tele Uigur dynastic tribe Yaglakar, which became Jalayir in Mongolic, an offshoot of which was the Chingiz-Khan's Borjigin line. The Mongolic examples may confuse only uninitiated, ethnologically they do not extend deeper than the 13th c. for the term "Mongol", and 200 BC for the term "Syanbi".

It remains unknown whether any Iranian-speaking tribes ever took to systematic, Scythian-style horse husbandry nomadism. In the course of millennia, numerous foot hunter societies did that, becoming bona fide horse nomads, but examples of sedentary agriculturists becoming transhumant nomads on a tribal level are known only from the archeological observations, evidenced by the "pots that do not talk". Any evidence that notable masses of peasant people from agricultural societies abandoned their fields, switched to nomadic animal husbandry, and left any documentary evidence on their linguistic affiliation is yet to come to light. In contrast, there is plenty of opposing evidence, that peoples that neighbored horse nomads decisively did not do that: no ethnically Chinese, Indian, Sogdian, Dravidian, Greek, Slavic, or originally Iranic nomads are known from the Classical or later periods. We have the examples of Dunhu, Magyars, and Tibetans becoming nomadic pastoralists, but the type of their original economy is not positively known.

**The origin of Sumerians.
Archaeological , mythological and biogeographic
analysis, re-evaluation after remarkable excavations
at Türkmenistan Gönür Tepe and others**

**Metin GÜNDÜZ
(Turkey)**

metingunduz@sprintmail.com

Abstract

Who are the Sumerians? Where have they originated? For those, who are closely familiar with this remarkable resourceful and intelligent people in all human history, who not only invented the writing but also established the true mythological foundations of all main religions of the world, simply they taught us almost everything.

Four different points evaluated separately on the current known archaeological evidences and the Sumerian's known unique and strong sacred LAPIS LAZULI stone related mythological believes and 'the myth's origination' is analyzed. The strong point is: the uniqueness of the Lapis Mine location in all ancient history at the Hindu Kush Mountains and again the unique (fingerprint) trace element and other physical characteristics of this Metamorphic Sacred Blue Stone of Sumerians.

Only possible and provable location of their Original Homeland, based on the analysis could be in between the Caspian Sea and Hindu Kush Mountains and Kopet Mountains, which is Turkmenistan. This analysis and conclusion is based on multiple independent factors: current archaeological excavations, uniqueness of Metamorphic Lapis Lazuli as a stone and its over 6000 years of fixed mining location, absolute necessary requirements for the origination of strong Lapis Mythology, current solid Biogeographic DNA evidence and distribution of R1b Haplogroup of 'Arbins' as recently described by Dr. Anatole A. Klyosov.

The Sumerians maiden migration presumably started with the persistent drought at their Original Homeland which eventually forced them to abandon their ancient homeland and to migrate and resettle at the southern fertile lands of Middle East between Tigris and Euphrates rivers and eventually further south to the banks of Nile River in North East Africa.

The recent remarkable excavations at the ancient river settlements north of Kopet Mountains of Turkmenistan and the so called Margiana not only revealed an advanced civilization in Neolithic and Bronze age (Harris, 1996; Sarianidi, 1994, 1995) but also helped to answer the question - Who are the Sumerians? The first ever known agricultural Neolithic settlements in the Murgab River delta of Turkmenistan appeared as early as the 7th millennium BC.

For those, who are closely familiar with this remarkable resourceful and intelligent people called Sumerians in all human history, who not only invented the writing but also established the true mythological foundations of all main religions of the world today, simply they taught us almost everything (Kramer, 1963).

The linguistic scholars of all nations attempted to associate with the Sumerians' cuneiform ancient language, however, they agreed on almost nothing, however, they all accept that it is an extinct agglutinative language (Michalowski, 2006), it is not Indo-European or Semitic language. So, never ending arguments continued to our time, everybody wanted to belong to or associated with them one way or other, or at least they wanted to prevent others to associate with them if they cannot associate with themselves.

For the last 20-30 years of archaeological excavations and publications, especially the color pictures of the findings with rapid diffusion of information through the remarkable Internet revolution of our time, made this privileged and closely guarded information of archaeologically excavated items available to all, the judgment and biases of the original excavators exposed and criticized very quickly by all, whoever interested with the subject matter one way or other.

So the monopoly and the secrecy of the information does not exist in our world of 21st century anymore as we know very well. When I had read the wonderful 100 pages of research paper a PhD Thesis published by Alessandro Re (2011) titled "The Ion and Electron Microscopy for the Characterization of Materials of Archaeological, historical and artistic interest: DETERMINATION OF THE PROVENANCE OF LAPIS LAZULI USED FOR GLYPTIC", my long interest to find a thoroughly scientific answer to the question of "Who are these Sumerians?" was also answered, because I knew then my early assumptions have the proof finally. The bio-geographical mDNA or autosomal or Y- DNA of population methods that had been used successfully with the human mtDNA (Achilli et al, 2007) and cow genome (Bos Taurus) (Pellecchia M. , 2007) in order to prove the Anatolian origin of Etruscans can not be used as easily as for the Sumerians. This is because of a longer time frame with dilution and wide distribution of original mutations and its subclades with migrations and lack of

'relative isolation' over significantly long time period. Therefore, it is not that easy to pinpoint certain geographic location with only Biogeographic approach for The Origin of Sumerian Civilizations early beginnings. Dr. Anatole A. Klyosov has had published excellent fundamental Biogeographic studies one after another (2012) which is no doubt destined to be the guiding foundation for further revelations of our common ancient human history in coming years in the future. According to his studies, the origin of Y- haplogroup R1b mutation arose 16,000 ybp which was the beginning of ancient common ancestor's offspring's which Dr. Anatole A. Klyosov calls as 'Arbins' bearers of R1b haplogroup. R1b presumed to be originated in South Siberia/Central Asia in the east. So we are talking about 8-10,000 years of migration and shuffling and regrouping since the origination of mutation R1b haplogroup of 'Arbins' and their subclades. Sumerians obviously and clearly belonged to R1b haplogroup. With the emergence of Neolithic agricultural societies and permanent different settlements and interactions and specializations in throughout Central Asia 'Original Sumerian Homeland ' was one of the Arbins regrouping throughout this long 8-10,000 years of history, prior to climate change forced them for the maiden migrations and resettlements to the southern fertile lands of Middle East between Tigris and Euphrates rivers and so called 'fertile crescent' around 4000 BC, and eventually further south to the banks of Nile River in North East Africa .

So we have to use the most logical and scientific approach possible in order to solve the problem of 'Where is the original Homeland of Sumerian Civilization located?' prior to their maiden migration, which clearly requires Multiple Independent Factor Analysis (Multivariate analysis) to the solution and final conclusion to the problem . Analogy for this method of analysis can be made as it is clearly used at CERN by over 5000 PhDs for their announcement of discovery of 'a' new Higgs Boson with so called 'combined standard deviation' of different independent channels of data of 4,9 sigma (less than required 5,9 for absolute certainty) which was 99.99997 certainty that they found 'a' new Higgs Boson.

For the 'combined approach' The Sumerians had four different and very unique independent characteristics that I had noticed over the years other than obviously unsolvable Linguistic cuneiform puzzle of 5000 years of human history.

First one was their obsession with their Sacred Blue Metamorphic Stone the "Lapis Lazuli". In order to understand the scientific concepts behind the final conclusion of this essay, for the main question of "where did the Sumerians originated from?", one has to read 100 pages of excellent research article of Alessandro Re (2011) available at the link:

<http://dottorato.ph.unito.it/Studenti/Tesi/XXIII/re.pdf>

In order to comprehend the concept of Sumerian origination one has to know where in our planet this Blue Metamorphic Stone is mined and where did the Sumerians get it from. And one has to understand that this Blue Metamorphic Stone has unique fingerprint of trace elements of its own location of creation on our planet, since every mine has different fingerprint of trace elements ratios. If anybody challenges that the Lapis Lazuli of Sumerians is somewhere else other than the Sar-e-Sangh mines of Hindu Kush mountains East of Turkmenistan where Gönür Tepe and other Neolithic and Bronze age settlements are, it can easily be proven that the famous Standard of UR of Sumerians at the British Museum's LAPIS LAZULI is actually mined from the Hindu Kush Mountains at Sar-e-Sang Lapis Mines in Badakhshan, Afghanistan but nowhere else (Moorey, 1999). Because that metamorphic blue stone has a unique fingerprint (Re, 2011), it provides a similar 'analogy' like mtDNA or Y-DNA of a human genome.

The second unique characteristic of Sumerians is their rather unusual and unique mythological believes which is very obvious with their lapis lazuli related archaeological findings and currently translated and well known Gilgamesh Epic that they believed their godly mythological characters live in LAPIS LAZULI PALACES, the SUN, the MOON and the VENUS rise up from their lapis lazuli palaces every day to travel the sky and go back to their palaces at night. We can easily see all archaeological remains of Sumerians the Dominance of Lapis Mythology (LAPIS HAVEN=SKY) but nothing else (Kramer, 1998). When you read the mineralogical characteristics of Lapis Lazuli you understand why Sumerians thought that the Color of this Blue Stone was not only the same color as the sky but also has certain features like yellow pyrite (FeS_2) mineral, so called "fools gold" which resembles Celestial objects (stars) in the sky, and the white marble lines resembles the clouds in the sky.

The third and the final answer to the puzzle of "Who are the Sumerians?" requires the knowledge of Mythological Origination History, in other words how are the mythologies are created throughout human history, what are the necessary "factors" required in order to create a Powerful belief (myth) which will endure generation after generation once it is created (Campbell, 1988). Very specifically, the question "How come the Sumerians associated and adopted the Lapis Lazuli stone as Sacred" is associated with the original Shamanistic believes of Celestial objects of Sky God concept (The Sun, The Moon and the Venus) of Central Asia's original nomads, "the wanderers of steps" to the settled civilized agricultural and domesticated animal life dominant society. There is no question that the Godly Celestial Objects they have believed thousands of years are associated with the Lapis Lazuli rather than the Lapis Lazuli associate with the Celestial Objects. In other words "the people have to see with their own eyes the miracle" that their Sacred Celestial Objects are "rising from" the top of the

mountains where the Lapis Lazuli Mines located (Blue Metamorphic Stone looks like the Sky with yellow pyrite and white marble lines of clouds).

When people see the celestial objects rising each morning and each night from the east, the Sacred objects are presumed to have human like life throughout human history, and they should have their own house (Palace) of their own to rest and sleep after traveling and getting tired throughout the day. The presumption of God and Godly figures in human image and humanly needs had been the dominant feature throughout human history. So the Original Sumerians associated the Lapis Mines of Hindu Kush Mountains with the Celestial Objects of The Sun, The Moon and the Venus, because they simply saw them rising behind the Lapis Mined Mountain tops (their lapis lazuli palaces) (Campbell , 1988).

The conclusion is obvious; since the location of the lapis mines is unique so the "People should be unique" also, and the only People can have Mythology associated with the LAPIS LAZULI should be living generation after generation at the west of the Lapis Lazuli mines (they should see the Lapis Mines from the East side...!) so the sacred celestial objects will rise from their palaces at the East. So the answer is Gönür Tepe and similar Neolithic and Bronze age settlements of Turkmenistan. This is the original homelands of Sumerians before their ultimate migration to Mesopotamia for better climate and living.

And the archaeological artifacts very similar culture and traditions of these people and most importantly geological evidences of already well documented climate change around 4000 BC Holocene Maximum (Paleoclimatology, 2012) in this region and ultimately the mass migration and abandonment of their settlements at and around Gönür Tepe Turkmenistan only further supports this very logical proof of origin of Sumerians (Hiebert, 2003).

The fourth one is obviously the icing on the cake: the cultural similarities of Sumerians with so called Margiana people of Turkmenistan, classically summarized as follows (Guisepi, 1980):

The Sumerian civilization was established before 4000 BC and reached a high level of culture between 2700 and 2350 BC. In early times both sexes wore sheepskin skirts with the skin turned inside and the wool combed into decorative tufts. These wraparound skirts were pinned in place and extended from the waist to the knees or, for more important persons, to the ankles. The upper part of the torso was bare or clothed by another sheepskin cloaking the shoulders. From about 2500 BC a woven woolen fabric replaced the sheepskin, but the tufted effect was retained, either by sewing tufts onto the garment or by weaving loops into the fabric.

Named KAUNAKES by the Greeks, this tufted fabric is shown in all the sculptures and mosaics of the period, as, for example, in the art from the excavations at Ur exhibited in the British Museum in London. At this time, also, long cloaks were worn, and materials for garments and head coverings included felted wool and leather. Men were generally clean-shaven. Both sexes seem to have often worn large wigs, as in ancient Egypt."

Supportive visual evidence: The Power Point MP4 Video Presentation - The origin of Sumerians - archaeological and mythological evidences at the link http://www.youtube.com/watch?v=l_jG-O_94TU&feature=youtu.be

References

Achilli, A., Olivieri, A., Pala, M et al (2007) Mitochondrial DNA variation of modern Tuscans supports the near eastern origin of Etruscans. *Am J Hum Genet* 80: 759- 768.

Campbell, J. (1949) "The Hero with a Thousand Faces". Princeton University Press. ISBN 978-1-57731-593-3

Campbell, J. (1988) Joseph Campbell and the Power of Myth. Interviews by Bill Moyers. ISBN 3885247745, Doubleday & Co.

Hiebert, F. T. (2003) Central Asian village at the dawn of Civilization, Excavation at Anau, Turkmenistan. ISBN 1-931707-50-2

Gusepi, R.A., Willis, R. Ancient Sumeria. The University of California 1980-2003 <http://history-world.org/sumeria,%20dress.htm>

Harris, D.R., Gosden, C., Jeitun, M.P.C. (1996) Recent excavations at an early Neolithic site in Southern Turkmenistan, *Proceedings of the Prehistoric Society*, 62, 423-442.

Klyosov, A.A. (2012) Ancient History of Arbans, Bearers of Haplogroup R1b, from Central Asia to Europe , 16,000 to 1500 Years before Present. *Advances in Anthropology*, 2, No.2, 49-56. (<http://www.SciRP.org/journal/aa>) DOI:10.4236/aa.2012.22006

Kramer, S.N. (1963). *The Sumerians: Their History, Culture and Character.* University of Chicago Press. ISBN 0-226-45238-7.

Kramer, S. N. (1998) *Sumerian Mythology: a Study of Spiritual and Literary Achievement in the Third Millennium B.C.* Philadelphia: University of Pennsylvania Press. ISBN 10: 0812210476/0-8122-1047-6

Michalowski, P. (2006) *The Lives of the Sumerian Language*, in S.L. Sanders (ed.), *Margins of Writing, Origins of Cultures*, Chicago, 159-184.

Moorey, P. R. (1999). *Ancient Mesopotamian Materials and Industries: the Archaeological Evidence*. Eisenbrauns. pp. 86-87. ISBN 978-1-57506-042-2.

Paleoclimatology (2012), *Study of Ancient Climates*
<http://www.lakepowell.net/sciencecenter/paleoclimate.htm>

Pumpelly, R. (1908). *Explorations in Turkestan EXPEDITION OF 1904 Prehistoric civilizations of ANAU*
<http://gwdspace.wrlc.org:8180/xmlui/handle/38989/c01gr167k59p>

Pellecchia, M., Negrini, R., Colli, L. et al (2007) *The mystery of Etruscan origins: novel clues from Bos taurus mitochondrial DNA*. *Proc Biol. Sci* 274: 1175- 1179.

Re, A. (2011) PhD Thesis
<http://dottorato.ph.unito.it/Studenti/Tesi/XXIII/re.pdf>

Sarianidi, V. I. (1994) "Preface". In Hiebert, F. T. *Origins of the Bronze Age Oasis Civilization of Central Asia*. Cambridge: Harvard University Press. ISBN 0-87365-545-1.

Sarianidi, V. I. (1995) *Soviet Excavations in Bactria: The Bronze Age*. In Ligabue, G. Salvatori, S et al. *Bactria: An ancient oasis civilization from the sands of Afghanistan*. Venice: Erizzo. ISBN 88-7077-025-7.

Комментарий А.А. Тюняева на реплики С.В. Кончи

(см. Вестник, июнь 2012, № 6, стр. 703-704)

Меня, признаться, огорчила публикация безапелляционных, грубых, неуважительных высказываний в мой адрес археолога г-на Кончи, который самоназвался лингвистом. Он даже не потрудился прочитать мою статью и сравнить её со своей.

В науке принято обоснованно (естественно, с точки зрения оппонента) критиковать научные работы и исследования коллег. Необоснованная, голая, оскорбительная «критика» не является таковой. Это пошлое критиканство, на которое можно ответить только в том же тоне – оголтелой руганью. От этого я воздержусь.

Вот, например, настоящий профессиональный лингвист А. И. Фалилеев в статье «Лингвистическая атрибуция носителей культуры Триполье/Кукутень. О доверии к лингвистическим построениям археологов» пишет о «теориях», распространяемых С. Кончей: *«Иное построение мы находим в недавнем докладе С. В. Конча (Конча 2008: 58-59) - «языковые предки кельто-италов со значительной вероятностью локализируются для этого времени [III-II тыс. до н. э. - А. Ф.] в областях, прилегающих к Верхнему и Среднему Дунаю». Автор доклада пытается выступить в пользу старой гипотезы (П. Кречмер) о «доисторическом арийско-итало-кельтском контакте» и ссылается при этом на категорически устаревшие исследования (Вандриес, Барроу, Калыгин, Королёв). Судя по всему, современная литература, анализирующая индо-ирано-кельтскую проблематику (К. Х. Шмидт, П. Де Бернардо Штемпель, Р. Кёддерич, Г. Р. Айзак, ср. также изданную, увы, уже посмертно статью В. П. Калыгина) - и, между прочим, постулирующая некоторую общность (лингвистических) морфологических инноваций в кельтском, индо-иранском, греческом, фригийском (и частично в славянском), что может подразумевать и какой-то уровень географического единства - не была учтена. В таком контексте ссылка на время и место контактов между носителями (пра)языков, предлагаемая этим исследователем, не имеет смысла».*

Поразмыслите также и над заголовком его статьи: *«Кухарчук Ю. В., Конча С. В. Від палеоліту до незалежної Української держави (Л. Л. Залізняка - 60) // Кам'яна доба. - К., 2011. - Вип. 13. - С. 7-27».* Вы видите, что для выдуманной всего двадцать лет назад «Украинской державы» Конча, совершенно не стесняясь, выводит историю от палеолита. При этом он совершенно не разбирается в археологии. В своей статье, опубликованный в Вашем

«Вестнике», в простейшем же для археолога вопросе – в датировке периодов палеолита – Конча делает грубейшую ошибку. Он культуру неолита относит к мезолиту. (Интересно, найдёт ли он, «археолог», сам эту ошибку в своём тексте?).

Со своей стороны, уважаемый Анатолий Алексеевич, я занимаюсь системным анализом данных археологии, антропологии, генетики и лингвистики. Свою деятельность я веду в хорошо Вам известном ВЦ РАН, где руководство Вас ещё помнит. Вы знаете уровень специалистов этого института.

