

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

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

**Volume 5, No. 9
September 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	965
Haplogroup R1a, its Subclades and Branches in Europe During the Last 9,000 Years. <i>Igor L. Rozhanskii and Anatole A. Klyosov</i>	966
Гаплогруппы и гаплотипы Кавказа. <i>А. А. Клёсов</i>	1005
ДНК-генеалогия русских князей гаплогрупп N1c1 и R1a. <i>А.А. Клёсов</i> ...	1037
Рецензия на статью Н. Кисамова «Этническая принадлежность скифо-сарматов». <i>И. Рожанский</i>	1045
Влияние орбитальных параметров Земли и Луны на климат и миграции человека. <i>В.П. Юрковец</i>	1058
ДИСКУССИИ - DISCUSSIONS	1076
Дискуссия по статье R. Bouckaert et al «Картирование происхождения и экспансия индо-европейской языковой семьи»	1076
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 43, письма 146-149.	1104

Haplogroup R1a, its Subclades and Branches in Europe During the Last 9,000 Years

Igor L. Rozhanskii, Anatole A. Klyosov

Published in *Advances in Anthropology*, Vol. 2, No. 3, pp. 80-86 (2012)

Abstract

This study identifies and describes 38 branches of the haplogroup R1a STR haplotypes which currently exist in Europe or which migrated from Europe to areas in the east, south, and southeast between 6000 and 4500 years before the present (ybp). The study is based on 2471 haplotypes which have been tested for either 67- or 111-markers; it essentially creates a unified robust system, which assembles dozens of R1a-SNPs and thousands of STRs and assigned haplotypes to branches, some of which do not have SNP assignments as yet. The assembled system consists of base (deduced ancestral) haplotypes, one for each STR branch and for each SNP-assigned subclade, each with its characteristic (ancestral) set of alleles, arranged in the chronological space from ~ 9000 ybp to 1300 ybp. We found that the most ancient R1a subclades (R1a1-M198- and R1a1a-M198+/M417-) bearers of which currently live in Europe (the present day haplotypes are scattered between England and the Balkans) appeared in Europe at least 7300 ybp, and possibly 9000 ybp. R1a's three principal downstream subclades, L664 (North-Western branch), Z93 (South-Eastern branch), and Z283 (Eurasian branch), split from their common European ancestor at about the same time, around 7000-6000 ybp. L664 apparently stayed in North-Western Europe; its lineage recovered and began expanding ~ 4575 ybp. The Z93 subclade began to expand during the Aryan migrations, on the Aryan's journey to India and the Middle East in the 3rd-2nd millennia BC. The Z283 subclade split ~ 5500 ybp into three branches. One of them, Z280 (the Central Eurasian branch) moved east to the Russian Plain in 4800-4600 ybp, and formed at least 16 sub-branches there and in the course of the later westward repopulation of Europe in the 1st millennium BC - 1st millennium CE. Some of the older branches, like the Russian Plain branch, largely stayed in the present Russia-Ukraine-Belarus-Poland-Baltic countries region, and were described by early historians as the Scythians, Antes, Veneti, and a multitude of different proto-Slavic tribes (though many of them belonged to haplogroups other than R1a, primarily I1 and I2). Those R1a branches which are "older" than 3000 years, such as the Russian Plain branch (4600 ybp), the Western Eurasian (4300 ybp), and the Balto-Carpathian (4300 ybp), did not move *en mass* to Europe but stayed behind at the Russian Plain. In

the middle of 1st millennium CE, the time of the collapse of the Roman Empire, multiple migrations of R1a were taking place eastward and westward; these migrations gradually formed the current landscape of R1a in Europe. All 38 branches and their datings are listed in the Appendix of this paper; current distribution maps are shown in the body of the paper.

Introduction

The preceding article in this journal (Klyosov and Rozhanskii, 2012) provided data in support of the theory that haplogroup R1a arose in Central Asia around 20,000 years before the present (ybp), and described the prior history of the haplogroup, which is directly related to the appearance of Europeoids (Caucasoids) ~ 58,000 years ago.

At some point, apparently between 20 and 15 thousand ybp, the bearers of R1a began a migration to the west, through Tibet and over the Himalayas. They arrived in Hindustan no later than 12,000 ybp. They apparently continued their way across the Iranian Plateau, along East Anatolia and the rest of Asia Minor between 10,000 and 9,000 ybp. By ~ 9,000 ybp they arrived in the Balkans and spread westward over Europe and to the British Isles. At that point, R1a still had DYS392=13 in most haplotypes, as did its sister haplogroup R1b. This marker is very slow to change, and mutates on average once in 3500 conditional generations (that is once in 87,500 years in one DNA-lineage; the concept of conditional generations of 25 years in each is described in “Materials and Methods” section). More than 99% of the R1a haplotypes known today bear the mutation giving DYS392=11. Somewhere along this extended timescale, bearers of R1a or its upstream haplogroups developed the Pre-Proto-Indo-European (pre-IE) language and carried it along during their journey from Central Asia to Europe. Linguists date the earliest signs of Pre-IE in Anatolia at 9600±600 ybp (Gamkrelidze and Ivanov, 1995; Gray and Atkinson, 2004; Renfrew, 2000), which coincides with the data of DNA genealogy for the migration of R1a bearers across Asia Minor that is described in Klyosov and Rozhanskii (2012).

Some known archaeological cultures in the Balkans and Central/Eastern Europe, dated 8000-7000 ybp (Bug-Dniester, Vinča, Starčevo, LBK, etc.), can be attributed, as least in part, to bearers of R1a. Yet they also can be attributed to other ancient haplogroups, such as I, J, E, G.

As the bearers of haplogroup R1b1a2 began to populate Europe after 4800 ybp (the Bell Beakers and other R1b1 migratory waves, including, perhaps the Kurgan people, though their identification and haplogroup assignment remain unclear, and likely represented both R1b and R1a bearers in different time periods), haplogroup R1a had moved from Central and North-Western Europe

to the Russian Plain around 4800-4600 ybp (Klyosov, 2011). From there, R1a migrated to the south, east, and south-east as the historic Aryans (Klyosov and Rozhanskii, 2012).

We have to emphasize that the definition of the Aryans in DNA genealogy is broader than the definition of Aryans in linguistics and archaeology. According to linguists and archaeologists, Aryans were the ancient people who spoke Indo-European Aryan or “steppe” languages; this early group split at some point into the Indo-Aryan and Iranian languages. When and where that split occurred is a matter of debate; linguists generally claim that the split occurred immediately before the Aryans moved to India and Iran, while some archaeologists believe that it happened a thousand years before that.

In DNA genealogy, with its emphasis on genetic heritage, the Aryans, as the putative bearers of Indo-European dialects, also clearly carried haplogroup R1a, which apparently was brought to India and Iran coincident in time with the spread of Indo-European (IE) dialects in those same regions. That time is generally recognized around 3500 ybp, since studies of Gordon Childe (Childe, 1926) and even earlier. In other words, R1a likely represented a substantial portion of the Aryan linguistic and cultural migration, the roots of which we can trace back to Europe and to earlier migrations, following R1a ancient movements. As soon as we accept such a definition, the time of the split of the Aryans into “Indo-Aryans” and “Iranians” becomes evident: migration is swift but language change is slow. The “language split” must have occurred before the Aryan entrance into Anatolia and northern Syria (Mitanni). This reasoning suggests that the split was around 4500 ybp--as the archaeologists predicted.

Today’s linguists find IE languages in Anatolia and Mitanni, the South Urals, Iran, India, beyond the Ural Mountains, and in South Siberia. All these languages have the same Aryan roots. These peoples developed common horse-breeding terminology and shared essentially the same vocabulary for household items, and for gods and religion, although sometimes, apparently, the shared words ended up with contrasting meaning, as in India and Iran, where some ancient Aryan good and evil gods sometimes had opposite meanings.

Currently, most of descendants of the ancient peoples who carry European R1a live in Eastern Europe, primarily in Russia (up to 63% of the population) and Poland, Ukraine, Belarus (up to 57% of the population in the last three countries) (Underhill et al, 2009; Balanovsky et al., 2008; Kayser et al, 2005; Kharkov et al, 2004, 2005).

Haplogroup R1a and its regional distribution and history were a subject of many studies, which have been reviewed in the preceding paper (Klyosov and

Rozhanskii, 2012). R1a was identified in excavated DNA in Germany with the dating of 4600 ybp (Haak et al, 2008), in Siberia, with the dating of 3800-3400 ybp (Keyser et al, 2009), in Tarim Basin, Xinjiang, China, with the dating of ~ 4000 ybp (Li et al, 2010). Its distribution was described in various parts of Eurasia (e.g., Wells et al, 2001; Behar et al, 2003; Cinnioglu et al, 2004; Kharkov et al., 2004; Sengupta et al, 2006; Balanovsky et al, 2008; Sharma et al, 2009; Underhill et al, 2009; Abu-Amero et al, 2009). However, only in the last few years, thank mainly to efforts of Dr. Peter Underhill's laboratory at Stanford University, Dr. Thomas Krahn of Family Tree DNA's Genomics Research Center, and researchers of 1000 Genomes Project, many new SNPs in haplogroup R1a have been discovered; as indicated by beginning letters M, L, and Z, respectively, in the SNPs below. Their base haplotypes, mutation patterns and history have not been described in the literature as yet. Apparently, only one attempt was made regarding R1a-M458 subclade (Underhill et al, 2009), however, the authors employed the erroneous "evolutionary mutation rate" (see Klyosov and Rozhanskii, 2012, and references therein) and obtained a grossly overestimated date for M458 appearance as 10,700 ybp in Eastern Europe (Poland), about 250% higher than the figure obtained in our studies (see below). Commonly, 250-300% exaggeration in historical datings is a "feature" of the "evolutionary mutation rate" method (ibid.)

This study focuses on DNA lineages, or branches, of haplogroup R1a in Europe, from the Atlantic to the Ural Mountains, and on the history of their appearance and migrations across and from Europe in the last ~ 9,000 years (Appendix 1). The methodology of the study, based largely on considerations of extended 67- and 111-marker haplotypes, and involving principal methods of DNA genealogy, is described in detail in the preceding papers in this journal (Rozhanskii and Klyosov, 2011; Klyosov and Rozhanskii, 2012) and in the Materials and Methods section of this article. Available databases containing tens of thousands of 67-marker haplotypes are listed in Rozhanskii and Klyosov (2011) and in this paper (Appendix 2).

The Old European Branch (≥ 9000 ybp) (R1a-SRY10831.2+, M417-)

The Old European Branch of R1a in Europe has a distinct ancient DYS392=13, as does its sister haplogroup R1b (see the diagram below). However, while in R1b this allele is by far the predominant one, DYS392=13 occurs in R1a in only 0.4% of all haplotypes. All others have DYS392=11. Actually, only twelve DYS392=13 haplotypes have been identified thus far in the 67-marker haplotype format, and nine of them form the Old European branch (the haplotype tree of this branch is shown in Fig. 1).

The following diagram shows the upper part of the haplogroup tree with respect to R1a and its most ancient subclades (R1b is shown for a comparison) [ISOGG-2012, a fragment, http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpR.html) in its current classification:

- R** M207
 - **R1** M173
 - **R1b** M343
 - **R1a** L62/M513, L146/M420
 - **R1a1** L120/M516, SRY10831.2
 - **R1a1a** M17, M198, M512
 - **R1a1a1** L457, M417

The two haplotypes at the bottom of the tree in Fig. 1 are from Belarus and the US, both have positive SNP SRY10831.2 and negative M198, which firmly places them into the R1a1 subclade on the haplotype tree above. They two have their combined haplotype (here and throughout the paper haplotypes are given in the FTDNA format):

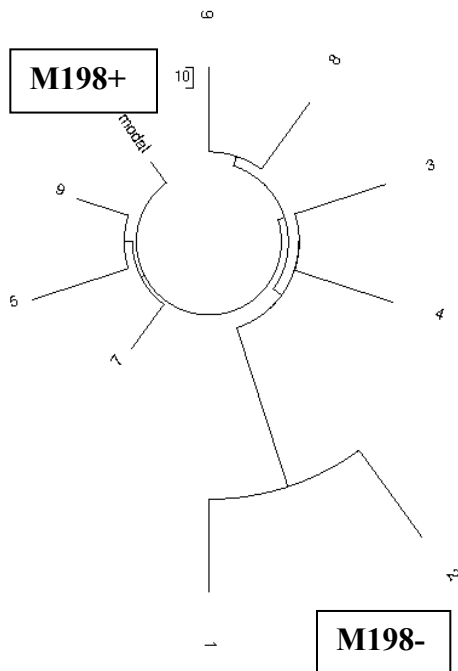


Figure 1. The 67-marker 9 haplotype tree for the Old European Branch in Europe. This and all other haplotype trees in this paper are composed from haplotypes listed in the IRAKAZ database (Rozhanskii et al, 2012). The upper 7-haplotype branch has SNP M417-, M198+ (R1a1a), the lower 2-haplotype branch has M198-, SRY10831.2+ (R1a1)

13 25 15 10/11 12 12 12 13 12 13 13 31/33 - 16 9 9 11 11 24/25 16 20/21 29/34
12/13 16 16 16 - 10/11 11/12 19 23 15 15/16 17/20 17/18 35 38 11/12 11 - 11 8 15
17 8 11 10 8 11/12 10 12 22 22 17 10 12 12 15 8 12 22/23 22/23 13 12 11 13/14
10/11 11 12 12/13

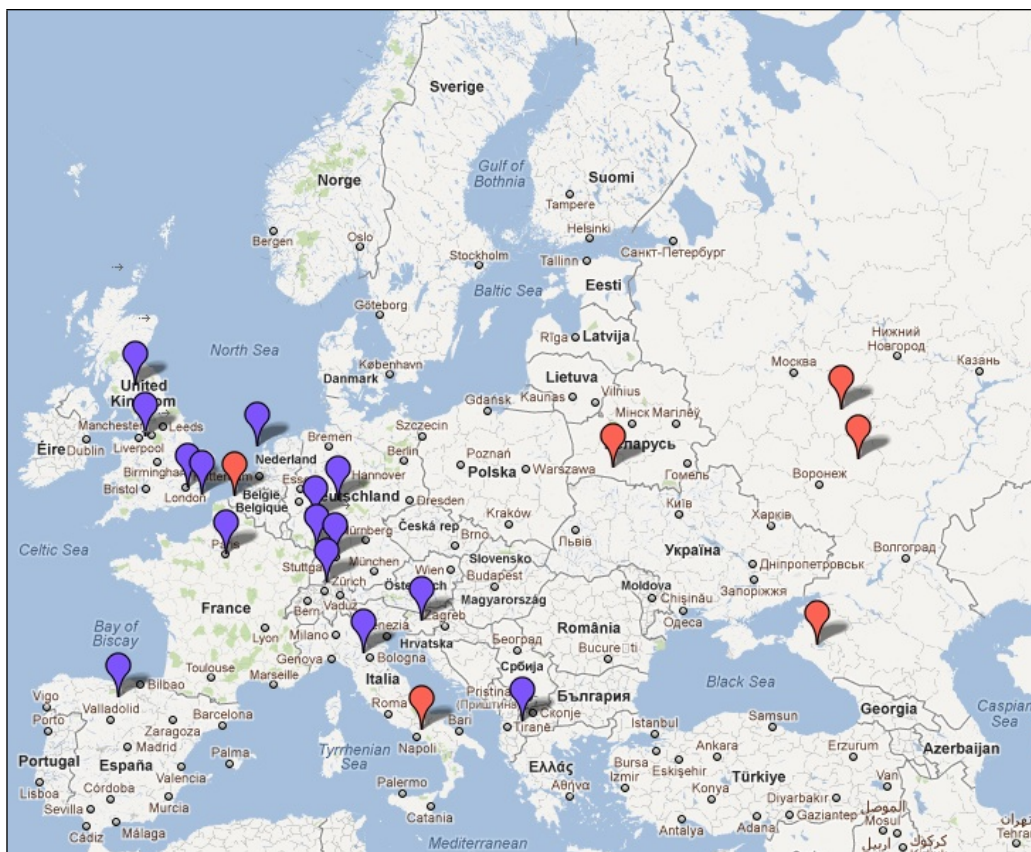
The 25 mutations between them are translated to $25/.12 = 208 \rightarrow 262$ conditional generations (25 years each), or 6550 years. If they belong to the same DNA-lineage, their most recent common ancestor lived ~ 3300 ybp. If they belong to different lineages, their common ancestor would have lived much earlier.

The upper, rather tight series of haplotypes in Fig. 1 all have positive M198, but negative M417, which places them in the R1a1a subclade. Their base haplotype is as follows:

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

All seven haplotypes have 78 mutations from the base haplotype, which gives $78/7/.12 = 93 \rightarrow 103$ conditional generations, or 2575 ± 390 years to their common ancestor. However, this date actually points to a time when the population expanded. In reality, the base haplotype shown above differs from the two M198-haplotypes by 40 and 41 mutations respectively; if they belonged to the same subclade, that would set them apart by at least 12,300 and 12,800 years. Since they belong to different subclades (R1a1 and R1a1a), their common ancestors lived more than 6400 years before the present, and not less than the age of the R1a1a-M17 subclade (at least 9000 ybp).

We do not know exactly where their common ancestor lived, since members of this branch are scattered in Europe from the Balkans to the British Isles (Map 1). It may be that they are descendants of those R1a bearers who came to the Balkans ~ 9000 ybp at the European end of their migration route from Central Asia (Klyosov and Rozhanskii, 2012).



Map 1. The Old European Branch, referred to birthplaces of the furthestmost ancestors recorded in available databases. Red pins denote a branch with SNP M198-, SRY10831.2+. Blue pins mark a branch with M417-, M198+.

In this paper, unless we specifically describe a particular subclade with its particular SNP, we will use R1a as a common overall designation of all downstream subclades of the haplogroup.

Principal European R1a subclades

As was described above and in Klyosov and Rozhanskii (2012), R1a arose around 20,000 ybp in Central Asia, migrated (in part) to Europe over the following 11,000 years, and arrived in Europe, as R1a1 and R1a1a subclades, more than 7 thousand years or, more probably, ~ 9000 ybp. There are only a few descendants of these ancient subclades which are currently identified in Europe.

The next downstream subclade in Europe was R1a1a1-M417, which arose ≥ 7600 ybp (see below). Its principal downstream subclades are as follows:

- • • **R1a1a1** M417
- • • • **R1a1a1i** L664- (the Tents, NW branch)
- • • • • **R1a1a1i** L664+
- • • • • **R1a1a1h** Z93 (South-Eastern branch)
- • • • • **R1a1a1g** Z283 (Eurasian branch)
- • • • • • **R1a1a1g1** M458 (European branch)
- • • • • • **R1a1a1g2** Z280 (Central Eurasian)
- • • • • • **R1a1a1g3** Z284 (Scandinavian)

The Tents, or the North-Western branch, is the oldest subclade of R1a-M417, identified thus far. It arose at least 6300 ybp (see below) and has a distinct mutation $DYS388=10$ as distinct from the $DYS388=12$ in majority of R1a haplotypes. Subclade Z93 separated from the rest of R1a around 5700 ybp. It migrated from Europe or from the Russian Plain no later than 4800 ybp. The migration was to the south (to the Middle East) and south-east (Iran and India), where bearers of Z93 are the predominant R1a bearers today. Subclade Z283 arose ~ 5500 ybp and populated Eastern Europe, part of Central Europe, and further east to the Ural Mountains.

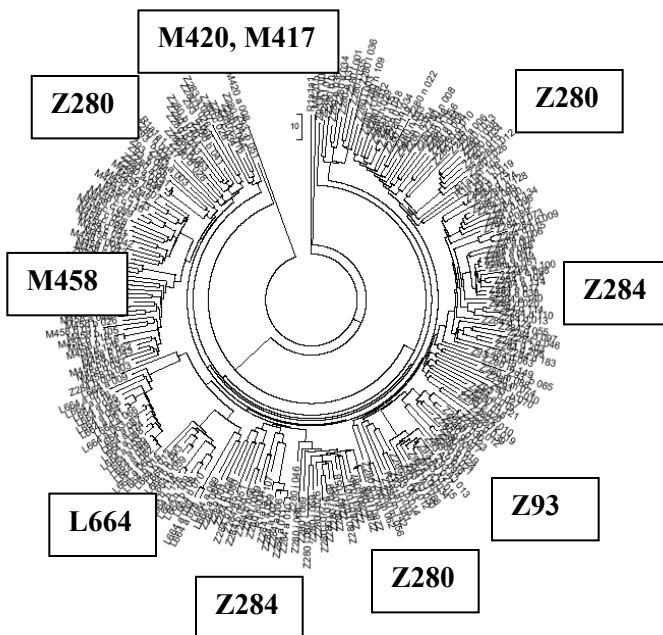


Figure 2. An 111-marker haplotype tree of R1a haplogroup, composed of 251 haplotypes. Most of the tree is taken by the Eurasian super-branch Z283, of which branches Z280 (Central Eurasian), Z284 (Scandinavian), and M458 (European) are shown. Another two principal branches are Z93 (South-Eastern) and L664 (North-Western branch, the Tents). The L664 branch shown at 7 o'clock.

The overall 111-marker R1a haplotype tree is shown in Fig. 2. The purpose of the Figure is not in details of positions of individual haplogroups, but to show the overall shape, configuration of the tree, and relative positions of its subclades. A few of M420 and M417 haplotypes, available in the 111-marker format, sit at the very base/core of the tree, since they descended from the most ancient European R1a ancestors. The principal subclades of the Z283 Eurasian super-branch are located around the tree - Z280, Z284, M458. Some of them consist of two or several more sub-branches, which are described below.

The main purpose of presenting the overall tree in Fig. 2 is to show that the SNP (single nucleotide polymorphism) subclades and STR (short tandem repeat) branches form a robust mutually supporting system. They are two sides of the proverbial coin; both are necessary for a justified, meaningful, and advanced analysis of haplotype datasets.

North-Western branch (the Tenth), 4575 ybp

This is one the most distinct of R1a branches. All haplotypes of this branch have DYS388=10 (hence, the Tenth), and two-thirds of them are located in England, Ireland and Northern Germany (Map 2), and almost the same number of their bearers live in the USA (with roots mainly in England, Ireland, Scandinavia, Germany).

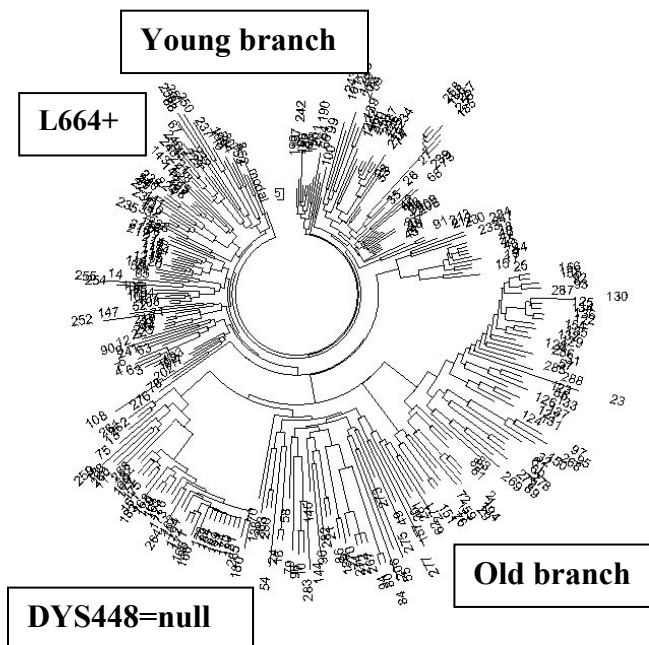
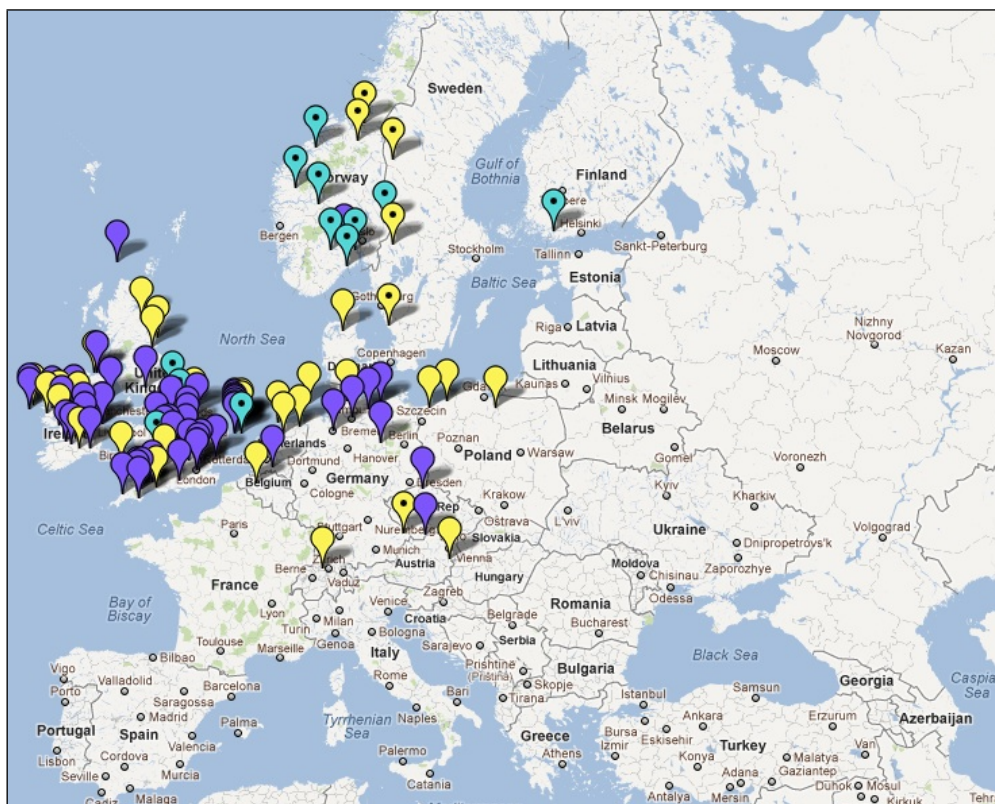


Figure 3. A haplotype tree of the Tenth's (DYS388=10), composed of 285 of 67-marker haplotypes. The dataset was provided by Martin Voorwinden and updated with the Prendergast family series in January 2012. The younger branch on the left all has SNP L664+, where determined; the branch on the 3 o'clock (the Prendergast family with a common ancestor ~1,000ybp) has both L664+ and L664-, which raises a question on technical (methodological) stability of the L664-. The old branch has both L664+ and L664-.

The haplotype tree (Fig. 3) splits into four major lineages, or sub-branches. One is the old branch (with a common ancestor of ~4300 ybp), which in turn splits to subclades L664- (4100 ybp; though, this SNP seems to be rather unstable) and L664+ (4300 ybp), then the young branch, with L664+ (2250±250 ybp), and two DYS448 null-mutated branches, of 1500±325 ybp and its downstream of 260±60 ybp, the last marks the arrival of the Tenth's to the USA (Klyosov, 2010a, 2010b, 2012).



Map 2. The map of the North-Western branch, depicting birthplaces of the furthestmost ancestors recorded in available databases. Yellow pins denote an old branch. Deep-blue and light-blue pins mark younger branches.

The base 111-marker haplotype of the old branch splits into two sub-branches as follows:

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

13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 25 14 19 31 12 14 14 17 - 12 11 19
23 15 16 18 19 34 37 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
22 12 12 11 13 11 11 14 13 - 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 31
12 14 24 13 9 10 19 15 20 12 24 15 12 16 24 12 24 19 10 15 19 9 11 11

which differ by as much as 33 mutations. One branch (shown first) is likely L664- with a common ancestor of 2125 ± 280 ybp (.139 mutations per marker), another, likely L664+, is 2025 ± 260 years "old" (.133 mutations per marker). The distance between them sets these two lineages apart by $33 / .198 = 167 \rightarrow 200$ conditional generations, or 5000 years. This placed their common ancestor by $(2125 + 2025 + 5000) / 2 = 4575$ ybp.

An analysis of a more extended dataset of 67-marker haplotypes of the Tenthis gave 4300 years to their common ancestor, which is the same value within the margins of error, and showed that the divergence of L664+ and L664- branches occurred around 4100 ybp, or almost from the common ancestor of currently living Tenthis (Klyosov, 2012).

The robustness of the calculations despite the small number of extended haplotypes is clear. Twenty-one 67-marker haplotypes show 191 mutations, which give $191 / 21 / .12 = 76 \rightarrow 83$ generations, or 2075 years to a common ancestor. The same haplotypes in the 111-marker format give 324 mutations, that is $324 / 21 / .198 = 78 \rightarrow 85$ generations, or 2125 years to the common ancestor. Obviously, the margins of error of 2075 ± 260 and 2125 ± 240 ybp may be somewhat excessive for the calculations.

The combined 67-marker base haplotype of the Tenthis differs from the Old European base haplotype (see above) by 29 mutations, which places their common ancestor at ≥ 7600 years before the present. Since they belong to different subclades, M417- and M417+, their common ancestor lived 7600 ybp only if the "depth" of the M417+ subclade is no more than 7600 years. In that case, the Tenthis actually initiated the M417+ subclade.

South-Eastern branch (Z93), ~ 5700 ybp

According to the haplotype tree (ISOGG-2012)

- • • • • R1a1a1h Z93
- • • • • • R1a1a1h1 Z94
- • • • • • • R1a1a1h1 L342.2
- • • • • • • • R1a1a1h1a L657

subclade Z93 has three downstream subclades, Z94, L342.2 and L657. All four subclades populate mainly the Middle East, India, and some locations in the eastern part of the Russian Plain, hence, it is called the South-Eastern branch (Map 3). It arose in Europe ~ 5700 ybp and migrated along with the future Aryans across the Russian Plain to the south, east, and south-east between 5000 and 3500 ybp.



Map 3. The map of the South-Eastern branch, depicting birthplaces of the furthestmost ancestors recorded in available databases. Magenta pins denote a parent Z93 branch, red and green pins correspond to Bashkir and Kyrgyz branches, respectively. The rest of the branch (L342.2 positive) is marked by deep-blue pins. The most represented Ashkenazy Jewish branch (not shown) covers densely an area of historical Polish-Lithuanian Commonwealth.