Если С. Конча хочет опубликовать действительную критику моей работы, то я не против. Но сомневаюсь, что он это сделает, судя по стилю его «комментариев». Убедительная к Вам, Анатолий Алексеевич, просьба: опубликуйте мой ответный комментарий (это письмо).

Заранее спасибо

А.А. Тюняев

И еще раз - берегитесь популяционных генетиков. Например, в лице В. Запорожченко

Анатолий А. Клёсов

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

В поисках статьи в сети наткнулся на какой-то из отростков лабиринта «Живого Журнала», под названием «Приношение Богине-матери». Оказалось, что это типа консультационного «ресурса» по мтДНК, рекламируемого неким Валерием Запорожченко. Там он выставляет свои соображения, созывает на дискуссии. В общем, нормальное дело. Мое внимание привлекло его признание, выставленное в «шапку» его «ресурса», что он был изгнан с форума «Молген». Это уже интересно, поскольку, насколько помню, Запорожченко был одним из активистов того террариума, о котором он теперь отзывается не слишком лестно.

Вообще-то Запорожченко является фигурой настолько мелкой, что никакого интереса у меня вызывать не должен. И тем не менее, я полистал его «ресурс», и наткнулся на очередные «соображения», уже в отношении ДНК-генеалогии, и меня лично. Последнее меня в исполнении Запорожченко вообще не интересует, но то, что думает (и излагает) типичный популяционный генетик в отношении ДНК-генеалогии – это уже некоторый педагогический интерес представляет. Дело в том, что популяционная генетика в силу своей природной ограниченности (не все, но подавляющее большинство из тех, с кем мне приходилось встречаться) продолжают верить, что ДНК-генеалогия – это и есть популяционная генетика. Это примерно как путать «государь» и «милостивый государь», с той разницей, что в термине ДНК-генеалогия популяционная генетика вообще нет, так что даже семантически вещи совершенно разные, не говоря о совершенно разной методологии, подходах, сути результатов.

Эти люди не в силах уяснить, что по мере развития науки дисциплины расходятся, получают разные названия, причем не названия здесь главное. Главное – что расходятся разные науки. Поэтому биохимия – это и не химия, и не биология, но ближе к химии, потому и био – это приставка, а химия – это, так сказать, корень. Есть физическая химия, которая ближе к химии, и есть химическая физика, которая по сути физика. Есть молекулярная биология, есть клеточная биология, и это не есть «молекулярная химия» или «клеточная химия», хотя первое (в кавычках) и есть по сути химия, а второе было бы, наверное, биохимией, если только создатель «клеточной химии» не предложит свою оригинальную

методологию, четко отделяющее новую дисциплину от клеточной биологии. Ну и зачем его держать и не пущать, приговаривая, что клеточной химии не бывает? Работы, публикации и время покажут, так ли это или не так.

Не то было с ДНК-генеалогией. Эти ограниченные подняли свистопляску, что это «наше», то есть их, это якобы «популяционная генетика». А, стало быть, не замай. Так вот, Запорожченко был среди тех, которые шумели «не замай». И, судя по его «статье», таким и остался. Примеры будут даны ниже. Но поскольку он менторским «тоном» в своей «статье» давал указания, как и что надлежит называть в ДНК-генеалогии, это и показывало, что он так и не понял, что даёт указания уже совсем другой дисциплине, которую не понимает.

Так кто такой, этот Запорожченко? Просто занятно, кто строит из себя ментора? И я посмотрел в сети. Оказалось, что это – внештатный сотрудник лаборатории популяционной генетики одного из институтов Академии медицинских наук. В штате, стало быть, места ему не нашлось. Ну ладно, бывает. Может, он обильно публикуется? Это к тому, что Запорожченко пишет про меня – «в реферируемых журналах по биологии у него работ нет». Надо же, что время с человеком делает. Видимо, забыл, как присылал мне поздравление в далеком 2009 году в связи с публикацией статьи в журнале “Human Genetics”. В том же году вышли мои статьи в “Journal of Genetic Genealogy”, но у Запорожченко свои критерии, видимо, это не «журнал по биологии». Я же не случайно написал выше, про «держать и не пущать». Низзя про ДНК-генеалогию в других журналах, надо непременно, чтобы журналы были по биологии.

Ну а как же тогда журнал «Биохимия»? Академический журнал, и не свежеиспеченный, а один из старейших в СССР и России. Или тоже не «биологический журнал»? Возможно, не все заметили махинацию Запорожченко, который написал «в биологическом журнале». Нормальный человек, не жулик, написал бы, что у имярек нет публикаций. Или написал бы, что нет публикаций в академических журналах. Но Запорожченко знает, что есть. Поэтому он совершает подлог и пишет – «в журналах по биологии», авось подлог не заметят, примут за то, что публикаций вообще нет. А как журнал *Advances in Anthropology*, подходит? Он не «биологический», как, можно? А там за последние несколько месяцев – четыре статьи (и пятая принята). Кстати, я в том журнале – член редколлегии.

Так как публикуется сам Запорожченко, если он такие «замечания» делает, хотя положение вещей знает? Да небогато публикуется. Давайте

посмотрим. Возьмем за основу базу данных PubMed, где отражаются, в частности, статьи по популяционной генетике. Так, он начал публиковаться в 2010 году (две статьи), еще одна статья в 2011 году (в российском журнале «Генетика»), и одна в текущем, 2012 году. Действительно, не густо, тем более когда это по основной специальности. В добрые советские времена для переаттестации научного сотрудника надо было публиковать как минимум три статьи в год. К внештатным это, конечно, не относится, как и к лаборантам.

Но хуже то, что эти публикации, как бы это помягче выразиться, не свои. Своих публикаций у Запорожченко нет. Его в эти статьи привлекают как мальчика из толпы, так сказать, на подхвате. Типа подай то, принеси сё, за то, так и быть, включим в авторы среди многих других. Свои статьи – это те, в которых один-два, ну, три автора. Если больше, с учетом тех, кто на подхвате, то настоящий автор стоит либо первым (если сам статью писал), либо последним (если руководитель). Ведущий автор никогда не стоит в середине. А Запорожченко всегда на подхвате, причем у разных начальников. Слуга многих господ, так сказать. И везде на третьестепенных ролях. То он у Бехара (Бехар – последний автор в списке), среди девяти соавторов (статья 2010 года, первая у нашего героя). То он у Хаака (Хаак – первый автор в списке статьи 2010 года, вторая статья Запорожченко), среди 17 авторов. То он среди 14 авторов в русском журнале (2011 года), где первый автор Балановский, последний автор – Балановская. То он среди 15 авторов статьи 2012 года, где первый автор – Хабер, последний – Заллу. Вот и всё.

Так что ему не по росту делать замечания о публикациях, тем более замечания ложные. Может, на него ссылаются много? Есть сетевой уважаемый ресурс по цитируемости, называется QuadSearch, с индексом цитируемости Хирша. Так там у Запорожченко – внимание! – одна-единственная ссылка на все статьи нашего героя. У того же, кому он имеет наглость делать замечания по научным статьям – 83 ссылки только на статьи по ДНК-генеалогии. Из них на ту статью в Human Genetics, упомянутую выше – 15 ссылок. Из первой моей сотни цитируемых в списке статей – 13 статей по ДНК-генеалогии, на первую сотню статей – полторы тысячи ссылок, но к моим работам по другим дисциплинам Запорожченко, как я понимаю, претензий не имеет.

Так что кто уж бы делал замечания... В русском языке есть довольно хлесткая поговорка на эту тему, про корову.

Кстати, одну из статей Запорожченко, где он среди 17 авторов, я довольно подробно разобрал в Вестнике за декабрь 2010 года (стр. 2065-2069). Вот несколько выдержек из разбора:

- Статья просторная, 16 страниц, плюс приложения, 17 авторов, но за обилием разговоров теряется суть того, что было на самом деле найдено...
- Теперь о мтДНК. О чем говорит таблица выше? Да тоже, в общем, мало о чем... Разгадало ли это какую-нибудь историческую или прочую загадку? Видимо, нет.
- А почему именно Ближний Восток? Оказывается, потому что СЕЙЧАС там такие гаплогруппы, 6 тысяч лет спустя. Правда, и это не совсем так. Смотрим на данные (показано, что это не так – АК). Так что Ближний Восток совсем не доминирует. Очевидно, и здесь явная натяжка, не согласующаяся с ситуацией.
- И дальше в статье пошли манипуляции, видимо, принятые в популяционной генетике, но вызывающие возражение у читателя, в данном случае, у автора настоящей статьи. Авторы цитируемой работы пишут, что мтДНК в захоронениях 6000-6200 лет назад «напоминают ближневосточные», точнее, “promoted Near Eastern resemblance”. В английском языке это звучит крайне уклончиво. На каком основании «промотируют сходство»? А потому что в захоронении «низкая частота» гаплогруппы H и «большая частота» HV, J и U3. Неужели? Смотрим данные. Всех мтДНК от одной до трех, у H – две. Это что, «низкая частота»?
- ... Как сравнивали гаплогруппы, которых в настоящее время не обнаружено – остается загадкой.
- Да, наука творит чудеса. Правда ... авторы пишут, что именно этот маршрут и «широко принят», но не пишут, где принят. По контексту понятно, что в современной исторической науке. Что и требовалось доказать.

Вернемся опять к вопросу, стоит ли мне разбирать личность столь мелкого в науке человека, как Запорожченко? Ну, во-первых, я разбираю не личность, как личность меня он совершенно не интересует. Я пишу, как легко увидеть, про отличия «популяционной генетики» от ДНК-генеалогии, про цитируемость статей в науке, про то, как удел некоторых – не писать свои статьи, а бегать от одного авторского коллектива к другому, и быть в составе десяти-двадцати соавторов. При этом строить из себя крупного ученого, делать (ложные) замечания про якобы отсутствие статей у других.

Этим дело не ограничивается. В угоду своей «концепции» Запорожченко идет на прямую ложь. Как мантру он повторяет в разных источниках, что я не знаю о наличии генов в Y-хромосоме. На самом деле еще в моей первой (научно-популярной) статье по ДНК-генеалогии, под названием «Се человек» (2006) я писал: «Хромосома Y состоит из 50 миллионов нуклеотидов, и в ней - всего 27 генов».

Что такое 27 генов на хромосому? Для этого посмотрим, что я писал в том же абзаце: «Все 46 хромосом, 23 пары, в совокупности состоят из трех миллиардов нуклеотидов, и в их составе примерно 30 тысяч генов. Стало быть, в среднем по 65 миллионов нуклеотидов и по 652 гена на хромосому. Хромосома Y состоит из 50 миллионов нуклеотидов, и в ней - всего 27 генов». Вот о чем речь. Обычно я пишу - в популярных рассказах - что генов в Y-хромосоме почти нет, и ДНК-генеалогия они не интересуют. Так оно и есть. Мутация в генах обычно ничем хорошим для человеческого организма не заканчивается, поэтому если некоторые STR-маркеры попадают в генные последовательности, то их мутации в потомство вряд ли переходят, в выжившее потомство во всяком случае.

Некоторые (неакадемические) источники указывают, что в Y-хромосоме человека 231 ген, Википедия сообщает, что там 86 генов, хотя в списке на сайте

http://useast.ensembl.org/Homo_sapiens/Search/Details?page=7;q=Ychromosome;species=Homo_sapiens;end=66;idx=Gene;

приведено только 66 генов, из которых на самом деле к Y-хромосоме отнесены только 40. Изменило ли это как-то методологию ДНК-генеалогии, сколько бы там генов ни было? Нет, нисколько. В этот и есть начетничество «популяционных генетиков» типа Запорожченко. Они вбрасывают совершенно неважную информацию, полагая, что это что-то изменит, или кого-то дискредитирует. Это - их драйвер. На самом деле ДНК-генеалогия изучает нерекомбинантные последовательности ДНК, сколько там по соседству генов (а их там немного) - не имеет ни малейшего значения (см. последующую статью в этом Вестнике).

Запорожченко пишет, что в ДНК-генеалогии не используют термин «локус», а используют «маркер», и он этим недоволен. Во-первых, не его дело, какие термины используют, а какие нет в совершенно другой научной дисциплине. Во-вторых, он просто не читает литературу по ДНК-генеалогии, поэтому и допускает такие ляпы. Читал бы - то увидел, например, вот такой отрывок из моей статьи в журнале «Биохимия» (2011):

*«Мутации второго типа - STR (short tandem repeat) - значительно более быстрые. Они происходят в определенных **локусах** ДНК раз за несколько*

десятков или сотен поколений. Поэтому гаплотипы ДНК выбирают так, чтобы в них таких **локусов** было как можно больше (но все-таки чтобы оставаться в рамках практичности)... Поскольку уже показано и доказано, что эти мутации в **локусах** происходят в основном (или исключительно) неупорядоченно, то к ним стало возможно применять правила и подходы химической (или биологической) кинетики (кому какой термин больше нравится, суть одна).

Поскольку «популяционный генетик» Запорожченко имеет крайне слабые познания в других дисциплинах, то он пишет: «свою теорию оценки возраста линий Y-хромосомы Анатолий Клесов построил на естественной аналогии с явлением радиоактивного распада, исходя из предположения, что за определенный промежуток времени мутирует определенная доля идентичных базовых линий, представленных в предковой популяции». Во-первых, это не «исходя из предположения», а это экспериментальный факт, показанный на десятках серий гаплотипов. Далее, не по «анalogии с явлением радиоактивного распада», а исходя из понимания кинетики процессов первого порядка. Для этого нужно просто понимать, как работает копирующий фермент и в чем причина мутаций в ДНК потомков. Процесс радиоактивного распада – тоже описывается кинетикой первого порядка, только радиоактивный распад – явление необратимое, а STR-мутации – явление обратимое, поэтому кинетика несколько другая.

Дальше у Запорожченко пошла принципиальная ахинея, в форме наукообразного изложения, но по типу «за деревьями не видит леса». Я даже цитировать его не буду, потому что эта ахинея растянулась у него на две страницы. Суть ее – типичное нытье плохо образованного биолога, что константам скоростей реакций он не верит, потому что он не может на самом деле проверить, как оно было у начала кинетической кривой. Продолжая пример с радиоактивным распадом, такой плохо образованный биолог говорит, что не верит временам полураспада в 5 тысяч лет, потому что 5 тысяч лет назад это никто не проверял и измерения не начинал. То, что при кинетике первого порядка такие закономерности легко экстраполируются, он не понимает. Ему нужна «машина времени», как он буквально пишет.

«Даже если мы уверены в истинности топологии нашего дерева..., мы может только принять на веру, что в нем представлены все главные ветви, что никакая из них не была утеряна за время истории».

Написать такое может только человек, абсолютно не понимающий сути ДНК-генеалогии. На самом деле утеряно множество ветвей, но на то есть

расчеты «внутри ветвей», а есть расчеты «между ветвями». Совокупность тех и других подходов позволяет восстановить, реконструировать более полную картину. Например, африканские ветви, известные на сегодняшний день, уходят в глубь времен обычно только на 5-6 тысяч лет, а часто и только на 500-800 лет. Однако расчеты «между ветвями» позволяют выявить, что общий предок африканских гаплотипов жил 120 тысяч лет назад. Эвона как – масса ветвей «утеряна за время истории», но и по сохранившимся фрагментам выживших ветвей можно получать довольно полную картину (в отношении времен жизни древнейших предков). По гаплотипам можно рассчитать, что общий предок современного человека и современного шимпанзе жил около 6 миллионов лет назад. А уж сколько ветвей потеряно в ходе этой эволюции... но это не помешало выявить время жизни общего предка человека и шимпанзе.

Обычно люди ограниченные сводят свою аргументацию к тому, что «это все сложно, потому невозможно». К таким относится Запорожченко. У него на все негативное воззрение – и в скорости мутаций он не верит, и потеря ветвей (см. выше) якобы делает расчет невозможным, и дисперсия все погубит, приписывает ДНК-генеалогии некую «химическую модель мутирования» (у Запорожченко слово «химия» или «химическое» играет роль некоего пугала). Ничего своего для решения этих вопросов он не предлагает, для него всё сложно. Он думает, что «скорости» мутаций (так и берет слово «скорости» в кавычки) у нас некие «регулярные явления», потому что не понимает, что это не регулярное, а статистическое явление, как и все в химической кинетике.

Очередные две страницы своего материала Запорожченко посвятил моему замечанию про скорости мутации в мтДНК. И опять – не увидел леса за деревьями. Забавно, как он «образованность хочет показать», и при этом не понимает сути моего замечания. В ноябрьском выпуске Вестника я писал о том, что расчеты времен до общих предков по мтДНК крайне несовершенны, поскольку пока не выяснено, какая же скорость мутации может быть использована. Всё. В этом была суть моего замечания. Остальное – примеры с цифрами. Примеры были о том, что по одним данным одна мутация в мтДНК проходит раз в 3624 года (Soares, 2009), но потом начинают вводить дополнительные коэффициенты, и скорость мутации начинает плыть от 3624 лет⁻¹ до 7557 лет⁻¹, 7790 лет⁻¹, 9503 лет⁻¹, и это не предел. Как я написал, на мой взгляд это похоже на поправки на возвратные мутации. Точнее, я на самом деле написал – *«Я так и не понял, идет ли речь о введении поправки на возвратные мутации, что вполне возможно, судя по используемым поправочным формулам, содержащим экспоненциальные компоненты и*

рассуждениям о «скрытых мутациях» (hidden mutations)».

Вот этим оборотом «я так и не понял» я сделал, как оказалось, форменный подарок Запорожченко. Он так обрадовался, что я что-то не понял, что вынес этот мой оборот в заглавие своей «статьи». Определенно, есть в нем что-то ущербное. Надо же, какое ликование, что я что-то не понял. После этого Запорожченко опять занял две страницы, на этот раз историей вопроса, кто и о чем когда на этот счет что опубликовал, по вопросу о внутривидовом мутировании мтДНК. Забавно, что «парируя» в ответ на мой оборот «я так и не понял, идет ли речь о введении поправки на возвратные мутации» Запорожченко ответил – «Да, примерно так». Ну и стоило писать эти две страницы ни о чем, если это «примерно так»? Но еще забавнее то, что Запорожченко так и не показал, КАК на самом деле надо считать, при использовании какой константы скорости. У него опять все свелось к тому, что это все сложно.

В итоге, как в старом медицинском анекдоте, «ноготь так и остался невырезанным». Весь пар Запорожченко ушел в свисток. Какую константу скорости мутации мтДНК применять для расчетов – так и осталось неизвестным. Какова надежность расчетов по мтДНК, проводимых за последние 20 лет, при всей этой оказавшейся сложности – так и осталось неизвестным. Так что неудивительно, что он – пешка среди 15-18 авторов чужих статей, и ни одной статьи своей.

На этой оптимистической ноте и подведем.

А. Клёсов

Микросателлиты и гены Y-хромосомы

Анатолий А. Клёсов

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

Мы часто сообщаем в научных и популярных работах, что ДНК-генеалогия использует в своей методологии нерекомбинантные участки Y-хромосомы, в которых находятся микросателлиты, то есть STR, short tandem repeats. Некоторые особо активные популяризаторы нас публично упрекают, что это не так, и что многие (или некоторые? – они, популяризаторы, никогда не уточняют) микросателлиты пересекаются в Y-хромосоме с генами, и поэтому основное положение ДНК-генеалогии неверно. Почему неверно – они тоже не уточняют. Неверно, и всё. Пример – тот же Запорожченко, о чем идет речь в предыдущей статье в этом выпуске Вестника.

На самом деле это не может быть проблемой по ряду причин. Как правило, гены по размеру (числу нуклеотидов) намного больше микросателлитов, и в случае «пересечения» микросателлиты, или локусы, были бы частью гена. То есть при любой мутации в локусе, при которой, естественно, микросателлит или укорачивается, или удлиняется, ген тоже будет мутировать, а это обычно для организма ничем хорошим не кончается. То есть мутации в микросателлите в большинстве случаев будут приводить к изменению функции гена, к синтезу другого белка, нежели того, что до мутации, и – вполне возможно – будут влиять на выживаемость потомства. Это не исключает «пересечения» микросателлитов с генами, но скорее всего резко уменьшает вероятность такого события. Так это и оказалось, как будет показано ниже.

Чтобы не быть голословным, сравним размеры генов и микросателлитов в Y-хромосоме. Геномный браузер Y-хромосомы сообщает, что там имеется 66 генов, но приводит только 40. Остальные оказываются на хромосомах 1, 2, 3, 5, 6, 8, 11, 12, 13, 16, 17, 19, 20, хромосоме X и так далее. Примеры размеров участков генов –

159 605 bp (USP9Y),
109 059 bp (RBM11),
91 627 bp (TSPY3),
71 282 bp (TSPY1),
68 893 bp (CYorf17),
37 955 bp (RBM11A1),
36 739 bp (TXLNG2P),
21 203 bp (BPY2),

15 522 bp (CYorf15B),
9 635 bp (RBMV2DP),
5 488 bp (AC007965.12),
2 811 bp (CDY2a).

А вот примеры размеров микросателлитов:

119 bp DYS393
346 bp DYS390
195 bp DYS19
287 bp DYS391
369 bp DYS385a
381 bp DYS385b
97 bp DYS426
252 bp DYS439
247 bp DYS389
254 bp DYS392

Самые протяженные микросателлиты из остальных в 67-маркерном гаплотипе – 368 bp (GATA-H4), 355 bp (DYS449), 308 bp (DYS444 и DYS446), и 305 bp (DYS442).

Так вот, во всем 67-маркерном гаплотипе есть только два локуса, которые входят в генные участки. Оба – мультикопийные маркеры, DYS459a и CDYa. DYS459a (расположен на участке 24,488,178 – 24,488,329) перекрывается с геном RBMY1J (24,454,970 – 24,564,028), который превышает его по размеру в 717 раз. CDYa (расположен на участке 24,561,409 – 24,561,684) перекрывается с тем же геном RBMY1J. Видимо, в этом есть какой-то биологический (регуляторный?) смысл, что оба мультикопийных локуса из 67 находятся в одном и том же гене.

Несколько слов о том, где эти микросателлиты и гены расположены на Y-хромосоме. Напомню об общей форме Y-хромосоме, которая здесь представлена в виде так называемой идеограммы



(участок за обрезом нам сейчас не нужен), длиной почти в 58 миллионов пар оснований (формально это 57,772,955 пар оснований). Темные и светлые полосы на идеограмме соответствуют окраске Y-хромосомы после ее специальной обработки для рассмотрения под микроскопом. Три полосы до центромера (места сужения) слева соответствуют длине 1.7

миллиона, 3.3 миллиона, и 11.2 миллиона пар оснований. Именно там находится большинство микросателлитов, но только немного генов. Распределение такое:

В первых двух полосах (то есть в первых 3.3 миллиона нуклеотидов) генов нет (по имеющимся данным), но есть два микросателлита - DYS393 и DYS446.

В длинном (неокрашенном) участке между 3.3 и 11.2 Mbp есть 8 генов, в основном в узкой полоске между 9.2 и 9.4 Mbp, но есть 16 микросателлитов из 67 (точнее, из 63, поскольку четыре не приведены в браузере - DYS388, DYS406S, DYS425 и DYS450), в частности, там находится DYS19.

В короткой неокрашенной полосе после центромера (12.4 до 14.2 Mbp) есть всего один ген (RCC2P1), но есть 8 микросателлитов, в частности, DYS391, DYS439, DYS389.

В последующей окрашенной полосе (14.2 до 18.8 Mbp) - 17 микросателлитов (в частности DYS390, DYS426, и самый медленный маркер DYS472), и 4 гена. Все они чередуются, не пересекаясь.

В неокрашенной полосе (18.8 - 21.1 Mbp) - два гена и шесть микросателлитов, в частности, DYS385 и DYS392.

В последующей окрашенной полосе (21.1 до 25.2 Mbp) - 15 генов, максимальное количество, больше трети от всех. Там же и описанные выше два пересечения генов с мультикопийными микросателлитами. Там же 6 микросателлитов, из которых два DYS464.

В предпоследней неокрашенной полосе (25.2 - 27.1 Mbp) - 4 гена и 3 микросателлита, это остальные два DYS464 и CDYb.

В последней длинной неокрашенной полосе (выше 27.1 Mbp) четыре гена, из которых два накладываются друг на друга. Это - RBMY2DP (28,269,821 - 28,279,455) и AC007965.12 (28,269,867 - 28,275,354), и всего один двойной микросателлит (DYS395S1), который унесло за отметку в 88 миллионов bp.

В итоге вывод из всего изложенного состоит в том, что ДНК-генеалогия работает почти исключительно с микросателлитами, которые не относятся к генам. Есть единичные исключения, но они сводятся к мультикопийным маркерам, которых и отличает необычное поведение в отношении мутаций.

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)

Еврейские дискуссии

(у нас в гостях – международный портал «Заметки по еврейской истории. Еврейская Старина»)

О народности лемба

Борис Э.Альтшулер

Израиль, готовься!

Исследование специалистов по ДНК-генеалогии подтвердило гипотезу, согласно которой народность лемба, проживающая на территории Зимбабве и соседних стран Южной Африки и соблюдающая некоторые заповеди иудаизма, имеет еврейские корни. Большинство членов этого племени, насчитывающего около 70 тысяч человек, хранит традиции, которые кажутся более естественными в Тель-Авиве, нежели в Хараре: обрезание, ритуальный забой скота и запрет на употребление в пищу свинины. Сами лемба считают себя южноафриканским племенем «черных евреев», пронесшим через века память о своих иудейских корнях, даже несмотря на то, что многие члены этой общины были обращены миссионерами в христианство или ислам.

Недавно устная традиция лемба, свидетельствующая о еврейском происхождении народности, была подтверждена документально: исследование ученых из Лондонского университета показало, что их гены

хранят следы происхождения из региона Восточного Средиземноморья. Наделавшее много шума в конце 90-х генетическое исследование показало, что 55 процентов евреев с фамилиями Коэн, Коган, Каганович, Кац и т.п. имеют общее происхождение от человека, жившего в глубокой древности. Этот же гаплотип (генетический маркер происхождения) обнаружен в геноме большинства лемба. «Лемба происходят от общего предка, жившего около трех тысяч лет назад на Ближнем Востоке, — отмечает антрополог Тюдор Парфитт. — Вообще, изучая лемба, я столкнулся с очень интересной историей, в которой генетика, как точная наука, выступила в поддержку человеческих верований».

Не существует письменного рассказа о том, как предки лемба прошли через всю Африку и оказались на территории современного Зимбабве. Согласно их собственным легендам, праотцы лемба пришли с Ближнего Востока, неся с собой впоследствии утраченную копию Ковчега завета, которую они называют «Нгома лунгунду». По словам Парфитта, лемба верят, что их предками являются белые люди, пришедшие в Южную Африку с территории современного Йемена.

«Мы, лемба, не можем отказаться от иудаизма, потому что он представляет собой основу нашей культуры, — заявил Хамандише, депутат парламента Зимбабве, в настоящее время находящийся с визитом в Израиле. Его слова приводит АРР. — Мы пытались рассказать другим народам, кто мы есть, но нам не верили. Однако теперь мы счастливы, поскольку наше убеждение о связи с еврейским народом подтверждено научными экспериментами».

Интересно отметить, что обычаи лемба запрещают им вступать в смешанные браки с представителями иных народов. В различных уголках мира, в том числе в Африке, есть народы, заявляющие о своем происхождении от древних евреев (потерянных колен). Однако уникальность лемба заключается в том, что лишь у них генетики действительно документально подтвердили наличие иудейских корней. «При этом лемба в антропологическом отношении не выделяются на фоне соседних народов. Они являются интегральной частью южноафриканского общества, говорят на местных языках и по большей части исповедуют христианство. Поэтому охарактеризовать идентичность этого этноса с точки зрения культурной антропологии затруднительно», — полагает Парфитт. Часть лемба (далеко не все) желали бы, чтобы на них распространили израильский Закон о возвращении. Некоторые из них хотели бы переселиться в еврейское государство, обрести там свой дом, приобщиться к подлинным еврейским традициям и изучить иврит. Вполне возможно, Израиль пойдёт им навстречу: ведь в 70-е годы прошлого века раввинат признал эфиопскую народность фалаша, религия которой весьма

далека от «классического» иудаизма, потомками колена Дана. Не исключено, что аналогичная участь ожидает и лемба.

Материал подготовил Роберт Берг. Jewish.ru

Anatole Klyosov:

>Исследование специалистов по ДНК-генеалогии подтвердило гипотезу, согласно которой народность лемба, проживающая на территории Зимбабве и соседних стран Южной Африки и соблюдающая некоторые заповеди иудаизма, имеет еврейские корни.

Корни бывают глубокие и мелкие. Еврейские корни народности лемба - давностью лет шестьсот (это я по памяти, полное исследование опубликовано в журнале J. Genetic Genealogy в 2009 году). Иначе говоря, некий еврей посетил в средние века ту обитель в Зимбабве, и оставил свой ДНК-след. Это бывает. Как говорил М.М. Жванецкий - "одна ошибка - и ты отец". Видимо, он же убедил доверчивых чернокожих, в основном банту, о пользе шабата и обрезания, и о вреде свинины.

Потом, в конце 1990-х годов, там появились "популяционные генетики", среди них некий Парфитт, взяли образцы ДНК, большинство банту проигнорировали, нашли еврейские "корни", и не умея анализировать данные в рамках хронологии, подняли "детский крик на лужайке", что там сплошные "коэны". Безграмотность при анализе данных дело, конечно, хорошее, но не настолько же. Если бы эти Парфитт-исследователи хоть немного соображали, то осознали бы, что все еврейские гаплотипы у лемба просто идентичны, а это означает совсем недавнего общего предка, принесшего этот гаплотип. "Совсем недавно" - это и есть лет 600, пара-тройка мутаций у исследованной группы лемба за это время проскочили. О древних иудейских корнях там речи просто нет.

К сожалению, это совершенно типичный случай. Так называемые "популяционные генетики" систематически демонстрируют впечатляющее невежество при анализе данных. Данные-то они получают, а анализировать не умеют.

>Наделавшее много шума в конце 90-х генетическое исследование показало, что 55 процентов евреев с фамилиями Коэн, Коган, Каганович, Кац и т.п. имеют общее происхождение от человека, жившего в глубокой древности.

Если 1000 лет - это "глубокая древность", то это так. Это все к тому же, что я

отметил выше. Данные получают, а анализировать не умеют.

>Этот же гаплотип (генетический маркер происхождения) обнаружен в геноме большинства лемба. «Лемба происходят от общего предка, жившего около трех тысяч лет назад на Ближнем Востоке, – отмечает антрополог Тюдор Парфитт.

Угу. Если этого антрополога взять за лацканы (или за жабры, кому как нравится),и спросить - Тюдор, ну давай как на духу - откуда ты эти три тысячи лет взял, когда там только шестьсот - он же ведь не ответит. Как та лошадь на скачках - "ну не смогла я...". Вот и Тюдор не смог. Но баки забывает и очки втирает. Я не знаю, зачем. Может, кто ответит?

>По словам Парфитта, лемба верят, что их предками являются белые люди, пришедшие в Южную Африку с территории современного Йемена.

Очень может быть. Лет шестьсот назад. А что, тоже давно.

>"Однако теперь мы счастливы, поскольку наше убеждение о связи с еврейским народом подтверждено научными экспериментами».

И тоже вождь прав. Спасибо тому средневековому еврею.

>Часть лемба (далеко не все) желали бы, чтобы на них распространили израильский Закон о возвращении... Вполне возможно, Израиль пойдет им навстречу.

Ну, это ясно. Опять еврей виноват.

A&B

Вот так вот сразу, шестьсот лет назад, один еврей - и всё? Все лемба стали евреями? Это сколько же ошибок надо было совершить одному, бедному еврею:-)? А если серьезно. как укладываются короткий срок в шестьсот лет и идентичность гаплотипов у многих (если это была представительная выборка) лемба?

Борис Э.Альтшулер

Всё-то хорошо, но какой же зловредной потенцией должен был обладать этот маленький еврей из Йемена, чтобы оплодотворить такой здоровенный кусок Восточной и Южной Африки?! Можно ли это генетически успеть

сделать за 600 или 1000 лет и произвести довольно солидную народность? Вот ведь в чём вопрос.

Anatole Klyosov

Я понимаю, что представители научно-технических дисциплин имеют несколько другое устройство мозга, чем представитель дисциплин гуманитарных (заметьте, я не говорю, у кого из них устройство лучше или правильнее, я говорю "другое"). Так вот, я как представитель научно-технической дисциплины, никогда бы не сказал "народность Лемба... имеет еврейские корни", потому что эта народность имеет много разных корней (см. ниже). Я бы не сказал "здоровенный кусок Восточной и Южной Африки", а указал бы, какой именно "кусок" и что в это понятие вкладывается. Я бы не усомнился про "генетически успеть" без хотя бы примерных подсчетов, а сколько можно произвести потомков за несколько сотен лет. Я бы не сказал "солидную народность" без уточнения, что это такое, количественно, и какую долю от них составляют те, которые по гаплотипам подходят под евреев. Наконец, я бы не стал с полоборота оспаривать сообщение человека, который эти расчеты проводил и публиковал в академической печати (при всей условности этого понятия), или хотя бы перед этим ознакомился с расчетами, хотя бы "концептуально". Я вообще-то не сторонник положения, что каждая кухарка может управлять государством.

Понимаете, о чем я?

К делу. Всего этих Лемба примерно 70 тысяч человек. Я не знаю, "солидная народность" ли это, и подходит ли под это понятие "здоровенный кусок Восточной и Южной Африки". В нашем городке Ньютон под Бостоном, например, примерно 85 тысяч человек, но я бы не сказал, что он занимает "здоровенный кусок восточного побережья Америки". Если честно, то он и здорового куска штата Массачусеттс не занимает. Если еще точнее, то занимает меньше чем 0.2% штата (18 кв. миль против 10155 кв. миль). Так вот, этих Лемба было протестировано 136 человек. Будем считать, следуя за авторами исследования, что это репрезентативная выборка, других вариантов у нас все равно нет. Из них "еврейские" гаплотипы показали 15 человек. Вообще-то арабские гаплотипы такие же, но поскольку эти Лемба придерживаются еврейских обычаев, засчитаем, что все эти гаплотипы еврейские по происхождению. Остальные 121 гаплотип распались на совершенно разные ветви, большинство из них характерны для Банту, и возраст общего предка этих гаплотипов оказался 8300 лет. Другие ветви, нееврейские, дали 2550 лет, 2150 лет до общего предка и так далее.

Поехали дальше. Из этих 15 еврейских гаплотипов у Лемба 12 (то есть 80%) оказались полностью идентичными друг другу. Это означает, что их общий предок жил всего несколько сот лет назад. Подсчет дал 625 лет назад. Для сравнения и для наглядности можно подобрать что-то подобное и с известной генеалогией. Известный пример: потомки Джона Мак-Доналда, Лорда Островов, который умер в 1386 году, то есть 626 лет назад. У его потомков (кстати, среди них и наполеоновский маршал МакДоналд) 78% идентичных гаплотипов в том же формате, что и у Лемба (хотя сами гаплотипы, конечно, другие). Как видите, расчет и без всяких Мак-Доналдов был проведен в целом верно, и Мак-Доналды его в целом подтвердили.

Теперь, сколько потомков можно ожидать через 625 лет (25 поколений, если по 25 лет на поколение)? Сначала - голая и сильно преувеличенная теория, что если в каждом поколении в среднем двое детей - мальчик и девочка, то за 25 поколений число потомков - два в 25-й степени. Это - примерно 34 миллиона человек, то есть 17 миллионов мальчиков. Так, конечно, не бывает, но представление дает. Пусть будет в тысячу раз меньше, то есть 17 тысяч человек. Это уже ближе. Кстати, в клубе потомков Джона Макдоналда несколько тысяч человек, а там, конечно, далеко не все потомки учтены.

А у Лемба? Из 136 человек оказалось 15 с еврейскими корнями, то есть из 70 тысяч человек можно ожидать около 8 тысяч человек.

Итог: от одного бойкого еврея, посетившего кишлак (аул, стойбище, вилаж) Лемба в конце 14-го века вполне могли народиться все современные Лемба с еврейскими корнями. А если еврей еще был любвеобильным, и проявил внимание к нескольким симпатичным лембам, то ого-го, и остальную Азию мог заселить к настоящему времени.

Эвона как.

Борис Э.Альтшулер

Спасибо за постинг и остроумные обсуждения проблемы лемба. С еврейской генетикой Африки теперь стало намного яснее.

О квадратичном и линейном методах расчетов, и фантазиях в области археологии и краниологии

(Дискуссия на Форуме «Родство», июнь 2012 года)

От редактора: суть линейного и квадратичного методов подробно описаны в Вестнике за 2008-2009 гг. , в журнале J. Gen. Geneal. за 2009 г., и в журнале Advances in Anthropology за 2011 г. В первом методе подсчитывается суммарная разница мутаций по всем маркерам (локусам) все гаплотипов в рассматриваемой серии, во втором – суммарная разница квадратов этих мутаций. В первом методе вводится поправка на возвратные мутации, во втором она не требуется.

В принципе, в идеальном случае (все мутации одношаговые, нет мультикопийных мутаций, вся серия гаплотипов относится к одной ветви, то есть к одной ДНК-генеалогической линии с одним общим предком, все мутации статистически неупорядоченные и равновероятные в своем локусе, все возвратные мутации тоже неупорядоченные и равновероятные), оба метода должны давать идентичные результаты. В реальных системах, однако, всегда есть отклонения от идеальных случаев – есть примеси посторонних гаплотипов, то есть от других общих предков, мутации часто наследуемые, а не статистические, мультикопийные мутации приводят к кажущимся двух-, трех и выше –шаговым мутациям. И тем не менее, линейный и квадратичный методы обычно дают одинаковые результаты в пределах погрешности расчетов.