The haplotype tree of the R1a-Z93 clade is shown in Fig. 4. Its Jewish R1a1 branch includes more than half of the whole tree (104 haplotypes out of 203 haplotypes); all the Jewish haplotypes are related to the downstream subclade L342.2. The Bashkir and the Kyrgyz branches also have the same L342.2. In fact, L342.2 is the predominant subclade in the Z93 clade, embracing 98% of its haplotypes. Only a few haplotypes on the tree and one English lineage of closely related individuals are L342.2 negative, which tells us the initial state of Z93.

Bearers of Z93 are spread from England through Armenia, Oman, and Kuwait, all the way to Khakassia in South Siberia; the latter (or his ancestors) apparently was a migrant from the Russian Plain. Six currently known representatives have the following base haplotype

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 9/10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 15 -
 11/12 11 19 22/23 16 16 18 17 35 40 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10
 12 12 13 8 13/14 23 21 12 12 11 13 10 11 12 13

All six have 111 mutations from the base haplotype which gives $111/6/.12 = 154 \rightarrow 177$ generations, or 4425 ± 630 years to their common ancestor. In fact, they belong to different minor sub-branches, which split from the trunk at the very beginning of the Z93 subclade, and their actual TMRCA is expected to be 5000 years (or more) before the present.

Most of the haplotype tree is L657 negative. An example of L657- base haplotype of an available 20-haplotype Asian branch in the 111 marker format is given below:

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 12 19
 23 16 16 18 19 34 38 13 11 - 11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
 21 13 12 11 13 11 11 12 13 - 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 13 12 10 9 12 11 10 11 11 30
 12 13 24 13 9 10 19 15 19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

An example of L657+ base haplotype of an available Asian branch is as follows:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 16 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 17 - 12 11 19
 23 15 17 17 19 36 40 14 11 - 11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 12 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 12

The first base haplotype is apparently ancestral to the branch, consisting of haplotypes from Turkey, Saudi Arabia, Qatar, the United Arab Emirates, Palestine, India, Kazakhstan, Iraq, Pakistan, Poland, Germany, and one from Tatar Russia. 20 of 67-marker haplotypes in the branch contain 354 mutations, which place their common ancestor at $354/20/0.12 = 148 \rightarrow 174$ generations, or

4350±490 ybp. Fourteen 111-marker haplotypes in the branch contain 381 mutations, which place their common ancestor at $381/14/.198 = 139 \rightarrow 162$ generations, or 4050±460 ybp.

The second sub-branch is non -symmetrical, and contains six haplotypes from Saudi Arabia with a common ancestor of only 315±110 ybp, and one very different haplotype from India, with an apparent common ancestor for all L657+ haplotypes of 2700 ybp. There are 16 mutations between the two L657+ and L657- branches in the 67- marker format, which places a common ancestor of the two base haplotypes at 5300 years ago. It might relate to the appearance of the L342.2 subclade.

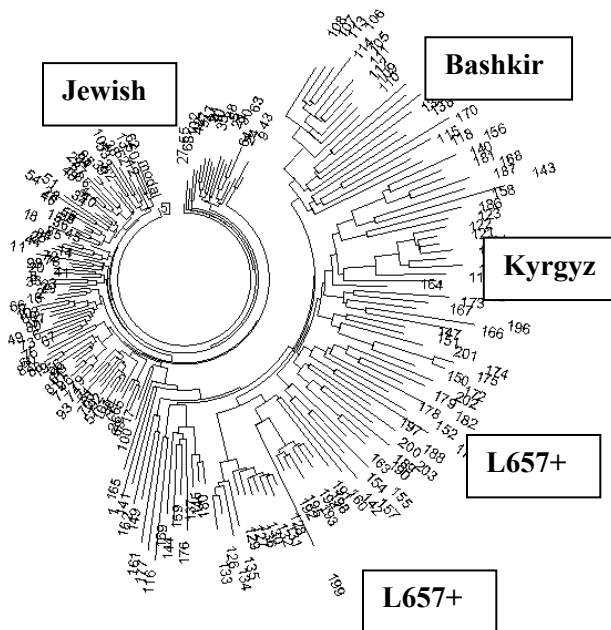


Figure 4. A haplotype tree of the South-Eastern branch (Z93), composed of 203 of 67-marker haplotypes. Practically all haplotypes (except four L342.2-) are assigned to L342.2+ subclade. There are two L657+ branches, of 7 and 17 haplotypes each. The tight, numerous young branch on the left is the Jewish R1a1 branch. The Bashkir (10 haplotypes) and Kyrgyz (7 haplotypes) branches are also shown.

The R1a-L342.2 Bashkir branch of 10 haplotypes points to their common ancestor of about 1125±190 ybp. Their 111-marker base haplotype is as follows:

13 24 16 11 11 15 12 12 12 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 15 - 11 11 19
23 16 15 18 19 35 39 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 10 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
21 13 12 11 13 11 11 12 13 - 33 15 9 15 11 26 28 19 11 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30
13 14 24 13 9 10 19 15 19 12 24 14 13 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

It has 28 mutations compared with the 111- marker predominantly Middle Eastern L657- base haplotype, which places their common ancestor (L342.2) to 4800 years before the present.

The Kyrgyz branch is based mostly on the SMGF database (www.smgf.org), which employs another format, and shares only 34 with the 67 markers reported by FTDNA. Eight Kyrgyz haplotypes are known in the 67- and 111-marker formats, but six of them belong to a rather recent lineage (650±150 ybp), with possible origin in Altay. Since some alleles in the base haplotype of the entire branch are uncertain, they are marked by “x”:

13 25 16 1111 14 12 12 10 14 11 32 -- 15 9 11 11 23 14 2131 12 1515 16 - 11 11 19 23
16xxxxx15 11 - 11 8 17 17 8 x 10 8 xx 12 xxx 10 12 12x 8 14 xx 12 12 11 xx 11 12 12

A common ancestor of the Kyrgyz branch lived 2100±250 ybp; this and the other branches of the L342.2 share a common ancestor within the range of 4400±500 ybp, which corresponds to the ancestor of L342.2 itself.

Finally, the large Jewish R1a-L342.2 branch with its base 111-marker haplotype has the following alleles:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 14 9 11 11 11 24 14 20 30 12 12 15 15 - 11 11 19
23 14 16 19 20 35 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 14 8 14 23
21 12 12 11 13 10 11 12 13- 32 15 9 17 12 27 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30
12 12 25 13 9 10 20 15 20 11 23 15 12 15 25 12 23 19 10 15 17 9 11 11

This group descends from a common ancestor who lived only 1300±150 ybp. It arose in Germany, but as part of a lineage with a common ancestor living 4475±400 ybp, or what has been called the “Abraham times” (Klyosov and Rozhanskii, 2012).

It is of interest to compare which base haplotype is closer to the Jewish base haplotype - the Middle Eastern or the Bashkir base haplotype. It would seem that the Middle Eastern haplotype should be closer. Indeed, the mutational distances in the 111-marker format are 30 and 40, respectively. The common ancestor of the Jewish base and the Middle Eastern base, and of the Jewish base and the Bashkir base lived 4900±500 and 4400±500ybp, respectively - or at the same time, within the margin of error. It fits well with the 4800 ybp obtained

above for the L342.2 subclade. The common ancestor of all these L342.2 branches lived at the time of the Aryan migrations from Eastern Europe across the Russian Plain on their way to the east and south.

Eurasian branch (Z283), ~ 5500 ybp

The Eurasian R1a branch Z283 includes haplotypes from Europe and from the Asian part of Russia which spreads to Pacific Ocean on the east. It is also found in low frequencies in Asia Minor and among ethnic Armenians. The Eurasian branch is the most extended one among R1a1 haplotypes, both in number of haplotypes and in its territory. It embraces 86% of all European R1a1 haplotypes, while the Tenth's (North-Western branch) take only 12%. The rest are minor subclades, such as the Old Europeans. The Z93 subclade, with its mainly Asian haplotypes, encompasses 10% of the European R1a1 haplotypes, and it was not included in the above figures. Three countries – Poland, Russia and Germany – embrace 55% of all the Eurasian branch, with the rest mainly in Ukraine, Belarus, the Czech Republic, Slovakia, Slovenia, Lithuania, Finland, Hungary, and Italy.

- **R1a1a1g** Z283 (Eurasian branch)
 - • **R1a1a1g2** Z280 (Central Eurasian branch)
 - • • **R1a1a1g2a** P278.2 (West Carpathian)
 - • • **R1a1a1g2b** L365 (North European)
 - • • **R1a1a1g2c** L366 (Central Eurasian-3)
 - • • **R1a1a1g2d** Z92 (North Eurasian)
 - • • **R1a1a1g2d** (North Carpathian)
 - • • **R1a1a1g2e** L784
 - • **R1a1a1g3** Z284 (Scandinavian branch)
 - • • **R1a1a1g3a** L448 (Young Scandinavian)
 - • • • **R1a1a1g3a1** L176.1 (Scottish Highland)
 - • • **R1a1a1g3b** Z287 (Old Scandinavian)
 - • **R1a1a1g1** M458(European branch)
 - • • **R1a1a1g1a** Central European branch
 - • • • **R1a1a1g1a1** L1029
 - • • **R1a1a1g1b** L260 (West Slavic branch)

The above diagram shows the downstream subclades of Eurasian branch Z283. The most populous one is the Central Eurasian branch (Z280) with its subclades, which include almost half of all Eurasian (Z283) haplotypes. It is followed first by the Scandinavian branch (Z284 and its subclades), with one-third of the Eurasian haplotypes; and then by M458 (and its subclades) with 21% of the Eurasian haplotypes. A few haplotypes from Canada, Germany, Switzerland,

England, Poland and Turkey have been proven to belong to the parent Z283 branch.

Central Eurasian Z280 subclade (4900±500 ybp)

Fig. 5 shows the 67-marker 801-haplotype tree of the central Eurasian branch (Z280); Fig. 6 presents the 111-marker tree of 96 haplotypes, currently available in this extended format. The trees are shown here not for a detailed analysis but for their overall shape. All four available SNPs have their own rather distinct branches on the trees, along with other branches which do not have an assigned SNP as yet (see legend to Figs. 5 and 6).

Overall, there are 13 currently identified branches within subclade Z280. A common ancestor of Z280 lived 4900±500 ybp, and had a base (ancestral) 111-marker haplotype as follows:

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 12 19
 23 16 16 18 19 35 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 13- 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30
 12 13 24 13 9 10 19 15 20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Some of the Z280 subclade bearers can be assigned, at present, to a rather loose parent branch, the Central Eurasian group proper, descending directly from the above base haplotypes. Base haplotypes of the most populous branches are shown below, along with the timespans to their common ancestors.

The Russian Plain (RP) branch, or Central Eurasian-1 (CEA-1) branch (4600±500 ybp):

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 **19** 19 35 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 13

The RP base haplotype differs from the Z280 base haplotype by only two mutations (425 “lateral” years, that is an average time required for these two mutations to occur), as marked; it places their common ancestor at $(4900 + 4600 + 425) / 2 = 4960$ ybp, which is Z280 itself (4900±500 ybp) within the margin of error.

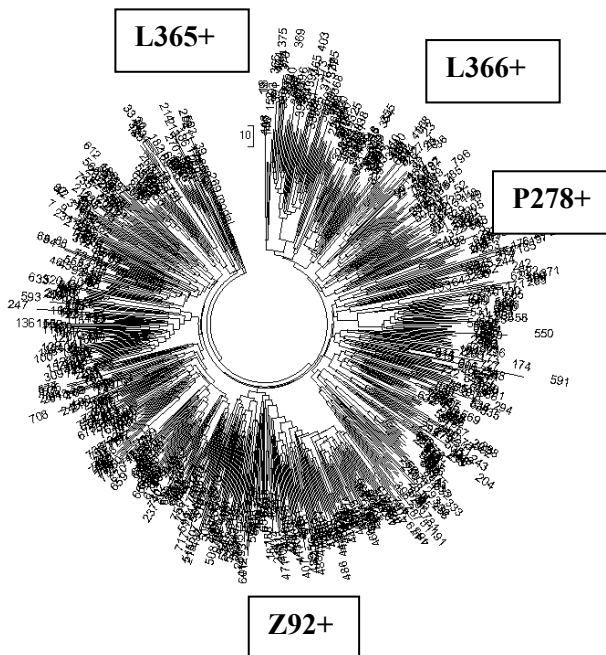


Figure 5. A haplotype tree of the Central Eurasian branch (Z280), composed of 801 of 67-marker haplotypes. The North European (L365), Central Eurasian-3 (L366), West Carpathian (P278.2), and North Eurasian (Z92) branches have their identified SNPs. The tree contains other branches which do not have their SNPs identified as yet, and some of them are as follows, clock-wise: North Carpathian (NC), Balto-Carpathian-1 (BC-1), West Eurasian-3 (WEA-3), Central Eurasian-1 (CEA-1), WEA-1, CEA-2, Eastern Carpathian (EC), BC-3, BC-2.

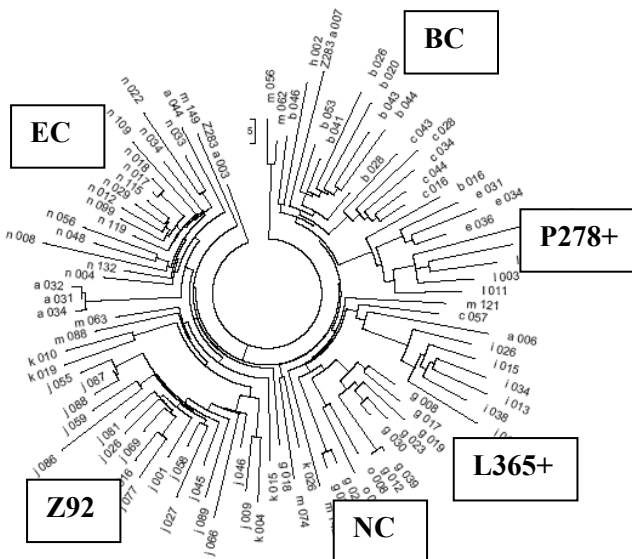


Figure 6. A haplotype tree of the Central Eurasian branch (Z280), composed of 96 of 111-marker haplotypes. The North European (L365), West Carpathian

(P278.2), and North Eurasian (Z92) branches are indicated, as well as (clockwise): Balto-Carpathian (BC), North Carpathian (NC), Eastern Carpathian (EC).

Central Eurasian-2 (CEA-2) branch (3500±400 ybp):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16 - 11 1119
 23 16 16 **18** 19 **34** 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13** 23
 21 12 12 11 13 1111 12 13

The Central Eurasian-2 branch differs from the Russian Plain base haplotype by 4 mutations (marked above). Four mutations separate the common ancestors by $4/.12 = 33 \rightarrow 34$ generations, or 850 years, and their common ancestor lived $(4600+3500+850)/2 = 4475$ ybp. This is the time of the Russian Plain common ancestor (4600±500 ybp) within the margin of error.

Central Eurasian-3 (CEA-3) branch (2500± 350 ybp):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **31 13** 15 15 16 - 11 **12 19**
22 16 16 **18 19 33 39 13** 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 **12 8 13** 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 13

The Central Eurasian-3 is a minor branch, characterized by SNP L366. It differs from the parent base haplotype (RP branch) by 11 mutations. This places the common ancestor at ~ 4825 ybp, which is within the margin of error for both the Russian Plain (RP) and the Central Eurasian (Z280) common ancestors.

Western Eurasian (WEA) branch (4100±500 ybp):

13 25 16 11 11 14 12 12 **11** 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **33** 12 15 15 16 - 11 12 19
 23 16 16 18 19 **34** 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 1111 12 13

The Western Eurasian base haplotype differs from the Z280 base haplotype by three mutations (650 years), hence, their common ancestor lived 4825 ybp. This is Z280 itself within the margin of error. The WEA branch has a distinct sub-branch (WEA-1) with a common ancestor of 2300±300 ybp. It deviates by 10 mutations from the parent WEA base haplotype, or by 2275 “lateral” years. This places their common ancestor with the parent branch at 4300 ybp, i.e., the WEA parent branch itself (4100±500 ybp).

Eastern Carpathian (EC) branch (2600±300 ybp):

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 **17 20 36 39 12** 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 **10** 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
21 12 12 11 13 1111 12 13

The base haplotype differs from that of Z280 by 8 mutations, which corresponds to 1800 years, and translates to a common ancestor at 4650 ybp. Again, it is well within margin of error for TMRCA of the entire Central Eurasian branch.

Western Carpathian (WC) branch (2600±300 ybp):

13 25 **15 10** 11 **15** 12 12 **11** 13 11 **29** -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16 - 11 12 19
23 **17** 16 **17** 19 35 **39** 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 **11** 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13** 23
21 12 12 11 13 **12** 11 12 13

Twelve mutations (2775 years) from the base Z280 haplotype place the common ancestor of the Western Carpathian branch at 5100 ybp. Its assignment is also confirmed by SNP P278.2.

The above branches are spread almost uniformly over most of Central and Eastern Europe; however, they are virtually absent in Scandinavia (Map 4).



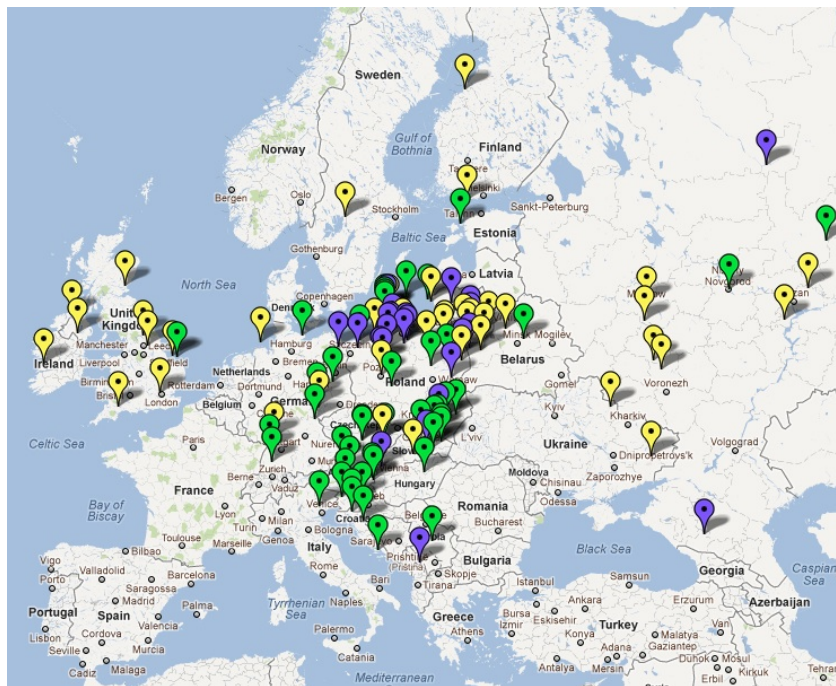
Map 4. The map of the parent Central Eurasian, Western Eurasian, Eastern and Western Carpathian branches, depicting birthplaces of the furthestmost ancestors recorded in available databases. Yellow pins denote the parent branch, pins of other colors correspond to junior branches.

Balto-Carpathian (BC) branch (4300±500 ybp):

13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 **13** 15 15 16 - 11 12 19
23 16 16 18 **18 34 37 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

The Balto-Carpathian branch deviates by 6 mutations (1325 “lateral” years) from the Z280 base haplotype. The BC branch has two distinct sub-branches (**BC-1** and **BC-2**) with common ancestors of 2550±300 and 2200±250 ybp, respectively. They deviate by 4 and 9 mutations from the parent (BC) base haplotype, or by 850 and 2025 “lateral” years respectively. This places their common ancestor with the parent branch at 3850 and 4300 ybp, or the BC parent branch itself (4300±500 ybp).

In contrast to the “core” branches of Z280, the Balto-Carpathian shows distinct geographical distribution, as reflected by its name (Map 5). Its **BC-2** sub-branch is characteristic for Slovenians and Croatians, being their “trademark” genealogical lineage.



Map 5. The map of the Balto-Carpathian branch, depicting birthplaces of the furthestmost ancestors recorded in available databases. Yellow pins denote the parent branch, deep-blue and green pins correspond to BC-1 and BC-2 sub-branches, respectively.

Northern Eurasian (NEA) branch (4450±450 ybp)

This branch is characterized by SNP Z92. It consists of two major sub-branches. The older branch (NEA-1) (3600±400 ybp) has the following base haplotype:

13 25 16 11 11 14 12 12 **11** 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **33** 12 **14** 15 16 - 11 12 19
23 16 16 18 **18 34 40** 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13** 23
22 12 12 11 13 11 11 12 13

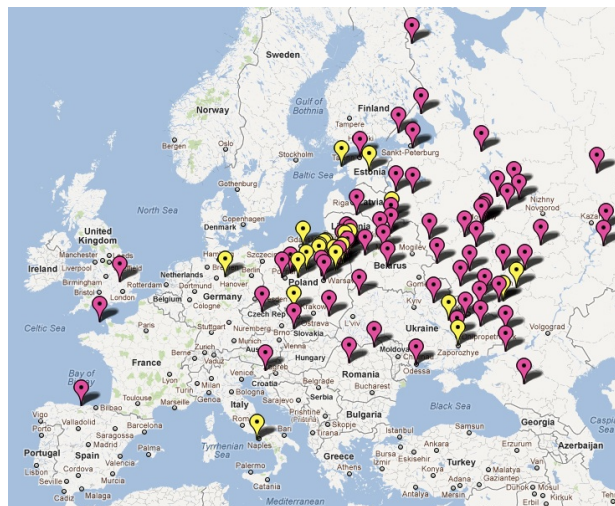
Its base haplotype deviates from that of Z280 by 9 mutations (2025 years), which places their common ancestor at 5260 ybp, within the margin of error from 4900±500 ybp for Z280 itself.

The base haplotype of the younger branch (NEA-2) (2350±300 ybp) is:

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

It has 12 mutations (2775 years) from the base Z280 haplotype and 13 mutations (3025 years) from the NEA-1 base haplotype. The common ancestor of these two sub-branches of Z92 lived 4450±450 ybp.

Present-day bearers of both NEA branches populate Lithuania, Belarus, and the north-eastern part of Poland (Map 6). It is the most widespread genealogical lineage among ethnic Russians.



Map 6. The map of the Northern Eurasian branch, depicting birthplaces of the furthest ancestors recorded in available databases. Yellow pins denote the older branch (NEA-1), magenta pins correspond to NEA-2.

Northern European (NE) branch (2600±350 ybp):

13 25 **15** 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- **17** 9 10 11 11 **23** 14 20 **33 13** 15 15 16 - 11 **11** 19
23 16 **15** 18 19 **34** 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 **21** 22 **16** 10 12 12 13 8 14 **24**
21 **13** 12 11 13 1111 12 13

The Northern European base haplotype differs by 13 mutations (3025 “lateral” years) from that of Z280, and is independently defined by SNP L365. It again places its common ancestor at 5260 ybp, which is Z280 itself.

Northern Carpathian (NC) branch (2150±300 ybp):

13 25 **17** 11 11 14 12 12 10 13 11 **31** -- **14** 9 10 11 11 24 14 20 32 **13** 15 15 16 - 11 12 19
23 16 16 18 19 35 **40** 14 11 - 11 **9** 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
21 12 12 11 13 11 11 12 13

This base haplotype differs by 7 mutations (1550 years) from the base Z280 haplotype.

There is also a minor branch, which is defined by subclade **L784** (2500±450 ybp):

13 24 17 11 11 14 12 12 10 14 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 13 15 15 16 - 11 12 19
23 16 17 17 19 34 39 12 12 - 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

The latter branches seem to be geographically limited to present day Poland and Eastern Germany, and -- in lower frequencies -- the Baltic countries, Ukraine, and Russia (Map 7).

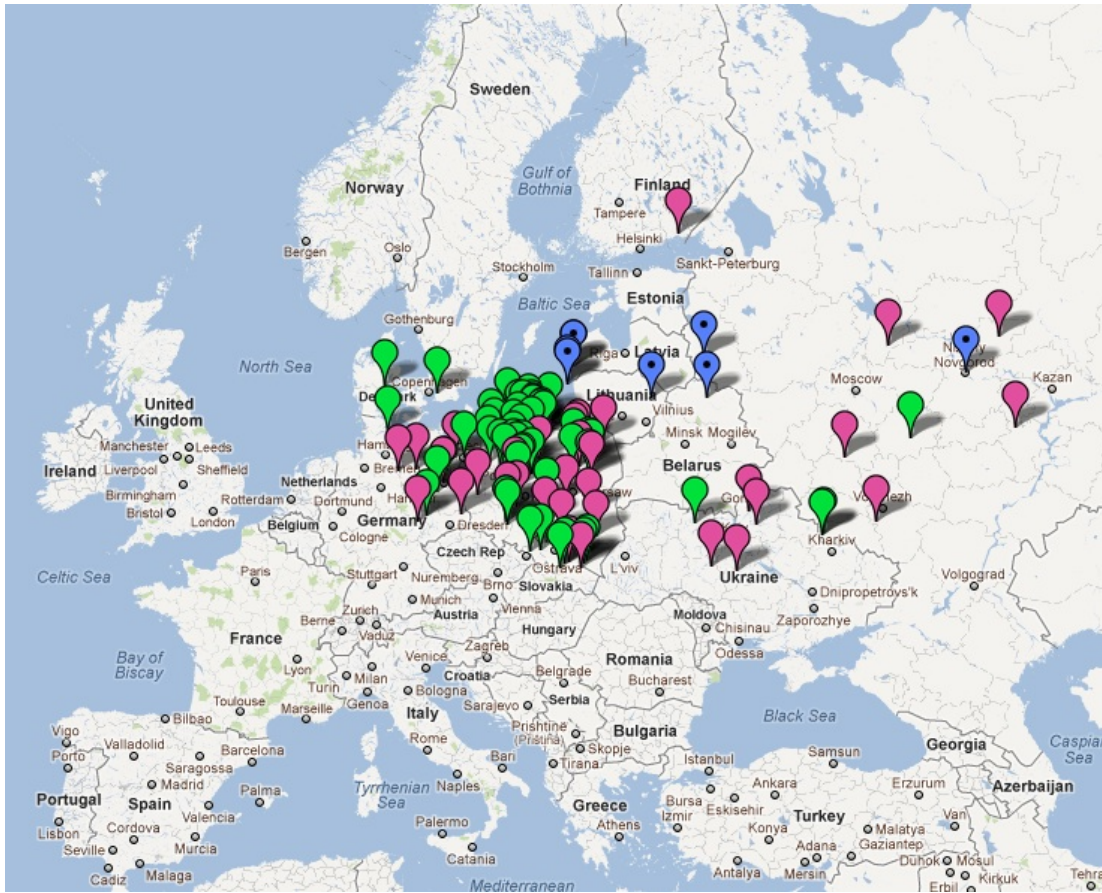


Figure 7. The map of the Northern European (green pins) and Northern Carpathian (magenta pins) branches, depicting birthplaces of the furthest ancestors recorded in available databases. Blue pins denote the minor branch, which is characterized by SNP L784.

Overall Z280 base haplotype and its “age”

The eight base haplotypes of the main branches (Russian Plain, West Eurasian, Balto-Carpathian, North European, East Carpathian, North Eurasian, North Carpathian, and West Carpathian) differ among themselves by 68 round-up or 64 full mutations (some mutations are fractional), resulting in the Z280 base haplotype, listed above. It gives $64/8/.12 = 67 \rightarrow 72$ generations, or 1800 years down from their average “age” (3100 years). This results in 4900 years from their common ancestor, which is Z280 itself (4900±500 ybp, see above).

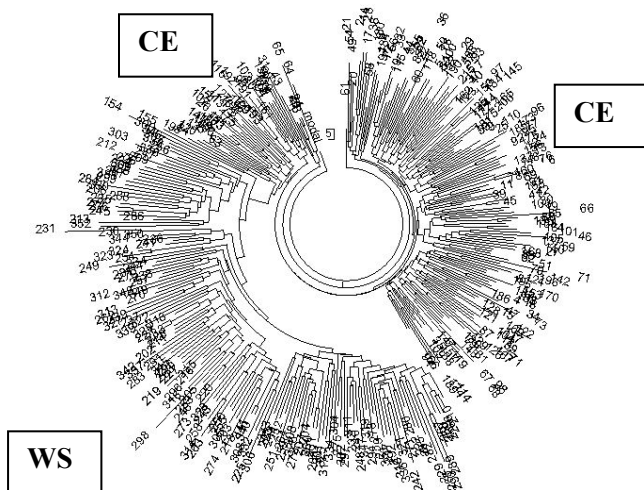


Figure 7. A 67-marker haplotype tree of the R1a-M458 subclade, composed of 352 haplotypes. The Central European (CE) branch takes the right-hand side and the upper left-hand side. The distinct Western Slavic (WS) branch is on the left.

European subclade M458 (4200±450 ybp)

This subclade consists of two principal branches, the Central European (CE) and West Slavic (WS). A division between them is clearly seen on their haplotype tree (Fig. 7).

The CE branch, in fact, consists of two sub-branches, both arose 2900±400 ybp. One of them (CE-1) has the following base haplotype:

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

It differs by 14 mutations (3325 years) from the Z280 base haplotype (see above), which places their common ancestors at ≥ 5600 ybp. The “equal or higher” sign here indicates that the difference between them cannot be less that the “age” of subclades Z280 and M458.

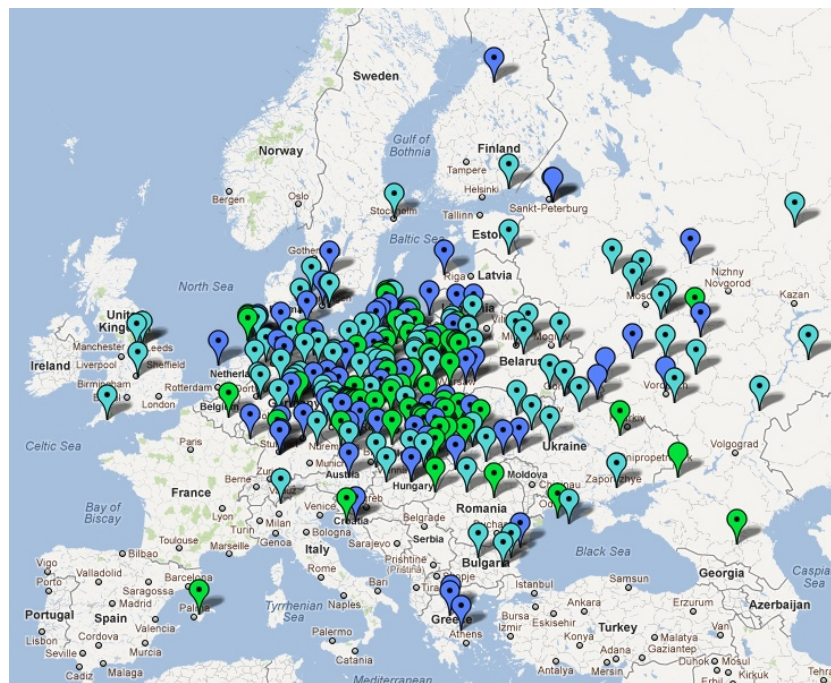
The second branch (CE-2) differs from CE-1 in only two loci, having there three mutations: a multi-copy duplication 12-15-15-16 → 12-**12**-15-**15**-15-16 in DYS464 (presumably a one-time event), and a two-step mutation 38 → 40 in CDYb. These three mutations place a common ancestor of CE-1 and CE-2 at 3100 ybp, if both branches arose independently from their common ancestor. It might be thought that CE-2 is a CE-1 downstream branch, which arose immediately after CE-1,

within the indicated margin of error in their dating. This is likely, since even the 67 marker haplotype tree cannot cleanly separate the CE branches (see Fig. 7). Their haplotypes are nearly identical statistically, except that they descended from slightly different ancestral (base) haplotypes. Also, there is a downstream subclade L1029 within the CE branch which embraces the most of bearers of both the sub-branches. Apparently, it arose at the same time as the CE branch itself.

In contrast, the Western Slavic branch (L260) is quite distinct. It does not include any CE haplotype on the tree (Fig. 7). It arose 2700 ± 300 ybp, and its base haplotype is as follows:

13 25 **17 10 10** 14 12 12 10 13 11 30 -- **16** 9 10 11 11 **23** 14 20 **31** 12 15 **16** 16 - 11 **11** 19
 23 16 16 18 19 **34 39 13** 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 **12** 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 **25**
 21 12 12 11 13 11 11 12 13

It differs by 14 mutations (3325 years) from the Z280 base haplotypes, which places their common ancestor at the same ≥ 5600 years (see the explanation above). There are 12 mutations between the CE-1 base haplotype and that of the Western Slavic branch, which makes the M458 subclade 4200 years “old” at least based on available haplotypes.



Map 8. The map of the M458 subclade, depicting birthplaces of the furthestmost ancestors recorded in available databases. Blue pins denote the Central European branch (CE-1 deep-blue, CE-2 light-blue), green pins correspond to the West Slavic branch.

The European subclade M458 shows nearly the same geographical distribution as the Central Eurasian Z280, but statistically it is more densely represented on its western edge (see also Underhill et al, 2009), reaching up to 70 % of all R1a1 bearers in the Czech Republic (Map 8). On the other hand, it is relatively rare among ethnic Lithuanians and Slovenians, who belong predominantly to Z280 subclade.

Scandinavian subclade Z284 (4300±500 ybp)

This subclade includes four principal branches, the Old Scandinavian (OS, Z287/Z288, which arose 3700±400 ybp), Young Scandinavian (YS, L448, which arose 2700±350 ybp), the Scottish Highland (SH, L176.1, which arose 1850±290 ybp), and the parent branch, which is negative to the known downstream SNPs (which arose 4300±500 ybp).

Additionally, the R1a nomenclature also includes the L175 subclade as downstream of L176.1, however, it is most probably a private SNP. The haplotype tree is shown in Fig. 8.

The lower part of the tree is represented by the Old Scandinavian branch with its base haplotype as follows:

13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16 - 11 12 19
23 16 16 18 19 35 **39 12** 11 - **12** 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 **16 11** 12 12 13 8 14 23
21 12 12 11 13 11 11 12 13

It differs by 8 mutations from the Z280 base haplotypes (1800 years), which places their common ancestor at ≥ 5200 years (see the explanation above regarding the “equal or higher” sign).

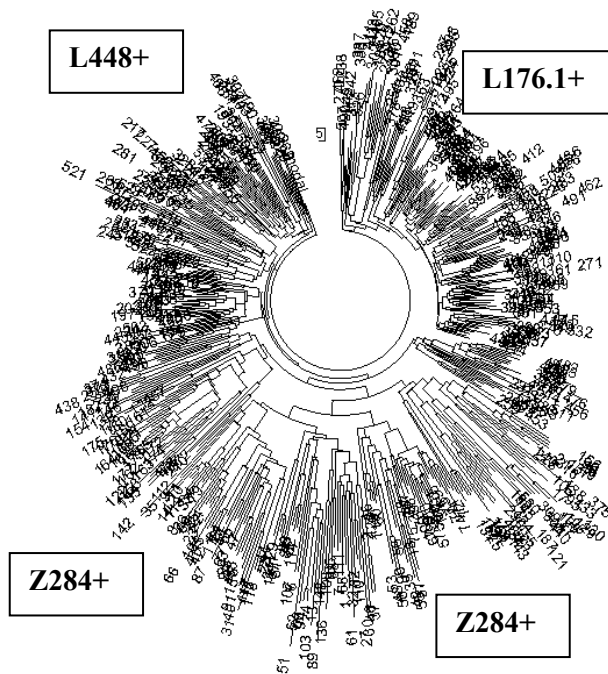


Figure 8. A 67-marker haplotype tree of the R1a-Z284 (Scandinavian) subclade, composed of 540 haplotypes. Three principal subclades/branches are shown: the Old Scandinavian (Z284), the Young Scandinavian (L448), and the Scottish Highland (L176.1)

Since there are 17 identical (base) 12-marker haplotypes among 178 OS haplotypes in the dataset, the logarithmic method gives $[\ln(178/17)]/.12 = 117 \rightarrow 133$ generations, or ~ 3325 years to the common ancestor; this is within the above 3500 ± 400 ybp, as determined by the linear method. The good fit (within 5%) means that practically all 178 OS haplotypes actually descended from one common ancestor (Klyosov, 2009a).

The Young Scandinavian branch (L448+) has the following base haplotype:

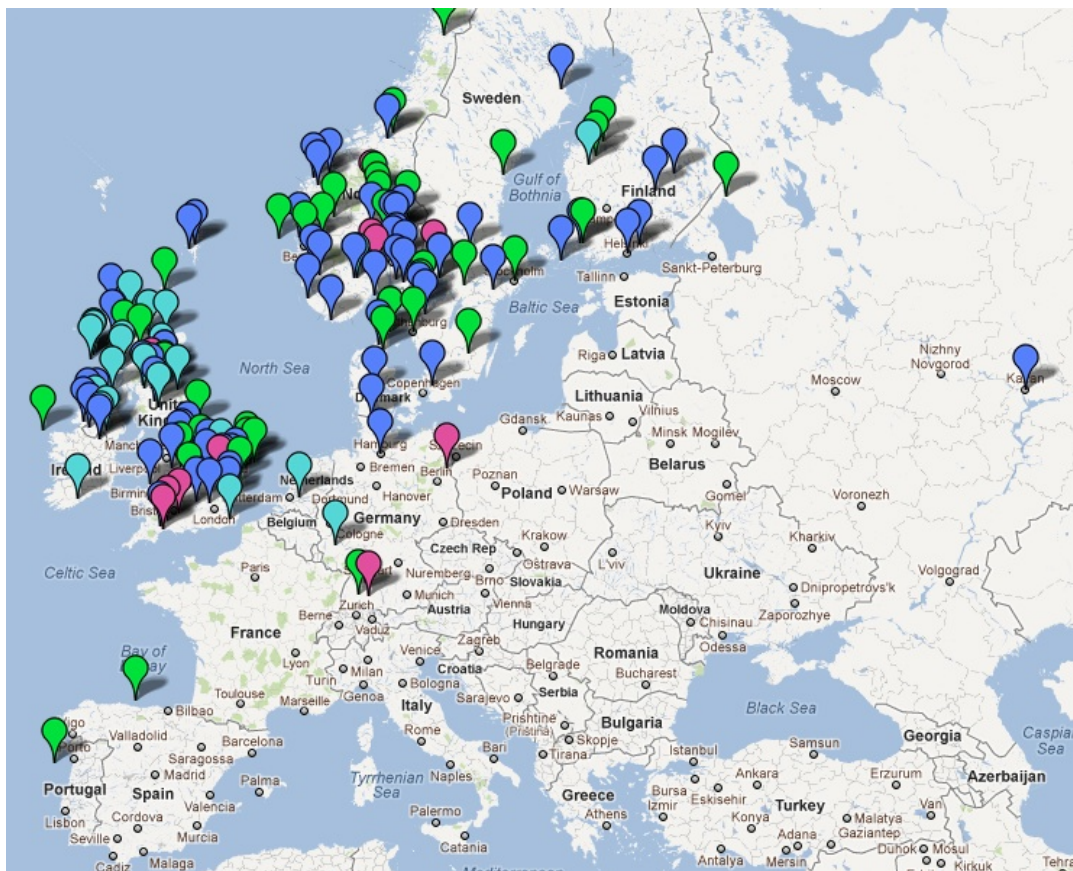
13 25 **15** 11 11 14 12 12 10 **14** 11 31 -- 15 9 10 11 11 **23** 14 20 32 12 15 15 16 - 11 12 19
21 16 16 **17 18 34** 38 **12** 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 **11** 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 **12**

Since the YS base haplotype is younger than the OS base, it is more distant from the Z280 base haplotype on the same haplogroup tree; indeed, they deviate by 12 mutations (2775 years); this places their common ancestor at ≥ 5300 ybp, which is practically identical with the date obtained above with the OS base haplotype.

The same figure is reproduced with a rather loose set of haplotypes, positive at Z284 and negative at L448 and Z287/Z288 (4200±500 ybp), with the base haplotype as follows:

13 25 **15 10** 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 **17 18** 35 **39 12** 11 - **12** 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 **11** 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Its 10-mutation difference (2275 years) with the base Z280 results in ≥ 5700 years to their common ancestor. The comparison of the above base haplotype with those for OS and YS suggests that it is identical or nearly identical to the base haplotype of the entire Z284 subclade, with its estimated “age” of ~ 4300 years.



Map 9. The map of the Scandinavian Z284 subclade, depicting birthplaces of the furthestmost ancestors recorded in available databases. Magenta pins denote the parent branch, green pins mark the Old Scandinavian one (Z287/Z288), deep-blue and light-blue pins correspond to the young Scandinavian branch (L448) and its Scottish Highland sub-branch (L176.1), respectively.

The haplotype of the Scottish Highland branch (L176.1) is

13 25 **16** 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 **8** 10 11 11 23 14 20 **29** 12 15 15 **15** - **10** 12 19
 21 16 16 17 **19** 34 38 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 12

Seven mutations (1550 years) with the YS base haplotype confirms their relative position of the subclade tree.

The known sub-branches of Z284 were found mostly in Scandinavian countries and on the Isles (Map 9). Norwegians and Swedish-speaking Finns seem to be the typical bearers of this genealogical DNA-lineage.

Chronology of the main M417+ subclades

The combined data of SNP mutations and extended STR haplotypes allowed us to make a step-wise reconstruction of the base haplotypes of the major subclades of the R1a1 haplogroup. A consensus tree was calculated from these data (Fig. 9). Its topology follows closely that of SNP phylogeny, while the dates of its principal nodes are quite robust, as it is shown by the examples above.

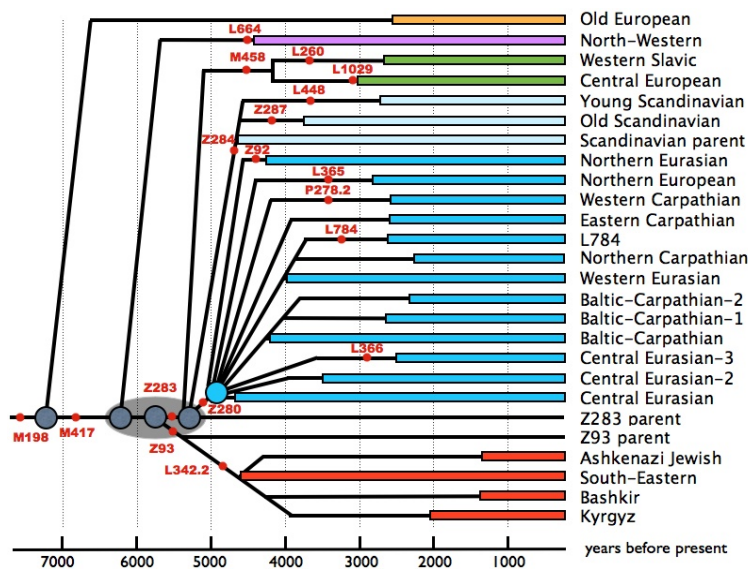


Figure 9. The R1a1 haplogroup tree according to the data on extended haplotypes from available databases. The lengths of colored bars correspond to TMRCA of present-day bearers of particular branches. Big circles denote the principal nodes. Red circles mark the assignments by SNP, wherever possible. Designation of branches follows the same notation as in the text.

Conclusions and some historical considerations

It follows from the data presented in this study, that all three principal downstream R1a subclades, L664, Z283 and Z93, split from their common European ancestor at about the same time, around 7000-6000 ybp, and that all three went through a population bottleneck, and then expanded 1000-1500 years later. L664 apparently stayed in North-Western Europe; its lineage recovered and began expanding ~ 4575 ybp.

The Z280 subclade (descendants of Z283) moved east to the Russian Plain ~ 4800-4600 ybp when the Arbins, bearers of haplogroup R1b, were arriving in Europe from different directions – from North Africa to the Pyrenees (4800 ybp); then -- as the Bell Beakers -- to the continent; and finally from Asia Minor and the Middle East to the Apennines and the Balkans (4800-4500 ybp). The Z280 subclade and its Russian Plain branch formed at least 16 sub-branches from the middle of the 3rd millennium BC and later in the course of the westward repopulation of Europe in the 1st millennium BC – 1st millennium CE.

The Z93 subclade began to expand during the Aryan migrations, on their way to India and the Middle East in the 3rd-2nd millennia BC. The eastward migration of the Aryans continued to the east (the Ural Mountains and beyond, to the Altay), south east (Iran and Hindustan), south (Anatolia, Mitanni and further south to the Middle East) between 4500 and 3500 ybp. The Jewish R1a common ancestor lived 4525±400 ybp; his descendants also almost vanished, but their long population bottleneck ended around the 8th century CE, in the Diaspora, apparently in Germany.

During the 1st millennium BC bearers of R1a started to re-populate Europe west of the Carpathian Mountains. This led to the appearance of the Northern European branch (L365, 2600 ybp), Western Carpathian (P278.2, 2600 ybp), Eastern Carpathian (2600 ybp, SNP is unknown), Northern Carpathian (2150 ybp, SNP is unknown), two Balto-Carpathian branches (2550 and 2200 ybp, SNPs are unknown), two Northern Eurasian branches of Z92 subclade (3600 and 2350 ybp; the Z92 subclade itself arose 4450 ybp, apparently on the Russian Plain), Western Eurasian-1 (2300 ybp). The same sequence of population events can be traced in two subclades which are downstream from Z283: M458 (European) and Z284 (Scandinavian). The former arose 4200 ybp in a yet unknown region, and expanded as two Central European branches of subclade M458 (both arose 2900 ybp) and the Western Slavic branch (L260, 2700 ybp). Z284 arose probably in 4300 ybp, somewhere on the Scandinavian peninsula, and produced three principal Scandinavian subclades – Old Scandinavian (Z287, 3700 ybp), Young Scandinavian (L448, 2700 ybp), and Scottish Highland (L176.1, 1850 ybp).

Some of the older branches, e.g. the Russian Plain branch, stayed in the present Russia-Ukraine-Belarus-Poland-Baltic region; ancient historians described these peoples as Scythians, Antes, Veneti, and various other proto-Slavic tribes (though many of them belonged to other haplogroups, primarily I1 and I2). R1a branches which are “older” than 3000 years, such as the Russian Plain branch (4600 ybp), the Western Eurasian branch (4300 ybp), the Balto-Carpathian (4300 ybp), did not move *en mass* to Europe and stayed behind at the Russian Plain.

In the middle of the 1st millennium CE, at the times of the collapse of the Roman Empire, many populations, including R1a, were migrating westward and eastward; these migrations gradually formed the current landscape of R1a in Europe. All 38 branches of R1a and their datings are listed in the Appendix of this paper; current distribution maps are shown in the body of this paper.

Presently, the largest R1a populations live in Russia (up to 63% of the total population in the South of historical Russia), in Poland, Ukraine and Belarus (up to 57% of the population). Outside of Eastern and Central Europe, R1a accounts for to 15-20% of the population of India (some estimates place it up to 30% in North India), 9% of the population in the Middle East belongs to R1a (Aby-Amero et al, 2009); in the rest of the world, the presence of R1a is minor (Klyosov and Rozhanskii, 2012, and references therein).

MATERIALS AND METHODS

Two thousand four hundred and seventy-one (2471) of 67- and 111-marker R1a1 haplotypes were considered in this study. Together, they constitute the IRAKAZ R1a database (Rozhanskii et al, 2012), which was collected from FTDNA, YSearch, and private lists, kindly provided for public usage by Martin Voorwinden, Andrew MacEachern and others, to whom we are deeply indebted.

The methodology of haplotype dataset analysis was described in Rozhanskii and Klyosov (2011). In this study the linear and the logarithmic method were used, the latter when mutation counting was not required, as described in Klyosov (2009a). The mutation rate constants are listed in Klyosov (2009a); Rozhanskii and Klyosov (2011), and for a number of cases are given in the text of this paper.

The concept of a “conditional generation” is an important part of DNA genealogy, and it is not related to a common “generation”. This is because a generation length is a “floating” figure which depends on a society, culture, traditions, and particular circumstances (wars, famine, cataclysms, epidemics, etc.). It means that conversions of “generations” into years should be done by calibrating using known historical events. The calibration was performed on

many examples, as described in the preceding paper in *Advances in Anthropology* (Rozhanskii and Klyosov, 2011).

As it follows from basic rules of chemical kinetics, the experimentally determined ratio n/N in the equation

$$n/N = kt$$

ultimately determines a product kt .

In this equation:

n = a number of mutations (from the base haplotype) in a series of N haplotypes,
 N = a number of haplotypes, descending from one common ancestor (having the base haplotype) in the series,

k = the average mutation rate constant for the haplotypes (per generation) of the given format,

t = a number of generations (TMRCA)

Therefore, if we set the length of the generation, for example as 25 years (making it “the “conditional generation”, which is a mathematical value rather than a floating “generation”), then the value of k can be calibrated with respect to a certain timespan during which n mutations occurred per N haplotypes. For example, in 84 of 67 marker haplotypes of the Clan Donald (the common ancestor of which, John, Lord of the Isles, died in 1386, with the TMRCA equaling to 650 years before present, which is 26 “conditional generations” of 25 years each), there were 262 mutations. This gives $262/84 = 26 k$, and hence $k = .12$ mutations per the conditional generation (25 years) per the 67 marker haplotype.

As it is shown in (Rozhanskii and Klyosov, 2011), the obtained mutation rate constant of .12 is rather accurately reproducible for many series of 67 marker haplotypes from many haplogroups from many tested populations around the world. In fact, it is reproducible for ANY tested population in the world for which 67 marker haplotypes are available (Rozhanskii and Klyosov, 2011). This “calibration” connects a number of mutations in a series of haplotypes (in a given format and length, from the 6 marker haplotypes to the 111 marker haplotypes) to a known number of years to a known historical event or a known genealogy, setting a length of generation as 25 years, and verifying the mutation rate constant related to this “conditional generation”.

It should be noted that we could have set the timespan to the common ancestor of the Clan Donald as 13 generations of 50 years each and it would not have

changed a thing. There would still be 650 years to the common ancestor. The mutation rate constant would simply be twice as high.

The mutation rate constant for the 111-marker haplotypes, also employed in this study, equals to .198 mutation per haplotype per conditional generation (Rozhanskii and Klyosov, 2011).

The above equation is essentially the basis for the “linear” method in DNA genealogy. It is based on mutation counting in haplotypes in the dataset compared with the “base” haplotype, which is (or the best available approximation to) the ancestral haplotype for the dataset. The “base” haplotype is the ancestral haplotype in an ideal case. However, since those base haplotypes often are deduced ones, it would be inaccurate to call them “ancestral” when that might not necessarily be true. Hence, we call them “base” haplotypes. Base haplotypes in the dataset were determined by minimization of mutations; by definition, the base haplotype is one which has the minimum collective number of mutations in the dataset having one common ancestor.

Another principal method in DNA genealogy is the logarithmic method, which does not involve mutation counting in haplotypes. It is based on the assumption (which largely or practically always holds true) that a transition of the base haplotypes into mutated ones (or, rather, belonging to descendants inherited mutated haplotypes) is described by the first-order kinetics:

$$N = Ae^{kt},$$

that is

$$\ln(N/A) = kt$$

where:

N = a total number of haplotypes in a set,

A = a number of unchanged (identical, not mutated) base haplotypes in the set,

k = an average mutation rate,

t = a number of generations to a common ancestor.

One can see the logarithmic method does not consider a number of mutations in haplotypes; only mutated and non-mutated (base) haplotypes are considered.

The above equation is the fundamental one in chemical kinetics. Radioactive decay, for example, is described by the same equation, though it does not involve an analogy with “back mutations”, since it is truly irreversible. Back mutations

(or reverse mutations), though, are quite common in haplotypes, and their analysis and corrections for back mutations are given in (Klyosov, 2009a; Rozhanskii and Klyosov, 2011).

Haplotype trees were composed using PHYLIP, the Phylogeny Inference Package program [Felsenstein, J. (2004); for multiple examples of usage and calculations see Klyosov, 2009a,b and references therein]. Corrections for back mutations were introduced as described in Klyosov (2009a); Rozhanskii and Klyosov (2011). Margins of error were calculated as described in Klyosov (2009a).

Acknowledgments

The authors are indebted to Dr. Judith Remy Leder for her valuable help with the preparation of the manuscript.

References

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

Balanovsky, O., Rootsi, S., Pshenichnov, A., Kivisild, T., Churnosov, M., Evseeva, I., Pocheshkhova, E. et al. (2008) Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context. *Amer. J. Hum. Gen.* 82, 236-250.

Behar, D.M., Thomas, M.G., Skorecki, K., Hammer, M.F., Bulygina, E., Rosengarten, D., Jones, A.L. et al (2003) Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y chromosome evidence for both Near Eastern and European Ancestries. *Am. J. Hum. Genet.* 73, 768-779.

Childe, G. (1926) *The Aryans: A Study of Indo-European Origins*. New edition (1987) Dorset Press, 221 pp.

Cinnioglu, C., King, R., Kivisild, T., Kalfoglu, E., Atasoy, S., Cavalleri, G.L., Lillie, A.S. et al. (2004) Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Hum. Genet.* 114, 127-148.

Felsenstein, J. (2004) PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.

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

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

Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N., Meyer, C., Ganslmeier, R., Heyd, V., Hawkesworth, C. et al. (2008) Ancient DNA Strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the Later Stone Age. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.* 105, 18226-18231.

Kayser, M., Lao, O., Anslinger, K., Augustin, C., Bargel, G., Edelman, J., Elias, S. et al. (2005), Significant genetic differentiation between Poland and Germany follows present-day political borders, as revealed by Y-chromosome analysis. *Hum. Genet.* 117, 428-443.

Keyser, C., Bouakaze, C., Crubezy, E., Nikolaev, V.G., Montagnon, D., Reis, T., Ludes, B. (2009) Ancient DNA provides new insight into the history of south Siberian Kurgan people. *Human Genetics* 126, 395-410.

Kharkov, V.N., Stepanov, V. A., Borinskaya, S. A., Kozhekbaeva, Zh. M., Gusar, V. A., Grechanina, E. Ya., Puzyrev, V. P. et al. (2004), Gene pool structure of Eastern Ukrainians as inferred from the Y-chromosome haplogroups", *Russ. J. Genet.* 40, 326-331.

Kharkov, V. N., Stepanov, V. A., Feshchenko, S. P., Borinskaya, S. A., Yankovsky, N. K., Puzyrev, V. P. (2005). Frequencies of Y chromosome binary haplogroups in Belarussians, *Russ. J. Genet.* 41, 928-931.

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

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

Klyosov, A.A. (2010a) DNA lineages and origin of the "Tenths", the North-Western European subfamily R1a1 with YS388=10. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7483)*, 2, 983-1028.

Klyosov, A.A. (2010b) DNA lineages and origin of the Tenths, the R1a1 subfamily with DYS388=10: the story in progress. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7483)*, 3, 2205-2217.

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

Klyosov, A.A. (2012) An emerging pattern of L664 SNP mutation in the Tenthos (bearers of DYS388=10), North-Western branch of R1a1 haplotypes. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7483)*, 5, 30-37.

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. *Advances in Anthropology*, 2, 1-13.

Li, C., Li, H., Cui, Y., Xie, C., Cai, D., Li, W., Mair, V.H. et al. (2010) Evidence that a West-East admixed population lived in the Tarim Basin as early as the early Bronze Age. *BMC Biol.* 8, doi: 10.1186/1741-7007-8-15

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

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

Rozhanskii, I., Klyosov, A., Zolotarev, A. (2012) IRAKAZ R1a database, *Proceedings of the Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7483)*, 5, No 5, 553-559.

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

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

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

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

APPENDIX 1

A list of R1a branches in Europe (dates in ybp)

1. R1a1-M198- (or SRY10831.2*)	≥ 9000
2. R1a1a-M198+ M417- (or M17*)	≥ 9000
3. The Tents, NW branch,	~ 4575
4. The Tents, L664+	~ 4575
5. The Tents, DYS448 null mutation	1500±325 and 260±60 (USA)
6. Z93+	~5700, started to expand ~ 4050
7. Z93-L342.2+	4900±500
8. Z93-L342.2-L657+	4050±460
9. Z93-L342.2, Jewish branch	4475±400 started to expand 1300±150
10. Z93-L342.2, Bashkir branch	1125±200
11. Z93-L342.2, Kyrgyz branch	2100±250
12. Z283 (Eurasian branch)	~ 5500
13. M458 (European branch)	~ 4200
14. M458 CE parent	~ 3100
15. M458 CE-1	2900±400
16. M458 CE-2	2900±400
17. M458-L260 WS	2700±300
18. Z284 (Scandinavian branch)	4300±500
19. Z284-Z287, Old Scandinavian	3700±400
20. Z284-L448, Young Scandinavian	2700±350
21. Z284-L448-L176.1, Scottish Highland	1850±290
22. Z280, Central Eurasian (CEA)	4900±500
23. Z280, CEA-1, Russian Plain	4600±500
24. Z280, CEA-2	3500±400
25. Z280-L366, CEA-3	2500±350
26. Z280-L365, North European (NE)	2600±350
27. Z280-P278.2, Western Carpathian (WC)	2600±300
28. Z280-Z92, North Eurasian (NEA)	4450±450

29. Z280, NEA-1	3600±400
30. Z280, NEA-2	2350±300
31. Z280, Western Eurasian (WEA)	4100±500
32. Z280, WEA-1	2300±300
33. Z280, Eastern Carpathian (EC)	2600±300
34. Z280, Balto-Carpathian (BC)	4300±500
35. Z280, BC-1	2550±300
36. Z280, BC-2	2200±250
37. Z280, Northern Carpathian (NC)	2150±300
38. Z280, L784	2500±450

APPENDIX 2

The following DNA projects were selected as primary haplotype databases:

[http://www.familytreedna.com/public/R1aY-](http://www.familytreedna.com/public/R1aY-Haploroup/default.aspx?vgroup=R1aY-Haplogroup§ion=yresults)

[Haploroup/default.aspx?vgroup=R1aY-Haplogroup§ion=yresults](http://www.familytreedna.com/public/R1a/default.aspx?section=yresults)

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

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

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

[DNA_Project/default.aspx?section=yresults](http://www.familytreedna.com/public/India/default.aspx?section=yresults)

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

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

<http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=germany§ion=yresults>

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

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

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

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

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

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

s

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

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

and public projects of FTDNA

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

Гаплогруппы и гаплотипы Кавказа

Анатолий А. Клёсов

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

В заголовок этой статьи вынесена тема, дать исчерпывающее описание которой просто невозможно. На самом деле дать даже краткое описание тоже практически невозможно, во всяком случае в настоящее время. Да и как это сделать, если, например, для грузин известны только пара десятков протяженных (67-маркерных) гаплотипов, и это для более чем 2 миллионов мужчин? Для осетин – тоже не более пары десятков протяженных гаплотипов, 67- и 111-маркерных. Правда, в недавней работе (Balanovsky et al, 2011) приведены более полутора тысяч гаплотипов ряда народов Кавказа, но они короткие, 19-маркерные.

В настоящей работе мы попытаемся извлечь полезную информацию из обеих серий гаплотипов – из малых выборок, но гаплотипов протяженных, и из выборок из сотен гаплотипов, но коротких.

Начнем с осетинских гаплотипов. Они часто сопровождаются пометками «Дигор» и «Ирон». Дигория – это западная часть северной Осетии, дигорцы живут также в Кабардино-Балкарии (они там преимущественно мусульмане, в Дигорском районе Северной Осетии – христиане). Иронцы живут на остальной территории Северной Осетии и в Южной Осетии. Как мы увидим ниже, у обоих преобладает гаплогруппа G2a, и по гаплотипам этой гаплогруппы они также практически неразличимы.