При расчетах неумелых квадратичный метод часто дает завышенные результаты, так как ошибки (например, разница в аллелях от примесных, посторонних гаплотипов, или мультикопийных маркеров) возводятся в квадрат и суммируются, а в линейном методе при столь же неумелом подсчете просто суммируются, без возведения в квадрат. Явные завышения в квадратичном методе получаются в результате его неумелого применения, и сравнения с результатами умелого применения линейного метода. Мы это уже много раз обсуждали и показывали на конкретных примерах, но некоторые любители продолжают наступать на одни и те же грабли. Оттого и дискуссии, но они в целом полезны, так как позволяют новичкам увидеть, что такое умелое и неумелое владение аппаратом ДНК-генеалогии. Главная особенность неумелого применения – это расчет «чихом», без построения дерева гаплотипов и деления его на ветви. Тогда в квадрат возводится всё, что между ветвями. Это обычно много, и данные оказываются в принципе неверными. Но это обычно прикрывается некой наукообразностью. Дискуссия ниже это показывает.

Ostan:

Я считаю чохом (то есть не разделяя серии гаплотипов на ветви – прим. редактора). Единственное требование для квадратичного метода подсчета мутаций, это то, чтобы все гаплотипы принадлежали единому субкладу. Квадратичный метод, также как и линейный, чувствителен к веткообразованию, но для квадратичного метода эта чувствительность на порядок меньше. Это уже многократно проверено. Если для линейного метода при выделении какой-то ветви и подсчета времени до общего предка этой ветви мы никогда не попадем в то место, из которого эта ветвь произросла, то для квадратичного попадание в место произрастания ветви и является одним из методов проверки правильности расчетов.

И. Рожанский:

>Цитата(Ostan @ 17.5.2012, 2:27) ↵

Квадратичный метод также как и линейный чувствителен к веткообразованию, но для квадратичного метода эта чувствительность на порядок меньше. Это уже многократно проверено.

Проверено кем, когда и на каких примерах? Для меня это, честно говоря, откровение. До сих пор критерием надежности считалась однородность выборки, для которой рассчитывается общее количество мутаций. Конкретный метод подсчета - это уже частности.

Более того, меньшая чувствительности квадратичного метода к неоднородностям выборки - это вообще миф. Калибровка квадратичным методом по документальным родословным дает коридор ошибок в 1,5-2 раза шире, чем при линейном, и это вам прекрасно известно. В теме "Калибровка скоростей мутаций" я неоднократно выкладывал такие расчеты, как собственные, так и при использовании калькулятора К. Нордведта. Если такое происходит с проверенными однородными выборками, то откуда уверенность, что с заведомо неоднородными квадратичный метод даст менее фантомного предка, чем линейный? Если брать такую выборку и считать чохом, то "оба хуже", как сказал бы один носитель G2a1a.

>Если для линейного метода при выделении какой-то ветви и подсчета времени до общего предка этой ветви мы никогда не попадем в то место, из которого эта ветвь произросла, то для квадратичного попадание в место произрастания ветви и является одним из методов проверки правильности расчетов.

Это вообще какая-то загадочная фраза. Что значит "попадаем или не попадаем в место произрастания ветви"? По статистике, субклад R1a1a1h (L342.2) в основной своей массе "произрастает" в США, с максимальной концентрацией в Бронксе. Имеется в виду ашкеназийская ветвь, что охватывает более половины известных нам гаплотипов этого субклада.

Если применить ваш критерий и считать все гаплотипы всего субклада чохом ("единственное требование" соблюдено!), то ветвь ашкенази неизбежно даст перекосяк, и предок будет фантомным, вне зависимости от метода. Вот только линейный метод однозначно занизит возраст этого фантома, а куда попадет квадратичный, одному Богу известно. Может занижить, может завысит, может случайно попасть, но к заслуге метода это не относится. Стоящие часы тоже 2 раза в день показывают точное время.

Так что не обольщайтесь мнимыми достоинствами квадратичного метода и не считайте, что его применение отменяет работу по построению деревьев. Это самообман.

А. Клёсов:

>Я и считаю чохом - и далее.

Это и далее просто букет неверных фраз. Я-то думал, что вы в этих делах разобрались. Оказывается, вы практически на нулевом уровне. То есть вы что-то берете и на что-то делите, ветви не разделяете, что-то получаете, типа некоего загадочного "места произрастания ветви", и придаете этому некое значение из истории и археологии.

Если одним словом, то это кошмар.

Ostan:

Ну вот, затронул болезную тему. А в этой теме ничего особенного нет. Просто нужно немного разобраться, чем отличается квадратичный метод от линейного, и все станет на место. То, что линейный метод занижает возраст субклада - это уже давно известно. В самом деле, если считать по среднему, то и получим средний возраст, который будет, естественно, отличаться от максимального. Про особенности калибровок для квадратичного метода и для линейного я уже писал неоднократно, но, видимо, прошло мимо.

При расчетах квадратичным методом, так же как и при расчетах линейным, желательно разбивать на ветви. Но, этот процесс можно продолжать до

бесконечности. У каждой большой ветви всегда найдутся и более малые. Так что, для правильности расчета нам необходимо продолжать разбивать на ветви до бесконечности? Совсем нет, а то абсурдность ситуации очевидна. Нам просто необходимо знать, что все ветви (гаплотипы) принадлежат единому субкладу. И ничего страшного, если для одной выборки мы получим меньший возраст. Просто представители этой выборки имели более позднего предка, чем для всего субклада.

Я специально провожу постоянно проверку расчетов возраста субклада по совпадению с той развилкой, от которой и растет данная ветвь субклада. Расчеты возрастов, как правило, совпадают. Последний пример для гаплогруппы Q. Расчеты, проведенные Игорем Львовичем, дали 12 000 лет для американской ветви. И у меня расчеты как для американской, так и для евроазиатской дали все те же 12 000 лет. И это при том, что не проводилось разделение на отдельные ветви. Так неужели за 12 000 лет не было отдельных ветвей? Да были они, и вполне достаточно. А вот для линейного метода такое совпадение просто невозможно. И дело не в том, что линейный метод дает несколько заниженное значение возраста по сравнению с квадратичным. Просто линейный метод противоречит сам себе. Положение развилки также считается линейным методом. Тем не менее всегда после развилки тот же линейный метод даст бутылочное горлышко. Сколько раз мы разобьем на ветви, столько бутылочных горлышек и получим. Квадратичный метод свободен от этого недостатка. Впрочем, чтобы понять преимущества и недостатки обоих методов надо считать обоими и сравнивать. А это, видимо, слишком сложно.

A. Klyosov:

>Ну вот, затронул болезную тему.

Никакая она не больная, все давно известно. Ваш ответ только показывает, что вы в этом так и не разобрались. "Аргументы" ваши просто смешные. То, что вы писали ранее, давно детально раскритиковано и отвергнуто. А Вы теперь сообщаете, что "писали неоднократно". Смешно.

>При расчетах квадратичным методом, так же как и при расчетах линейным, желательно разбивать на ветви. Но, этот процесс можно продолжать до бесконечности. У каждой большой ветви всегда найдутся и более малые. Так что, для правильности расчета нам необходимо продолжать разбивать на ветви до бесконечности?

Это - просто детский сад. По аналогии, длину автомобиля в сантиметрах нельзя измерять, потому что в сантиметре есть более малые миллиметры, а

там микроны, а там ангстремы - это что, получается, можно измерять до бесконечности?

Нет, просто здравый смысл подсказывает, какой точностью можно ограничиться в каждом данном случае. Да, в ряде случаев приходится разбивать далее на подветви, если видно, что они разного размера, то есть "разного веса". А если ветвей примерно одинаково, то и разбивать не надо, оно само учтется при расчетах.

А если ветви разного размера, то любой метод "чихом" даст неверные данные, только квадратичный даст намного более неверные, поскольку разница между ветвями возводится в квадрат, и ошибка зашкаливает.

Я уже приводил пример, когда некий Майка посчитал серию гаплотипов группы G с помощью "калькулятора Нортведта", который на ветви не разбивает и мульти-копийные маркеры не учитывает, и получил 9 тысяч лет до общего предка. А потом пересчитал правильно, и получил 3600 лет. Публично признал свою ошибку на Форуме RootsWeb.

А вы, не моргнув глазом, пишете - "То, что линейный метод занижает возраст субклада - это уже давно известно". Вы вообще представляете себе глубину Вашего непонимания вопроса?

>Нам просто необходимо знать, что все ветви (гаплотипы) принадлежат единому субкладу.

Опять непонимание. Когда субклад древний, он расходится на ветви. То есть ветви, возможно, и есть под-субклады, но их еще не идентифицировали. Только что нашли субклад R1b-DF23, который находится между L21 и M222, а он дает свою ветвь. Если не строить дерево, а просто принять "субклад", то вот и неправильный расчет.

Так что продолжайте учить материальную часть. Хотя я это Вам уже раз двадцать советовал. И не один я.

И. Рожанский:

>Цитата(Ostan @ 17.5.2012, 16:11)

Нам просто необходимо знать, что все ветви (гаплотипы) принадлежат единому субкладу. И ничего страшного, если для одной выборки мы получим меньший возраст. Просто представители этой выборки имели более позднего предка, чем для всего субклада.

Принципиально неверное положение, если я правильно понял вашу мысль. Принадлежность к одному субкладу - условие необходимое, но не достаточное. Субклад может оказаться состоящим из сильно расходящихся или, наоборот, сильно перекрывающихся ветвей, что при счете "поперек" дадут фантомного предка с фантомным базовым гаплотипом. Вспомните пресловутый модальный гаплотип коэнов. Формально, его обладатели принадлежат к одному субкладу (J), но счет чохом дает ошибку в разы. А ведь сколько разговоров было.

Чтобы не быть голословным, вернусь к примеру с субкладом L342.2. Давайте возьмем его выборку, скажем, по Германии, Украине, Киргизии и Индии. Вне зависимости от метода, самый ранний предок попадет в Индию, представленную разрозненными гаплотипами из родительской ветви, а самый недавний - на Украину, где безусловно доминирует ашкеназийская ветвь. Немногим старше окажется предок в Киргизии, а в Германии, где L342.2 мало, время будет скакать при добавлении или изъятии отдельных гаплотипов. Какой последует вывод? Видимо, такой, что предок "украинской" ветви субклада более поздний, чем "индийской". Не иначе, Индия - его родина. Так?

Давайте теперь уберем из выборок ашкеназийскую ветвь, для которой, кстати, еще не найден свой снип. То есть, формально субкладом она не является. Все поменяется с точностью до наоборот - на Украине и в Германии останутся единичные (пока) гаплотипы, очень далеко убегающие от всех остальных (к примеру, наши форумчане Годыня и ett), на фоне которых индийская выборка окажется того же возраста или даже моложе.

Как прикажете поступать - придерживаться буквы ISOGG или все же делить на ветви и считать отдельно? Или квадратичный метод, как по мановению волшебной палочки, выправит все перекосы и даст время до реального предка? Сильно сомневаюсь, он не лучше и не хуже линейного, если мы имеем дело с хорошо сходящейся ветвью и принимаем во внимание несколько различающиеся калибровки. Уповать на его исключительность, это все равно, что настаивать, что автомобиль, у которого спидометр откалиброван в милях в час, расходует меньше бензина, чем тот, у которого привычные нам километры.

Что касается рассуждений о бесконечном дроблении на ветви, которым якобы страдает линейный метод, то это вариант апории об Ахиллесе и черепахе, не находите? Это совершенно не обязательно делать, если дочерние ветви раскиданы по дереву более-менее равномерно. Случай с субкладом Q1a1a1 (M3) как раз попадает в эту категорию. Другой

показательный пример - ветвь J1c3d2 (L222.2), в которой имеется несколько молодых компактных подветвей. Однако, счет по базовым гаплотипам подветвей, всей выборке в целом и выборке за вычетом подветвей дает одну и ту же датировку, что с точностью до ± 100 лет совпадает с временем жизни Аднана, вычисленному по традиционным арабским родословным. Метод расчета тут совершенно ни при чем.

Есть достаточно простой способ определить, насколько точной будет оценка времени до предка. Это (А) общий вид дерева и (Б) соответствие количества базовых гаплотипов в выборке общему числу мутаций. На эту тему было немало статей в Вестнике и дискуссий на форуме, не буду лишним раз повторяться. Если проверка покажет, что выборка неоднородна, даже в пределах одного субклада, то НИКАКОЙ метод не даст правильного результата. Случайное совпадение возможно, но как его опознать?

И, наконец, забудьте про разбивку выборок по территориальному принципу, чем так любят заниматься популяризаторы. Если у какой-либо **однородной** ветви был общий предок, живший, допустим, в Саудовской Аравии, это совсем не значит, что выборка там даст более старый возраст, чем, скажем, в Тунисе. В идеале, он должен быть одним и тем же. Специально подчеркнул слово "однородной", потому что часто имеются дочерние ветви, привязанные к определенной территории. Собственно, именно они часто дают подсказку о возможных путях миграций, а вовсе не бездумные расчеты по отдельно взятым регионам.

Ostan:

Ну я не буду поднимать дискуссию вновь. Мне это просто не интересно. Разбирать все возможные случаи просто уже не имеет смысла, поскольку все уже разобрано. Я всегда с удовольствием разбираю деревья, которые строит Игорь Львович. У меня с ним по узлам всегда полное соответствие. А вот то, что эти деревья обряжены в короткие штанишки - это всегда режет глаз. Ну и что, так и будем в коротких штанишках бегать? Да еще с не прикрытыми развилками. А эти штанишки еще укоротятся, стоит только перейти на 111-маркерные гаплотипы. Я еще ни разу не видел расчета линейным методом на 111-маркерных гаплотипах. В квадратичном методе 100% соответствие с расчетами на 67-маркерах. А вот в линейном разница составит не 10-15%, а уже 20-30%. Опять будем скорости корректировать?

Игорь Львович, несмотря на то, что у меня пока так и не появилось время, я все-таки рассмотрел вашу задачу по субкладу Z93. Напомню постановку задачи. Разделение основных субкладов R1a по вашим вычислениям произошло около 5500 лет тому назад. В это время и выделился субклад Z93.

Но ваш расчет, проведенный линейным методом дает время до общего предка около 4500 лет тому назад. Т.е. в ДНК-генеалогической летописи появляется лакуна размером около 1000 лет. В течение этого периода времени нам ничего не известно об этой ветви R1a. То ли представители этой ветви жили в неизвестном пока месте, то ли их потомки не выжили, или мы пока не обнаружили древних ветвей, которые ведут начало из этого периода времени. Короче, все умерли. Но другие методы расчета такой лакуны не показывают. В частности, как мною было показано в теме "Калибровка скоростей мутации", линейный метод на таких дистанциях дает заниженное значение времени до общего предка. Это связано с тем, что формула Клесова-Адамова применяется к усредненному значению скорости мутации в маркерах и, рассчитанная таким образом компенсация на возвратные мутации получается намного меньше, чем если бы формула использовалась отдельно для каждого маркера. Для рассмотренного диапазона было показано, что поправочный коэффициент надо использовать 1,375 вместо 1,17. Это и приводит линейный расчет по средним значениям к меньшему на 17% результату. Таким образом, линейный расчет должен дать не 4500 лет до общего предка, а 5300. Последнее значение практически и закрывает эту лакуну.

Но давайте разберем эту задачу по порядку. Я выделил 107 67-маркерных гаплотипов, которые были точно проснипованы как принадлежащие субкладу Z93. Расчет мутаций по линейному методу дает 1942 мутации. С учетом поправки на обратные мутации по формуле Клесова-Адамова получаем 2244 мутации, что дает время до общего предка $2244/107*208 = 4360 \pm 200$ лет. Однако, я не поленился и просчитал результат, который получается если использовать формулу Клесова-Адамова для каждого маркера. После суммирования по маркерам получаем 2712 мутаций, что дает время до общего предка $2712/107*208 = 5270 \pm 200$ лет. Как видно, с учетом случайных возмущений, мы получаем такой же результат, что и приближенным методом.

Рассмотрим тот же расчет квадратичным методом. Подсчет мутаций в этом случае дает 2835 мутаций. Соответствующий расчет с учетом степеней свободы $107-1 = 106$, дает $2835/106*203 = 5430 \pm 200$. Это несколько больше, чем расчет по линейному методу, но разница в пределах допуска. Существует мнение, что квадратичный метод дает больший разброс, чем линейный. Однако, как я уже писал, что если для определения базового гаплотипа использовать принцип минимума дисперсий, то разброс существенно снижается. В частности, для этой задачи был получен следующий базовый гаплотип:

13-25-16-11-11-14-12-12-10-13-11-30 -- 15-9-10-11-11-24-14-20 32-12-15-15-16 -- 11-11-19-23-16-16-18-19-35-39-13-11 -- 11-8-17-17-8-12-10-8-11-10-12-22-22-15-10-12-12-13-8-14-23-21-12-12-11-13-11-11-12-13 (Z-93)

Этот гаплотип находится в непосредственной близости с соседними субкладами. В частности с базовым субкладом Z280+Z92+ его отделяют только 12 мутаций, что относит точку разделения субкладов к тем же 5500 лет.

Можно также провести проверку расчетов на базе другой статистической гипотезы. Если мутации считать не по столбцам (маркерам), а построчно по гаплотипам, то результат каждой строки покажет количество мутаций от базового гаплотипа до каждого конкретного гаплотипа. Эта усредненная дистанция и будет возрастом субклада. При постулировании Гамма-распределения, т.е. при переходе от дискретного геометрического распределения к непрерывному экспоненциальному (Гамма-распределению), при фиксированном возрасте, мы получим распределение Пуассона. Т.е. дистанции от каждого гаплотипа до базового будут подчиняться распределению Пуассона. В этом случае, сумму мутаций по строкам, а она не отличается от суммы мутаций по столбцам, следует разделить на количество гаплотипов. В итоге получаем из распределения Пуассона $2835/107 = 26,5 \pm 11$ мутаций. Это и будет средним количеством мутаций от базового гаплотипа. Соответственно, возраст субклада составит $26,5 * 208 = 5500 \pm 200$ лет, что практически не отличается от предыдущих оценок.

Как видно из предыдущих примеров, возраст субклада Z93 приближается к времени разделения субкладов и практически закрывает образованную линейным расчетом лауну. Следствием закрытия этой лауны является то, что мы при исторической интерпретации распространения субклада просто вынуждены обратиться к ямной археологической культуре. Ранее, обычно ямную культуру мы приписывали R1b. Такого же мнения придерживался и я. Но последние открытия субклада R1b1a2a в Армении и Башкирии позволили предположить, что субклад R1b появился в регионе ямной культуры из майкопской культуры. Майкопская северная ветвь безусловно оказала влияние на ямную культуру, но основным субкладом ямной культуры следует считать R1a Z93. Этот субклад ямной культуры можно считать наследием хвалынской культуры. Сейчас датировки хвалынской культуры весьма приблизительны, но они колеблются в интервале 6000-5000 лет тому назад. Из этих датировок наиболее вероятна датировка 5600 лет тому назад. А это практически совпадает с временем разделения субкладов R1a.

Принадлежность ямников субкладу Z93 является довольно неожиданным результатом. Но, с другой стороны, какая из известных культур могла так разнести субклад? От Англии и Шотландии до Хакасии и Киргизии. И от Индии до Башкирии.

А. Клёсов

>Разделение основных субкладов R1a по вашим вычислениям произошло около 5500 лет тому назад. В это время и выделился субклад Z93. Но ваш расчет, проведенный линейным методом дает время до общего предка около 4500 лет тому назад. Т.е. в ДНК-генеалогической летописи появляется лакуна размером около 1000 лет. В течение этого периода времени нам ничего не известно об этой ветви R1a.

Первые две фразы в целом верны. Далее - не понято и неверно.

В статье Rozhanskii & Klyosov, которая прошла рецензирование и скоро появится, и в которой описаны все известные на сегодня 38 ветвей гаплогруппы R1a в Европе и вышедшие из Европы, показано, что субклад Z93 образовался 5700 лет назад.

Вы путаете время образование ветви (или субклада) и время прохождения бутылочного горлышка популяцией, ветвью, или прочим образованием, по которому рассчитывают время данной популяции до общего предка.

>Я выделил 107 67-маркерных гаплотипов, которые были точно проснипованы как принадлежащие субкладу Z93.

Опять не понимаете, что Z93 состоит из нескольких ветвей, у каждой свой базовый гаплотип и свой общий предок. В цитированной выше статье построено дерево из 203 67-маркерных гаплотипов субклада Z93, то есть выборка вдвое больше вашей, и показано, что она состоит из пяти ветвей - евреи, башкиры, киргизы, и две разных ветви L657+.

А поскольку вы на ветви не разделяете, у вас всегда будет неверно, кроме тех случаев, когда ошибки случайно компенсируются.

>В частности, как мною было показано в теме "Калибровка скоростей мутации", линейный метод на таких дистанциях дает заниженное значение времени до общего предка.

Опять путаете. Как вам было показано, и не один раз, не линейный метод

дает занижение, а квадратичный метод, исполненный неправильно, дает завышение. Это именно и есть ваш случай.

>С учетом поправки на обратные мутации по формуле Клесова-Адамова получаем 2244 мутации, что дает время до общего предка $2244/107*208 = 4360\pm 200$ лет. Однако, я не поленился и просчитал результат, который получается если использовать формулу Клесова-Адамова для каждого маркера. После суммирования по маркерам получаем 2712 мутаций, что дает время до общего предка $2712/107*208 = 5270\pm 200$ лет.

И здесь вас подводит непонимание расчета погрешностей. В первом случае получается 4360 ± 450 лет, во втором 5270 ± 1050 лет, потому что 2712 мутаций на 67 маркерах дает в среднем по 40 мутаций на маркер, и средняя погрешность при этом получается почти 20%, то есть примерно те самые 5270 ± 1050 лет. Как видно, обе цифры одинаковы в пределах погрешности.

Это уже не говоря о том, что для тех же 107 гаплотипов у вас получается то 2244 мутации, то 2712 мутаций, хотя гаплотипы одни и те же, и их число то же самое. То ли счет неверный, то ли выборка кривая. Откуда лишних 500 мутаций взялись-то для одной и той же серии гаплотипов?

Наконец, среди этих 67 маркеров есть медленные, у которых всего не более 5 мутаций на все 107 гаплотипов, и тогда по таким погрешность составляет $\pm 40-50\%$. Давно всем, кто хоть малое понятие имеет о мутациям в маркерах, ясно, что нельзя считать мутации по отдельным маркерам и из них что-то рассчитывать. Одному вам это, видимо, неизвестно.

Мутации по отдельному маркеру, особенно медленному, часто не статистические, не неупорядоченные, а отражают историю данной линии. Эти мутации просто-напросто наследуются на протяжении тысячелетий, а вовсе не происходят (неупорядоченно) у потомков. Только если считать мутации "на круг", по всем 67 маркерам, их "нестатистичность" компенсируется другими мутациями по другим маркерам.

>Цигата(Ostan @ 3.6.2012, 11:12)

Рассмотрим тот же расчет квадратичным методом.... В частности с базовым субкладом Z280+Z92+ его отделяют только 12 мутаций, что относит точку разделения субкладов к тем же 5500 лет.

Повторяю, что линейный метод дал 5700 лет. Ну, и в чем "преимущество" квадратичного метода? Он всегда должен давать те же самые результаты, что и линейный метод, если счет правильный. Опять же это вам много раз говорили.

>Цитата(Ostan @ 3.6.2012, 11:12)

В частности, для этой задачи был получен следующий базовый гаплотип

13-25-16-11-11-14-12-12-10-13-11-30 -- 15-9-10-11-11-24-14-20 32-12-15-15-16 -- 11-11-19-23-16-16-18-19-35-39-13-11 -- 11-8-17-17-8-12-10-8-11-10-12-22-22-15-10-12-12-13-8-14-23-21-12-12-11-13-11-11-12-13 (Z-93)

Базовый гаплотип неверный. Это - суперпозиция базовых гаплотипов упомянутых выше нескольких ветвей. Например, DYS390 у вас 25, а он на самом деле 24 и 25 у разных ветвей. Например, у башкир он 24, у евреев 25, но поскольку евреев в вашем списке больше, они "перетянули одеяло на себя", и у вас получилось 25. Но каждый башкир давал вам лишнюю мутацию в DYS390. Толку-то было по отдельным маркерам считать... В L657+, который входит в Z93, и который вы, конечно, не отделяли, DYS19 = 15, а у вас в суммарном - 16. Опять лишняя мутация на многие гаплотипы L657+. DYS385b у башкир 15, как и у многих южан (Армения, Ближний Восток), а у вас он 14, евреи опять перетянули.

И так далее, я ведь только по пяти маркерам прошелся из 67. Неужели так и не понятно, что субклад часто состоит из нескольких ветвей? Как же можно "субклад" брать как якобы за критерий одной ветви?

>Цитата(Ostan @ 3.6.2012, 11:12)

Ранее, обычно ямную культуру мы приписывали R1b. Такого же мнения придерживался и я. Но последние открытия субклада R1b1a2a в Армении и Башкирии позволили предположить, что субклад R1b появился в регионе ямной культуры из майкопской культуры. Майкопская северная ветвь безусловно оказала влияние на ямную культуру, но основным субкладом ямной культуры следует считать R1a Z93. Этот субклад ямной культуры можно считать наследием хвалынской культуры. Сейчас датировки хвалынской культуры весьма приблизительны, но они колеблются в интервале 6000-5000 лет тому назад. Из этих датировок наиболее вероятна датировка 5600 лет тому назад. А это практически совпадает с временем разделения субкладов R1a.

Принадлежность ямников субкладу Z93 является довольно неожиданным результатом.

Неожиданным, потому что неверным. Вы здесь все на свете перепутали. Майкопская культура - и R1b, и R1a, просто в разные времена. У нее корни уходят в разные стороны, на что историк Л.С. Клейн уже давно обратил внимание. Хвалынская культура - наследница самарской, это комплекс древних средневожских культур, когда R1a просто и не могло быть на

Русской равнине. Более того, они связаны с ботайской, а там намного больше вероятность R1b, R1a просто быть там не могло в те времена.

Но вы не просто перепутали, вы искусственно подтягиваете датировки и гаплотипы, на что вам не раз указывали.

Почитайте хотя бы Википедию:

Хвалынская культура (называемая также протокурганной) – энеолитическая археологическая культура Северного Кавказа и Среднего Поволжья V-IV тыс. до н. э. Название получила по месту первых находок – близ города Хвалыnsk Саратовской области. Сложилась на основе самарской культуры, но в значительно более широком ареале – от Саратова на севере до Азовского моря на юго-западе и реки Урал на юго-востоке. Близка среднестоговской культуре и иногда выделяется вместе с ней в единую общность. В дальнейшем эволюционировала в ямную культуру и оказала влияние на ботайскую культуру Казахстана.

Цитата:

>Но, с другой стороны, какая из известных культур могла так разнести субклад? От Англии и Шотландии до Хакасии и Киргизии. И от Индии до Башкирии.

А кто вам сказал, что это могла быть одна археологическая культура? R1a вообще и R1a-Z93 в частности прошли через много культур на протяжении многих тысячелетий.

Цитата:

>Я еще ни разу не видел расчета линейным методом на 111-маркерных гаплотипах. В квадратичном методе 100% соответствие с расчетами на 67-маркерах. А вот в линейном разница составит не 10-15%, а уже 20-30%. Опять будем скорости корректировать?

Вы много чего не видели, потому что не читаете статьи. Расчеты линейным методом на 111-маркерных гаплотипах давно проводятся в наших работах, больше года назад об этом была статья в Вестнике, а осенью прошлого года – статья в *Advances in Anthropology*. Во всех случаях получается полное совпадение с результатами на 67-маркерных гаплотипах.

И. Рожанский:

>Цитата(aklyosov @ 4.6.2012, 7:17)

В цитированной выше статье построено дерево из 203 67-маркерных гаплотипов субклада Z93, то есть выборка вдвое больше вашей, и показано, что она состоит из пяти ветвей - евреи, башкиры, киргизы, и две разных ветви L657+.

В последней версии IRAKAZ имеется несколько десятков гаплотипов родительской ветви Z93+ L342.2-, которые, строго говоря, следует считать отдельно от юго-восточной ветви. Их предок жил раньше, чем предок ветвей с L342.2+.

Если исключить родительские гаплотипы и ашкеназийскую ветвь, то для оставшегося списка счет как скопом, так и по ветвям дает примерно один и тот же базовый гаплотип и совпадающие датировки. То есть, относительно небольшие дочерние подветви не нарушают однородность выборки, что подтверждается также анализом на сходимость. Кроме башкирской и киргизской, там еще несколько компактных арабских линий, так что они компенсируют друг друга.

Почему надо исключать Z93+ L342.2- и ашкеназийскую линию? Потому что первых относительно немного, и по внешнему виду они неотличимы от L342.2+, но, поскольку у них предок попадает на более раннее время, они внесут те мутации, что набежали ДО ТОГО, как появился предок ныне живущих L342.2+. То есть, они искусственно "состарят" дочернюю ветвь, хотя многое тут зависит от конкретного вида дерева. При определенном раскладе могут и омолодить. В любом варианте, предок такой разношерстной компании будет фантомным.

С ашкенази все очевиднее - их много (почти половина от всего списка Z93), ветвь компактная, и при расчете базового гаплотипа "в лоб" они будут перетягивать его на себя. Счет мутаций в разнородной выборке идет не от собственно базового, а от не имеющего физического смысла модального гаплотипа (в этом смысле такой термин уместен). Предок однозначно будет фантомным, даже если время до него случайным образом совпадет с реальным.

Вспомните о часах, что 2 раза в день показывают точное время. Это полная аналогия подхода, с помощью которого уважаемый Ostan пытается "компенсировать" неучет конкретного вида дерева. Способ расчета здесь вообще ни при чем. Если выборка "кривая", то и результат будет "кривым", в какие ученые слова его не облачай.

Ostan:

Анатолий Алексеевич, для меня ваше утверждение, что формулу Клесова-Адамова нельзя использовать для отдельных маркеров оказалось сюрпризом. И это утверждение исходит от одного из авторов этой формулы! А в каком случае ее можно использовать, и в каком случае ее нельзя использовать? Я эту формулу досконально проверил и считаю, что ее как раз можно и нужно использовать для отдельных маркеров. Например, в приведенном мною расчете совпадение квадратичного метода расчета и результатов использования формулы практически идеальное. В 35-CDYb линейный метод дает 136 мутаций. С учетом компенсации по формуле 310 мутаций. А квадратичный метод дает 324 мутации. Совпадение идеальное, да и величина погрешности в норме. И так для всех маркеров. Другое дело, что если использовать формулу для каждого маркера, то сразу видно, что вся компенсация для всех 67 маркеров наберется только при расчете компенсации для трех-четырех быстрых маркеров. Впрочем, все расчеты я уже приводил ранее, и эти расчеты вами не опровергнуты. Посмотрите сами, как это выглядит. С одной стороны расчеты, а с другой стороны общие рассуждения о том, что и как следует делать, чтобы получить тот или иной результат.

Игорь Львович, веткообразование существует в каждой выборке, какой бы малой мы ее не сделали. Другое дело, что 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. Но это не повод менять терминологию. Анатолий Алексеевич за это меня бьет. Если Вам не понравился найденный мной базовый гаплотип, то предложите свой. Или у Z93 не было единого предка?

А. Клёсов

>Цитата(Ostan @ 4.6.2012, 5:09)

... для меня ваше утверждение, что формулу Клесова-Адамова нельзя использовать для отдельных маркеров оказалось сюрпризом. И это утверждение исходит от одного из авторов этой формулы! А в каком случае ее можно использовать, и в каком случае ее нельзя использовать?

Вы или ерничаете, или действительно не понимаете, о чем речь.

Вам говорят, что если монету подбросить всего три раза, то из этого не рассчитать вероятность выпадения орла или решки. А вы делаете круглые

глаза и говорите, что никогда не слышали, чтобы методы матстатистики были неприменимы к бросанию монеты.

Узнаете свой стиль?

Повторяю для новичков, которые это могут читать. Чтобы методы статистических расчетов были применимы к гаплотипам или отдельным маркерам, нужно, чтобы было статистически значимое количество мутаций, и чтобы было показано, что мутации удовлетворяют критерию неупорядоченности (или критерию кинетики первого порядка, что в принципе одно и то же).

Значительная часть маркеров - медленные, и в них всего несколько мутаций, причем часто в одну сторону. Это - наследственные мутации, а не статистически-неупорядоченные. В таких случаях по отдельным маркерам считать нельзя. Именно поэтому мы строим деревья гаплотипов, и/или применяем логарифмический метод для проверки соответствия критерию кинетики первого порядка. Вы не делаете ни того, ни другого.

Иногда, когда ветви уравниваются друг друга, может получиться случайная компенсация, а в других случаях этого не будет. То есть ситуация непредсказуема. Это - не наука.

>Цигата(Ostan @ 4.6.2012, 5:09)

Я эту формулу досконально проверил и считаю, что ее как раз можно и нужно использовать для отдельных маркеров.

Значит, так ничего не поняли. Читайте, что выше.

>Цигата(Ostan @ 4.6.2012, 5:09)

Например, в приведенном мною расчете совпадение квадратичного метода расчета и результатов использования формулы практически идеальное. В 35-CDYb линейный метод дает 136 мутаций. С учетом компенсации по формуле 310 мутаций. А квадратичный метод дает 324 мутации. Совпадение идеальное

Ничего удивительного, выбрали самый быстрый маркер, в котором 136 мутаций. А в медленных маркерах 1-2-3-4 мутации. Ну и как считать будете, когда там ошибка расчетов будет 50-100%?

Это называется подтасовкой в дискуссии.

>Цигата(Ostan @ 4.6.2012, 5:09)

Или у Z93 не было единого предка?

Опять передергиваете. Вы не словом не упомянули о том, что в Z93 есть разные ветви, что вы в расчетах не учитываете. А мутационную разницу между ними возводите в квадрат. За счет этого и получаете более высокие значения лет до общего предка, кроме тех случаев, где случайно скомпенсировалось.

Был, был общий предок в Z93 (по крайней мере в рамках понятий ДНК-генеалогии), только вы неверно анализируете систему, опять изобретаете велосипед. Сообщите нам здесь, сколько из ваших 107 гаплотипов было гаплотипов евреев. Подсказываю – не менее половины. А ведь они совсем недавние. А теперь догадайтесь, почему вы получили большую величину до общего предка.

Ostan:

Анатолий Алексеевич, а что мне остается, кроме как ёрничать. Вот уже более года Вы мне так и не ответили на вопрос в каком случае можно использовать формулу Клесова-Адамова, а в каком случае нельзя.

Приведу пример с квадратичным методом. Если все мутации представить в виде таблицы, в которой строки соответствуют гаплотипам, а столбцы отдельным маркерам, то в квадратичном методе сумма мутаций по столбцам будет соответствовать дисперсии нормального распределения. А суммы мутаций по гаплотипам будут подчиняться закону Пуассона. Все прозрачно. А в линейном методе, если мы найдем сумму мутаций по столбцам, то можем ли мы использовать формулу Клесова-Адамова? Я считаю, что можно. Вы теперь пишете, что нельзя. Еще запутаннее вопрос о сумме мутаций по строкам. Если считать по усредненным скоростям мутаций в маркерах, то, как Вы утверждаете, можно, но баланса мутаций мы и в этом случае не получаем. Эту проблему я решил в примере расчета ранее в теме «Калибровка скоростей мутаций». Вы согласились с этим расчетом, назвав полученную ошибку в 17% нормальным явлением. Так почему теперь удивляетесь той же самой ошибке в 17%, но только в этом конкретном случае?

Еще интереснее получается если использовать при расчете 111-маркерные гаплотипы. Предсказанная ошибка линейного метода для этого примера составит около 26%. Проведем расчет для этого же субклада. Еврейскую ветвь как и в предыдущем случае опускаем, чтобы не было лишних вопросов. Хотя в квадратичном расчете и с еврейской ветвью получается тот же результат, если ее объём не превышает 20% гаплотипов. Но и без еврейской ветви на 111-маркерах достаточно своих ветвей. Выборка составила 27 гаплотипов. Линейный метод дал 744 мутации. После

компенсационного расчета получаем 853 мутации. Итого $853/27 \cdot 126 = 4000$ лет. Еще полтысячи лет в лакуну опустили. Расчет квадратичным методом дает $1039/26 \cdot 126 = 5040 \pm 350$ лет. Вполне нормальная оценка для 27 гаплотипов. Разница в методах составляет 26%. Точно рассчитанная величина. Ну, так это вполне нормальное явление.

А. Клёсов:

>Цитата(Ostan @ 5.6.2012, 11:11)

...а что мне остается, кроме как ёрничать. Вот уже более года Вы мне так и не ответили на вопрос в каком случае можно использовать формулу Клесова-Адамова, а в каком случае нельзя.

Похоже, что вы на самом деле вы не ерничаете. Вы, судя по рассуждениям, просто не знаете. Но не слушаете, когда Вам объясняют.

Любую формулу можно применять тогда, когда выполняются условия для ее применения. Когда условия не выполняются, идут отклонения, и чем они больше не выполняются, тем больше отклонения, вплоть до полностью неверного результата. Определение "полностью неверного" дайте сами.

Поэтому сама постановка вопроса "в каком случае можно, а в каком нельзя" показывает удручающее непонимание того, что написано в предыдущем абзаце. Как Вам уже много раз объясняли, нельзя применять тогда, когда ветви не разделены. Когда понятие "субклад" заменяет предварительное рассмотрение серии гаплотипов на их сходимость к общему предку. Когда мутаций очень мало, и нет статистики. Когда анализ идет по одному маркеру, и распределение мутаций в нем отражает не неупорядоченность, а историю предков, особенно это касается медленных маркеров. То есть нельзя тогда, когда не знаете и не понимаете особенности системы. Это же касается любой области науки и техники. Нельзя применять кувалду при ремонте телевизора. Или это Вам тоже нужно объяснять, почему? Но если на ней раскладывать детали, то применять можно.

Вот и ответьте на общий вопрос, когда можно применять таблетки для лечения больного, а когда нельзя. Сможете ответить? Вот примерно так и смотрится ваш вопрос выше. Просто тот, кто ЗНАЕТ суть подхода, тот знает, что и когда можно, а что и когда нельзя.

>Цитата(Ostan @ 5.6.2012, 11:11)

А в линейном методе, если мы найдем сумму мутаций по столбцам, то можем ли мы использовать формулу Клесова-Адамова? Я считаю, что можно. Вы теперь пишете, что нельзя.