В сети есть Осетинский проект FTDNA:

<http://www.familytreedna.com/public/Ossetian/default.aspx?section=yresults> в котором есть около двух десятков протяженных гаплотипов. Всего в составе Проекта 24 гаплотипа (включая короткие), из них 18 гаплотипов (то есть 75%) группы G, четыре J2, и по одному J1 и R1b. Дерево 67-маркерных гаплотипов выглядит следующим образом:

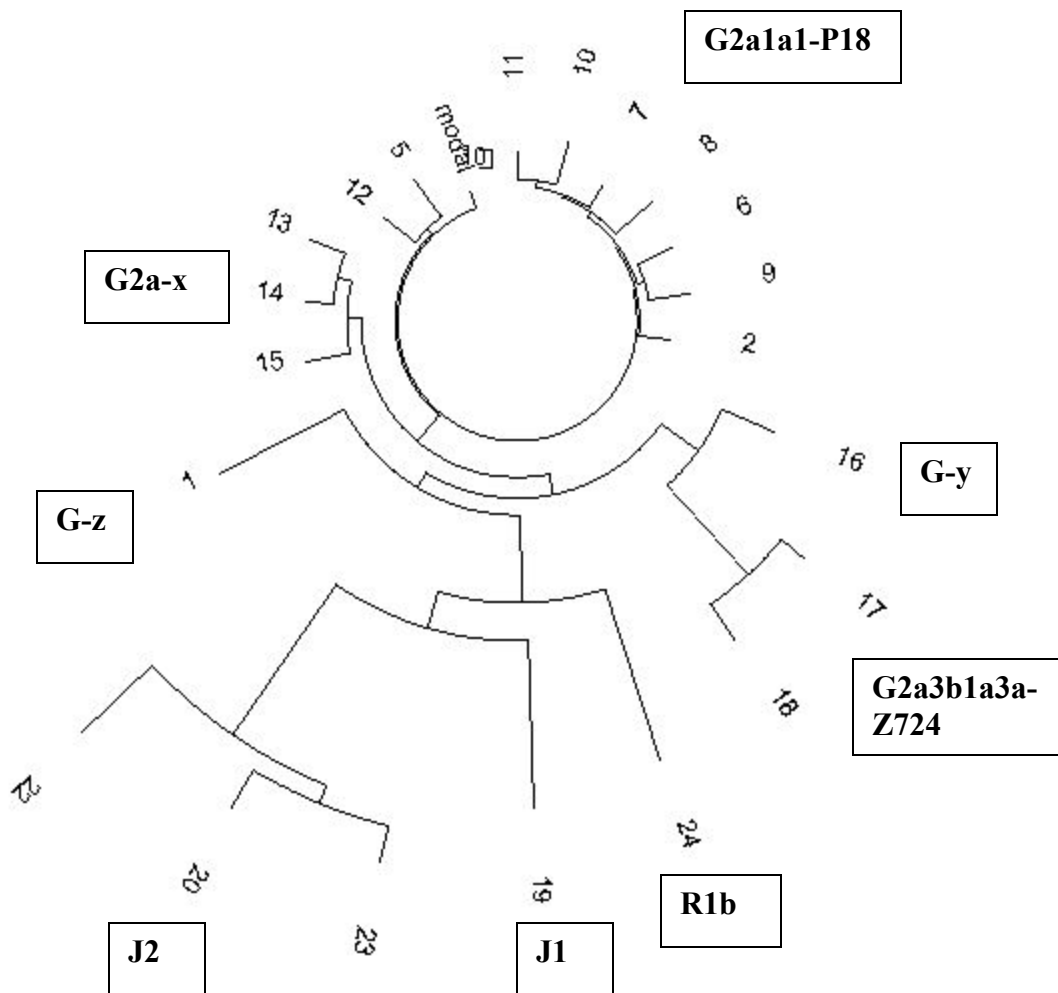


Рис. 1. Дерево из 21 67-маркерных осетинских гаплотипов. Видно, что дерево четко разделяет субклады. В случаях, где субклады не определялись (или не указаны на осетинском проекте <http://www.familytreedna.com/public/Ossetian/default.aspx?section=yresults> они условно помечены неопределенными символами.

Видно, что в верхней части дерева гаплотипы принадлежат одной молодой ветви, и, скорее всего, одному субкладу. На осетинском проекте, однако, верные практике популяционной генетики администраторы нарезают группы по численному значению аллелей, видимо, не совсем понимая, что эти мутации – статистические, и не выводят гаплотип за пределы данной группы.

9 гаплотипов группы G2a1a1-P18 (эта группа определена в работе [Balanovsky et al, 2011] как наиболее распространенная у дигорцев и иронцев, что мы и видим в данном случае) имеют базовый 111-маркерный гаплотип

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 28 – 17 9 9 12 11 25 16 21 28 13 13 14 14 -- 11 11 19
21 15 15 16 18 37 38 12 9 – 11 8 15 16 8 11 10 8 12 10 12 21 22 14 10 12 12 15 8 13 21
22 15 13 11 13 10 11 11 13 – 30 15 8 16 11 23 27 21 9 11 13 13 11 9 10 12 10 11 12 27
10 12 22 14 11 10 24 15 17 14 23 18 12 15 27 12 21 18 11 14 17 9 21 11

9 гаплотипов в 67-маркерном формате имеют 53 мутации от базового гаплотипа, что дает $53/9/0.12 = 49 \rightarrow 52$ условных поколения (по 25 лет), или **1300±220** лет до общего предка. Эта же группа имеет семь 111-маркерных гаплотипов, которые на первых 67 маркерах имеют 42 мутации, что дает $42/7/0.12 = 50 \rightarrow 53$ поколения, то есть **1325±240** лет, и все семь 111-маркерных гаплотипов содержат 72 мутации, что дает $72/7/0.198 = 52 \rightarrow 55$ поколений, то есть **1375±210** лет до общего предка. Как видно, все эти величины находятся в пределах погрешности, и указывают на примерно 7-й век нашей эры (плюс-минус пару веков) для времени жизни общего предка осетинских гаплотипов группы G2a1a1-P18.

Группа из трех гаплотипов (13, 14, 15) имеет значительно различающийся базовый гаплотип

14 **22** 15 **11** 15 **16** 11 12 **12** 11 10 28 – 17 9 9 **11** 11 25 16 21 28 13 13 14 14 -- **10 10** 19
21 15 15 **15** 18 **36 37** 12 **10** – 11 8 15 16 8 11 10 8 12 **11** 12 21 22 14 10 12 12 15 8 13 21
22 **16** 13 11 13 10 11 11 13 – **32** 15 8 16 11 23 27 21 9 11 13 13 11 9 10 **11** 10 11 12 27
10 12 22 14 11 10 **29** 15 17 **13** 23 18 12 **16** 27 12 **20** 18 11 14 17 9 21 11

Все три гаплотипа насчитывают 24 мутации в 111-маркерном формате, что дает $24/3/0.198 = 40 \rightarrow 42$ поколения, или 1050 ± 240 лет до общего предка. Но между этими базовыми гаплотипами – 25 мутаций. Ясно, что это две достаточно удаленные друг от друга ветви, что и показывает дерево. 25 мутаций между двумя 111-маркерными гаплотипами разводит их общих предков на $25/0.198 = 126 \rightarrow 145$ поколений, или примерно 3625 лет. Таким образом, общий предок этих двух ветвей жил $(3625+1050+1375)/2 = 3025$ лет назад. Это – конец второго тыс до нашей эры, времена начала кобанской культуры, времена создания Дияохи и Колха, первых государственных образований на территории Грузии. Как мы увидим ниже, в Грузии – гаплотипы той же группы G2a1a1.

Если мы выйдем за пределы осетинского Проекта, и построим дерево гаплотипов группы G, относительно близких к осетинским и грузинским, то получим следующее:

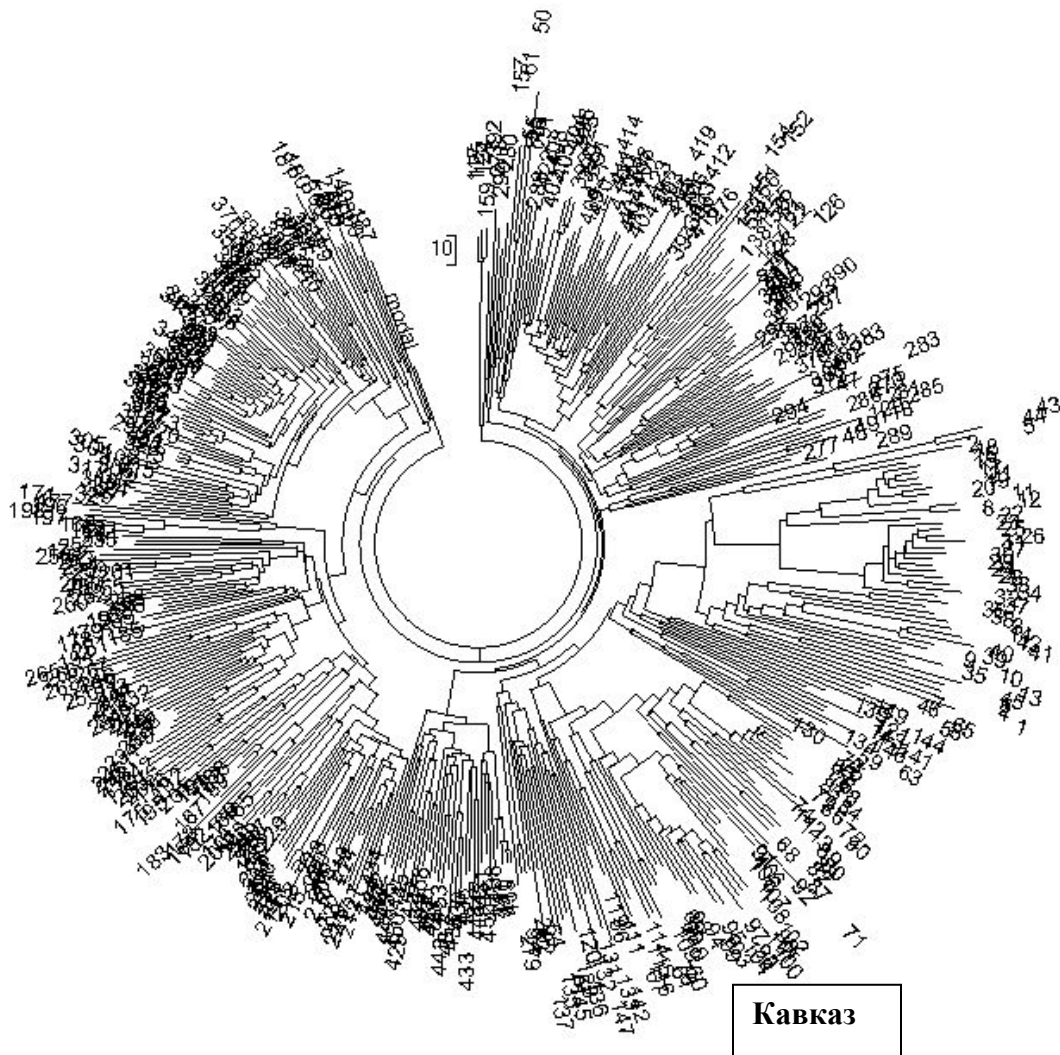


Рис. 2. Дерево из 458 67-маркерных гаплотипов по всему миру, из проекта гаплогруппы G, <http://www.familytreedna.com/public/G-YDNA/default.aspx?section=yresults>. Проект включает более 2500 гаплотипов (всех форматов, включая короткие), но для данного дерева отбирались те, которые по регионам и субкладам относительно близки к кавказским гаплотипам. Видно, что кавказские гаплотипы группы G (правая нижняя небольшая ветвь) - лишь малый частный случай, хотя на Кавказе они доминируют во многих этносах. Это в свою очередь показывает, что кавказская группа G прибыла из Европы (возраст ископаемых гаплотипов группы G там составляет не менее 5 тысяч лет), видимо, через Анатолию (гаплотипы группы G там древнее, чем на Кавказе).

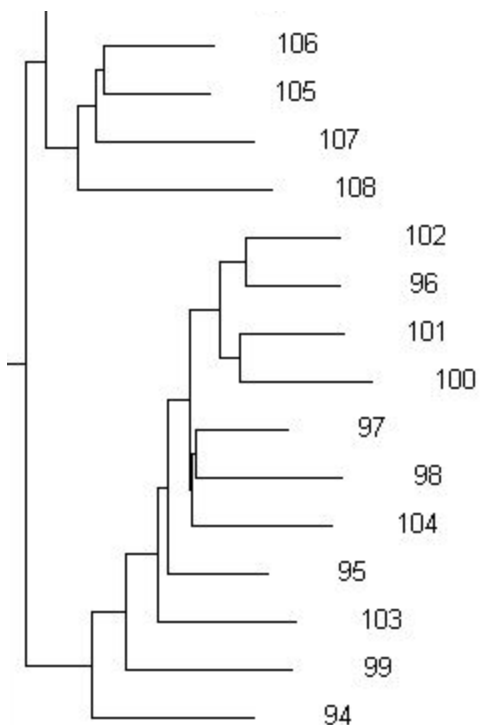


Рис. 3. Фрагмент линейного дерева из рис. 2, показывающий кавказские гаплотипы из проекта <http://www.familytreedna.com/public/G-YDNA/default.aspx?section=yresults>. Ветвь из четырех гаплотипов в верхней части соответствует гаплотипам 13-15 из рис. 2 (105=13, 106=14, 108=15), плюс гаплотип 107 относится к турецкому армянину. Видно, что он в той же ветви. Из 11 гаплотипов нижней ветви, субклада G2a1a1, 8 показаны на рис. 2 (гаплотипы 2, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12), и три остальных – гаплотипы Джугашвили (97), адыга (101), и болгарский гаплотип (94), который по данным И.Л. Рожанского присоединился к этой ветви случайно (в буквальном смысле).

Базовые гаплотипы обеих ветвей на рис. 3 точно такие же, как и приведены выше в тексте. Четыре гаплотипа верхней ветви имеют 27 мутаций от базового 67-маркерного гаплотипа, что дает 1500 ± 325 лет до общего предка, 11 гаплотипов нижней ветви имеют 67 мутаций от базового 67-маркерного гаплотипа, что дает 1350 ± 210 лет до общего предка, и 25 мутаций между их базовыми гаплотипами помещает их общего предка примерно на 3200 лет назад. Это практически те же величины, что и в предыдущих расчетах.

J2 - протяженные гаплотипы

Десять протяженных гаплотипов группы J2 с Кавказа (выборка с проекта FTDNA осетинских гаплотипов с добавлениями от Ираклия Ахвледиани из Сванетии) расходятся на две основные ветви, как показано на дереве на рис. 4 (правая ветвь).

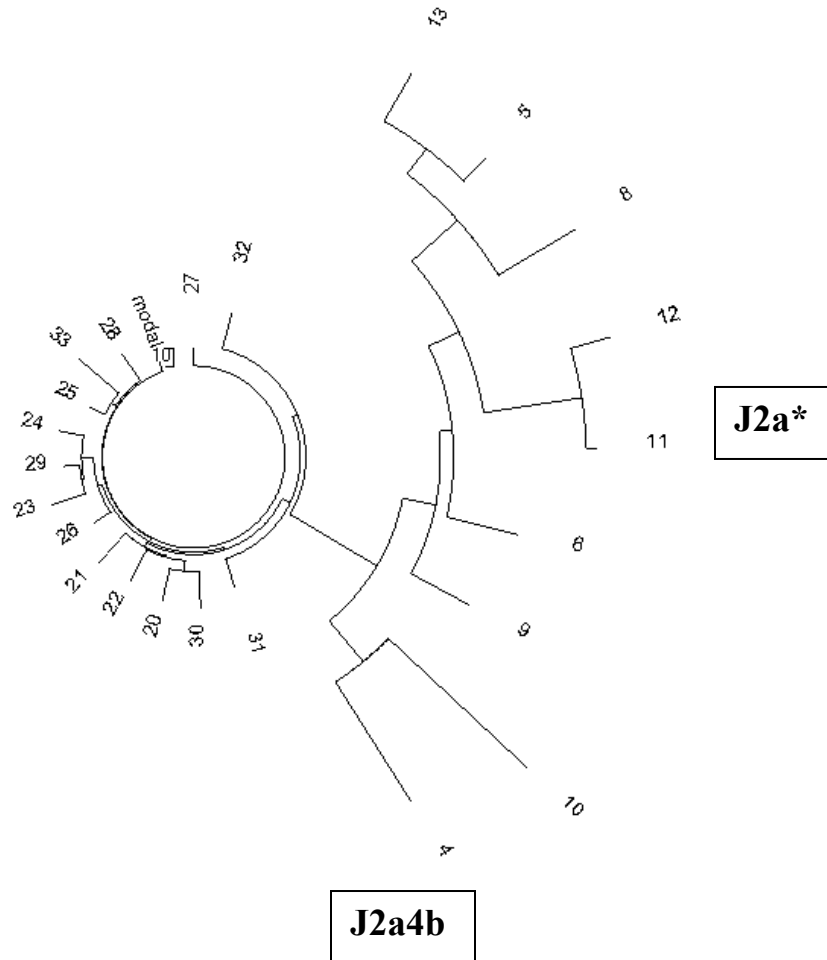


Рис. 4. Дерево 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы J2. Ветвь справа - кавказские гаплотипы. Гаплотип 4 (Грузия) тестирован как J2a4b, рядом с ним гаплотип 10 из Армении, видимо, того же субклада. Гаплотипы 5, 8 и 9 из Грузии и Северной Осетии детально тестировали на снипы, и все три показали только положительные субклады J2a-M410/L212/L505 и, естественно, вышестоящий J2-M172. Более десяти нижестоящих снипов были отрицательными, включая J2a1-L26/L27/M289, J2a2-L581 (данные представлены Ираклием Ахвледиани из Сванетии). Поэтому эти три гаплотипа, и, видимо, вся их ветвь относятся к парагруппе J2a*. В той же ветви гаплотипы 6 из Грузии, 13 из Осетии-Дигор, 11 и 12 из Армении. Молодая ветвь слева - гаплотипы J2 евреев. Их общие предки отделены от кавказских J2 на многие тысячи лет.

Группа J2a* с Кавказа (гаплотипы 5, 6, 8, 9, 13) имеет следующий базовый гаплотип:

12 24 14 10 14 15 11 15 13 13 11 30 – 19 8 10 11 11 26 16 19 30 13 15 16 16 -- 11 11 19
22 15 15 16 16 35 39 10 7 – 11 7 14 14 8 11 10 8 10 10 12 22 22 14 10 12 12 17 8 12 23
20 15 12 11 12 11 12 12 11 – 34 18 8 15 9 25 26 20 11 12 12 11 13 10 11 11 10 11 11 30
12 14 21 13 11 12 22 15 19 12 20 16 11 13 26 12 22 19 9 14 19 8 13 11

Следует отметить, что 111-маркерные гаплотипы имеются только у гаплотипов 5, 9 и 13, и поэтому могут смещаться у всей группы. В будущем они будут откорректированы.

74 мутации между этими гаплотипами помещают их общего предка на $74/5/0.12 = 123 \rightarrow 141$ поколение, или 3525 ± 540 лет назад, то есть в середину 2-го тыс до нашей эры.

Два гаплотипа Армении (11 и 12) очень значительно отличаются по мутациям от остальных пяти гаплотипов ветви, и выглядят следующим образом:

12 **25** 14 **11 13 17 9/11 16** 13 13 **9/11** 30 – **20 8 9** 11 11 **27 16 20 28** 13 **14 15** 16 -- 11 **12**
19 22 **16 16 19/20 15 32 36/39** 10 **9** – 11 7 14 14 8 11 10 8 10 10 12 **20 22 13** 10 12 12
14 8 13 23 20 **16** 12 11 **13** 11 12 12 11

Разница между ними составляет 39 мутаций, и разводит общих предков на $39/0.12 = 325 \rightarrow 474$ поколения, или на 11,850 лет. Общий же предок двух гаплотипов Армении жил 850 ± 310 лет назад (8 мутаций между гаплотипами). Таким образом, общий предок армянских, грузинских и осетинских J2a* жил примерно $(11850+850+3525)/2 = 8100$ лет назад.

Имеется небольшая выборка из шести 67-маркерных гаплотипов J2a* из Германии и Франции (все с отрицательным снипом L581-), которую предоставил Ираклий Ахвледиани из Сванетии. Их базовый гаплотип (показаны мутации от кавказского J2a*, приведенного выше) следующий:

12 24 **15** 10 **13** 15 11 15 **12** 13 11 **29** – **16 9 9** 11 11 **24** 16 **20 27** 13 **14 15** 16 -- 11 **10** 19
23 16 14 15 17 34 36 11 10 – 11 7 14 14 8 11 10 8 **11 9** 12 22 22 14 **11** 12 12 **16 8 10 24**
20 **14** 12 11 **14 10** 12 12 11

Все 6 гаплотипов имеют 41 мутацию от базового, что дает $41/6/0.12 = 57 \rightarrow 61$ поколение, или 1525 ± 280 лет от общего предка. Их базовый гаплотип отличается от такового для кавказского базового гаплотипа на 42 мутации,

то есть на $42/0.12 = 350 \rightarrow 528$ поколений, или 13,200 лет. Это помещает общего предка кавказских и германо-французских гаплотипов J2a* на $(13200+3525+1525)/2 = 9125$ лет назад.

Перейдем к гаплотипам J2 евреев (выборку предоставил Ираклий Ахвледиани из Сванетии).

Для сведения, базовый гаплотип выборки из 23 гаплотипов евреев, все 23 из которых были 25-маркерными, 22 37-маркерными, 14 67-маркерными и четыре 111-маркерными (предположительно все гаплогруппы J2a, поскольку часть из них тестированы как J2a, и все гаплотипы очень похожи, то есть определенно принадлежат к одному субкладу) следующий (выборку предоставил Ираклий Ахвледиани из Сванетии):

12 25 14 10 14 16 11 15 11 14 11 30 - 16 9 9 11 11 25 16 20 30 13 15 15 18 -- 10 10 21
 22 15 13 20 21 34 37 10 10 - 11 7 14 14 8 12 10 8 9 9 12 20 24 16 10 12 12 17 8 11 25
 20 14 13 11 13 10 12 12 11 - 31 16 8 15 12 25 26 19 11 14 11 11 12 10 11 11 10 10 11
 30 12 12 22 14 8 11 25 15 17 11 20 17 11 14 25 12 21 19 9 14 17 8 13 11

Во всех 23 гаплотипах в 25-маркерном формате - 32 мутации, что дает $32/23/0.046 = 30 \rightarrow 31$ поколение, или 775 ± 160 лет до общего предка. При переходе к более точным 67-маркерным гаплотипам в 14 гаплотипах 72 мутации, что дает $72/14/0.12 = 43 \rightarrow 45$ поколений, то есть 1125 ± 170 лет до общего предка, примерно 9-й век нашей эры. Видно, что два базовых гаплотипа, кавказцев гаплогруппы J2a* и евреев той же гаплогруппы J2a (хотя, возможно, и другого субклада), различаются астрономически, на 53 мутации на 67 маркерах и на 87 мутаций на 111 маркерах. Это разводит общих предков евреев и кавказцев на $53/0.12 = 442 \rightarrow 756$ поколений, то есть на 18,900 лет, или $87/0.198 = 439 \rightarrow 748$ поколений, то есть 18,700 лет (обратите внимание на воспроизводимость между 67- и 111-маркерными гаплотипами) и помещает ИХ общего предка на $(18900+3525+1125)/2 = 11,775$ лет назад. Ясно, что в те времена евреев вообще не было. Но, видимо, были бедуины или другие древние носители гаплогруппы J2*, которые и разошлись по разным направлениям - одни в район Кавказа, другие - в южную Месопотамию, в Средиземноморье, и так далее.

В гаплогруппе J2 среди евреев есть еще относительно недавние ветви, с базовыми гаплотипами

12 23 15 10 14 17 11 15 12 13 11 29 - 15 8 9 11 11 24 15 21 32 12 13 17 17 -- 10 11 19
 23 16 14 18 19 36 36 12 9

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 31 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 16 16 -- 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9

12 24 14 10 14 15 11 15 13 13 11 30 - 19 8 10 11 11 26 16 19 30 13 15 16 16 -- 11 11 19
22 15 15 16 16 35 39 10 7

Эти гаплотипы евреев тоже далеки от кавказских J2, и удалены от базового 37-маркерного кавказского гаплотипа J2a* на 40 и 30 мутации, соответственно, то есть на $40/0.09 = 444 \rightarrow 762$ поколения, или на 19,050 лет, и $30/0.09 = 333 \rightarrow 492$ поколения, то есть на 12,300 лет. Общие предки современных евреев в этих двух случаях жили 850 ± 260 и 675 ± 265 лет назад, их общие предки с кавказским базовым гаплотипом, приведенным выше – примерно 11,700 и 8,250 лет назад. Это – тоже времена до возникновения евреев как таковых.

Как будет показано ниже, для коротких гаплотипов, но довольно массивированной выборки, общий предок кавказских гаплотипов группы J2a* (северо-западный и центральный Кавказ, включая осетин, абхазов, адыгов) жил 10,625 лет назад. Выше показано, что общий предок кавказцев и евреев той же группы J2a* жил 11,775 лет назад, общий предок кавказцев с немцами и французами J2a* - 9,125 лет назад. Эти данные позволяют предложить гипотезу, что кавказцы являются автохтонами этой гаплогруппы, и что распространение гаплогруппы J2a* в Европу шло с Кавказа. Не исключено, что впоследствии будет найдено, что еще более древний общий предок J2a* жил, например, в Средиземноморье или в Анатолии, или на Ближнем Востоке, но пока таких данных нет.

R1b1a2 – протяженные гаплотипы

Осетинский Проект содержит только один гаплотип гаплогруппы R1b1b2, под номером 24:

12 24 14 11 11 14 12 12 11 12 13 29 - 16 9 9 11 11 25 15 19 30 14 15 16 19 - 11 11 19
23 16 16 18 18 35 37 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 11 12 22 23 16 10 12 12 15 8 12 21
22 14 12 11 13 11 11 12 11

Это определенно гаплотип древнего субклада R1b1b2-L23, возраст которого – 6200 лет (Klyosov, 2011, 2012). Базовый гаплотип этого субклада – следующий:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 16 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 – 11 11 19
23 16 15 17 17 36 37 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 11 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22
20 13 12 11 13 11 11 12 12

Осетинский гаплотип отличается от базового на 18 мутаций, то есть на $18/0.12 = 150 \rightarrow 176$ поколений, то есть на 4400 лет. На самом деле базовому гаплотипу 6200 лет. Это показывает, что прямой предок осетинского гаплотипа субклада L23 жил $(6200+4400)/2 = 5300$ лет назад.

В целом вся выборка гаплотипов L23 по всем миру в настоящее время насчитывает 322 гаплотипа, из которых только 174 являются 67-маркерными. Соответствующее дерево показано на рис. 5.

Расчеты показывают, что два лакца имеют практически одинаковые гаплотипы (всего одна мутация между их 67-маркерными гаплотипами) и расходятся по времени всего на несколько поколений (примерно 100 лет). Но с дигорцем у них дистанция в 22 мутации, то есть в 5600 лет. Это помещает их общего предка на 2850 лет назад. Грузинский гаплотип находится еще на большем удалении – 31 мутация, то есть $31/0.12 = 258 \rightarrow 346$ поколений, то есть примерно 8650 лет, и их общий предок жил примерно 4375 лет назад. Дополнительные расчеты приведены ниже, на больших выборках более коротких гаплотипов.

Перед тем, как перейти к массивированным выборкам, приведем несколько цифр по распределению гаплогрупп в Грузии, которой мы далее практически не будем касаться, потому что в выборках из статьи Балановского и др. (Balanovsky et al, 2011) Грузии нет.

В старой (по-видимому) базе данных лаборатории популяционной генетики ГУ МГНЦ РАМН

<http://genofond.ru/default2.aspx?s=0&p=348>

указано, что среди грузин (выборка в 317 человек) 29% гаплогруппы J2, 10% гаплогруппы R1b, и 8% гаплогруппы R1a (суммарно 47%). Доля гаплогрупп E3b, I1a, I1b, N1c по данному списку равна нулю. Остальные гаплогруппы в списке отсутствуют.

В статье (Underhill et al, 2009) сообщается, что среди 68 гаплотипов Грузии имеется только 3 гаплотипа R1a, то есть 4.4%. Для сравнения, у армян в Армении и диаспоре из 734 человек 39 R1a, то есть 5.3%, а у армян Армении из 25 человек только один R1a, то есть 4%. Самая высокая доля R1a была у карачаевцев (28%), балкарцев (26%), а также черкесов, кабардинцев, ногайцев, кумыков (у всех – по 13%).

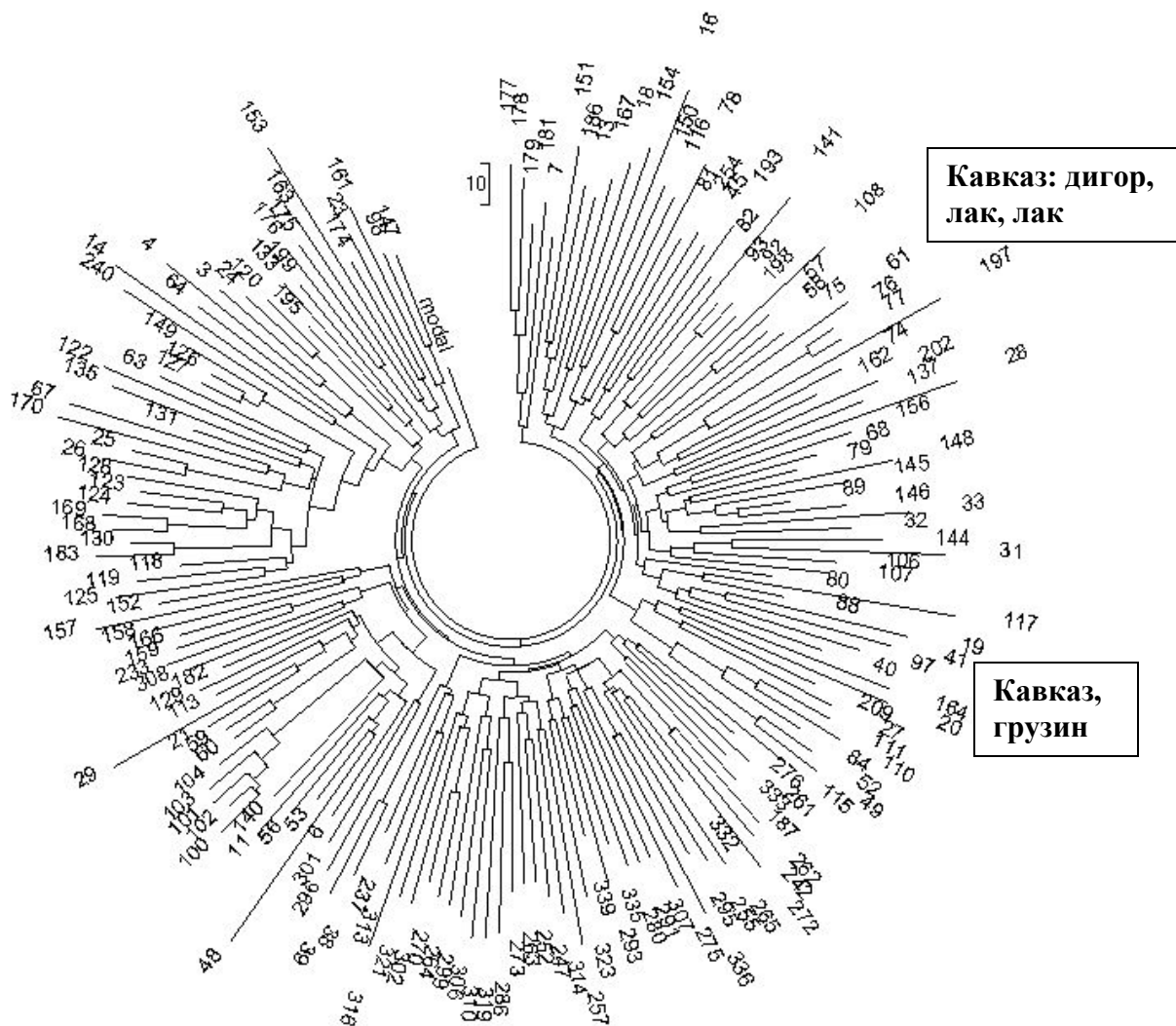


Рис. 5. Дерево из 174 67-маркерных гаплотипов субклада L23+, L51-, L11- из проекта <http://www.familytreedna.com/public/ht35new/default.aspx?section=yresults>

Переходим к массивированным выборкам более коротких, 19-маркерных гаплотипов из работы (Balanovsky et al, 2011). Авторы не проводили ДНК-генеалогических расчетов, как проводим их мы, ограничиваясь типичным популяционно-генетическим рассмотрением. В нашем исследовании вся выборка была разделена на две части – в одну входили осетины (дигорцы и иронцы), абхазы, черкесы и адыги (черкесы, шапсуги), то есть в целом северо-западная и центральная часть Кавказа. Во вторую часть входили народы северо-восточного и восточного Кавказа (их гаплотипы рассмотрены во второй части настоящей статьи в следующем выпуске



После удаления неполных гаплотипов в списке осталось 604 19-маркерных гаплотипа, которые распределились следующим образом:

Абхазы	51 гаплотип
Черкесы (адыгейцы)	103 гаплотипа
Осетины-дигорцы	125 гаплотипов
Осетины-иронцы	228 гаплотипов
Шапсуги (адыгейцы)	97 гаплотипов

Основные гаплогруппы в целом в исследуемых гаплотипах (1525) у них были следующие:

G	31%
J2	28%
J1	23%
R1b	6.0%
R1a	5.6%
L	2.6%
Q	1.4%

Остальные – E, I, N, O3, T были на уровне долей процента.

По этносам, однако, распределение гаплогрупп было очень неравномерным. В первой части выборки оно было следующим:

Абхазы:

G2a в субкладах	51% (G2a3b – 24%)
J2 в субкладах	35% (J2* - 25%)
R1b	14%
R1a	12%
J1	0

Черкесы:

G2a в субкладах	52% (G2a3b – 38%)
J2 в субкладах	17% (J2a4b* - 7%)
R1a	22% (R1a-M458 – 9%)
R1b	5%
J1	2%

Шапсуги:

G2a в субкладах	87% (G2a3b – 86%)
J2 в субкладах	6% (J2* - 6%)
R1a	3.1% (R1a-M458 – 1.0%)
R1b	0%
J1	0%

Осетины - дигорцы:

G2a в субкладах	60% (G2a1a – 55%)
J2 в субкладах	12% (J2* - 6%)
R1b	17% (R1b1b2 – 16%)
J1	4%
Q	4%
R1a	0.8%

Осетины - иронцы:

G2a в субкладах	74% (G2a1a – 72%)
J2 в субкладах	18% (J2a4b* - 11%)
R1b	3% (R1b1b2 – 2.6%)
J1	1.3%
Q	0.9%
R1a	0.4%

Внешний вид дерева гаплотипов и ветви субкладов показаны на рис. 6.

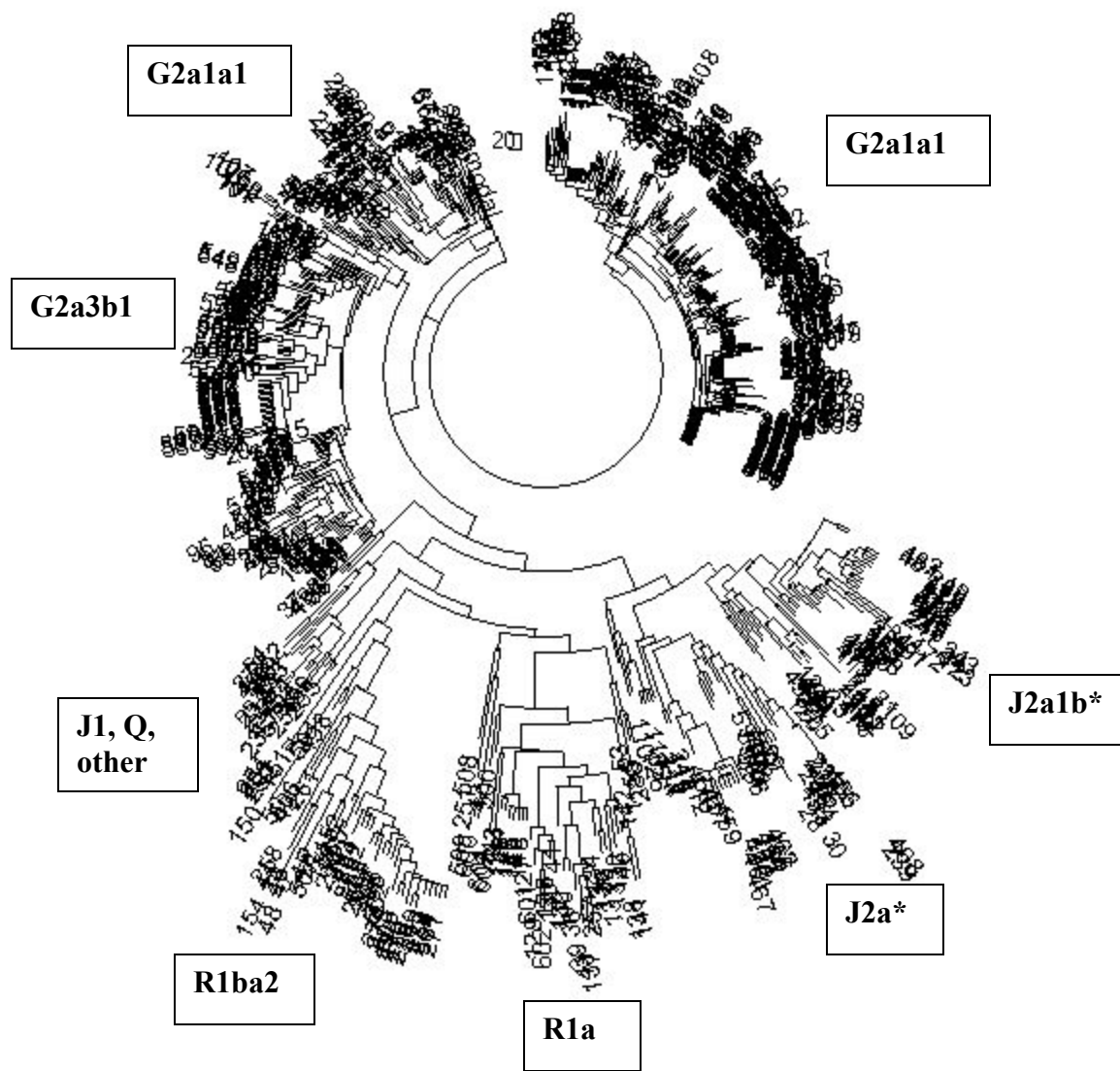


Рис. 6. Дерево из 604 19-маркерных гаплотипов абхазов, черкесов, шапсугов, осетин-дигорцев и иронцев, построено по данным (Balanovsky et al, 2011). Номенклатура субкладов G2a и J2a приведена в соответствие с современной (в указанной статье местами приведена устаревшая или неверная номенклатура).

Видно, что самыми представленными ветвями являются G2a1a и G2a3b, занимающие всю верхнюю половину дерева. Среди данных 604 гаплотипов пяти северо-западно-, западной и центрально-кавказских этносов они занимают 42% и 24%, соответственно. В принципе, первый субклад – это G2a1a1-P18, но в статье (Balanovsky et al, 2011) используют номенклатуру G2a1a-P18, что неверно.

G2a1a1-P18

Рассмотрим сначала субклад G2a1a1. На дереве на рис. 6 к нему относятся 253 гаплотипа. Для их анализа можно применить как минимум три подхода.

-- Один – выявить базовый гаплотип всех 253 гаплотипов (который может оказаться фантомным, если в эту серию гаплотипов входят разные отдельные и четко определяемые ветви), подсчитать общее число всех мутаций во всех 253 гаплотипах, и разделить на 253 и на константу скорости мутации, равную для данного случая 0.035 мутаций на гаплотип на поколение. Она практически равна скорости мутации для 17-маркерного гаплотипа (Y-filer, 0.034 мутаций на гаплотип на поколение), так как здесь добавляются всего два очень медленных маркера, DYS426 и DYS388, в сумме добавляющие 0.00031 мутаций на гаплотип на поколение. В итоге получится время жизни общего предка, не исключено, что фантомного. Это можно проверить только путем анализа остальных двух подходов.

-- Второй подход – это логарифмический метод. Он не связан с расчетом по мутациям, но рассматривает число немутированных гаплотипов во всей серии.

-- Третий подход – это выявить ветви, определить для каждой базовый гаплотип и время до общего предка, и далее вычислить время жизни общего предка всех выявленных ветвей. Это – трудоемкий, но самый точный подход. Если вычисленное время совпадет с таковым по первому подходу, значит, выявленные ветви не вносят особого вклада в суммарные расчеты.

Первый подход дает базовый гаплотип по всем 253 гаплотипам группы G2a1a1-P18 (в формате DYS393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 426, 388, 439, 389-1, 392, 389-2, 458, 437, 448, GATA-H4, 456, 438, 635):

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 28 -- 17 16 21 12 15 9 21

Забегая вперед, заметим, что это и оказался базовый гаплотип доминирующей ветви всех гаплотипов G2a1a1, и в эту доминирующую ветвь входят все перечисленные этносы – осетины иронцы и дигорцы, шапсуги и черкесы (адыги), абхазцы. У них всех – один общий предок в гаплогруппе G2a1a1. Как будет показано ниже, этот базовый гаплотип разошелся на более молодые ветви, которые опять же включают все перечисленные этносы, в большей или меньшей степени. Все они – братья в данном субкладе.

Все 253 гаплотипа содержат 1446 мутаций от указанного базового гаплотипа, что дает $1446/253/0.035 = 163 \rightarrow 195$ поколений, или 4875 ± 500 лет до общего предка. Это - общий предок всех ветвей группы G2a1a1 на дереве.

Если обратить внимание на ветви, то выделяются четыре ветви G2a1a1, каждая со своим базовым гаплотипом. Они выделяются как на дереве гаплотипов, так и визуальнo, в серии гаплотипов, по характерным величинам аллелей, отличающихся от доминирующих аллелей. Всего удалось идентифицировать четыре ветви. В одной - 16 гаплотипов, принадлежащих абхазам, черкесам, дигорцам и иронцам. Ее базовый гаплотип следующий:

14 **22** 15 **10 16** 17 11 12 11 **12** 10 29 -- 17 16 21 **11 16 10** 21

Как видно, эта ветвь значительно, на 7 мутаций, отличается от базового гаплотипа доминирующей ветви. Это - $7/0.035 = 200 \rightarrow 249$ поколений, или 6225 лет между их общими предками. Во всей ветви - 51 мутация, что дает $51/16/0.035 = 91 \rightarrow 100$ поколений, или 2500 ± 430 лет до общего предка.

Вторая ветвь из 11 гаплотипов - черкесы, дигорцы, иронцы - имеет базовый гаплотип

14 **22** 15 **10 15 16** 11 12 **12 12** 10 **29** -- 17 16 21 **11 15 10** 21

Она тоже на 7 мутаций отличается от базового гаплотипа доминирующей ветви, то есть возраст первых двух ветвей должен быть близким друг другу. Действительно, все 11 гаплотипов имеют 35 мутаций от базового гаплотипа, что дает $35/11/0.035 = 91 \rightarrow 100$ поколений, или 2500 ± 490 лет до общего предка.

Третья ветвь из 11 гаплотипов - дигорцы и иронцы - имеет базовый гаплотип

14 23 15 9 15 17 11 12 **12** 11 10 **27** -- 17 16 21 12 15 9 21

Во всех 11 гаплотипов всего 7 мутаций, что помещает общего предка этой ветви всего на $7/11/0.035 = 18$ поколений, или 450 ± 175 лет до общего предка. То, что ветвь столь молода и всего на две мутации отличается от доминирующей ветви (что определяет дистанцию между их общими предками всего в $2/0.035 = 57 \rightarrow 61$ поколение, или 1525 лет) позволяет

предположить, что это – дочерняя ветвь доминирующей ветви. Так оно и оказалось, как будет показано ниже.

В итоге в доминирующей ветви 253 гаплотипа минус 38 = 215 гаплотипов. Среди них – 24 идентичных, то есть базовых гаплотипа

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 28 -- 17 16 21 12 15 9 21

Это точно тот же базовый гаплотип, что и получен при тотальном анализе все 253 гаплотипов субклада G2a1a1. Логарифмический метод дает $[\ln(215/24)]/0.035 = 63 \rightarrow 67$ поколений, то есть 1675±380 лет до общего предка доминирующей ветви, в которую входят все этнические группы – абхазы, черкесы, шапсуги, осетины-дигорцы и иронцы.

Если теперь сложить все три базовых гаплотипа (четвертый – дочерний от доминирующей группы), то получим

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 28 -- 17 16 21 12 15 9 21	1675 лет
14 22 15 10 16 17 11 12 11 12 10 29 -- 17 16 21 11 16 10 21	2500 лет
14 22 15 10 15 16 11 12 12 10 29 -- 17 16 21 11 15 10 21	2500 лет

Между ними – 9 мутаций (отмечены). Средний возраст ветвей – 2225 лет, и общий предок всех трех ветвей жил на $9/3/0.035 = 86 \rightarrow 95$ поколений, или 2375 лет ранее этого среднего возраста, то есть примерно 4600 лет назад. Это в пределах погрешности совпадает с оценкой 4875±500 лет назад при тотальной обработке всех 253 гаплотипов. Иначе говоря, общий предок западно- и центрально-кавказской группы G2a1a1 жил примерно 4600-4875±500 лет назад, и от него пошли кавказские ветви во временном интервале от середины 1-го тыс до н.э. до середины первого тыс н.э. Это – действительно скифо-аланские времена (скифы – с середины 1-го тыс до н.э. или на несколько веков раньше, аланы – примерно с 1-го века н.э.).

Не претендуя на полное историческое обоснование, замечу, что 4600-4875±500 лет назад – это времена начала интенсивного продвижения культуры колоколовидных кубков в Пиреней в континентальную Европу, что привело к почти полному уничтожению носителей гаплогруппы G2a в Европе (как, впрочем, и носителей R1a и I1). Спаслись те, кто бежали на восток, на Русскую равнину, как R1a и I1, и, возможно, на Кавказ, как G2a. Возможно, это и явилось причиной столь обильного содержания гаплогруппы G2a на Кавказе. Если так, то происхождение G2a на Кавказе – не ближневосточное и не иранское, а европейское. Естественно, описанные здесь ветви G2a могли прибыть на Кавказ через Анатолию и Ближний Восток, но не автохтонами тех регионов, а транзитом из Европы.

G2a3b1-P303

Ветвь этого субклада из 143 гаплотипов занимает верхнюю левую часть на дереве на рис. 6. Ее базовый гаплотип

14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 30 - 17 16 20 12 16 10 21

От суммарного базового гаплотипа ветви G2a1a1 (см. выше)

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 28 -- 17 16 21 12 15 9 21

его отличает 12 мутаций, что формально составляет $12/0.035 = 343 \rightarrow 512$ поколений, или 12800 лет. Поскольку общий предок первой серии гаплотипов жил примерно 4875 лет назад (см. выше), а второй, как будет показано ниже, примерно 5345 лет назад, то их общий предок жил примерно $(12800+4875+5345)/2 = 11,500$ лет назад. Это величина ненамного отличается от датировки общего предка гаплогруппы G2a, равной 12,400 лет назад (Клёсов, 2011).

Все 143 гаплотипа имеют 556 мутаций от указанного базового гаплотипа, что дает $556/143/0.035 = 111 \rightarrow 124$ поколения, или 3100 ± 340 лет до общего предка. Это - примерная оценка возраста субклада G2a3b1, которая получена при игнорировании ветвей субклада. Как будет показано ниже, эта оценка оказывается значительно заниженной по сравнению с более корректным расчетом при разделении всех ветвей, который дал примерно 5345 лет до общего предка субклада G2a3b1 на Кавказе.

Более внимательное рассмотрение дерева выявило по меньшей мере пять ветвей, из них одна двойная. При движении от левой верхней ветви (G2a1a1) вниз против часовой стрелки первой идет ветвь из семи гаплотипов группы G2a3b1, образованной гаплотипами осетин, двумя иронцами и пятью дигорцами, с базовым гаплотипом

14 22 15 10 14 15 11 12 12 12 11 29 - 16 16 21 12 15 10 21

Это - относительно молодая ветвь, в ней всего 10 мутаций от базового гаплотипа, что дает $10/7/0.035 = 41 \rightarrow 43$ поколения, или 1075 ± 360 лет до общего предка. Это - примерно 10-й век нашей эры, плюс-минус несколько веков.

Следующей идет ветвь гаплотипов абхаза, двух шапсугов и группы черкесов, в которой выделяется двойная ветвь черкесов из шести гаплотипов, с базовыми гаплотипами

14 24 14 11 13 14 11 12 11 13 11 30 - 15 16 19 12 14 10 21
14 24 14 11 12 14 11 12 11 13 11 31 - 17 16 19 12 14 10 20

В первой ветви всего две мутации, что дает примерно 475 лет до общего предка, во второй - всего одна мутация, 240 лет до общего предка. Но сами базовые гаплотипы расходятся на 5 мутаций, то есть на $5/0.035 = 143 \rightarrow 167$ поколений, то есть на 4175 лет. Это помещает их общего предка примерно на 2445 лет назад. Если же просуммировать мутации без деления на подветви, то в сумме там 18 мутаций, что помещает их общего предка на $18/6/0.035 = 86 \rightarrow 95$ поколений, то есть 2375 ± 610 лет назад. Как видно, обе датировки сходятся в пределах погрешности.

Следующая ветвь из 28 гаплотипов образована абхазом, 11 черкесами и 16 шапсугами, и имеет базовый гаплотип

14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 30 - 17 16 20 12 15 10 21

В ветви - 72 мутации, что дает $72/28/0.035 = 73 \rightarrow 79$ поколений, или 1975 ± 305 лет до общего предка. Ветвь содержит три идентичных (базовых) гаплотипа, что дает (логарифмический метод) $[\ln(28/3)]/0.035 = 64 \rightarrow 68$ поколений, или примерно 1700 лет до общего предка. Сходимость не очень хорошая (отношение 1.14), но приемлемая. Общий предок ветви жил в начале нашей эры. Как мы видим, ветви кавказских носителей гаплогруппы G2a все берут начало в 1-м тыс нашей эры, но их общий предок жил - по оценке выше - во 2-м тыс до н.э.

Наконец, общую ветвь G2a3b1 завершают две одинаковые по размеру и относительно протяженные ветви, в каждой по 49 гаплотипов, принадлежащие 42 шапсугам, 6 черкесам и абхазцу в одной ветви, и 23 шапсугам, 13 черкесам, 9 абхазам, 3 осетинам-дигорцам и 1 осетину-иронцу. Их базовые гаплотипы соответственно

14 23 15 10 13 14 11 12 11 13 12 31 - 17 15 20 12 16 10 21
14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 - 17 16 20 12 16 10 21

В них 86 и 122 мутаций, соответственно, что дает 1325 ± 195 и 1925 ± 260 лет до их общих предков. Это опять 1-е тыс нашей эры.

Выписываем все шесть базовых гаплотипов, средний возраст которых составляет 1170 лет:

14 22 15 10 14 15 11 12 12 12 11 29 - 16 16 21 12 15 10 21	(1075 лет)
14 24 14 11 13 14 11 12 11 13 11 30 - 15 16 19 12 14 10 21	(475 лет)
14 24 14 11 12 14 11 12 11 13 11 31 - 17 16 19 12 14 10 20	(240 лет)
14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 30 - 17 16 20 12 15 10 21	(1975 лет)
14 23 15 10 13 14 11 12 11 13 12 31 - 17 15 20 12 16 10 21	(1325 лет)
14 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 - 17 16 20 12 16 10 21	(1925 лет)

Гаплотип самого старого общего предка сохранил вид базового гаплотипа, и не имеет мутаций. Логично, что второй по «древности» гаплотип имеет всего две мутации, а самые молодые гаплотипы имеют максимальное число – 8 и 9 мутаций. Всего в сумме все шесть гаплотипов содержат 30 мутаций, что дает $30/6/0.035 = 143 \rightarrow 167$ поколений, или 4175 лет до общего предка в глубину от 1170 лет (среднее время образования для шести гаплотипов), то есть примерно 5345 ± 700 лет до общего предка всех шести ветвей гаплогруппы G2a1b1 на Кавказе.

В принципе, время общего предка субкладов G2a1a1 и G2a3b1 на Кавказе, 4875 ± 500 и 5345 ± 700 лет назад совпадает в пределах погрешности расчетов, и, как указывалось выше, не противоречит вытеснению носителей G2a из Европы в ходе заселения Европы культурой колоколовидных кубков, R1b1a2, которое началось примерно 4800 лет назад.

G2a*

Среди 604 гаплотипов на рис. 6 имеются всего 11 гаплотипов группы G2a*, из них 8 абхазов, 2 черкеса и один шапсуг. Все абхазы образуют очень молодую ветвь, с базовым гаплотипом

15 22 15 10 15 16 11 12 12 12 10 29 - 16 16 21 11 15 10 22

всего с двумя мутациями на всех. Это дает $2/8/0.035 = 7$ поколений, то есть всего 175 ± 125 лет до общего предка. Остальные три гаплотипа (черкесы и шапсуг) разбросаны по всей большой ветви дерева, и имеют между собой 22 мутации, что формально дает $22/3/0.035 = 210 \rightarrow 265$ поколений, или 6625 лет до общего предка. Ясно, что они из совершенно разных миграций, видимо, из Европы, и возраст предка для этого подходящий.

R1a-M17 и R1a-M458

Среди рассматриваемых 604 кавказских гаплотипов есть 25 гаплотипов группы M17 (14 черкесов, 6 абхазов, 3 шапсуга и по одному осетину-дигорцу и иронцу), и 10 гаплотипов группы M458 (9 черкесов и один шапсуг). Базовый гаплотип кавказцев группы M17 следующий:

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

Это – канонический базовый гаплотип центрально-евразийской группы Z280, он же (на показанных маркерах) – гаплотип Русской равнины. Его типичный возраст на Русской равнине – примерно 4500-4600 лет, это времена миграции ариев на юг, на Кавказ и в Месопотамию, и на юго-восток, в Индостан, Зауралье и на Иранское плато. Все 25 гаплотипов в данной серии имеют 133 мутации от приведенного базового гаплотипа, что дает $133/25/0.035 = 152 \rightarrow 179$ поколений, или 4475 ± 590 лет до общего предка. Действительно, это тот самый гаплотип и тот самый общий предок, что описан выше.

Базовый гаплотип группы M458 на Кавказе

13 25 16 9 11 14 12 12 11 14 11 30 – 16 14 20 12 17 11 23

Он похож на базовый гаплотип центрально-европейской ветви, но с необычной величиной DYS391, видимо, характерной для кавказских гаплотипов. 32 мутации во всей серии помещают его общего предка на $32/10/0.035 = 91 \rightarrow 100$ поколений, или 2500 ± 510 лет до общего предка. Для двух вариантов центрально-европейской ветви этот возраст в Европе составляет 2900 ± 400 лет, что совпадает в пределах погрешности. Между этими двумя базовыми гаплотипами число мутаций равно $1.50+0.70+0.98+1.12+0.48+0.52 = 5.30$, что разводит общих предков M17 и M458 на Кавказе на $5.3/0.035 = 151 \rightarrow 178$ поколений, или 4450 лет. Общий предок обеих субкладов жил примерно $(4450+4475+2500)/2 = 5700$ лет назад. Это был евразийский субклад Z283, который действительно возник в Европе примерно 5500 лет назад (Rozhanskii and Klyosov, 2012), и центрально-евразийский субклад Z280 – его дочерняя ветвь. Оба они пришли на Кавказ, видимо, во времена арийских миграций.

R1b1a2

В списке кавказских гаплотипов группы R1b доминируют гаплотипы субклада R1b1a2-M269, их 36 гаплотипов. Помимо них есть еще четыре гаплотипа группы R1b-M343(xM269), в которые в принципе могут входить R1b1-L278, R1b1a-L320, R1b1a1-M73. Но поскольку четыре 19-маркерных гаплотипа – это выборка крайне малая, то ограничимся условной оценкой. Все четыре гаплотипа различаются на 23 мутации, что дает примерно 4900 лет до (фантомного) общего предка. На самом деле там определено

большая временная дистанция, вряд ли меньшая 8-12 тысяч лет. Среди этих четырех гаплотипов два черкеса, дигорец и иронец.

36 гаплотипов группы R1b1a2, среди которых 20 дигорцев, 7 абхазов, 6 иронцев и 3 черкеса, имеют следующий базовый:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 12 13 29 - 16 15 19 13 16 12 23

Это - субклад R1b1a2-L23. Все 36 гаплотипов имеют 142 мутации, что дает $142/36/0.035 = 113 \rightarrow 128$ поколений, или 3200 ± 420 лет до общего предка. Ветвь эта неоднородная, и время до общего предка определенно должно быть выше. Субклад L23 имеет возраст примерно 6200 лет (см. выше).

J1-M267 (кроме J1b2)

То, что в статье (Balanovsky et al, 2011) называют J1*(xP58), на самом деле могут быть несколькими субкладами, поскольку P58 - это J1b2. При его исключении остаются нижесходящие субклады J1a-M365.1, J1b-L136, J1b1-P56. Все они возможны у определяемых кавказских гаплотипов J1. Но поскольку из 604 гаплотипов западного и центрального Кавказа только 9 отнесены к J1, вопрос о их отнесении к субкладам не самый важный. Это - гаплотипы пяти осетинов-дигорцев, трех иронцев и одного черкеса. Их условный базовый гаплотип

12 23 15 10 11/12 20 11 13 12 13 11 29 - 20 14 21 11 15 10 20

Они совершенно отличаются от известных базовых гаплотипов евреев. Так, пара DYS385 в приведенном выше гаплотипе 11/12 - 20, у базовых гаплотипов евреев там 12-17, 12-19, 13-15, 13-17, 13-19, 16-18. Вторая из этих пар (от гаплотипа с возрастом общего предка примерно 510 лет), казалось бы, близок, но отличается на 9 мутаций на остальных 10 маркерах первой панели, что уводит его на много тысяч лет в сторону.

Все 9 гаплотипов отличаются от своего базового гаплотипа на 30 мутаций, что дает $30/9/0.035 = 95 \rightarrow 105$ поколений, или на 2625 ± 550 лет до общего предка. Это - довольно типичный «возраст» для многих кавказских линий других гаплогрупп. Видимо, в середине 1-го тыс до н.э. на Кавказе было интенсивное перемещение народов.

J2a*

Выше мы видели, что гаплогруппа J2 – вторая по распространенности (после G2a) в обсуждаемых здесь этносах западного и центрального Кавказа. То, что в статье (Balanovsky et al, 2011) называют J2*, на самом деле J2a*, поскольку в статье указывают снипы этого субклада M172(xM12, M47, M67). Этот набор снипов показывает, что это гаплогруппа J2 при отсутствии нисходящих субкладов J2b-M12, J2a1a-M47, и J2a1b-M67. Поскольку снип J2a-M410 не определяли, он и есть основной кандидат на данную гаплогруппу. Технически, еще возможен J1a1-L26/L27, но они отводятся данными по ряду кавказских J2a, приведенных выше, при рассмотрении протяженных гаплотипов. Как будет здесь показано, они имеют в принципе те же самые гаплотипы, но 67-111-маркерные, в отличие 19-маркерных в статье (Balanovsky et al, 2011), но при наличии негативных L26 и L27.

Ветвь гаплогруппы J2a*, как ясно видно из рис. 6, состоит из трех подветвей, из 18, 14 и 6 гаплотипов, еще три разбросаны по дереву, возможно, неверно типированы.