Что нельзя? Где нельзя? В каких случаях нельзя? Вы что, прикидывается, или в самом деле ситуация настолько плоха?

>Цитата(Ostan @ 5.6.2012, 11:11)

Вы согласились с этим расчетом, назвав полученную ошибку в 17% нормальным явлением. Так почему теперь удивляетесь той же самой ошибке в 17%, но только в этом конкретном случае?

Ошибка в 17% - нормальное явления при числе мутаций в серии гаплотипов, примерно равном 50 (мутаций), и то при наличии одного общего предка, подтвержденном известными критериями. Если в системе менее 50 мутаций, то ошибка больше, чем 17%. Если в системе тысячи мутаций, то погрешность в 17% показывает, что там что-то не так. Например, больше одного предка, есть разные ветви, не учтены мультикопийные маркеры, и так далее.

Далее, если мы сравниваем двух общих предков, до одного 10 тысяч лет, до другого 500 лет, то ошибка в 17% - нормальное явление, она никак не меняет принципиальный результат. Если мы строим какие-то исторические конструкции при сравнении двух величин, отличающихся друг от друга на 5% при погрешности в 17%, то это глупость, а не нормальное явление.

Неужели так трудно сообразить, что каждый раз проводится конкретный анализ в конкретной ситуации, и в одной 17% - это замечательно, в другой - это рушит все выводы.

Ostan:

Ясно, что линейная модель где-то может быть использована, а где-то ее необходимо заменить на более продвинутую нелинейную.

Для людей, знающих химическую кинетику, также ясно, что задачи нестационарной диффузии в многокомпонентных системах в разбавленных растворах, где процессы диффузии компонент не влияют друг на друга, решаются отдельно для каждого компонента. А общее решение является суперпозицией (сложением) частных решений. И для получения общего решения вовсе не требуется вводить средний коэффициент диффузии. Для простейших задач такой метод еще проходит, но когда коэффициенты диффузии компонент отличаются в более чем 500 раз, а число компонент составляет 67, такой метод уже не применим. Это все равно, что запрячь в одну телегу коня и трепетную лань. Телега все равно быстрее не поедет.

А вот предки субклада Z93 это прекрасно знали. Именно они придумали запрячь лошадь в телегу, и уже 5000 лет тому назад имели поселения и на Алтае, и на Дунае в центре Европы недалеко от Гальштата, и в Иране. Такая великая культура, как ямная, просто по определению не могла иметь никаких бутылочных горлышек, также как я их не обнаружил у культуры колоколовидных кубков. Ямная культура сама могла сделать бутылочное горлышко кому захотела бы. И такую культуру древних индоариев Вы предлагаете опять скинуть в искусственную лакуну? Не получится. Своих не выдаем.

И. Рожанский:

Уважаемый Ostan, Вам не кажется, что все написанное в 3-ем абзаце - чистейшей воды демагогия? Что это за лакуны и бутылочные горлышки, которые кто-то кому-то устраивает по причине многомерной диффузии или чего-то там из области гамма-распределения? Вы уж или о математике или о реконструкциях, но в разделе "Гаплогантели". Я уж устал обсчитывать модели, которыми, как теперь понимаю, тщетно пытаюсь показать, что и как работает.

Попробуйте хоть раз самостоятельно построить дерево гаплогантели и оценить его устойчивость, и тогда сразу станет ясно, что все эти рассуждения о тонкостях распределений - это ловля блох на фоне куда более существенных факторов.

Вот ссылки:

<http://evolution.genetics.washington.edu/phylog.html>

<http://www.megasoftware.net/>

<http://www.fluxus-engineering.com/sharenet.htm>

Весь софт бесплатный и не слишком сложный в обращении.

Ostan:

Пока нет времени заняться моделированием. Давайте сначала закончим с Z93. Тем более, что эта ветвь очень показательная, поскольку уже хорошо отснорована и снипы в ней идут один за другим практически без значительного интервала времени. Это позволяет легко выделить наиболее древние ветви Z93, и оценить время возникновения снипов.

Если выделить 67-маркерные гаплогантели Z93+Z94- и Z93+Z94+, то это будет самый низ дерева и ветви исходящие с этими снипами будут самыми древними. Их у меня нашлось 14 с самой обширной географией. Подсчет

возраста по этим гаплотипам квадратичным методом дает $348/13*203 = 5430\pm 560$ лет, что стопроцентно совпадает с возрастом, рассчитанным по 106 гаплотипам со всеми молодыми ветвями. Теперь выделим гаплотипы с L342+, включая и гаплотипы с L657+. Таких под руками оказалось 66. Возраст этой ветви составит $1690/65*203 = 5280\pm 250$ лет. Сразу видно небольшое понижение возраста. Как видно из этого эксперимента, сипы действительно идут один за другим с небольшим интервалом не более 200-300 лет. Это и определило практически одинаковую географию их распространения.

Таким образом, самые древние ветви субклада Z93 попадают в интервал 5430-5280 лет. Ну и о каком бутылочном горлышке может идти речь? Ведь согласно линейному расчету в это время не было никаких ветвей, а общий предок субклада появился почти на 800 лет позже. Заметьте, что молодые ветви практически не оказали влияния на расчет возраста. Ну и зачем их выделять? Это связано с тем, что квадратичный метод всегда ориентирован на самые старые ветви, которые ушли на наибольшее расстояние от базового гаплотипа. Если обратиться к аналогии с брошенным камнем, то квадратичный метод измеряет наибольший диаметр распространения волны, а на суперпозицию отраженных, стоячих волн внутри этого круга не обращает внимание. Но именно наибольший диаметр и есть тот показатель, который и позволяет наиболее точно измерить время, прошедшее от момента бросания камня.

Мы привыкли просто работать с линейным методом и считаем, что чем более древние ветви мы выделим, тем точнее получим возраст субклада. Но в квадратичном методе это не так. Он сам выделяет наиболее древние ветви и ориентируется только на них. Для понимания этого результата надо чаще обращаться к квадратичному методу.

Это вовсе не означает, что ветвеобразование не оказывает влияние на результат расчета. Оказывает и довольно часто. Например, в расчете возраста субклада Z93 на 111 маркерных гаплотипах, который я уже приводил, расчет возраста на 27 гаплотипах дал $1039/26*126 = 5040\pm 310$ лет. А расчет этих же гаплотипов, но только с учетом 67-маркерной части дает $744/26*203 = 5800\pm 420$. В среднем все равно получается 5400, но разброс резко возрос. Это и есть результат влияния веткообразования. Молодая ветвь случайным образом может попасть или ближе к базовому гаплотипу или дальше. Причем обе вероятности равны. Это мы уже обсуждали в теме калибровки скоростей мутации. Именно этот фактор и заставляет при калибровке скоростей мутации обращаться к как можно большему количеству ветвей, чтобы нивелировать этот разброс. Но результаты

расчетов в среднем все равно попадают туда куда нужно. Если бы этого не происходило, то тогда мы не смогли бы откалибровать скорости мутаций.

Ну а к моделированию случайных марковских процессов мы еще вернемся.

И. Рожанский:

>Цитата(Ostan @ 8.6.2012, 1:41)

Мы привыкли просто работать с линейным методом и считаем, что чем более древние ветви мы выделим, тем точнее получим возраст субклада. Но в квадратичном методе это не так. Он сам выделяет наиболее древние ветви и ориентируется только на них. Для понимания этого результата надо чаще обращаться к квадратичному методу.

<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?show...amp;#entry92008>

Линейный метод, 67-маркерная панель:
0,00184±0,0001 мутаций на маркер на 25 лет.

ASD с фиксированным базовым гаплотипом, 67-маркерная панель:
0,00217±0,00015 мутаций на маркер на 25 лет.

А ларчик просто открывался ©

Ostan:

Игорь Львович, я все ждал от Вас базового гаплотипа для субклада Z93, но, видимо, уже не дождусь. Тот базовый гаплотип, который я показал является одновременно и модальным для квадратичного метода. Он выбран единственным способом, обеспечивающим минимальную дисперсию, а следовательно, и минимально возможный возраст этого субклада. Если мы в качестве базового возьмем другой гаплотип, то подсчет возраста субклада даст большие значения. Тем самым мы сможем закрыть остатки лакуны и доказать, что у этого субклада не было никаких бутылочных горлышек.

Квадратичный метод расчета возраста субклада, так же как и линейный, не идеальный. Он также продуцирует свою лакуну, размер которой тем не менее в несколько раз меньше, чем в линейном. Если мы смогли бы с помощью других способов, которыми Вы владеете (построением конкретного дерева, выделением отдельных ветвей и т.д.), приблизиться еще ближе к предковому гаплотипу, то подсчет возраста субклада дал бы наконец тот возраст разделения отдельных субкладов, который по предварительным оценкам находится в диапазоне 5500-5700 лет. Возраст субклада Z93 непосредственно упирается в эту цифру.

Сейчас уже набрана достаточная статистика по древним линиям R1a в Европе. Я, например, нашел 11 гаплотипов Z283+, остальные снипы минус, 10 гаплотипов M458+, остальные снипы минус и 18 гаплотипов Z284+, остальные снипы минус. Все три линии дают возраст около 6000 лет тому назад, но точность вычисления возраста пока еще невелика. А вот, объединение этих трех линий дает уже достаточно хорошую статистику. Для 39 гаплотипов возраст составляет $1265/38 \cdot 203 = 6700 \pm 375$ лет. Т.е. снип Z283 появился свыше 6500 лет тому назад, M458 и Z284 появились около 6000 лет тому назад. По сравнению с этими цифрами возраст Z93 выглядит достаточно молодым. Его оценки пока не превышают 5500 лет. Даже если этот возраст будет в дальнейшем откорректирован в большую сторону, все равно в миграции R1a через Русскую равнину и Казахстан могли участвовать и представители M458, и представители пока еще не известных субкладов. Предпосылки для этого есть. Так в индийском проекте, в котором только еще часть отснипована как Z93, возраст до общего предка уже сейчас приближается к 6000 лет. А в арабском проекте уже сейчас обнаружены Z280, и даже Z92. Вполне возможно, что это более поздние миграции, но и наличие этих европейских субкладов в первоначальной миграции, отрицать также пока невозможно.

По современным представлениям долихокранные европейцы появились на Русской равнине и на Волге около 6000 лет тому назад. Это Средний стог на втором этапе и Хвалынская культура. Сейчас уже достаточно ясно, что их происхождение связано с распространением долихокранных средиземноморцев из балканских и дунайских культур. Предположение о приходе их из Индии пока не подтверждается. Также не подтверждается гипотеза М. Гимбутас о местном их происхождении из Самарской культуры. Ни одна из имеющихся на настоящий момент краниологических серий это не подтвердила. Поэтому, появление долихокранных европейцев на Волге, Южном Урале и, даже на полуострове Мангышлак, следует связывать с распространением R1a из Европы.

А. Клёсов:

Ну что же, проведем очередной разбор полетов. Каждый раз про одно и то же.

Итак, Ваши общие ошибки:

1. Вы не читаете литературу, потому каждый раз изобретаете велосипед.
2. Вы не делите на ветви, даже когда знаете, что у Вас - серия субкладов, причем один вышестоящий и два "дочерних", к тому и еще разного числа гаплотипов. То есть Вы не учитываете и "веса", в итоге весь расчет искажен.

3. Вы продолжаете завышать времена до "общих предков", используя квадратичный метод без поправок. А то, что в серии разные веса (и соответственно завышение числа мутаций), то квадратичный метод задирает времена еще больше.

4. Вы не рассматриваете очевидных альтернатив при "анализе" археологии. Задав время R1a до предка, Вы так и лупите - "хвалынская культура", даже не принимая во внимание, что это значительно более вероятнее R1b, по всему комплексу показателей. Вы выхватываете один вариант краниологии, не принимая во внимание, что там целый массив данных "по всему полю".

5. Наконец, что мелочь, но показательная - Вы сознательно встаете в позицию изгоя, не желая применять отработанные и опубликованные значения констант скоростей мутаций 67-маркерных гаплотипов. Вместо величины 0.12 мутаций на гаплотип на 25 лет ("208" в Ваших терминах обратных величин) , Вы настойчиво применяете "213", то есть константу 0.117. Понятно, что это никакой роли не играет, разница примерно 2%, но здесь важна суть: Вы хотите быть изгоем. 0.12 давно опубликована, принята всеми, но Вы демонстративно не хотите в этом участвовать.

Если бы Вы честно написали, что это Вы так, балуетесь, и к этому не надо относиться серьезно, то и вопроса бы не было. Но Вы пишете в разделе «Центрально-евразийская ветвь», как якобы Вы взаправду.

Перейдем к вопросу более конкретно. Z283 (евразийская ветвь), M458 (европейская ветвь) и Z284 (скандинавская ветвь) соотносятся так:

Z284 ← Z283 → M458

То есть левая и правая - дочерние ветви. Еще одна дочерняя от Z283 → Z280 (центрально-евразийская ветвь).

Возраст Z283 - не 6500 лет, как Вы написали, да еще указав малую погрешность, а на 800 лет моложе, примерно 5700 лет.

Возраст M458 не 6000 лет, как Вы написали, а 4200 лет.

Возраст Z284 не 6000 лет, как Вы написали, а 4300 лет.

Погрешности я здесь опускаю, все это опубликовано в Вестнике, и на днях выйдет суммарная статья в *Advances in Anthropology*, там все эти данные.

Далее, при чем здесь хвалынская культура, когда Z284 - это в основном Скандинавия, а M458 - это в основном Центральная Европа? Вы на географию-то смотрите?

Прямо реинкарнация Гимбутас.

Наконец, кто по Вашим понятиям "долихокранные европейцы" на Русской равнине с давностью 6000 лет назад? Вы знаете, что R1a и R1b краниометрически практически неразличимы, и обе дают широкие вариации от долихокрании до брахицефалии?

>Цитата(Ostan @ 27.6.2012, 3:20)

Поэтому, появление долихокранных европейцев на Волге, Южном Урале и, даже на полуострове Мангышлак, следует связывать с распространением R1a из Европы.

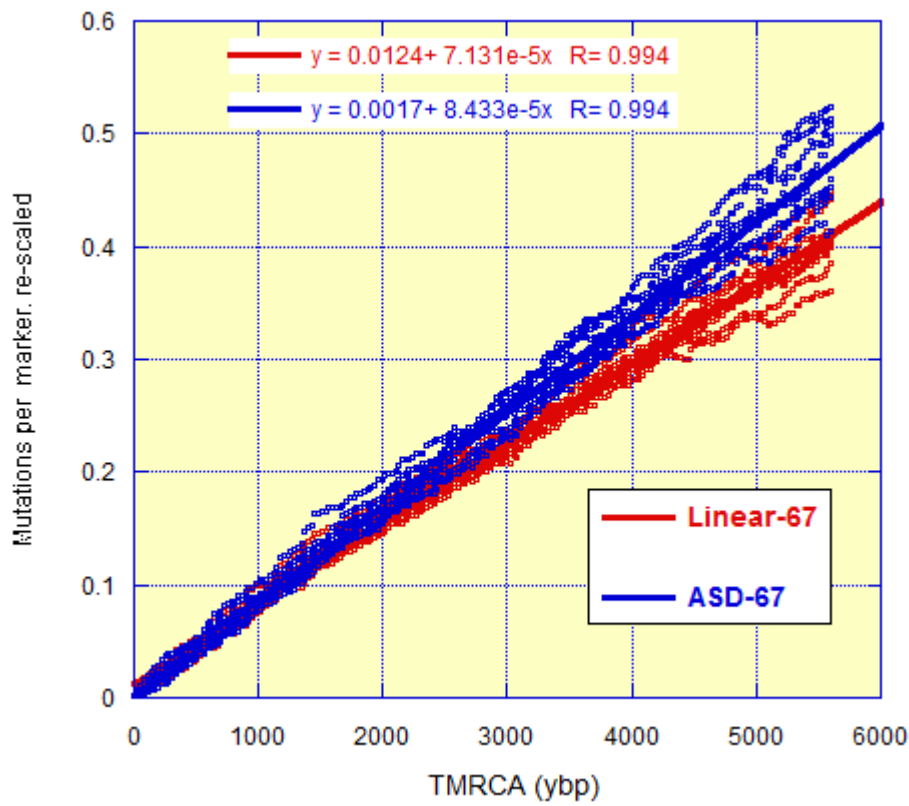
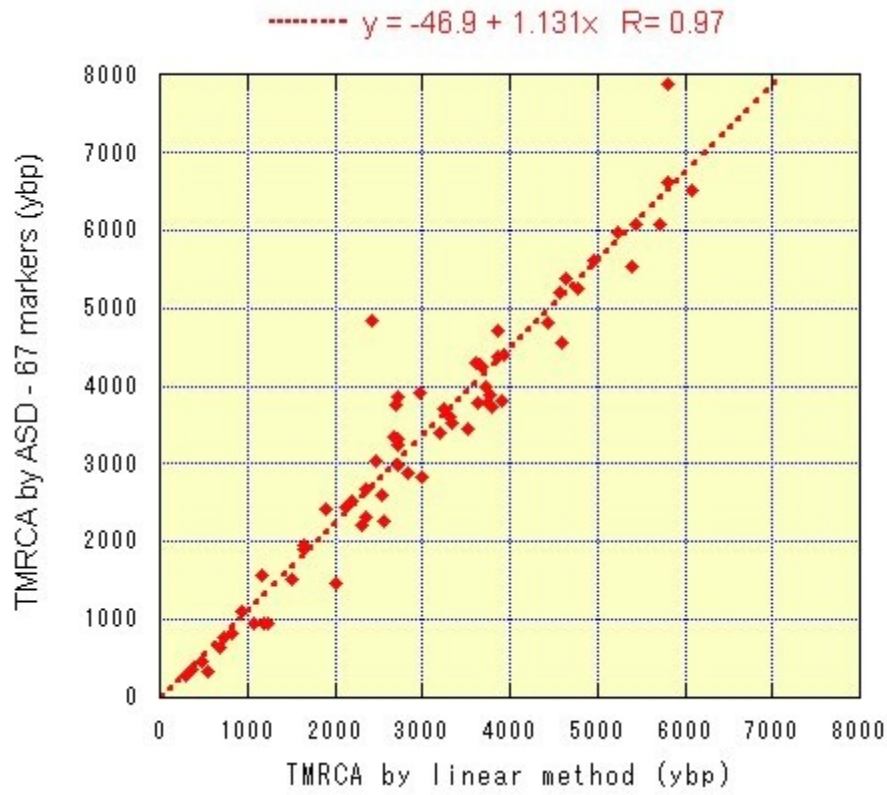
Угу. Прямо-таки "следует". Почитайте Вестник за август 2010 года, там много про краниологию древних и современных людей.