Первая ветвь образуется гаплотипами 6 осетин-иронцев, 4 осетин-дигорцев, 5 шапсугов и 3 абхазов. Как видно, здесь опять перемешаны разные этносы и языки/диалекты. Базовый гаплотип ветви:

12 24 14 10 14 15 11 15 13 13 11 30 – 19 16 19 12 15 7 21

Как видно, он полностью совпадает с 17 из 19 аллелей с протяженным базовым гаплотипом кавказцев группы J2a*, приведенным выше, отличаясь только в GATA H4 и DYS635 (в последнем – только на 0.5 аллели):

12 24 14 10 14 15 11 15 13 13 11 30 – 19 8 10 11 11 26 16 19 30 13 15 16 16 -- 11 11 19
22 15 15 16 16 35 39 10 7 – 11 7 14 14 8 11 10 8 10 10 12 22 22 14 10 12 12 17 8 12 23
20 15 12 11 12 11 12 12 11 – 34 18 8 15 9 25 26 20 11 12 12 11 13 10 11 11 10 11 11 30
12 14 21 13 11 12 22 15 19 12 20 16 11 13 26 12 22 19 9 14 19 8 13 11

Все 18 гаплотипов имеют 109 мутаций от указанного базового гаплотипа, что дает $109/18/0.035 = 173 \rightarrow 210$ поколений, или 5250 ± 730 лет до общего предка.

Вторая ветвь образуется гаплотипами 10 осетин-иронцев, 2 осетин-дигорцев и 2 черкесов. Базовый гаплотип ветви:

12 25 14 10 13 14 11 15 13 13 11 30 – 19 16 18 14 15 7 22

Все 14 гаплотипов имеют 75 мутаций от указанного базового гаплотипа, что дает $75/14/0.035 = 153 \rightarrow 180$ поколений, или 4500 ± 690 лет до общего предка, в принципе, датировка подобна первой ветви, в пределах погрешности.

Третья, малая ветвь из 6 гаплотипов, образуется только черкесами, и она относительно недавняя. Базовый гаплотип ветви:

12 23 14 10 13 14 11 15 11 14 11 32 - 15 15 21 11 15 9 22

Все 6 гаплотипов имеют 17 мутаций от указанного базового гаплотипа, что дает $17/6/0.035 = 81 \rightarrow 89$ поколений, или 2225 ± 580 лет до общего предка.

Все три ветви имеют средний возраст 4000 лет, и все три базовых гаплотипа

12 24 14 10 **14 15** 11 15 13 13 11 30 - 19 16 19 12 15 7 **21**
12 **25** 14 10 13 14 11 15 13 13 11 30 - 19 16 **18 14** 15 7 22
12 **23** 14 10 13 14 11 15 **11 14** 11 **32** - **15 15 21 11** 15 **9** 22

различаются на 22 мутации, что дает $22/3/0.035 = 210 \rightarrow 265$ поколений, или 6625 лет в сумме с 4000 лет (см выше), то есть общий предок всех трех линий жил 10,625 лет назад. Поскольку по разным оценкам общий предок гаплогруппы J2 жил от 20 до 15 тысяч лет назад (Klyosov and Rozhanskii, 2012; Клёсов, 2011), то это показывает, что на Кавказе – одна из самых древних ветвей гаплогруппы J2a. Не случайно она J2a*, то есть не имеет обнаруженных нисходящих субкладов.

В заключение следует отметить, что если все 41 гаплотип обрабатывать без разделения на ветви, то возникают трудности с определением базового гаплотипа (поскольку ряде случаев величины различающихся аллелей практически одинаковы по численности), и в итоге условно полученные 376 мутаций дают время жизни общего предка только 8800 лет назад, то есть существенно заниженное по сравнению с 10,625 лет назад, рассчитанным при разделении ветвей. Этот сбой возникает потому, что все три ветви – разного размера.

J2a1b*

То, что в статье (Balanovsky et al, 2011) называют J2a4b*, на самом деле J2a1b*, поскольку в статье указывают снипы этого субклада M67(xM92). Набор снипов показывает, что это гаплогруппа J2a1b-M67 при отсутствии нисходящего субклада J2a1b1-M92, то есть J2a1b*.

Как видно из дерева на рис. 6, структура подветвей J2a1b* сложная. Общую ветвь можно примерно разделить на две подветви, из 30 и 14 гаплотипов. В каждой есть выпадающие из общей структуры гаплотипы, но будем рассматривать анализ как предварительную оценку. В первой ветви – в основном иронцы (22 гаплотипа), дигорцы (5 гаплотипов), два абхаза и один черкес. Во второй – 6 черкесов, 4 иронца, два дигорца и два абхаза. Картина та же, что и выше – все этносы перемешаны в одном субкладе.

Поскольку две ветви в данном субкладе – разного размера, одна вдвое больше другой, то считать по всем 44 гаплотипам сразу приведет к занижению времени до общего предка. Что в этом убедиться, отметим, что во всех 44 гаплотипах 218 мутаций, что дает фантомного общего предка с якобы базовым гаплотипом одной доминирующей ветви (см. ниже) из 30 гаплотипов. Эти мутации дают фантомное время до общего предка как якобы 4150 ± 500 лет. Сравним его с расчетом по ветвям.

В первой ветви из 30 гаплотипов с базовым гаплотипом

12 23 14 10 13 16 11 16 11 14 11 30 – 17 15 20 12 15 9 23

имеются 106 мутаций, что дает $106/30/0.035 = 101 \rightarrow 112$ поколений, или 2800 ± 390 лет.

Во второй ветви из 14 гаплотипов с базовым гаплотипом

12 23 14 10 13 16 11 **15** 11 **13** 11 **30** – 17 15 20 **10** **16** 9 **22**

имеются 58 мутаций, что дает $58/14/0.035 = 118 \rightarrow 134$ поколения, или 3350 ± 550 лет.

Между этими двумя базовыми гаплотипами 7 мутаций, что разводит их общих предков на $7/0.035 = 200 \rightarrow 249$ поколений, то есть примерно 6225 лет, и помещает ИХ общего предка примерно на $(6225+2800+3350)/2 = 6200$ лет.

Как видим, действительно общий счет по двум разновеликим ветвям занижает время до общего предка, причем в данном случае на 50%.

Гаплотипы группы J2a-M410 Армении

Дерево из 48 гаплотипов армян показано на рис. 7. Видно, что дерево расходится на много ветвей, что в принципе может быть вызвано или тем, что гаплотипы короткие, и потому чувствительны даже к нормальным статистическим изменениям аллелей, или наличием многих нисходящих субкладов. Но в данном случае речь может идти главным образом о настоящих ветвях, поскольку большинство их на дереве имеют характерные наборы аллелей для каждой ветви. Например, для первого же маркера в панели, DYS393, 31 гаплотип имеют аллель 12, и 13 гаплотипов аллель 13. Это определенно не статистические вариации, тем более для столь «медленного» маркера. Поэтому чисто формально, подряд считая мутации, приведет нас к неверному результату, вопрос будет лишь в том, насколько неверному. Поскольку ветвей много, ошибки могут уравновеситься, а могут и накопиться, если искажение окажется в одну сторону.

Проверим.

Фантомный «базовый гаплотип» для всех 48 гаплотипов следующий (в первой панели пропущены DYS426 и DYS388 по сравнению с 19-маркерными гаплотипами выше):

12 23 14 10 13 16 11 13 11 29 - 18 14 21 11 15 9 22

Все гаплотипы имеют 420 мутаций, что формально дает $420/48/0.034 = 257 \rightarrow 344$ поколений, или примерно 8600 лет до общего предка. Это, в общем, может оказаться вполне разумной цифрой для субклада J2a.

При разделении дерева на ветви получим следующее (сверху справа по часовой стрелке для 13 ветвей или одиночных гаплотипов, стоящих особняком, указан возраст ветви; для одиночных или одинаковых гаплотипов «возраст», естественно, нулевой):

12 23 14 9 13 15 11 14 12 16 - 18 15 21 11 15 9 22	(0 лет) 5
12 23 14 10 14 19 12 13 11 16 - 20 14 21 11 16 9 21	(0 лет) 5
13 23 14 10 14 16 11 13 11 16 - 16 15 20 11 14 9 24	(1300 лет) 6
12 23 15 10 14 17 11 13 11 16 - 20 15 21 11 17 9 22	(0 лет) 4
12 23 15 10 14 16 12 13 11 17 - 15 14 21 12 16 9 23	(7150 лет) 8
12 23 14 10 14 17 12 14 11 16 - 18 15 20 12 14 9 21	(4650 лет) 6
12 23 14 10 13 15 11 13 11 17 - 16 15 20 10 15 9 22	(4650 лет) 5
12 23 14 10 13 13 11 14 11 17 - 17 15 20 11 16 9 21	(6200 лет) 6
12 23 14 10 13 18 11 12 11 16 - 18 14 21 11 15 9 23	(875 лет) 3

12 23 14 10 13 16 11 12 11 16 - 18 14 21 11 15 9 21	(4175 лет) 3
13 23 14 10 13 17 12 13 11 16 - 14 14 20 12 16 9 21	(0 лет) 5
13 23 15 10 13 17 11 12 11 17 - 18 14 20 12 15 9 22	(3650 лет) 5
12 23 14 10 13 17 12 13 11 16 - 19 14 21 11 15 9 22	(0 лет) 2

12 23 14 10 13 16 11 13 11 16 - 18 14 21 11 15 9 22 (средний 2510 лет)

Примечательно, что базовый гаплотип всех 13 ветвей получается точно такой, как и при «неразборчивом» расчете по всем 48 гаплотипам. На все 13 ветвей имеется 92 мутации, что дает $92/13/0.034 = 208 \rightarrow 262$ поколения, или 6550 лет до среднего возраста всех ветвей, то есть суммарно 9,060 лет до общего предка всех 48 гаплотипов J2 армян. Это всего лишь на 5% отличается от расчетной величины 8600 лет без разделения ветвей. Таким образом, действительно при расчетах много мелких ветвей усредняются. Это в целом трудно предсказать, поэтому слепой расчет здесь плохой советчик. Но иногда получается.

Надо отметить, что этот базовый гаплотип армян группы J2a значительно отличается от кавказских базовых гаплотипов группы J2*, что и следовало ожидать для гаплотипов другого субклада. Различия на 17 маркерах составляют 15, 15 и 9 мутаций для базовых гаплотипов трех ветвей J2*, описанных выше. Это эквивалентно разнице во многие тысячи лет между их общими предками. Однако этот базовый гаплотип армян весьма похож на базовый кавказский гаплотип группы J2a1b. На первой панели они различаются всего на одну мутацию с одной и другой ветвью кавказских Ja21b, что не удивительно, это нисходящий субклад группы J2a.

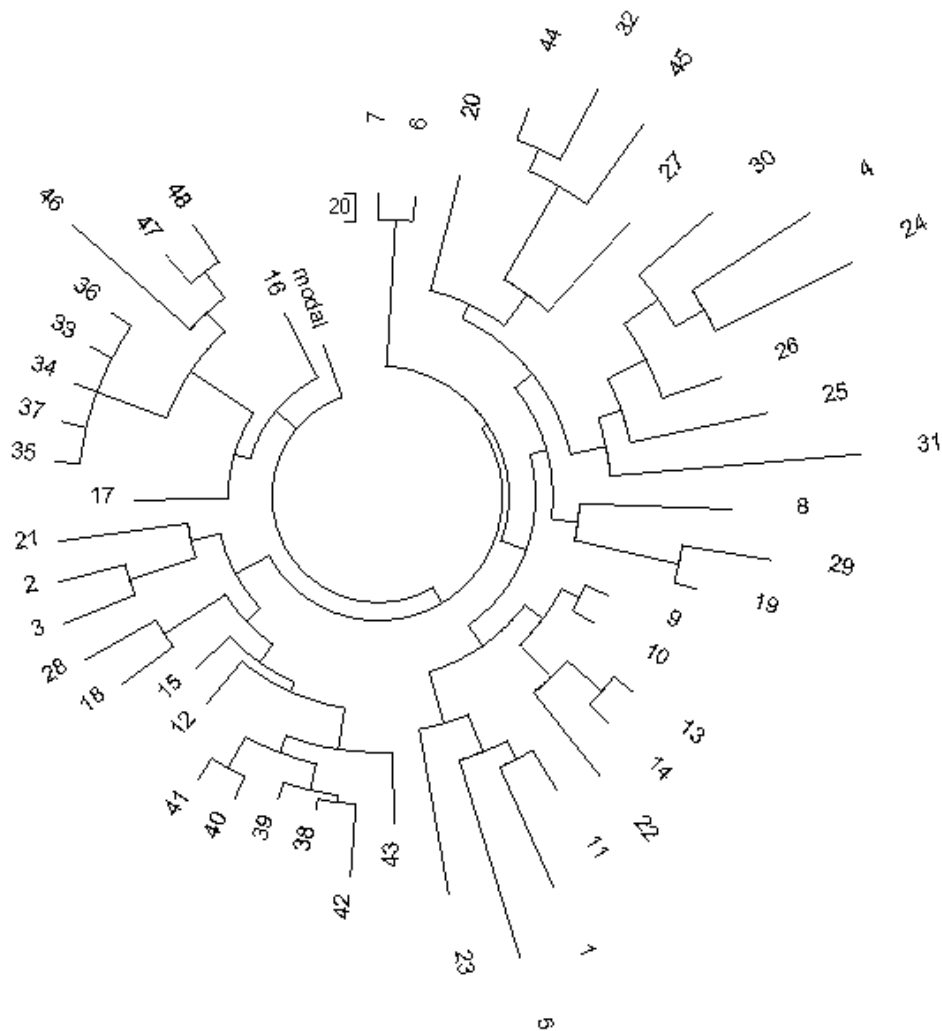


Рис. 7. Дерево 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы J2a-M410 армян (приживающих или имеющих предков в Турции). В выборке 48 гаплотипов, предоставлены Ираклием Ахвледиани из Сванетии.

Итак, ветви J2a* и J2a1b* - самые древние на западном и центральном Кавказе. J2a* можно считать автохтонами, со временем общего предка не менее 10 тысяч лет назад, J2a прибыли на Кавказ примерно 9 тысяч лет назад, J2a1b* прибыли на Кавказ (или образовались там) более 6 тысяч лет назад, почти одновременно с прибытием R1b2a (не позднее 6 тысяч лет назад), тогда как гаплогруппы R1a (с севера) и G2a (с юга) прибыли уже позже, с общими предками примерно 4500 и 4750 лет назад. Все эти гаплогруппы перемешались в кавказских этносах, во всяком случае в этносах северо-западного, западного и центрального Кавказа. Гаплогруппы Дагестана и сопредельных регионов мы рассмотрим в следующем выпуске Вестника.

ПОСЛЕСЛОВИЕ

Теперь настало время признаться, что я не читал статью (Balanovsky et al, 2011), когда работал над своим материалом, и не открывал ее. Я использовал только список гаплотипов, опубликованный в их статье в качестве приложения, а именно отдельного файла. Я признателен авторам статьи (Balanovsky et al, 2011) за предоставленную возможность поработать с гаплотипами, причем поработать независимо от их выводов и интерпретаций. И только сейчас, когда моя статья была написана и отредактирована, и прочитал исходную статью, втайне надеясь, что она принесет мне что-то новое в отношении анализа гаплотипов и обсуждений-интерпретаций. Увы, не принесла, и, собственно, ничего плохого в этом нет. Авторы рассматривали материал с точки зрения популяционной генетики, я – с точки зрения ДНК-генеалогии. Это – совершенно разные вещи, со своими разными методологиями.

Должен сказать, что мои слова не относятся к лингвистическим аспектам статьи, их я еще не разбирал. Там наверняка окажется что-то познавательное. Сейчас я – о гаплотипах и гаплогруппах.

С некоторым удивлением я прочитал, что авторы (Balanovsky et al, 2011) относят все ДНК-генеалогические линии на Кавказе исключительно к Ближнему Востоку, указав это и в Абстракте. На самом деле оснований к этому нет. Здесь опять наблюдается типичная ошибка популяционных генетиков – если они СЕЙЧАС видят ветви на Кавказе, значит они либо всегда были там, либо пришли откуда-то рядом. Например, при обсуждении гаплогруппы G авторы ни словом не обмолвились о том, что как минимум 5 тысяч лет назад эта гаплогруппа была, по-видимому, одной из доминирующих в Европе, и, вполне возможно, пришла на Кавказ и на Ближний Восток оттуда. Датировки не противоречат тому, что приход носителей G2a на Кавказ не противоречат их уходу из Европы, отходя под натиском эрбинов, носителей гаплогруппы R1b. Никто пока не знает, как оно было на самом деле, но странно, что авторы совсем не упоминают гаплогруппу G2a в Европе, и не рассматривают соответствующий альтернативный сценарий. То же самое и про гаплогруппу R1a – тоже Ближний Восток?

С удивлением я прочитал о том, что авторы параллельно использовали так называемый «метод Животовского» (или «популяционные скорости мутаций») и «генеалогический метод», для которого, кстати, без всякой мотивировки использовали 30 лет на поколение. Никакой калибровки при этом не проводилось. Надо отметить, что им это и не было нужно, потому что датировки в статье и не обсуждались. Их просто свалили в таблицу, и

все. Это еще раз показывает, что то, чем авторы занимались – это не ДНК-генеалогия. Авторов больше интересовало сравнение численности популяций В НАСТОЯЩЕЕ ВРЕМЯ. Это – нормально, потому что популяционная генетика.

Вообще занятно, как авторы описывают всяческие статистические расчеты, типа использование rho-estimator, BATWING, статистические отклонения, и все для того, чтобы цифры потом не использовать. Маркеры DYS385a,b были вообще выброшены из расчетов, авторы не знали, как с ними работать. Помимо того, авторы выбрасывали из расчетов и другие показатели (“excluded from calculations”), что, конечно, нехорошо и неправильно. Например, авторы отметили, что DYS385 показывали 10-кратное превышение «variances», потому их и выбрасывали. Превышали настолько же и DYS388, выбросили и их. Почему превышали – авторы не обсуждали. А ведь причину не плохо было выяснить. Но – популяционная генетика.

В итоге «способ Животовского» дал недостоверные данные, и его не обсуждали. Неужели это было неясно еще несколько лет назад? Странно, что авторы не читают литературу по своему направлению. И несмотря на это авторы серьезно обсуждали, что Животовский «калибровал» свои «популяционные» константы по популяциям полинезийцев Маори и цыган. Полноте, да читали ли авторы статью Животовского, в которой эти «калибровки» проводились? Если это были калибровки, то что такое откровенная подгонка данных?

В качестве «генеалогической константы скорости» авторы приняли величину 0.0021 на маркер на поколение в 30 лет. Для 20-маркерных гаплотипов это составит 0.042 на гаплотип на поколение в 30 лет, или 0.035 на гаплотип на поколение в 25 лет. В общем это неплохо, поскольку более выверенная величина – это 0.039, разница только 11%. Но поскольку авторы выбросили три маркера, сделав свой набор 17-маркерным, то константа скорости мутации составит уже 0.0357 на поколение в 30 лет, или 0.02975 на поколение в 25 лет. Это уже отклонение в 31%, немалое. Поэтому все их статистические расчеты при фактически заданном отклонении в треть вызывает только улыбку. Авторы так и не поняли, что не может быть константы скорости мутации типа 0.0021 на маркер для любых гаплотипов. Это на самом деле определяется НАБОРОМ конкретных маркеров. Хотя авторы опять же считали в терминах «1.5 мутации до настоящего времени» или «0.6 мутации до настоящего времени». Это, конечно, не ДНК-генеалогия.

Литература

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

Balanovsky, O., Dibirova, K., Dybo, A., Mudrak, O., Frolova, S., Pocheshkhova, E., Haber, M., Platt, D., Schurr, T., Haak, W., Kuznetsova, M., Radzhabov, M., Balaganskaya, O., Romanov, A., Zakharova, T., Soria Hernanz, D.F., Zalloua, P., Koshel, S., Ruhlen, M., Renfrew, C., Wells, R.S., Tyler-Smith, C., Balanovska, E.; Genographic Consortium (2011) Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region. *Mol Biol Evol.* 28, 2905-2920.

Klyosov, A.A. (2011) Haplotypes of R1b1a2-P312 and related subclades: origin and “ages” of most recent common ancestors. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 4, No. 6, 1127-1195.

Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. *Adv. Anthropol.* 2, No. 2, 87-105.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. *Adv. Anthropol.* 2, No. 2, 80-86.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, Its subclades and branches in Europe during the last 9000 Years. *Adv. Anthropol.* 2, No. 3, 139-156.

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

ДНК-генеалогия русских князей гаплогрупп N1c1 и R1a

А.А. Клёсов

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

Эта тема была довольно подробно рассмотрена в февральском и сентябрьском выпусках Вестника за 2011 год (Клёсов, 2011a; 2011b), в которых анализировались гаплотипы князей-рюриковичей гаплогруппы N1c1, и им «сопутствующих», которые в ДНК-генеалогическую семью предполагаемых рюриковичей никак не попадают. В итоге было показано, что среди 22 гаплотипов (в 67-маркерном формате) есть всего шесть человек, которые могут с основанием претендовать на потомков рюриковичей, если их предком был действительно Рюрик или другая столь же значимая историческая фигура.

Собственно, не так важно, как его звали на самом деле; важно, если он действительно стал основателем российской государственности, хотя и это часто оспаривается в научной и околонучной литературе. Не это есть задача ДНК-генеалогии, чтобы принимать участие в подобных спорах, конца которым нет и, видимо, не будет. Задача ДНК-генеалогии – рассмотреть характерные метки (мутации) в ДНК (Y-хромосоме) предполагаемых потомков основателя российской государственности, и вынести заключение (или обоснованное предположение) кто из ныне живущих людей (мужчин, поскольку рассматривается Y-хромосома, которой у женщин нет) имеет серьезное основание считаться «рюриковичем» и почему, на каком основании. То, что так считает сам «потомок», основанием не является.

Что же является основанием? Их, основных, два: (1) наличие группы людей, гаплотипы которых образуют довольно плотную совокупность (ветвь, кластер) и имеют общего предка, который жил примерно в 9-м веке (Рюрик предположительно умер в 879 году). Примерно – потому что погрешность расчетов по небольшому числу гаплотипов может достигать плюс-минус столетие или даже два столетия. Но это нормально, потому что гаплотипов обычно такое разнообразие, что они чаще различаются на тысячелетия. (2) наличие в этой группе людей признанных потомков княжеских родов. Это немедленно придает группе в п. (1) определенную «легитимность».

Рассмотрим рис. 1, на котором показано дерево 67-маркерных гаплотипов 22 человек, которые в той или иной степени претендуют на то, что они – потомки легендарного Рюрика.

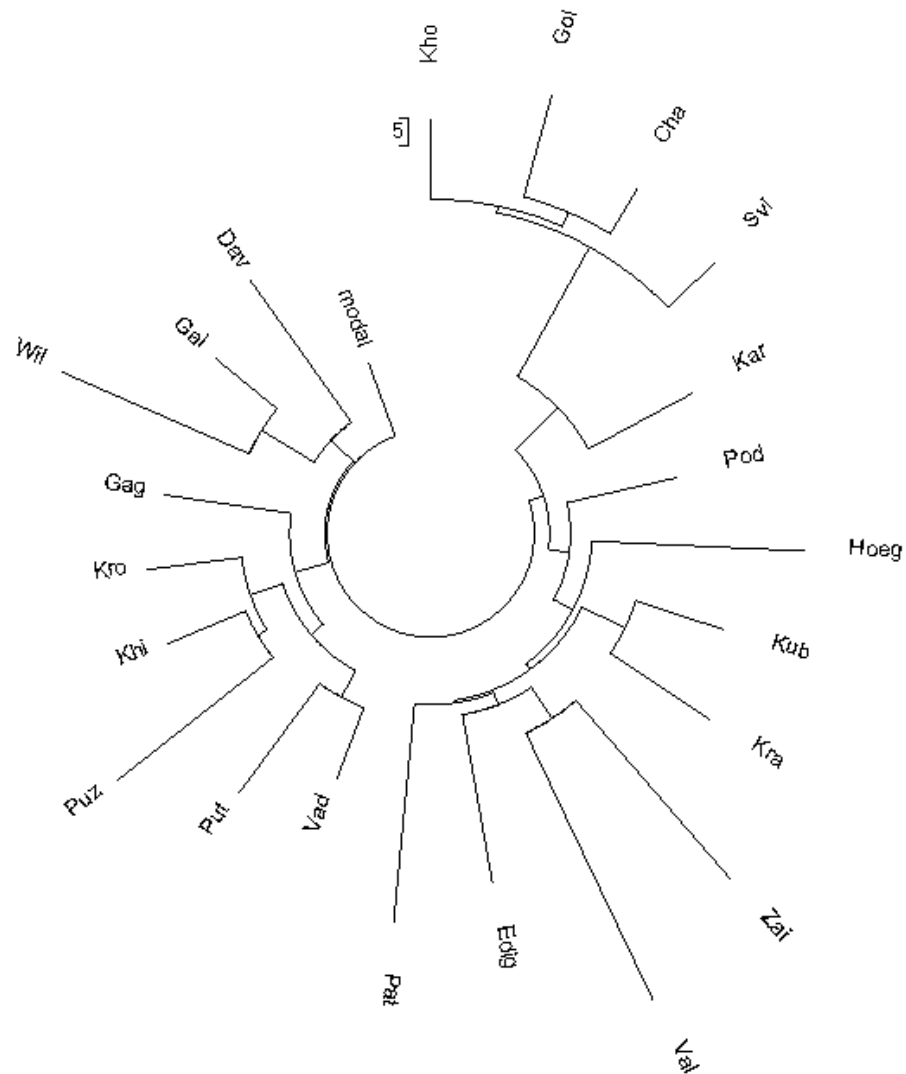


Рис. 1. Дерево 67-маркерных гаплотипов 22 человек гаплогруппы N1c1, по одной из версий принадлежащих «потомкам Рюрика». Расшифровка всех фамилий дана в работе (Клёсов, 2011а). Видно, что гаплотипы относятся по меньшей мере к четырем линиям, общий предок которых жил примерно 3200 лет назад. Шесть гаплотипов слева (Гагарин, Кропоткин, Хилков, Пузына, Пуятин, Вадбольский) имеют общего предка, который жил 1250 ± 250 лет назад; семь гаплотипов справа внизу – примерно 2325 лет назад. Четыре гаплотипа справа сверху (плоская ветвь), предположительно «Гедиминовичи», общий предок жил 520 ± 170 лет назад, 15-й век плюс-минус один-два века, но они на тысячелетия отличаются от ветви из шести гаплотипов слева. В историческом смысле «Гедиминовичи» не родственники «Рюриковичам», их общий предок жил примерно 3035 лет назад, во втором тыс до н.э.

Итак, среди обилия гаплотипов в гаплогруппе N1c1 есть ветвь, которую образуют князья Гагарин, Кропоткин, Хилков, Путятин, Пузына и Вадбольский. Это не значит, что в этой ветви больше никого не может быть, просто доступные гаплотипы других в эту ветвь не попадали, или еще не тестированы. Эти люди входят в Российское Дворянское собрание, управляемое Императорским Домом Романовых, и определенно принадлежат к одной ДНК-генеалогической линии.

Базовый (предковый) гаплотип этой линии следующий:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 – 18 9 9 11 12 25 14 19 29 14 14 15 15 – 11 11 18
20 14 15 16 19 34 34 14 10 – 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21
21 16 12 11 10 11 11 12 11

Все 6 человек отличаются по своим гаплотипам от приведенного базового на 34 мутации, что дает $34/6/0.12 = 47 \rightarrow 50$ условных поколений (по 25 лет каждое) назад, или 1250 ± 250 лет от их общего предка. Это – примерно 762 ± 250 год. Как видно, это не противоречит годам жизни Рюрика или его именитого современника. Чтобы не быть голословным, упомянем о легенде, по которой предком линии N1c1, внедрившемся в поколения Рюриковичей, был Олаф Святой (он же Олаф Толстый), норвежский король (995-1030), о «тайной любви» к которому Ирины, жены Ярослава Мудрого, повествуют скандинавские саги. Его годы жизни тоже попадают в диапазон погрешности. Правда, для этого король Норвегии должен был принадлежать южно-балтийской ветви гаплогруппы N1c1, в значительной степени славянской, о чем речь пойдет ниже.

Надо еще раз подчеркнуть, что ДНК-генеалогия не может подтвердить или опровергнуть, относятся ли эти люди к «рюриковичам» или к «олафовичам» или к другим знатным родам, в ДНК это не записано. Но то, что найдено – уже очень немало. Что же касается конкретного фамильного происхождения этой группы – то здесь слово остается за «классической» генеалогией, хрониками, архивными материалами и так далее. Хотя, как мы уже видим, они тоже не оперируют абсолютной истиной.

Теперь, почему группа из шести человек, предполагаемые потомки Рюрика, принадлежит южно-балтийской ветви гаплогруппы N1c1, в значительной степени славянской, и что это означает?

В наших предыдущих работах, опубликованных в Вестнике, было показано, что большинство гаплотипов гаплогруппы N1c1 расходятся на две большие группы – угро-финскую и южно-балтийскую. Обе они довольно молодые, обе образовались в 1-м тысячелетии нашей эры. Каждая из них включает

несколько подветвей, и если эти подветви «огрубить», сложить, то эти две большие ветви имеют следующие базовые гаплотипы, угро-финский и южно-балтийский, соответственно (Клёсов, 2011с):

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 – 17 **10 10** 11 12 25 14 19 31 **13 13 14 14** – 11 11
18 19 14 15 18 19 36 36 13 10 – 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7 13
20 21 15 12 11 10 11 11 12 11 (угро-финский базовый гаплотип)

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 – 17 **9 9** 11 12 25 14 19 28 **14 14 15 15** – 11 11 18
20 14 15 17 19 36 36 13 10 – 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7 13 20
21 16 12 11 10 11 11 12 11 (южно-балтийский базовый гаплотип)

Общий предок всей гаплогруппы N1c1 по доступным гаплотипам опускается во времени до 4200 лет назад.

В данном контексте эти детали не столь важны, поскольку для цели настоящей работы нам важно знать, что ведущими признаками угро-финской ветви (в которой большинство финнов) служат двойка 10-10 (в DYS459) и четверка 13-13-14-14 (в DYS464) (выделены выше), а в южно-балтийской ветви (в которой большинство русских, украинцев, белорусов, поляков, литовцев, латышей, эстонцев) ведущие признаки - двойка 9-9 и четверка 14-14-15-15 [на самом деле обе четверки являются дуплексными двойками, 13-14 и 14-15, но для целей настоящей работы это не важно]. Эти признаки не являются абсолютными, как не являются абсолютными понятия «финн» и «русский», но в целом корреляция между ветвями и самоотнесениями к национальностям есть. Есть еще один признак – это снип-мутация L550+ в южно-балтийской ветви, и ее отсутствие, L550-, в угро-финской ветви, но пока такое тестирование проведено всего для 10% участников проекта N1c1.

Если мы посмотрим на приведенный выше базовый гаплотип предполагаемых рюриковичей, то видим те самые 9-9 и 14-14-15-15, характерные не для угро-финской, но именно для южно-балтийской ветви, которую в современной России представляют в основном этнические русские, славяне.

Иначе говоря, кем бы ни был общий предок княжеской линии предполагаемых рюриковичей гаплогруппы N1c1, он был не из каких-то мифических «немцев», «шведов» или «норманов», он был из предков современных славян. Не неким чужаком-наемником, а своим, призванным сформировать воинский гарнизон и его возглавить. Оттого и слова в летописи - «Земля наша велика и обильна, а *наряда* в ней нет». Те, кто

служил в армии и ходил в наряд, хорошо знают, что это такое. Тест можно было вполне перевести как «Земля наша велика и обильна, а воинского гарнизона в ней нет». Нет наёмников. Надо найти. В Европе это было обычным делом, но это никогда не считалось указанием, что жители были бестолковые, что у них не было порядка.

Однако стараниями «академических» историков повсеместно известно, что древние славяне были настолько бестолковы, настолько не могли навести у себя порядок, что пригласили хозяев со стороны, то ли немцев, то ли шведов. Во всех соответствующих учебниках приведен следующий текст, переложённый из «Повести Временных лет» (Лаврентьевской летописи) академиком Д.С. Лихачевым: «Земля наша велика и обильна, а порядка в ней нет».

Чтобы не уподобляться академическим источникам, приведем варианты этого короткого фрагмента из разных летописей, собранные К. Пензевым:

- «земля наша велика и обилна, а наряда у насъ нету (Синодальный список Новгородской Первой летописи)
- «Земля наша велика и обилна, а наряда в ней нетъ» (Лаврентьевская летопись)
- «Земля наша велика и обилна, а наряда въ ней нетъ (Ипатьевская летопись)
- «Вся земля наша добра есть и велика и изобилна всемъ, а нарядника в ней ньсть» (Типографская летопись)
- «Земля наша добра и велика есть, изъобилна всем, а нарядника в неи нет» (Никифоровская летопись)
- «Вся земля наша добра есть и велика и изобильна всем, а рядника в ней нет» (Пискаревский летописец)
- «Земля наша добра и велика есть, изобилна всимъ, а нарядника в неи нетъ» (Супрасльская летопись)

Как видно, перевод слов «наряд» и «нарядник» в то, что у славян нет порядка, принципиально меняет смысл сказанного.

Теперь дадим краткие сведения о князьях этой отдельной ветви на древе гаплотипов, основываясь на справочниках:

Вадбольский - ветвь белозерских рюриковичей.

Пузына - потомок князя Черниговского (ум. 1246).

Гагарин - от князей Стародубских.

Кропоткин - от князей Смоленских, рода Мономаха.

Путятин - от князей Друцких, потомков князя Слонимского.

Хилков – потомок князя В.Д. Хилкова, боярина и воеводы, внука основателя рода, ум. 1602 г., то есть относительно поздно по сравнению с «временами Рюрика»)

Никто из них документально не подтвержден как прямые потомки Рюрика, хотя все они считают число колен от последнего. Собственно, в данной работе нам это не важно, цель ее – показать, что они действительно относятся к одной ДНК-генеалогической линии.

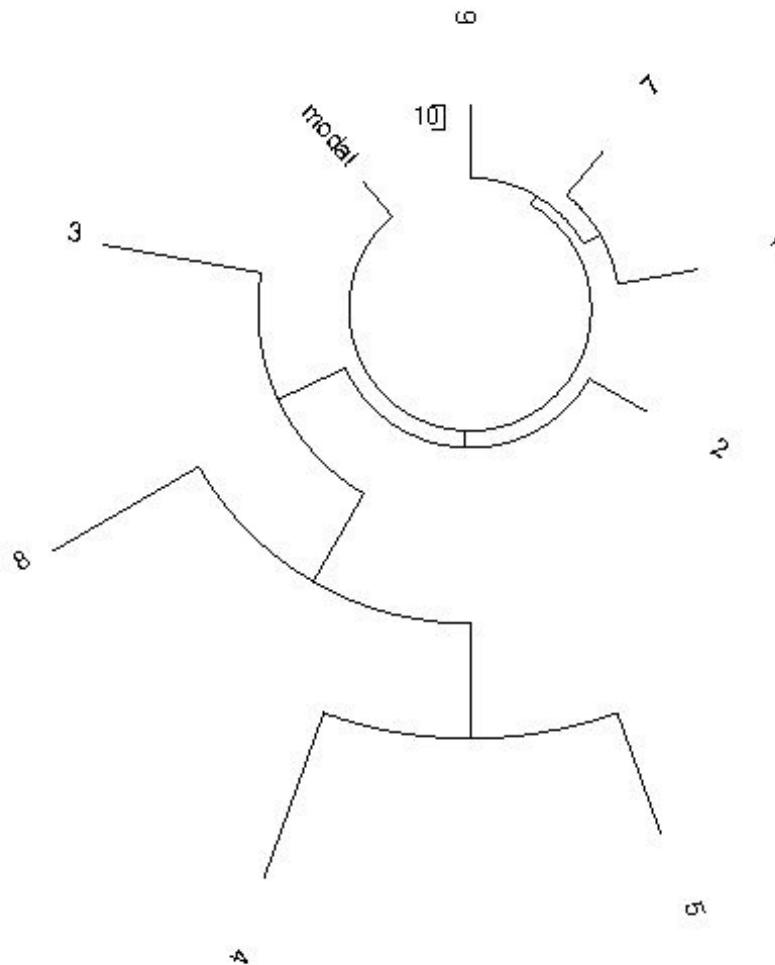


Рис. 2. Дерево 37-маркерных гаплотипов 8 человек гаплогруппы R1a, по одной из версий принадлежащих «потомкам Рюрика». 1 – князь Оболенский, 2 – князь Волконский, 3 – князь Шуйский, 4 – Карпов, 5 – князь Белозерский, 6 – Пентекост, 7 – князь Барятинский, 8 – князь Друцкой-Соколинский. Видно, что гаплотипы относятся к нескольким линиям, причем гаплотипы 3, 4, 5 и 8 к совершенно удаленным. Четыре гаплотипа в верхней части дерева (Оболенский, Волконский, Пентекост и Барятинский) имеют общего предка, который жил 1025 ± 290 лет назад.

Но это еще не все. Несколько князей, ведущих свои родословные от Рюрика, оказались в гаплогруппе R1a. Этого, конечно, в принципе и буквально не может быть, чтобы Рюрик относился к двум разным гаплогруппам. Либо линия N1c1, либо R1a отношения к Рюрику не имеет. Потому я так осторожен в отнесениях к «рюриковичам» выше. Претенденты на рюриковичей в группе R1a следующие: князя Оболенский, Волконский, Барятинский (все трое – от Черниговских князей), Друцкой-Соколинский (от Галицких князей), Белозерский (от Белозерских князей), Шуйский (от Суздальских князей), а также Карпов и Пентекост.

Соответствующие гаплотипы показаны на рис. 2. Любой мало-мальски знакомый с подобными деревьями гаплотипов немедленно заметит, что гаплотипы 3, 4, 5 и 8 происходят от древних общих предков. Действительно, если считать по всем восьми гаплотипам на круг, то общий предок всех жил примерно 3625 лет назад, а на самом деле еще раньше. Мутации у них скачут по всем маркерам, что немислимо для столь близких предков, конца первого тыс нашей эры. Ясно, что это – «сборная солянка».

К сожалению, Карпова, Шуйского, Белозерского и Друцкова-Соколинского приходится удалить. Не рюриковичи они. Точнее, не из того коллектива, да и при любом коллективе они друг с другом несовместимы по гаплотипам для того, чтобы их предком был Рюрик или его современник.

Остаются князя Оболенский, Волконский и Барятинский, а также Пентекост. На все их четыре 37-маркерных гаплотипа, то есть на 148 маркеров имеется всего 14 мутаций. Это дает $14/4/0.09 = 39 \rightarrow 41$ поколение, то есть 1025 ± 290 лет до общего предка. Это - 987 ± 290 год. В принципе, не противоречит возможному предку Рюрику, в пределах погрешности расчетов. Но, повторяю, загадка не решена, и методами ДНК-генеалогии, да и документальной генеалогии пока решена быть не может. Возможно, знала Ингигерда, жена Ярослава Мудрого и дочь шведского короля (1001-1050) и ободридской славянки, но унесла в могилу. Хотя она и представить не могла, что через тысячу лет ее имя начнут трепать в связи с возможной супружеской неверностью, и не просто так, а на основании данных ДНК.

Вот, собственно, и все «претенденты». В отношении «княжеской» ветви вывод остался тем же – это, безусловно, княжеская ветвь, но кто был ее общим предком в 1-м тысячелетии нашей эры – вопрос открыт. Это был, скорее всего, профессиональный военный, часть элиты общества, который дал потомственных профессиональных военных, опять же продолживших элиту. Был ли это Рюрик, или кто другой – вопрос опять же открыт. Да,

наверное, это не столь важно. Потомками были люди, служившие России. Военно-боевой состав высшего звена.

Литература

Клёсов, А.А. (2011a) ДНК-генеалогия современного «Великого князя Всея Руси». Опыт расследования. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 4, № 2, 403-418.

Клёсов, А.А. (2011b) Еще раз о ДНК-генеалогии русских князей гаплогруппы N1c1 и им «сопутствующих». Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 4, № 9, 1709-1715.

Клёсов, А.А. (2011c) «Угро-финская» и «южно-балтийская» ветви гаплогруппы N1c1 и их гаплотипы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 4, № 8, 1604-1626.

Рецензия на статью Н. Кисамова «Этническая принадлежность скифо-сарматов»

И. Рожанский

В предыдущем выпуске Вестника был опубликован обзор «Этническая принадлежность скифо-сарматов» [Kisamov, 2012], который немедленно вызвал жаркие споры и во многом справедливые обвинения в предвзятости. Проблема, вынесенная в заголовок, имеет долгую историю, и, помимо чисто академического интереса, затрагивает многие вопросы сегодняшнего дня. В первую очередь, это вопрос преемственности народов, населяющих огромные территории в центре Евразии, во всех ее аспектах: духовном, культурном, языковом, антропологическом.

Задачи краткого обзора и заявленный автором подход выглядят многообещающе на фоне вала однотипных спекуляций, тиражируемых в Сети, наподобие «аргумента конины» или «аргумента сапог». Упор на первичные данные, а не на интерпретации и чьи-то мнения могут только приветствоваться, хотя тезис о том, что *«отсутствие доказательств является положительным свидетельством отсутствия явления»* выглядит несколько двусмысленным. Он больше бы подошел к речи адвоката, которому надо убедить присяжных, что отсутствие орудия преступления в материалах дела является достаточным основанием к оправданию подзащитного. Научный подход отличается от судебного расследования, в частности, тем, что его задача – не вынести вердикт, а связать максимально большое число имеющихся фактов наименее противоречивым способом, и на основе полученной концепции объяснить факты, противоречащие другим концепциям и предсказать появление новых. Отсутствие «вещественного доказательства» здесь такой же точно аргумент, как и его наличие – оба должны органично встраиваться в общую схему. Например, то, что на территории Перу надписи как на испанском, так и на кечуа появляются только с 16-го века, вовсе не говорит, что последний там до того не существовал. Если привлечь больше фактов и сложить их вместе, то все они органично вписываются в предположение, что язык империи инков был бесписьменным, пока его не положили на латиницу миссионеры. Специально останавливаюсь подробно на этом тезисе, потому что в дальнейшем автор активно его использует в своей полемике.

Стиль изложения отличается комплексным охватом проблемы и широтой привлекаемых источников, что также выгодно отличает эту работу. Однако, по мере знакомства со статьей становится очевидным, что по многим вопросам автор не «дотянул» до им же выставленной планки, и

предлагаемые тезисы часто выглядят слишком декларативными, основанными на все тех же умозрительных «аргументах сапог» и подобных.

Поскольку одним из основных объектов критики является теория ираноязычия скифов и сармат, то хотелось бы вначале отметить основные мотивы, приведшие к тому, что она считается «мэйнстримом». Здесь и далее по ходу обсуждения под термином «ираноязычие», «иранские языки» и т.п. подразумевается принадлежность к определенной языковой группе, а не к географическому понятию «Иран» (букв. «страна ариев» в среднеперсидском). Рассматривать всех носителей этих весьма сильно различающихся языков как выходцев с территории современной Исламской Республики Иран, а сами языки – как дочерние к фарси, это такая же ошибка, как считать всех славян выходцами из Словении, а словенский язык как предок всех славянских. И в первом, и во втором случае современные названия государств – это плод творчества политиков 20-го века, и к лингвистическим категориям они имеют очень опосредованное отношение.

В своей критике автор вполне справедливо отмечает односторонность аргументов этой теории, поскольку она опирается почти исключительно на лингвистические реконструкции по обрывкам языков скифов и сармат, что дошли до нас, как правило, в виде личных имен, а также единичных глосс в древних текстах. Делать на основании таких доводов обобщения о языках и этнической принадлежности многочисленных народов, живших на огромной территории в течение нескольких тысячелетий – это явно строить замок на песке. Возвращаясь к гипотетическому случаю с перуанскими индейцами, это примерно равносильно тому, что объявить кечуа единственным языком, на котором они говорили до прихода конкистадоров, и выводить всю топонимику, личные имена и местные слова исключительно из кечуа, какими бы искусственными эти варианты ни казались.

С другой стороны, подобные обобщения – мера во многом вынужденная, поскольку из всех языков, бытующих сейчас в Центральной Азии, только иранские оставили эпиграфические памятники, уходящие во времена античности и ранее. Бехистунская надпись на древнеперсидском была высечена почти на тысячелетие раньше первых надежно расшифрованных тюркских рунических текстов. Ссылки автора на то, что есть более ранние письменные памятники на тюркских языках, пока что из области выдавания желаемого за действительное. Если число принципиально разных вариантов расшифровки надписи превышает число букв в ней, и их нельзя ни доказать, ни опровергнуть перекрестной проверкой, это означает, что надпись не дешифрована, и ее язык нам неизвестен. Из этого

вовсе не следует, что тюркских языков тогда не существовало (см. пример с кечуа), а в евразийских степях были в ходу только иранские. Просто в силу большей древности сохранившихся текстов и большего числа родственных языков иранисты в своих реконструкциях, фигурально говоря, вооружены бурильной установкой, тогда как тюркологи – штыковой лопатой. Как следствие, вольно или невольно, но вариантов иранской этимологии того или иного слова оказывается больше, чем в случае менее изученных «вглубь» алтайских языков. В этом, видимо, заключается одна из причин, почему многие специалисты считают неоспоримым фактом то, что иранские языки господствовали в степях от Дуная до Енисея вплоть до IV-V вв. н.э., и принципиально отказываются рассматривать все другие варианты. На деле это говорит скорее об ограниченности чисто лингвистических методов реконструкции, взятых в отрыве от остальных реалий, чем о большей обоснованности теории иранистов.

То, что с помощью таких методов не удастся проследить развитие тюркских языков далее, чем на 2 тысячелетия назад, – скорее правило, чем исключение в исторической лингвистике. Ничего обидного или унижительного в этом нет, вполне обычная ситуация. По-видимому, автор считает иначе, поскольку ничем, кроме эмоций, нельзя объяснить его постоянные уклонения от общепринятых правил ведения дискуссии при обсуждении вопросов, связанных с лингвистикой. Среди прочих, это ссылка на несуществующее в трудах Плиния Старшего слово *Tyrkae* (во всех возможных вариантах написания и грамматических формах), попытки оспорить отнесение осетинского языка к восточно-иранской группе с помощью избранных цитат из Абаева и ссылок на чье-то мнение вместо равноправного обсуждения конкурирующих гипотез, или тюркские этимологии, данные без рассмотрения альтернативных вариантов. Например, трактовка аккадского *ашкуза/ашгузай* (скифы) как тюркское «племя Ас-кижи или аское племя Ас-гуз» не учитывает тот факт, что это лишь один из вариантов этнонима, известного также как *ишкуза* и *ишкудра*. Во флективных семитских языках варианты с разными начальными гласными практически равноправны, но в агглютинативных тюркских это должны быть разные слова, и необходимы дополнительные данные, чтобы выяснить, какая начальная гласная была в исходном этнониме. В греческом аналоге Σκῦθοι начальной гласной нет вообще, так что версия с «племенем Ас» повисает в неопределенности. Очень возможно, вариант с начальной гласной – это не более, чем адаптация этнонима к аккадскому языку, не терпящему кластеров согласных в начале слова [И. Бызов, частное сообщение], примерно как в японском, не терпящим закрытых слогов, английское *hot dog* произносится (и записывается) как *хотто доггу* (ホットドッグ).

Второй признак совершенно неуместного эмоционального накала – это прием дискуссии, известный как «апелляция к городовому». В данном случае он выглядит как ссылки на политику и политический заказ на ту или иную трактовку. Это вполне допустимо при описании истории науки, но никак не может быть использовано в качестве равноправного тезиса для обоснования своей концепции. К примеру, генетика подвергалась не меньшим гонениям, чем некоторые школы в лингвистике, но ни один из активно работающих биологов не станет ссылаться на это, если в ходе обсуждения не сможет в должной мере обосновать свои результаты. Если вместо того, чтобы их пересмотреть и дополнить, он станет переводить разговор на тему былых репрессий, личных пристрастий и т.п., его просто перестанут воспринимать всерьез, даже если он 1000 раз прав. Несомненно, в гуманитарных науках политический заказ порой играет немалую роль, но частые ссылки на него – это явный знак слабости собственных аргументов. Надо убеждать оппонентов реальными данными, а не выкручиваться и не забалтывать тему.

Следовательно, можно заключить, что автор не сумел представить достаточно убедительные доказательства своей гипотезы с позиций исторической лингвистики. С другой стороны, аргументация сторонников ираноязычия скифов/сармат также весьма далека от той убедительности, как ее подают. В отрыве от других данных, при слишком вольной их интерпретации или игнорировании новых фактов вся концепция превращается в разновидность «поиска под фонарем». Это было бы вполне естественно, если бы, фигурально говоря, фонарь был единственным источником света. Однако, объем имеющейся информации уже таков, что реакция сторонников «мэйнстрима» на приток новых данных смотрится порой как бегство от действительности. Мы, мол, и так знаем, что там в тени, выключите фары!

Вторая группа аргументов, представленных автором, касается этнографии и культурологии. Они достойны самого пристального внимания, поскольку позволяют получить информацию, не зависящую от той или иной трактовки дошедшего до нас лингвистического материала. С их помощью можно разорвать порочные логические круги, что неизбежны при работе с малым объемом исходных данных. Особенно ценными представляются данные о том, как формирование кочевого уклада хозяйства взаимосвязано с усложнением социальных отношений внутри сообществ. Несмотря на кажущуюся простоту быта, кочевой уклад хозяйства в его «классическом» центральноазиатском варианте возможен лишь при высоком уровне ремесел, что позволяют изготавливать специализированную утварь, и налаженной торговле, без которой эти сообщества не смогли бы существовать. Так что совсем не случайно слово «товар» относится к

одному из самых ранних заимствований из тюркских в славянские языки. Хотелось бы в дальнейшем увидеть более глубокую проработку этой темы с привлечением большего объема исходных данных. Помимо того, было бы желательно увидеть более четкое определение, кто понимается под тюрками в том или ином контексте. Пока что складывается впечатление, что автор передвигается от одного определения к другому, что делает всю дискуссию весьма аморфной. По контексту под тюрками понимаются то носители гипотетического прото-алтайского языка, то обладатели группы крови В, то народы, хоронившие покойников в курганах, и т.д., и т.п. При этом никак не оговаривается, насколько все эти признаки пересекаются во времени и пространстве, и как все это связано с языками. Ситуация усугубляется совершенно неуместным для научного жанра эзоповым языком в некоторых пассажах. Например, рецензенту так и не удалось узнать, кто такой «Лорд пробелов» и что за обзор по скифам и сарматам он написал. А ведь критика этого загадочного труда – один из краеугольных пунктов в доводах автора. И это далеко не единственный пример.

Наконец, третья группа аргументов – это данные антропологии и генетики. Оставим разбор антропологии тюрков и не-тюрков для специалистов, и перейдем к ДНК. Если коротко, то автор выдвигает следующие аргументы:

- а) кочевой уклад хозяйства способствовал положительной селекции при наследовании мутированного гена лактозной интолерантности; потому он характерен для тюркоязычных народов, но почти отсутствует у земледельцев Индии и Ирана;
- б) многие тюрки унаследовали (рецессивные) гены светлых волос и светлых глаз от носителей гаплогруппы N, как и исторические скифы/сарматы, но эти гены отсутствуют у индийцев и иранцев;
- в) популяционно-генетический анализ по принципиальным компонентам помещает тюрков ближе всех к ископаемым ДНК представителей «курганной культуры»;
- г) «спектр генетических примесей» в исследованных популяциях тюркских народов таков, что его можно объяснить только тем, что все они происходят от скифов/сармат;
- д) современное распространение митохондриальной гаплогруппы X предполагает, что ее несли с собой представители тюркских народов;
- е) ареал распространения группы крови В в Евразии совпадает с границами ранних тюркских государств.

Все эти аргументы – из области популяционной генетики, что сразу отсекает возможность привязки их к шкале времен и оставляет слишком много простора для субъективных интерпретаций. Более того, даже в таком усеченном варианте автор сам себе противоречит. Достаточно сравнить доступные в Сети карты, отображающие восприимчивость к лактозе (пункт

«а», Рис. 1), митохондриальную гаплогруппу X (пункт «д», Рис. 2) и группу крови В пункт «е», Рис. 3) в аборигенных популяциях мира.

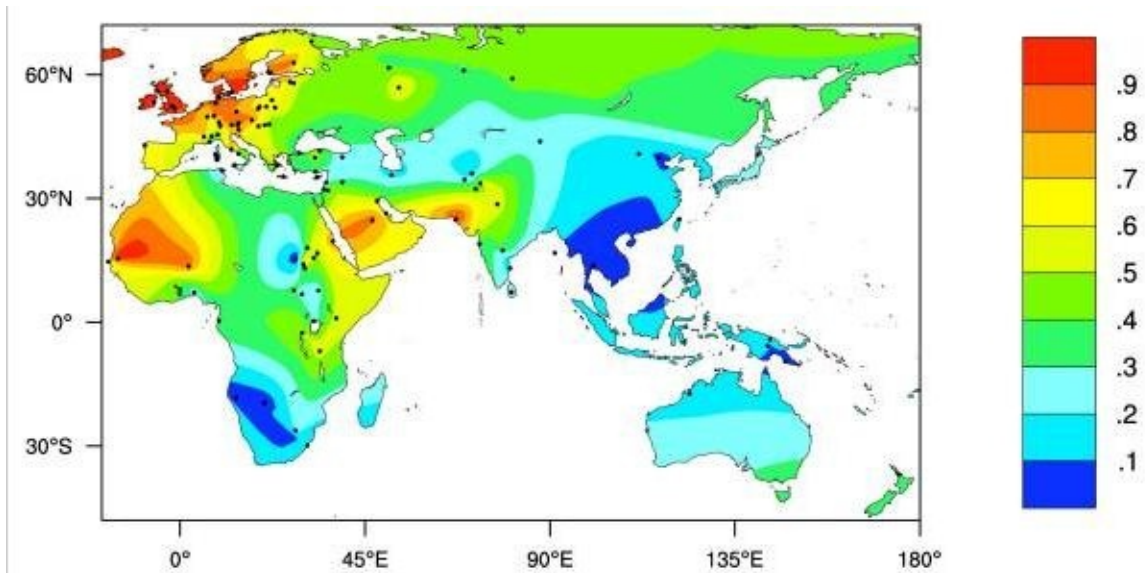


Рис. 1. Распространение восприимчивости к лактозе в популяциях Старого Света [Itan *et al.*, 2010].

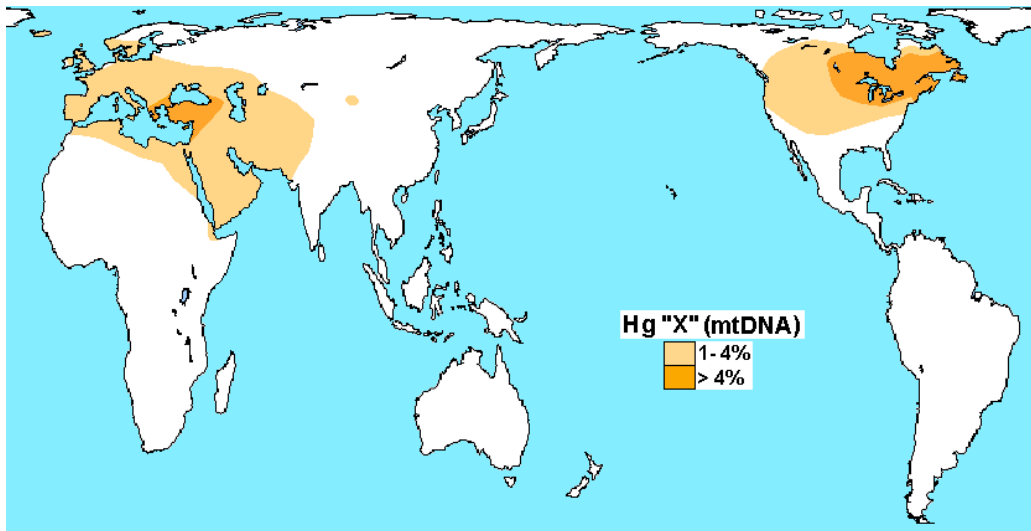


Рис. 2. Распространение митохондриальной гаплогруппы X в аборигенных популяциях.

[http://pandapedia.com/wiki/Haplogroup_X_\(mtDNA\)](http://pandapedia.com/wiki/Haplogroup_X_(mtDNA))

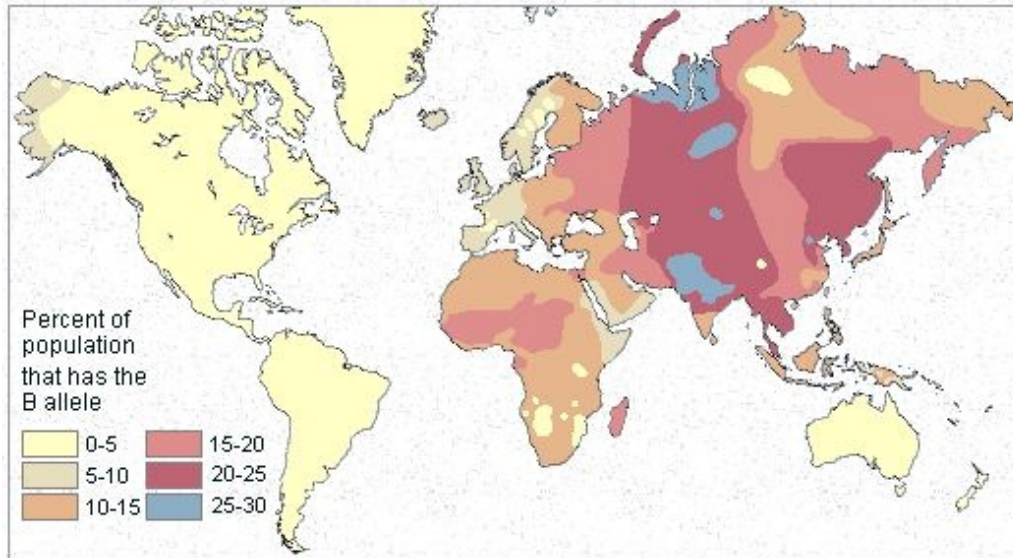


Рис. 3. Распространение группы крови В в аборигенных популяциях. http://anthro.palomar.edu/vary/vary_3.htm

Карты настолько различны, что непонятно, каким образом автор увязывает все три тезиса вместе - там явно какие-то разные тюрки, причем все больше земледельцы Западной Европы и севера Индии. Очевидно, современное распределение этих генетических признаков - результат не какого-то одного, а многих процессов, растянувшихся на тысячелетия. При столь большом числе входящих параметров практически невозможно выделить вклад кочевых народов, если такой был, не говоря уж о языках, на которых они говорили. То же самое можно сказать о распределении генов, отвечающих за светлые глаза и волосы (пункт «б»). Более того, автор в этом контексте повторяет типичное заблуждение популяционных генетиков, приписывая распространение этих генов вносителям Y-хромосомной гаплогруппы N, составляющей значительный процент среди кочевых народов. К сожалению, даже после многочисленных провалов популяционные генетики все еще не избавились от привычки считать, что те или иные генеалогические линии зародились там, где их представителей СЕЙЧАС больше всего. Действительно, сплошь светловолосые финны на 60% принадлежат к гаплогруппе N, но на территории Финляндии ее история очень коротка - чуть больше 2000 лет с начала распространения. Еще менее вероятно, что ген светловолосости был принесен в Финляндию носителями гаплогруппы N откуда-то еще, поскольку представители самых старых ее ветвей - типичные монголоиды: монголы, якуты, маньчжуры, корейцы.

Итак, четыре популяционно-генетических тезиса из шести никак не подтверждают концепцию автора о тюркоязычии скифов и сармат. Как,

впрочем, и не опровергают. Просто говорят о совершенно разных вещах. Остаются еще два положения - о генетической близости носителей курганной культуры (*sic*) и современных тюркоязычных народов Центральной Азии (пункт «в») и загадочный «спектр генетических примесей» (пункт «г»).