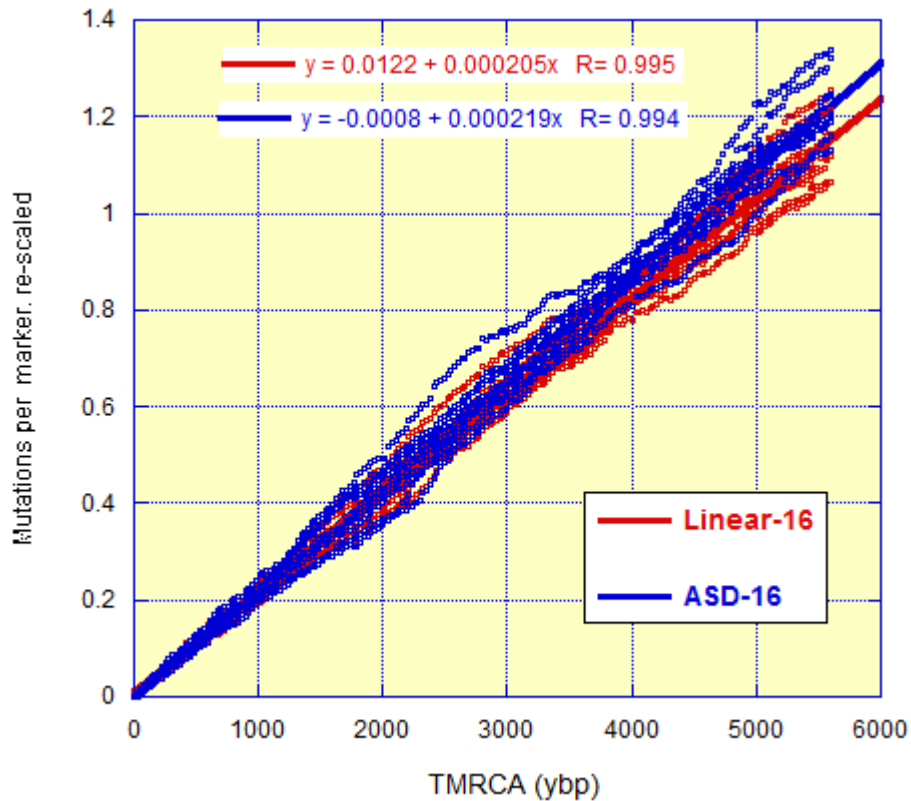
В этом-то и Ваша системная проблема, что Вы берете один вариант, и его выставляете. А это один вариант из многих, которые Вы или не знаете, или игнорируете.

И. Рожанский:

И еще раз о калибровках линейного и квадратичного методов, раз уж эта тема приобрела какой-то нездоровый характер. Вернулся к семейным проектам с документированными предками. За прошедшие 1,5 - 2 года добавились новые гаплотипы, а также для некоторых линий удалось уточнить документальные данные. Для каждой из полученных 17-ти эталонных выборок сделал расчет мутаций в 3-х вариантах, тех же самых, что и в предыдущем сообщении.

Результаты представлены в виде графиков, на которых по осям отложено приведенное число мутаций на 1 маркер и даты жизни документированных предков в условных поколениях (т.е. 25 лет) до настоящего времени (2010 г.). Ниже - данные для 67-маркерной панели. Для остальных пока не делал, но вряд ли там будет качественно другая картина.





Красным отмечены точки в линейном методе с поправкой на возвратные мутации, синим - в квадратичном с фиксированным базовым гаплотипом. Нетрудно убедиться, что скорости мутаций для этих двух методов получаются РАЗНЫЕ. Более того, между линейным и обеими разновидностями квадратичного метода существует строгая линейная зависимость, в чем можно убедиться из графиков. Нет ни малейшего намека на загиб во всем исследованном диапазоне, от 0,02 до 0,2 мутаций на маркер. То же самое линейное расхождение я уже наблюдал в позапрошлом году в масштабе до 0,5 мутаций на маркер, но тогда объяснения ему еще не нашли. Теперь мы знаем из модельных расчетов, что так проявляется эффект разных скоростей в отдельных маркерах.

Какой второй, и самый важный для практики вывод? Это то, что линейный и квадратичный методы, особенно в варианте с базовым гаплотипом (см. графики), полностью эквивалентны. Вся разница лишь в коэффициенте пересчета приведенных мутаций в года. Они выписаны выше. Отсюда же следует, что все те расхождения в датировках линейного и квадратичного методов, вокруг которых постоянно кипят страсти, процентов на 90 обязаны линейке с другими делениями. Как говорил один персонаж: "В попугаях я гораздо длиннее." Следовательно, все эти игры с

распределениями и якобы лагунами - это в буквальном смысле ловля блох. Неоднородности выборки и их ограниченный размер сказываются на точности куда больше.

Ostan:

Игорь Львович, Вы вот уже около двух лет приводите этот график в качестве доказательства, что скорости для квадратичного метода нужно изменить. При этом утверждаете, что графики абсолютно линейные. А как же формула Клесова-Адамова? Она то утверждает, что графики нелинейные. Зачем останавливаться на половине пути? Вы то уже освоили моделирование процесса. Так смоделируйте процесс и рассчитайте полученный результат различными методами. Только не на 12-ти и 25-ти маркерных гаплотипах, а на нормальных 67-ми и 111-ти маркерных. И не на интервале в 2000 лет, а на интервале в 5000-6000 лет. Т.е. именно там, где у нас имеются различия. Сколько можно обсуждать проблему? Лучше один раз увидеть, чем сто раз услышать.

В отличие от Вас, я использовал для калибровки не известные генеалогии, а известный факт - появление Культуры колоколовидных кубков в Европе. При этом первоначально брал в качестве даты пересечения Гибралтара 4800 лет тому назад, но потом подкорректировал дату в соответствии с данными археологов до 5000 лет тому назад. При этом я получил на ветвях R1b точно такие же значения скоростей мутаций, что и у Вас. А именно 203 года на мутацию при подсчете дисперсий с учетом степеней свободы, и 208 лет на мутацию при подсчете по распределению Пуассона. А именно второй способ в точности соответствует линейному. Ну и хорошо, что скорости мутации при определении по известным генеалогиям и по археологическим данным совпадают. Не совпадают методы расчета - линейный и квадратичный. Один показывает "бутылочное горлышко", а другой не показывает. Но это проблема у нас в головах. Если убрать бутылочное горлышко из наших голов, то и проблема отпадет.

Анатолий Алексеевич, почему Вы решили, что я не выделяю отдельные ветви. Очень точно выделил, и не две-три, а целых 39. И все они существовали еще в Старой Европе согласно Ваших же данных. Ну и что, что они прошли бутылочные горлышки около 5000 лет тому назад. Линии то остались. И все они имели общего предка - первого носителя снипа Z293. Вы не привели доверительный интервал Ваших вычислений, и правильно сделали. Какая точность может быть при объединении двух -трех веток? А вот при объединении 39 точность уже более менее. Вы не правы, что я использую другие скорости мутации. Скорости мутаций те же самые. Небольшая разница возникает только от метода расчета. Для примера

приведу оба расчета $1265/38 * 203 = 6760 \pm 375$ лет, и $1285/39 * 208 = 6850 \pm 375$ лет. Как видно обе оценки совпадают.

Другое дело, что при определении возраста до общего предка линейным методом эти оценки будут намного меньше, не более 4000 лет. Но это мы уже проходили. Еще некоторое время тому назад Игорь Львович посылал всех башкиров искать их предка в Западную Европу. Действительно, по его данным снип M269 для R1b1b2a появился около 6000 лет тому назад, но единственный выживший предок, согласно линейному расчету, проживал около 4000 лет тому назад в Западной Европе. Зачем такие сложности? Квадратичный метод дает для армянских R1b1b2a около 5500 лет тому назад. И не надо искать предков в Европе, они преспокойно жили в Азии. Такой же расчет и для башкиров немного погодя даст тот же самый возраст.

Также можно отметить, что антропологи достаточно хорошо выявляют особенности строения черепов. Антропология достаточно точная наука. И R1a от R1b они давно отличали, только не знали где какие. Так с самого открытия ямной культуры антропологам известно, что эта культура имела две компоненты. Одна долихокранные европейцы, а другая мезо- и брахикранные. Аналог второй компоненты не обнаруживался в местных культурах. Краниологические серии совпадали только с древними армянскими захоронениями и с некоторыми захоронениями Майкопской культуры. А вот с чего Вы решили, что на Урале и в Казахстане во времена свыше 5500 лет тому назад проживали R1b мне не ясно. У меня таких данных нет. Двухкомпонентность сохранилась и у современных башкир. И R1a и R1b у них со времен ямной культуры.

Впрочем, если подсчитать их возраст линейным методом, то и те и другие не должны существовать. Их предки давно должны числиться вымершими и не давшими потомства. Не должны существовать и индусы. И многие другие народы.

А. Клёсов:

>Цигата(Ostan @ 28.6.2012, 4:35)

... почему Вы решили, что я не выделяю отдельные ветви. Очень точно выделил, и не две-три, а целых 39. И все они существовали еще в Старой Европе согласно Ваших же данных.

Вы не выделяете отдельные ветвь. И 39 - это у Вас число гаплотипов. И не гаплотипы существовали в Европе, а их общие предки. Остальное, как в том анекдоте, всё правильно.

Так вот, эти 39 гаплотипов разделяются на три субклада - Z283, и его дочерние M458 и Z284. При этом число гаплотипов во всех разное (в одном вдвое больше, чем в остальных), поэтому "веса" у них разные (11, 10 и 18, соответственно). Я об этом уже Вам растолковывал.

Когда веса разные, то та ветвь, которая больше по численности, при расчетах выступает в качестве "базовой", то есть якобы "предковой". У Вас это Z284, которая вообще дочерняя. Она "перетягивает одеяло" на себя. Поэтому число мутаций получается в принципе неверное, а именно завышенное. А завышенное потому, что минимальное число мутаций должно быть от настоящего базового гаплотипа.

Вы это завышенное число мутаций возводите в квадрат, то есть получаете, как гласит американская поговорка, add insult to injury. По-русски переводится примерно как сделать плохую ситуацию еще хуже ("к ранению добавить еще оскорбление"). Вот так и получается у Вас из 4000 лет целых 6000 лет. А Вы начитаете забалтывать, наводить тень на плетень, петлять как заяц во хмелю, и так далее.

Но там у Вас ситуация еще хуже, потому что субклады в свою очередь состоят из ветвей. Например, в M458 есть несколько ветвей, из которых две наиболее различаются - это центрально-европейская и западно-славянская. Она на дереве гаплотипов занимают совершенно разные места. А Вы опять набираете мутации МЕЖДУ ними, а не от общих предков. В итоге у Вас - полная каша, и результат совершенно неверен.

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 4:35)

*Вы не правы, что я использую другие скорости мутации. Скорости мутаций те же самые. Небольшая разница возникает только от метода расчета. Для примера приведу оба расчета $1265/38 * 203 = 6760 \pm 375$ лет, и $1285/39 * 208 = 6850 \pm 375$ лет. Как видно обе оценки совпадают.*

Я же написал выше, в предыдущем сообщении:

5. Наконец, что мелочь, но показательная - Вы сознательно встаете в позицию изгоя, не желая применять отработанные и опубликованные значения констант скоростей мутаций 67-маркерных гаплотипов.

И дальше:

Понятно, что это никакой роли не играет, разница примерно 2%, но здесь важна

суть: Вы хотите быть изгоем. 0.12 давно опубликована, принята всеми, но Вы демонстративно не хотите в этом участвовать.

Дело вовсе не в том, что это примерно то же самое. Если Вы в качестве величины "пи" используете не 3.14, а 3.15, то результат тоже будет примерно тот же самый, но люди будут хихикать в кулачок. Что я и делаю, глядя на Вашу акробатику.

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 4:35)

Еще некоторое время тому назад Игорь Львович посылал всех башикиров искать их предка в Западную Европу. Действительно, по его данным сип M269 для R1b1b2a появился около 6000 лет тому назад, но единственный выживший предок. согласно линейному расчету, проживал около 4000 лет тому назад в Западной Европе. Зачем такие сложности?

Пошло, как обычно, ерничание и клоунада. Здесь все не только неверно, но извращено. Датировка M269 - примерно 7000 лет, и не в Европе, а в Азии. 6200 лет назад - это датировка дочернего субклада L23, тоже в Азии. Все это давно опубликовано. Но Вы же литературу не читаете, оставаясь в блаженном неведении.

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 4:35)

Также можно отметить, что антропологи достаточно хорошо выявляют особенности строения черепов. Антропология достаточно точная наука. И R1a от R1b они давно отличали, только не знали где какие.

Первая фраза - совершенно верная. Естественно, хорошо выявляют. И вторая фраза верная, наука достаточно точная. Поэтому антропологи давно установили, что краниометрия у населения динамичная, она плывет во времени, и зависит от многих факторов. Я же Вам советовал прочитать мою статью о краниометрии и сопоставлении с гаплогруппами. Так вот, нет там определенной корреляции. Сейчас, например, русские в основном склонны к брахицефалам, и это было отмечено более ста лет назад. Вот цитата из моей статьи, которую Вы читать не соизволили:

"40. «Из немногочисленных еще наблюдений, произведенных, главным образом, над фабричными Московской и Рязанской губ., оказывается, что ...ширина головы, напр., в ее отношении к наибольшей длине головы представляет колебания показателя от 71 до 93, переходя, следовательно, от типичной долихоцефалии (не уступающей курганной) до крайних степеней брахицефалии. Но долихоцефальные формы составляют теперь исключения; преобладают формы более широкие... средняя величина головного показателя, 81,5 – 82,5 (Воробьев, Зограф, Анучин) (там же)".

Оттуда же:

39. «У чехов теперь также господствует брахицефальная форма черепа (еще в большей степени, чем у русских), но древние могилы их страны, по всем признакам славянские, характеризуются долихоцефалией находимых в них черепов» (там же).

"Там же" - это Д. Анучин. Россия в антропологическом отношении. Брокгауз и Ефрон. Энцикл. словарь.

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 4:35)

И R1a от R1b они давно отличали, только не знали где какие.

Вот это и есть клоунада.

На самом деле никто не знает, по какой причине краниометрия плывет - то ли ранее среди славян гаплогруппа I преобладала со своей долихокранностью, а R1a всегда были в основном брахицефальны, то ли в самом деле она меняется со временем. То же самое и в отношении R1b. А ранее в Европе и гаплогруппы G было много, и тоже неизвестно, какая была. Антропологи только череп видят, и их умеют измерять. А уж какая гаплогруппа - они и понятия не имеют.

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 4:35)

А вот с чего Вы решили, что на Урале и в Казахстане во времена свыше 5500 лет тому назад проживали R1b мне не ясно. У меня таких данных нет.

Данных нет, потому что не читаете, а если и читаете, то не понимаете. Почитайте хотя бы последнюю статью в Advances in Anthropology.

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 4:35)

Двухкомпонентность сохранилась и у современных башкир. И R1a и R1b у них со времен ямной культуры.

Это они Вам сами рассказали, в отношении R1a?

Большинство (если не все) современных башкир гаплогруппы R1a имеют субклад L342.2, с общим предком 1125±190 лет назад. Но поскольку Вы в бутылочные горлышки не верите, то при чем здесь ямная культура? Это - примерно 9-й век нашей эры. А если наконец поверите в бутылочные горлышки популяции, то их общий предок с ближневосточными L342.2

жил 4800±500 лет назад. Это как раз времена миграций ариев из Европы по Русской равнине. На это же указывает и время жизни общего предка башкир и евреев L342.2 - 4400±500 лет назад. Или евреи тоже к ямной культуре относились? Если нет, то чем они хуже башкир? Или наоборот, чем башкиры хуже евреев?

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 4:32)

... я использовал для калибровки не известные генеалогии, а известный факт - появление Культуры колоколовидных кубков в Европе. При этом первоначально брал в качестве даты пересечения Гибралтара 4800 лет тому назад, но потом подкорректировал дату в соответствии с данными археологов до 5000 лет тому назад.

Это занятно. Вас не затруднит дать КОНКРЕТНЫЕ данные археологов о пересечении Гибралтара 5000 лет тому назад теми, кто образовал культуру колоколовидных кубков?

(ПРИМЕЧАНИЕ: Прошло более двух недель, данные не приведены. Ответа нет. - АК)

И. Рожанский:

Уважаемый Ostan, ну как можно вести дискуссию с оппонентом, который не то сознательно передергивает аргументы, не то слышит и видит не обращенную к нему речь, а только то, что он сам ХОЧЕТ слышать и видеть?

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 18:32)

Так смоделируйте процесс и рассчитайте полученный результат различными методами. Только не на 12-ти и 25-ти маркерных гаплотипах. а на нормальных 67-ми и 111-ти маркерных. И не на интервале в 2000 лет, а на интервале в 5000-6000 лет. Т.е. именно там, где у нас имеются различия. Сколько можно обсуждать проблему? Лучше один раз увидеть, чем сто раз услышать.

"Жалко, что нам так и не удалось услышать начальника транспортного цеха"©

Вы что, издеваетесь или взаправду не поняли, что изображено на графике полугодовой давности, приведенном выше? (источник – <http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?act=...post&id=813>
<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?show...amp;#entry87030>)

Цитирую:

>Для этого сделал в MS Excel генератор случайных шагов на +/-1 с заданной вероятностью для 1000 маркеров, и сделал по 10 прогонов на 200 поколений для 67-маркерной панели (15 гаплотипов) и для набора из быстрых 16-ти маркеров (62 гаплотипа). Индивидуальные скорости взял из сообщения Ostan'a, пронормировав при этом длину поколения так, чтобы общее число наблюдаемых мутаций в 200-м поколении соответствовало датировке, используемой в текущих расчетах. Получилось 28 лет на поколение и 5600 лет для модельных испытаний. Вполне разумные величины для численных оценок.

Модельный расчет дал отклонение от линейности не более 3% во всем исследуемом интервале. Экспериментальные данные - и того меньше. Или коэффициент корреляции 0,99 и хи-квадрат 0,04 для Вас - пустой звук?

Да, по законам мат. статистики суммарное число мутаций при расчетах двумя методами связано нелинейным соотношением. В общем случае, прошу заметить. В частном же примере конкретного набора маркеров вклад нелинейности пренебрежимо мал, и поправка на нее проскакивает в коридор погрешностей, как теннисный мячик в баскетбольную корзину. Весь эффект разной скорости мутаций в разных маркерах описывается линейным соотношением с хорошей статистической значимостью. Всё, вопрос закрыт!

Или вы всерьез полагаете, что следующие 56 экспериментальных ОДНОРОДНО СХОДЯЩИХСЯ генеалогических линий дадут совсем другую зависимость? Если да, то советую обратить внимание на вопиющее пренебрежение законами релятивистской механики специалистами в Центре Управления Полетами. Может быть, спутники падают из-за этого?

>Цитата(Ostan @ 28.6.2012, 18:32) .

В отличие от Вас, я использовал для калибровки не известные генеалогии, а известный факт - появление Культуры колоколовидных кубков в Европе.

"Я каждый день смотрю телевизор и знаю, чем живет современная молодежь" (К. Шахназаров. "Курьер")

Неужели Вы в самом деле настолько погружены в собственный мир иллюзий, что не замечаете, как то и дело прибегаете к циклическим аргументам? Датировка R1b-M51, которая, очевидно, имеется в виду, была получена на основе калибровки по **документальным генеалогиям**, на ее основе, и с учетом еще целого набора фактов, она была сопоставлена с датировкой ККК, и далее послужила основой для гипотезы. Получается, Вы своим заявлением вышибаете фундамент, на котором выстроена вся конструкция, а взамен предлагаете начинать все с крыши.

Гаплогруппы африканских бушменов

А. А. Клёсов:

Бушмены, они же племя Сан, наряду с другими койсанскими племенами бушменов с другими названиями (Шо, Барва, Канг, Кхве и т.д.), и обитающие в Южной Африке, имеют, по данным популяционных генетиков, один из самых высоких в Африке «коэффициентов разнообразия» (genetic diversity). Поскольку популяционисты истинно верят, что «высокое разнообразие» - это чистый параметр, имеющий абсолютное значение, то, естественно, на этом основании бушменов считают одними из родоначальников современного человечества. Вот как об этом пишет Википедия, которая, конечно, отражает представления тех, кто в нее пишет - хотя это же означает, что особых претензий у специалистов нет, или последним просто лень вносить изменения: « Various Y-chromosome studies demonstrated that the San carry some of the most divergent (oldest) Y-chromosome haplogroups. These haplogroups are specific sub-groups of haplogroups A and B, the two earliest branches on the human Y-chromosome tree». Смысловой перевод: *«Изучения Y-хромосомы показали, что бушмены (племена Сан) имеют наиболее разнообразные (то есть наиболее древние) гаплогруппы. Эти гаплогруппы являются субкладами гаплогрупп А и В, самыми древними ветвями на дереве Y-хромосомы человека.»* Даются три ссылки.

Авторы первых двух ссылок - все те же Андерхилл, Животовский, Карафет, Хаммер, и ссылки старые - 2001 и 2003 год. Они допускают обычную и банальную ошибку популяционистов, поскольку разнообразие вовсе не означает древность. Разнообразие часто означает просто смешивание разных компонент. Разнообразие означает древность только в случае замкнутых систем, не допускающих смешивание «снаружи». Здесь на старые статьи кивать нельзя - это системная ошибка популяционистов. Вторая ошибка здесь - то, что гаплогруппа В якобы одна из «самых древних ветвей на дереве Y-хромосомы». Гаплогруппа В - часть блока гаплогрупп ВТ, и все они образовались примерно в интервале 50-20 тысяч лет назад. Третья ссылка - уже относительно новая, 2010 год:

Naidoo, Schlebusch, Makkan, Patel, Mahabeer, Erasmus, Soodyall (2010). ["Development of a single base extension method to resolve Y chromosome haplogroups in sub-Saharan African populations"](#). *Investigative Genetics* 1 (1): 6.

В итоге авторы статьи в Википедии приходят к выводу, точнее, повторяют вывод популяристов: «This high degree of genetic diversity indicates that Southern Africa is the origin of anatomically modern humans.» «Эта высокая степень генетического разнообразия показывает, что Южная Африка – родина анатомически современных людей».

Вот так одна системная ошибка тащит за собой другие системные ошибки.

Другие авторы утверждают, что бушмены имеют черты, роднящие их с европеоидами: «Ashley Montagu noted that Bushmen have the following neotenous traits relative to Caucasoids: large brain, light skin pigment, less hairy, round-headed, bulging forehead, small cranial sinuses, flat roof of the nose, small face, small mastoid processes, wide eye separation, median eye fold, short stature and horizontal penis». То есть опять противоречие, которое, впрочем, может разрешаться тем, что бушмены – результат смешивания относительно недавних европеоидных линий с древними африканскими. Тогда объясняется и разнообразие, и частичная европеоидность.



Еще деталь – в книге Стива Олсона “Mapping Human History – Genes, Race, and Our Common Origins” (2002) сообщается – «под микроскопом, клетки верхнего слоя кожи у бушменов не отличаются от таковых в других местах мира. Но глубже в коже есть клетки меланоцитов, которые придают коже

цвет. У бушменов меланоциты более темные, чем у европейцев и азиатов, но менее темные, чем у чернокожих африканцев.

Последний список ISOGG-2012 (июль 2012) в разделе «Гаплогруппа В» сообщает: Sub-group B2b is seen among Central African Pygmies and South African Khoisan... B2a1a (B-M109) is the most commonly seen sub-group of B2a. About 2.3% of African-Americans belong to haplogroup B - with 1.5% of them belonging to the sub-group B2a1a.

Как мы видим, только 2.3% афро-американцев в США имеют гаплогруппу В, иначе говоря, 97.7% их имеют другие гаплогруппы.

И.Л. Рожанский

Как раз среди бушменов гаплогруппа В встречается относительно редко. В последней по времени статье T. Naidoo et al. Development of a single base extension method to resolve Y chromosome haplogroups in sub-Saharan African populations *Investig Genet.* 2010; 1: 6 (линк на нее дан выше) есть статистика по 183 бушменам Южной Африки. Детали сбора образцов и племенная принадлежность их носителей не уточняются, но, исходя из современной численности этого народа (около 100 тыс. человек), такая выборка соответствует примерно одному образцу на 275 человек. То есть, покрытие очень плотное.

Из этих 183 человек 52 (28,4 %) дали положительный тест на снип M51. Это A1b1b2a в текущей версии ISOGG. К ним можно добавить носителей снипов M14 (A1b1a1a) - 5 чел., M114 (A1b1a1a1a) - 8 чел., и P28 (A1b1a1a1b) - 16 чел. Итого, представители гаплогрупп, объединенных под A1b1, собирают 44.3% бушменов из выборки. У их ближайших соседей - банту Южной Африки, в этом же исследовании нашли 5 % (17 из 343) представителей гаплогруппы A1b1b2a. Очевидно, следствие метисации и ассимиляции, что, несомненно, имела место за долгое время соседства. Достаточно взглянуть на портрет Н. Манделы, коса (xhosa, первый звук - щелчок) по национальности.

На втором месте идут различные субклады, нисходящие к E1b1a: M2 (E1b1a) - 24 чел., M58 (E1b1a1a1a) - 2 чел., M154 (E1b1a1a1g1c) - 2 чел., M191 (E1b1a1a1f1a) - 14 чел. Все вместе они набирают 23,0 % от выборки. С большой долей уверенности происхождение этих линий можно связать с метисацией бушменов окружавшими их, и намного более превосходящими по численности банту. Среди них этот же набор снипов дал 66%.

На третьем - 29 человек (15,8 %) со снипом M35. Это гаплогруппа E1b1b1, характерная для жителей Средиземноморья и Африканского Рога, но весьма редкая в субсахарской Африке (1,5 % у банту Южной Африки в том же исследовании).

Лишь затем следуют 13 человек (7,1 %) со снипом P6 (B2b1), к которым примыкают обладатели снипов M112 (B2b*) - 2 чел., и P8 (B2b4a) - 5 чел. Итого получается 10,9 % представителей гаплогруппы B2b, практически отсутствующей в выборке южноафриканских банту (1 из 343). Среди последних с частотой 16% встречается другой субклад - B2a1a (M152).

Из оставшиеся 10-ти человек 6 или 7 - явные потомки европейских поселенцев из гаплогрупп I (M170) - 1, R1a1a (M198) - 2, и R1b (M343) - 3. Триста лет совместного проживания и распространенная практика бурских фермеров брать себе наложниц из местного населения не могли не сказаться. Один носитель снипа M34 (E1b1b1b2a1) может, в принципе, оказаться как потомком белого иммигранта, так и одним из членов ветви, маркированной M35.

Наконец, трое - представители гаплогруппы E2, встречающейся с несколько большей частотой у южноафриканских банту.

Итого, специфически койсанскими линиями в этой выборке можно назвать A1b1, B2b и E1b1b1, которые вместе собирают 71% выборки южноафриканских бушменов. Последняя группа дала отрицательные результаты по нисходящим снипам M78 (E1b1b1a1), M148 (E1b1b1a1c1), M81 (E1b1b1b1a), M107 (E1b1b1b1a1 - private), M165 (E1b1b1b1a2a - private), M123 (E1b1b1b2a), M34 (E1b1b1b2a1), M136 (E1b1b1b2a1a1) и M281 (E1b1b2), что уводит ее общего предка с европейскими и ближневосточными ветвями того же субклада, как минимум, на 12 тысяч лет назад.

В этой весьма репрезентативной выборке (см. выше) не были обнаружены гаплотипы A0, что ставит под сомнение популярное утверждение, что бушмены - потомки самых ранних людей. Их необычайно большая вариативность - следствие наложения нескольких далеко разошедшихся линий, производных от альфа-гаплогруппы, а вовсе не знак того, что эта этническая группа какая-то особенно древняя.

Где и когда они перемешались, дав в итоге современную популяцию койсанских народов, мы не знаем. Если исходить из того, что гаплогруппы A1b1 и E1b1b1 весьма характерны для юга Аравийского п-ва и Африканского Рога, то по имеющимся данным можно предположить, что предки бушменов сформировались где-то в этом районе между 15 и 12 тыс.

лет назад, и лишь затем мигрировали на юг Африки. Встретили ли они там других людей и смешались с ними, или те уже вымерли к тому времени, мы не знаем. Бесспорно лишь, что за этой миграцией последовал долгий период изоляции (вплоть до появления скотоводов банту в начале нашей эры), в течение которого "вымылись" другие генеалогические линии. В свою очередь, сохранились те, что оказались минорными во времена неолитической революции на Ближнем Востоке, и исчезли там.

Так что имеющиеся данные по Y хромосоме койсанских народов не дают никакой дополнительной поддержки гипотезе Out-of-Africa. Все логично объясняется без привлечения ее постулатов.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Part 41

Anatole A. Klyosov

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

LETTER 140

I am sending you several haplotypes which are close to mine. I am wondering if having the same SNP's (J2a4) with a Palestinese Christian, a Samaritan and (almost) with a Jew can be meant as a clue for an ancestral origin in that area, Palestine/ Israel I mean, and in case if it has any sense to calculate a TMRCA with them.

Sorry but I have not knowledge on the matter so likely also my questions could be wrong, I know.

Frankly speaking even on the meaning of SNP's I have found some conflicting opinions in the Internet so for me it's a "mess", the same about the mutation rates and so on with the TMRCA etc. The only clear points I got in these years came with you. Do you have any opinion/suggestion to clarify my doubts?

Thanks /regards,

MY RESPONSE:

Yes, indeed, you do have the same SNPs with a Palestinese Christian, a Samaritan and with a Jew, and there is nothing astonishing in it. All of those (including you) have positive J2-L26, L27 and negative M47. This places all of them (you including) to the subclade J2a3 (not J2a4, it is an obsolete nomenclature). You can see the subclade tree of haplogroup J, with its downstream J1 and J2 (they can be called "haplogroups" or "subclades" depending on the context; the same with a man can be called a "son" or the "father" or a "brother", etc., depending on the context.

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

As you see, it is not a mess at all. It is a "mess" in eyes of those who do not understand a good logic of it in the tree structure, and do not follow the (often) changing nomenclature. Granted, ISOGG folks who often change the nomenclature indeed create a mess in eyes of those people.

Those L26+ and L27+ people who have also L47+, are from a different subclade, namely J2a3a (take a look at the subclade tree).

Now, why people from such different regions mentioned above share the same subclade with you? One reason is that people move around, from one region to another. Second, some new subclades can be identified tomorrow, or next month, or next year, let's call it J2a3x, with SNP X25, and you will have it but the Jew with the same L26 would not have it. It would mean that you and the Jew have a common ancestor of L26, but then, later, your common ancestors (within L26) split, and you have X25+, but the Jew has X25-. If L26 arose, say, 10,000 years ago and X25 arose 5,000 ago, it would be quite understandable.

In other words, to know personal SNPs is not enough for a more or less adequate picture of DNA genealogy. One should also know WHEN each SNP arose, timewise. We are not there yet, though a few people in the world work on the problem, and I am among them.

I would suggest you to collect as many haplotypes with L26+, L27+, M47- as possible, preferably 67 marker haplotypes (you can add 37 marker haplotypes as well), send them to me (as an Excel file), and I will calculate where a common ancestor of J2a3 lived.

Regarding mutation rates, there is no mess as well. If it looks as a mess, it is created by ignorant people. If you take a look at my paper in "Advances in Anthropology", 2011, vol. 1, No. 2, 26-34, you will see those mutation rate constants which are needed for calculations, and their verification using "classical genealogy" data. People are ignorant because either they do not read, or they cannot see what they read.

CONTINUATION:

Yes, indeed, you were clear and direct, thank you very much. I misunderstood the meaning of SNP's. If I see different SNP's in two different profiles of the same

haplogroup, it just means that only those have been tested, and anyway all correspond to the same cluster. I think it's clear. If I knew before I would not have asked the question, in few words I started from a wrong assumption: that having same SNPs list means something in particular inside the same cluster...completely wrong!

Thank you for all the other information and suggestions.

Is there any software I can use to calculate the TRMCA?

I think I'll get your book, I got the abstract here:

<http://archiver.rootsweb.ancestry.com/th/read/GENEALOGY-DNA/2011-12/1322769275>

Thanks again and best regards,

LETTER 141

I have recently compared my DNA results with two other individuals with the same surname as mine. Out of 43 markers I have 36 and 37 the same respectively as the other two. But the other two have 40 common markers out of the 43 so clearly they are more closely related.

Can you kindly tell me how the time to the most recent common ancestor (TMRCA) is calculated for the differences indicated above, please? I am R-M207, subgroup R1b1b2*-M269.

Dr. John Chandler sent me his opinion, as follows:

>It would be more accurate to say "probably" instead of "clearly". Also, you didn't say how big the differences are on the markers that don't match. Are they all of just one step, or are there some differences of two or more steps each? For example, if the other two differ by just one step at each of the three discrepant markers, the 95% confidence interval for their TMRCA would extend to about 45 generations, but if two of the discrepancies are two-steppers, the range would go to about 50 generations.

Note, in particular, that you can't *calculate* the TMRCA, but you can estimate it and place bounds on what values are plausible. In this case, where the (uncommon) surname matches, and the DNA differences

are relatively few, you can probably figure the TMRCA to be no more than the age of the surname itself.

MY RESPONSE:

Welcome to DNA genealogy. The question which you have addressed is not simple, and even a scientist of such a great caliber as John Chandler came to a non-adequate estimate.

What makes your question not simple is that you "presented" (actually, vaguely described) only three haplotypes, none of them can be considered as a base (ancestral in this context) haplotype. Furthermore, you did not indicate WHICH 39 markers you consider, therefore, it is not clear which average mutation rate constant for the 39 marker panel to employ for calculations. Also, as John has mentioned, you did not indicate whether the mutations are one-step mutations (I assumed so in the estimate given below).

In that situation the most applicable is the "permutation method", which is practically not known among folks in the field, though I have published it first in 2009, and repeated from time to time, the most recent in the "Advances in Anthropology" in 2011 (vol 1 No. 2) and 2012 (vol. 2 No. 2).

Let's consider your three haplotypes in a "model" situation (since you did not show actual haplotypes:

10-11-12-13-14-15-16-17-18

10-11-13-14-15-16-17-18-19

11-11-13-14-14-16-17-18-18

Indeed, the last two haplotypes differ between them by 3 mutations, the first haplotype differs from the last two by 7 and 6 mutations, respectively.

In the permutation method one calculates squares of differences between each allele and all others for the same marker. For example, in the first column the difference is $0+1+0+1+1+1 = 4$. In the second column the difference is zero. In the third column the difference is again 4. Since the differences are maximum 1, the squares are 1 in all the cases. Totally, squares of all the differences equal to 32 (eight times by 4).

One divides that 32 by 43 (number of markers in a haplotype), by 9 (square of the number of haplotypes), by 2 (because in those permutations we counted each

difference twice) and by the mutation rate constant, which is 0.00175 mutations per marker per a conditional generation of 25 years. Therefore, we have $32/43/9/2/0.00175 = 24$ generations, or approximately 600 years to a common ancestor of those three haplotypes. Such a relatively short timespan explains why all three of them have the same surname.

John's calculation of 45 generations is not only incorrect, but hardly explains the same surnames after more than a thousand years from a "phantom" common ancestor. In fact, he gave an estimate not 45 generations to a common ancestor, but "the 95% confidence interval for their TMRCA would extend to about 45 generations". This manner of estimation, such as "would extend to..." is not an adequate presentation. If he would give, say, the 99% confidence interval, it might well move to, say, 400 generations deep in time, that is to 10,000 years before present. What practical sense does it have if you are told that a common ancestor of your three haplotypes lived within 10,000 years ago, when he in fact lived around 600 years ago? Notice, that Dr. Chandler did not give you his estimate, he gave you some abstract figure with an arbitrary "95% confidence". Very convenient.

Regards,

LETTER 142

In your study on the Milligan/Milliken/Amuligan lineages (with their origins in Scotland) and O'Dochartaigh/O'Dogherty/O'Doherty lineages (line in NW Ireland), published in the Proceedings, 2012, vol. 5, No. 1 (Letter 119), and Donnachaidh, the Scottish Highland Clan, published in vol. 5, No. 2 (Letter 120), with all the three lineages belong to R1b-M222, you came to a timespan to the common ancestors of the M-lineages of 1025 ± 205 and 550 ± 130 ybp, and the O'D lineage of 800 ± 180 and 825 ± 190 ybp. According to your calculations, a common ancestor of all the four lineages lived 1825 ybp, or around 190 AD, the beginning of the Common Era.

Similar calculations for the Donnachaidh branches results in three sub-lineages, with their common ancestors who lived 325 ± 130 , 375 ± 120 , and 875 ± 170 ybp, and THEIR common ancestor lived 1625 ± 200 ybp.

Since all of them belong to the same subclade. M222, I wonder when a common ancestor of all of those three M222 families (Scot and Irish) lived.

MY RESPONSE:

The way to answer your question is to compare all the seven base haplotypes of the branches mentioned above. They are all published as referenced in your letter, as follows:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 – 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 **17** 17 – 11 11 19
23 17 16 **19** 17 38 **41** 12 12 (1025 ybp)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 **30** – 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 – 11 **12** 19
23 17 16 **17** 17 **39** 39 12 12 (550 ybp)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 – 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 – 11 11 19
22 17 16 18 17 38 39 12 12 (800 ybp)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 – 18 9 10 11 11 **24** 15 18 30/**31** 15 16 16 17 – **12**
10/11 19 **22** 17 16 **17** 17 38 39 12 12 (825 ybp)

13 25 14 11 11 13 12 12 **11** 13 14 29 – 18 9 10 11 11 25 15 18 **29** 15 16 16 17 – **12** 11 19
23 17 16 **17** **18** 38 39 12 12 (325 ybp)

13 25 14 11 11 **12** 12 12 **11** **12** 14 **28** – **17** 9 **11** 11 11 25 15 18 30 15 **15** 16 17 – 11 11 19
23 17 16 **19** 17 38 **40** 12 12 (375 ybp)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 – **17** 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 – 11 11 19
23 17 16 18 17 38 39 12 12 (875 ybp)

All the seven haplotypes differ summarily by 29 mutations from the base haplotype:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 – 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 – 11 11 19
23 17 16 18 17 38 39 12 12 (1880 ybp)

It places a common ancestor by $29/7/0.09 = 46 \rightarrow 48$ generations, or 1200 years, plus the average 680 years of all the sub-base haplotypes, that is 1880 years before the present, or around 130 AD. As you see, it is close to 190 AD calculated earlier for a common ancestor of the first two families. It means that with a good probability it is the common ancestor of all the three families.