Первый из них сформулирован так, что может создаться впечатление, как будто проводили исследование останков, найденных в курганах по всей протяженности евразийских степей. На деле ссылки указывают на курганы Минусинской котловины на юге Сибири с захоронениями, датированными от 3800 до 1600 лет назад [Keyser *et al.*, 2009]. Метод, который использовали для сравнения ископаемой Y-ДНК с данными по современным популяциям, страдает крайне низкой разрешающей способностью. Его суть заключается в том, что вычисляются среднее значение и дисперсия в каждом из маркеров в выборке гаплотипов, взятых без разделения по ветвям, и далее рассчитывается матрица коэффициентов корреляции этих усредненных значений для каждой из пар популяций. В результате ее статистической обработки находят т.н. принципиальные компоненты, которые представляют из себя линейные комбинации этих усредненных величин, что дают наибольшее расхождение между крайними точками в соответствующей шкале координат. Их и сравнивают. Когда в ходу были 4-, 5-, 6-маркерные гаплотипы, такой «блендер» мог дать представление о взаимном родстве популяций, более-менее адекватное качеству исходных данных, но для 17-маркерных гаплотипов, использованных в процитированной работе, он дает совершенно неоправданное закругление. Как правило, на таких корреляционных графиках популяции группируются по территориальному признаку – хакасы с монголами, узбеки с таджиками, турки с армянами, и т.п. Так что нет ничего удивительного, что принципиальные компоненты в гаплотипах древних жителей Южной Сибири (уже усредненных за счет разных датировок) и их вероятных потомков оказались близки. Так ли это будет при анализе находок из других курганов, за пределами Сибири, пока неизвестно.

С другой стороны, авторы оригинальной работы [Keyser *et al.*, 2009] при обсуждении результатов прибегли к циклическому аргументу. Сначала они постулировали, что образцы из Красноярского края принадлежат носителям «курганной культуры», а значит, результаты ДНК-анализа представляют «курганную культуру» и, следовательно, те люди были ираноязычными. На самом деле, данные по ископаемой ДНК также пока не дают прямого указания, на каких языках могли говорить те люди.

Наконец, аргумент о «спектре примесей» выглядит совсем невразумительно, поскольку неясно, что автор имеет в виду. Похоже, это эвфемизм того, что

среди тюркских народов встречаются едва ли не все известные гаплогруппы, ни одна из которых не является доминирующей. Вот пример, не претендующий на репрезентативность, но весьма показательный. Это список из 259 гаплотипов с казахского проекта FTDNA и проекта Turkic World, рассортированных по гаплогруппам: А - 1, С - 75, D - 2, Е - 6, G - 30, I - 2, J1 - 2, J2 - 10, L - 1, N - 24, О - 8, Q - 14, R1a - 64, R1b - 17, R2 - 2, Т - 1. Каким образом из этого «вавиллона» можно сделать вывод, что все перечисленные в проектах народы (азербайджанцы, алтайцы, башкиры, казахи, каракалпаки, карачаевцы, киргизы, ногайцы, татары, турки, узбеки, хакасы) происходят от скифов-сарматов, никак не объясняется. Как и в ряде других доводов, это просто постулируется.

Итак, аргументы из области популяционной генетики ни усиливают, ни ослабляют концепцию автора в сравнении с трактовкой «мэйнстрима». Как и в случае с лингвистикой и этнографией, первичные данные могут интерпретироваться по-разному, в зависимости от заданной установки. Причем в качестве критерия правильности используются не другие факты, а их интерпретации, интерпретации интерпретаций, и далее по кругу. К сожалению, порочные логические круги преследуют обе конкурирующие гипотезы, как бы (внешне) убедительно ни говорили их сторонники.

Чтобы как-то вывести ситуацию из патового положения, нужны новые данные, что дали бы абсолютную привязку, не зависящую от чьего-либо мнения и заранее заданной установки. Автор делает такую попытку в заключительной части статьи, и обсуждает вариант с миграциями ариев из Европы в сторону Индийского субконтинента, не упоминая, правда, при этом, откуда он почерпнул такие сведения и цифры [см., например, Klyosov and Rozhanskii, 2012]. В основе концепции - экспериментально доказанное географическое распределение и датировки гаплогруппы R1a, точнее, ее субклада R1a1a1b2 (в текущей нотации ISOGG), характеризуемого снипом Z93 (Рис. 4). Правда, автор излагает эту гипотезу очень сумбурно, прибегая к таким типично журналистским приемам, как сарказм, эзопов язык и фигуры умолчания. К примеру, на 44-х страницах текста он сумел не упомянуть ни разу гаплогруппу R1a, даже когда речь шла непосредственно о ней. Например, в абзаце, начинающемся с *«предки индоиранцев, с их флективными ПИЕ языками, начали свой путь как земледельцы-беженцы из Центральной Европы...»*, излагается путь миграции, из которого непонятно, как эти «индоиранцы» (эвфемизм для R1a?) прошли через Южный Урал и Среднюю Азию, не внося никакого вклада а демографию народов евразийских степей. По воздуху перелетели?



Рис. 4. Географическое распределение носителей субклада (Z93), согласно информации из коммерческих баз данных.

Если снять табу с аббревиатуры R1a и посмотреть на карту ветви Z93 (Рис. 4), то прекрасно видно, что никаких замысловатых сценариев придумывать не надо – среди прямых потомков тех древних переселенцев немало представителей тюркских народов. У киргизов, алтайцев, башкир и карачаевцев субклад R1a1a1b2 вообще на первом месте по распространенности. Далее, в пп. 15 и 16 своей статьи автор довольно убедительно повествует о краниотипах и генах из захоронений Сибири и Синьцзяня, но почему-то «стесняется» назвать Y-хромосомную гаплогруппу, безусловно доминирующую у них всех – это R1a1a (M17). Если перейти к современности, то становится непонятно, как концепция автора стыкуется с существованием таких кочевых народов, как белуджи и пуштуны, говорящих на иранских языках и имеющих высокую долю R1a? Среди пуштунов, кстати, не так уж редки голубые или зеленые глаза. Что же получается? Автор с сарказмом обвиняет «иранистов» в умолчаниях и сокрытии фактов, а сам в угоду одному из своих тезисов (отсутствие родства между тюркскими и индо-иранскими народами) «заметает под ковер» любой намек на неудобные ему обстоятельства. Ничего, кроме подрыва доверия к гипотезе как таковой, такая манера не вызывает. Тем более, не так страшен черт, как его малюют, и большой процент R1a у тюрков – еще не смерть всей концепции.

В намерения рецензента не входит подробная проработка этногенеза тюркоязычных народов, равно как и выяснение, кем на самом деле были скифы – это отдельная большая работа. Могу предложить лишь несколько реперных точек, которые должны присутствовать в любом из вариантов.

1. Одна из самых представленных генеалогических линий у народов Центральной Азии и Индийского субконтинента - юго-восточная ветвь гаплогруппы R1a (R1a1a1b2a1 в нотации ISOGG).
2. Ее предок жил 4700±500 лет назад, вероятно, в Восточной Европе, а его потомки в настоящее время составляют большой процент среди носителей иранских (пуштуны, таджики), индоарийских (пенджабцы, хиндустанцы) и тюркских (киргизы, башкиры, татары, карачаевцы) языков.
3. По данным лексикостатистики, начало распада прото-индоиранских диалектов приходится на 4400-4800 лет назад, в зависимости от метода оценки. Это почти в точности совпадает с началом расхождения юго-восточной ветви R1a.
4. По данным археологии, зарождение кочевого уклада хозяйства в его «классическом» варианте – конец бронзового века, т.е. не ранее, чем 3000 лет назад. Носителей андроновской и современных ей культур нельзя было еще назвать кочевниками в принятом сейчас смысле.
5. По данным ДНК-генеалогии, потомками кочевых народов Великой Степи начала нашей эры можно назвать носителей генеалогических линий из гаплогрупп C3, G1, G2a1, N1b, N1c1, O3, Q1a2, Q1a3, R1a1a1b2a1 (L342.2), R1b1a1 (M73) и R1b1a2a1 (L150+, M51-). Другие линии можно считать минорными, по состоянию на сегодняшний день.
6. Распад протоалтайской языковой общности, к которой относится и тюркская семья, по реконструкции лингвистической школы С. Старостина, начался 7000-8000 лет назад на северо-востоке современного Китая. Впрочем, другие течения в исторической лингвистике отрицают сам факт существования этого события, как и родства соответствующих языковых семей. В любом случае, это задолго до освоения «классического» кочевого уклада.
7. По данным глоттохронологии, распад диалектной общности, давшей начало современным тюркским языкам, начался 2200-1800 лет назад, в зависимости от метода оценки. Попытки удревнить эту датировку до сих пор были неубедительны.

Приведенные выше 7 пунктов можно считать обоснованными фактами, кроме, возможно, все еще спорной алтайской гипотезы (п. 6). Любая из предложенных гипотез об этническом составе скифов/сармат не должна им противоречить.

Чисто внешне, эти пункты указывают, что распространение тюркских языков (и алтайских вообще) происходило во многом за счет языковых переходов. Видимо, освоение кочевого скотоводства работало как интегрирующий фактор, но детали и датировки этого процесса еще предстоит выяснить. Пока что видны 3 основных узла – выделение древнего прототюркского языка, о котором почти ничего неизвестно (около 7000 лет назад); интеграция разноязычных народов Степи в племенные союзы и вытеснение минорных языков языками межплеменного общения (от 4000 до 2000 лет назад); и начало доминирования тюркских диалектов как *lingua franca* региона (2000 лет назад).

В зависимости от деталей этих процессов вполне может оказаться, что правы будут обе спорящие стороны, как это часто бывает в науке. Хотелось бы пожелать участникам диалога работать в более конструктивном стиле, а не ввязываться в обмен ударами и захватами в клинч.

Литература

Itan Y., Jones B.L, Ingram C.J., Swallow D.M., Thomas M.G. (2010) A worldwide correlation of lactase persistence phenotype and genotypes. *BMC Evol. Biol.*, published online Feb. 9.

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2834688/?tool=pubmed>

Keyser C., Bouakaze C., Crubézy E., Nikolaev V.G., Montagnon D., Reis T., Ludes B. (2009) Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. *Hum. Genet.*, 126, 395–410

Kisamov N. (2012). Этническая принадлежность скифо-сарматов. – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 5, №8, 979-1012.

Klyosov A.A. and Rozhanskii I.L. (2012) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the Legendary Aryans as Witnessed by the DNA of Their Current Descendants. *Advances in Anthropology*, 2, No. 2, 1-13.

Сетевые ресурсы

ДНК-проект Казахстана

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

ДНК-проект Татарстана

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

ДНК-проект Турции

<http://www.familyreedna.com/public/turkey/default.aspx?section=yresults>

ДНК-проект Turkic World

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

ДНК-проект карачаевцев и балкарцев

<http://www.familyreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>

ДНК-проект Азербайджана

<http://www.familyreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>

Влияние орбитальных параметров Земли и Луны на климат и миграции человека

В.П.Юрковец

v.yurkovets@gmail.com

The article deals with the cosmic reasons for an alternation of Glaciations and Interglacials with a period of 26,000 years, and the reasons for the small 2000-year cycle, responsible for an alternation of Moisturizing and Aridization of Moderate zone.

Средняя величина теплового потока, идущего из недр Земли, равняется 63 эрг/с x кв.см. Среднее количество тепла, которое Земля получает от Солнца равно 340000 эрг/с x кв.см. (Verhoogen, et al, 1970). Т.е. - почти на четыре порядка больше. Других источников тепла, поступающего на поверхность Земли, нет. Следовательно, причину смены межледниковий оледенениями (и наоборот) следует искать в механизмах изменения теплового потока, идущего от Солнца. Величиной собственного теплового потока Земли в данном случае можно пренебречь.

Количество солнечной радиации в некоторой точке Земли зависят от широты, времени года, положения Земли на своей орбите относительно Солнца. Два первых параметра (широта и дата) сами по себе на освещённость не влияют. Изменения в количестве тепла зависят от вариаций в орбитальных параметрах Земли, и они хорошо известны. Это, во-первых, изменение эксцентриситета (эллиптичности) орбиты Земли, которое, в связи с изменением расстояния между Солнцем и Землёй, влияет на общее количество тепла, поступающего на Землю. При изменении эксцентриситета количество тепла, падающего на Землю, также будет меняться, т.к. в афелии Земля удаляется от Солнца, а в перигелии приближается. Чем больше эксцентриситет, тем больше амплитуда изменений. Во-вторых, вариации угла наклона земной оси, от которых зависит контрастность сезонных различий. При увеличении угла наклона контрастность увеличивается, при уменьшении наоборот - уменьшается. И, в-третьих, смещение равноденствий (прецессия равноденствия), которое приводит к тому, что положение северного и южного полушарий Земли относительно Солнца в любой точке земной орбиты (в том числе в перигелии, афелии, весеннем и осеннем равноденствиях) в течение полупериода прецессии меняется на противоположное.

Полный цикл изменения эксцентриситета завершается в течение 92 тысяч лет. Период изменения угла наклона земной оси равен 40 тысячам лет. Цикл прецессии равноденствия составляет 26 тысяч лет (Verhoogen, et al, 1970).

В течение года зима на нашей планете наступает дважды – один раз в северном полушарии, второй раз в южном. Любой астрономический эффект, при прочих равных условиях понижающий температуру зимой, приведёт в целом к увеличению распространения снежного и ледового покрова в том полушарии, в котором имеет место понижение температуры. В результате из-за увеличения отражательной способности, которая у снега достигает 80%, некоторая доля лучистой энергии Солнца будет отражаться обратно в космос. Следствием этого станет увеличение продолжительности зимнего сезона, поскольку уменьшится количество солнечной радиации, поглощаемой Землёй. Таким образом, всякое уменьшение зимних температур включает положительную обратную связь в виде увеличивающегося альбедо, которое ещё больше понижает температуру и увеличивает продолжительность зимы.

Очевидно, что механизм положительной обратной связи в случае увеличения эксцентриситета орбиты Земли включается для всех климатических поясов (чем дальше от Солнца, тем меньше энергии) пропорционально изменению количества солнечной радиации.

При увеличении угла наклона земной оси границы северного и южного полярных кругов опустятся до более низких широт, а границы северного и южного тропиков соответственно поднимутся. В результате область полярной ночи несколько сместится в сторону экватора в обоих полушариях. Угол наклона земной оси вращения варьирует в пределах от 21,97 до 24,60 градуса. Эти изменения охватывают в совокупности в северном и южном полушариях всего около 0,3% площади поверхности Земли. Следовательно, вариации наклона земной оси причинами глобальных оледенений быть не могут. Область их климатического воздействия ограничивается только Арктикой и Антарктикой.

Чередование сезонов года на нашей планете также обусловлено наклоном орбиты Земли, который в настоящее время составляет 23,5 градуса. Количество солнечной радиации поступающей на Землю за год в течение десятков и сотен лет можно считать величиной постоянной. Однако её распределение по полушариям не всегда одинаково. Оба полушария получают одинаковое количество солнечного тепла только в том случае, если ось вращения Земли перпендикулярна большой оси земной орбиты в перигелии и афелии. Такое (среднее) положение было немногим более 6

тысяч лет назад и вновь повторится, только с обратным положением оси вращения, примерно через такой же промежуток времени. Как сказано выше, связано это с прецессией равноденствия, которая приводит к тому, что через половину цикла прецессии наклон земной оси в перигелии и других характерных точках – афелии, весеннем и осеннем равноденствиях, изменяется на 180 градусов.

В настоящее время при прохождении точки афелия к Солнцу обращено северное полушарие. Соответственно, при прохождении перигелия к Солнцу обращено южное полушарие. В афелии, как наиболее удалённой от Солнца точке, Земля в целом получает меньше тепла, чем в перигелии. Это означает, что ныне лето в южном полушарии жарче, а зима – холоднее. А в северном полушарии наоборот - зима мягче, а лето холоднее. Следовательно, включение положительной обратной связи в виде увеличения площадей с повышенным альбедо (снежным и ледяным покровом) происходит сейчас в южном полушарии. Поэтому в настоящее время в южном полушарии закономерно наблюдается оледенение, представленное ледниковым щитом Антарктиды, а в северном, соответственно - межледниковье.

К этому можно добавить, что ледниковый щит Антарктиды в настоящее время занимает площадь около 14 миллионов квадратных километров. В нём сосредоточено до 90% всего льда планеты - в 10 раз больше, чем в гренландском щите. Максимальная толщина ледникового купола Антарктиды – 4800 метров, что почти в два раза превышает максимальную толщину ледниковых щитов прошедшего Валдайского оледенения в северном полушарии. Большему развитию оледенения в южном полушарии препятствует отсутствие в нём суши в южной половине средних широт – там, где в северном полушарии распространены огромные пространства Евразии и Северной Америки. Поэтому, в частности, оледенение в южном полушарии не приводит к существенному понижению уровня Мирового океана.

В северном полушарии оледенение закончилось около 10 тысяч лет назад. В настоящее время мы приближаемся к пику прецессионного события, когда ось вращения Земли в перигелии и афелии будет расположена строго вдоль линии Земля-Солнце. Следствием этого будет максимальное оледенение в южном полушарии и пик потепления в северном полушарии.

Суммируя вышесказанное можно сделать следующие выводы.

Причиной оледенений является сумма двух факторов – прецессии оси вращения Земли и вариации эксцентриситета её орбиты. При этом прецессия обуславливает чередование оледенений и межледниковий, а

вариации эксцентриситета отвечают за контрастность ледниковых фаз - при увеличении эксцентриситета контрастность увеличивается, а при уменьшении понижается.

Вариации угла наклона приводят к изменениям зимних температур только в полярных областях и на размах оледенений практически не влияют. И определённо не влияют на периодичность.

Периодичность оледенений (и межледниковий) определяется только прецессией и составляет 26 тысяч лет.

В южном и северном полушариях оледенения сменяются межледниковьями в противофазе - когда в северном полушарии имеет место оледенение, в южном полушарии в это же время наблюдается межледниковье, и наоборот. При этом размах оледенений в южном полушарии ограничен отсутствием суши в южной части средних широт. Кроме того, развитие оледенения даже на относительно небольшой (по сравнению с сушей северного полушария) площади Антарктиды имеет свои ограничения. Увеличение в результате аккумуляции мощности ледового щита компенсируется ускорением гравитационного стока льда в море в виде айсбергов. Главным образом поэтому сколько-нибудь существенного понижения уровня Мирового океана при оледенении в южном полушарии не происходит.

На климат нашей планеты серьёзное влияние оказывает ещё один астрономический фактор - конstellации орбит Земли и Луны в перигелии. Раз в 2000 лет в перигелии проекция большой оси лунной орбиты на эклиптику совмещается с линией Солнце-Земля. Вследствие этого происходит суммирование приливных сил Луны и Солнца с увеличением общей приливной силы на 12% относительно минимальных значений. Это приводит к возникновению в океанах внутренних волн, поднимающих к поверхности массы холодной воды, которая охлаждает и насыщает влагой атмосферные потоки. Что, в свою очередь, приводит к глобальному похолоданию и увлажнению климата Земли в целом. Это явление было открыто в начале прошлого века шведским климатологом и океанологом Петтерсоном (Pettersson, 1914). Вероятно, в формировании глубинных волн существенную роль играют газогидраты дна океанов, в обычных условиях находящиеся в равновесном состоянии (Kennett et al., 2000). При уменьшении давления, вызванного приливными силами, газогидраты начинают «шампанить», увлекая за собой донные массы холодной воды, вызывая зафиксированные Петтерсоном последствия.

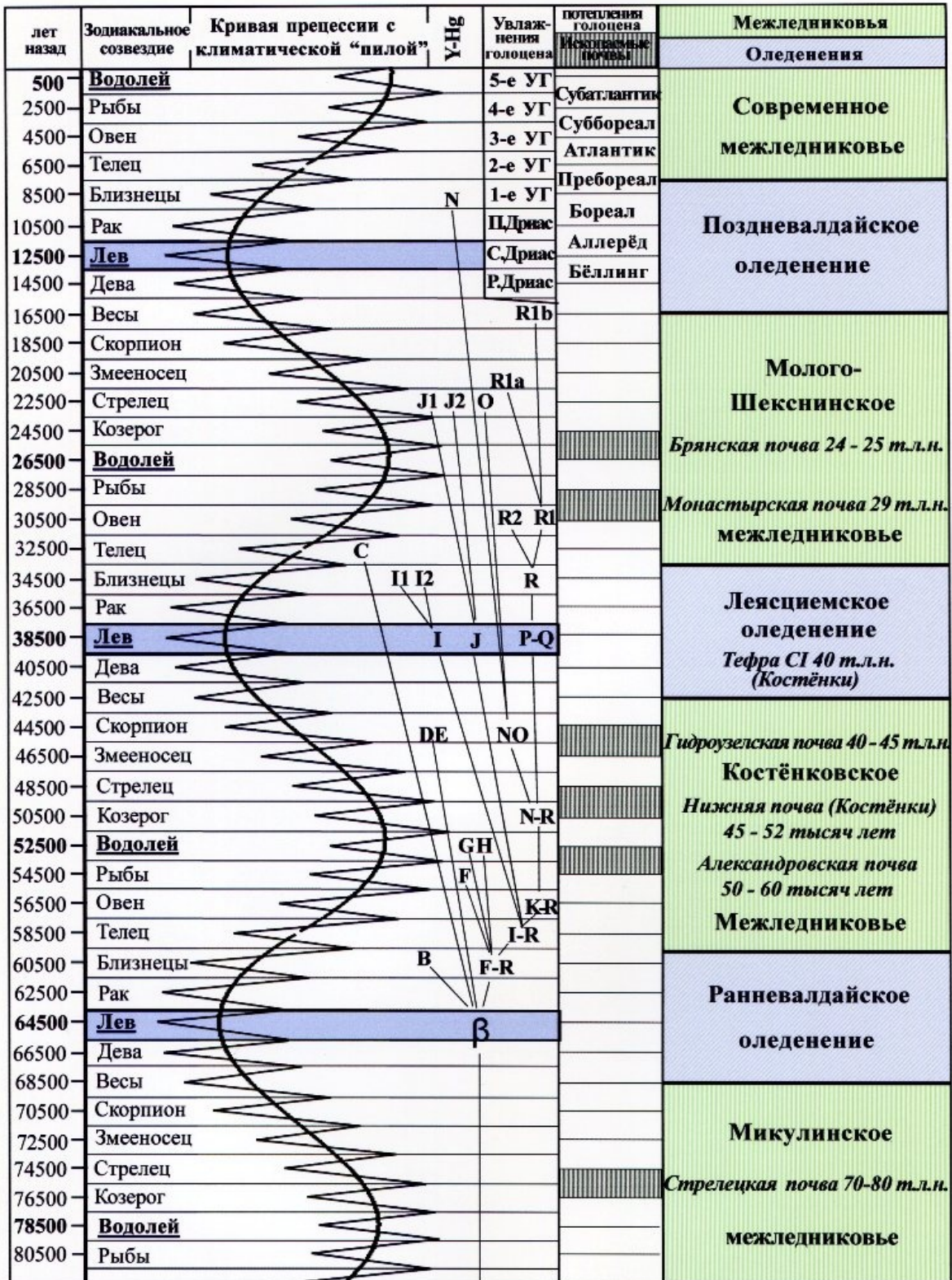
Высокая климатическая контрастность 2000-летнего цикла доказана исследованиями террас внутренних водоёмов Земли (Шнитников, 1969; Матюшин, 1996, Янина, 2009). Так, диапазон колебаний Каспийского моря, обусловленные этим циклом, превышает 70 метров в голоцене и 150 метров в период последнего оледенения.

В периоды между констелляциями климат Земли в целом дрейфует в сторону аридизации и, как следствие, к климатическим кризисам в зоне умеренного климата. Климатические пояса смещаются к северу, за счёт степей разрастаются пустыни, лесостепи становятся степями, граница лесной зоны смещается в более высокие широты. Уровни внутренних водоёмов падают, мелеют и исчезают реки, население перебирается на более низкие террасы. Кроме того, за счёт таяния материковых ледников несколько повышается уровень Мирового океана. Последнее означает, что при всей несопоставимости амплитуд, колебание уровней Мирового океана и внутренних водоёмов, обусловленное малым 2000-летним циклом, происходит в противофазе. Амплитуды становятся сопоставимыми, если сравнивать колебания уровня Мирового океана, обусловленные большим циклом, и колебания уровней внутренних водоёмов, обусловленные малым циклом.

Ниже в **Таблице 1** большой прецессионный цикл представлен в виде синусоиды с периодом 26 тысяч лет, на которую как на ось (в виде пилообразной кривой) наложен график малого 2000-летнего цикла. Справа от синусоиды находится Филогенетическое дерево Y-хромосомы, построенное по данным Клёсова и Рожанского (Klyosov, Rozhanskii, 2012). Ещё правее – климато-литологическая колонка, включающая в себя схему Блитта-Сернандера, возрасты ископаемых почв Русской равнины (Сычева и др., 2007; Симакова, 2008; Anikovich et al, 2007) и схему чередования оледенений и межледниковий в северном полушарии. Сопоставление этих данных показывает, что кроме Молого-Шекснинского межледниковья, которому соответствуют брянская и монастырская почвы, в период Валдайского оледенения имело место ещё одно межледниковье, которое маркируют гидроузелская почва, нижняя почва Костёнок и александровская почва. Это межледниковье в таблицах обозначено рабочим названием «Костёнковское».

Слева от кривых находятся две шкалы, обозначающие временную (количество лет назад) и пространственную (проекция положения Земли на небесную сферу) координаты. Пространственная координата показывает проекцию положения Земли на небесную сферу относительно восходящего Солнца в день весеннего равноденствия. Временная координата – время прохождения центра того созвездия, которое в данную эпоху находится в точке восхода. В качестве точки отсчёта выбрана долгота комплекса Гизы в Египте, где когда-то, как считается, было открыто явление прецессии (Юрковец, 2010).

Таблица 1. Климатические корреляции. Русская равнина



В Таблице 2 показано сопоставление климатических кривых с ненарушенным почвенно-лессовым разрезом Западной Сибири за период 130 тысяч лет.

Таблица 2. Климатические корреляции. Западная Сибирь

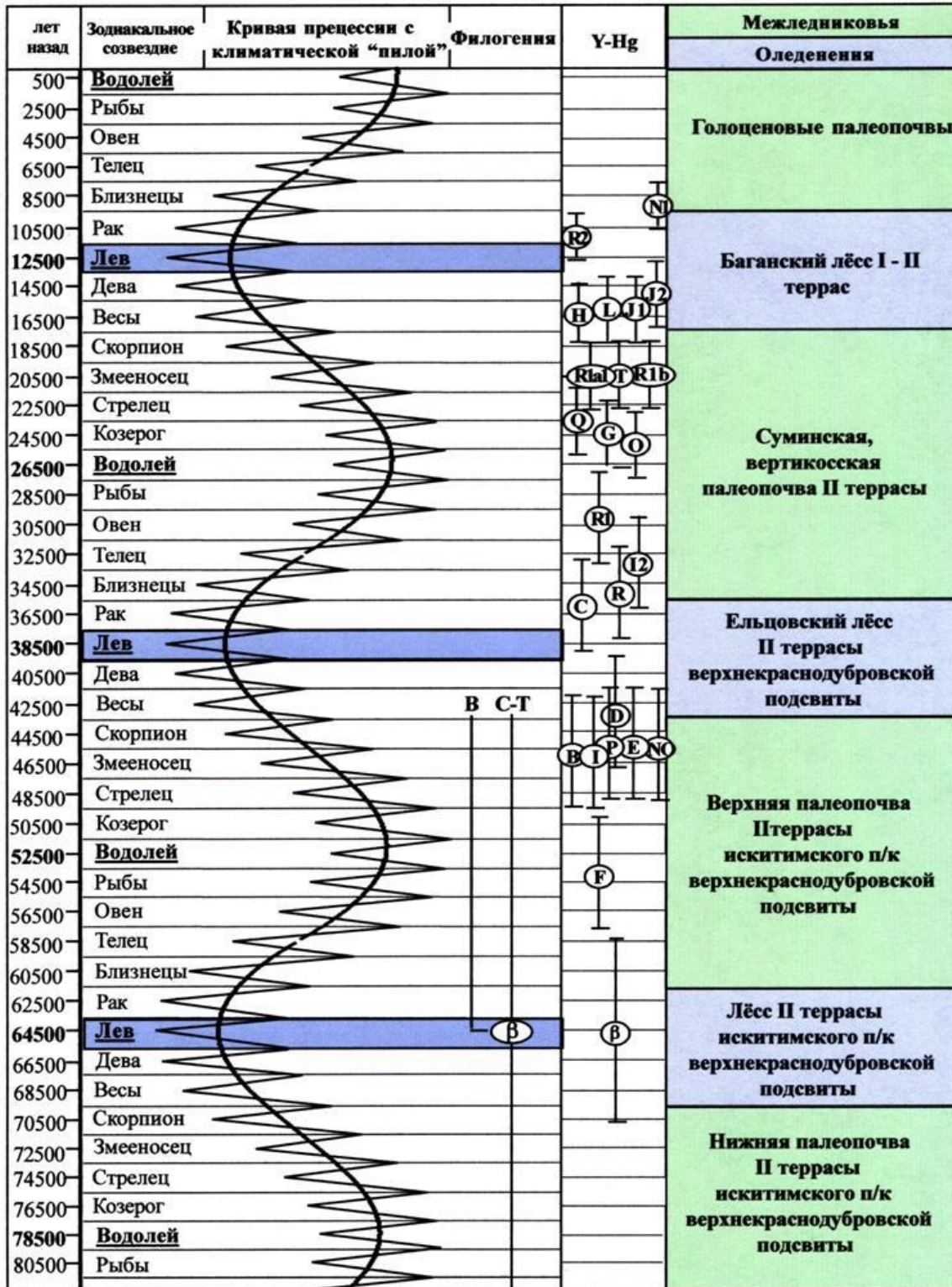
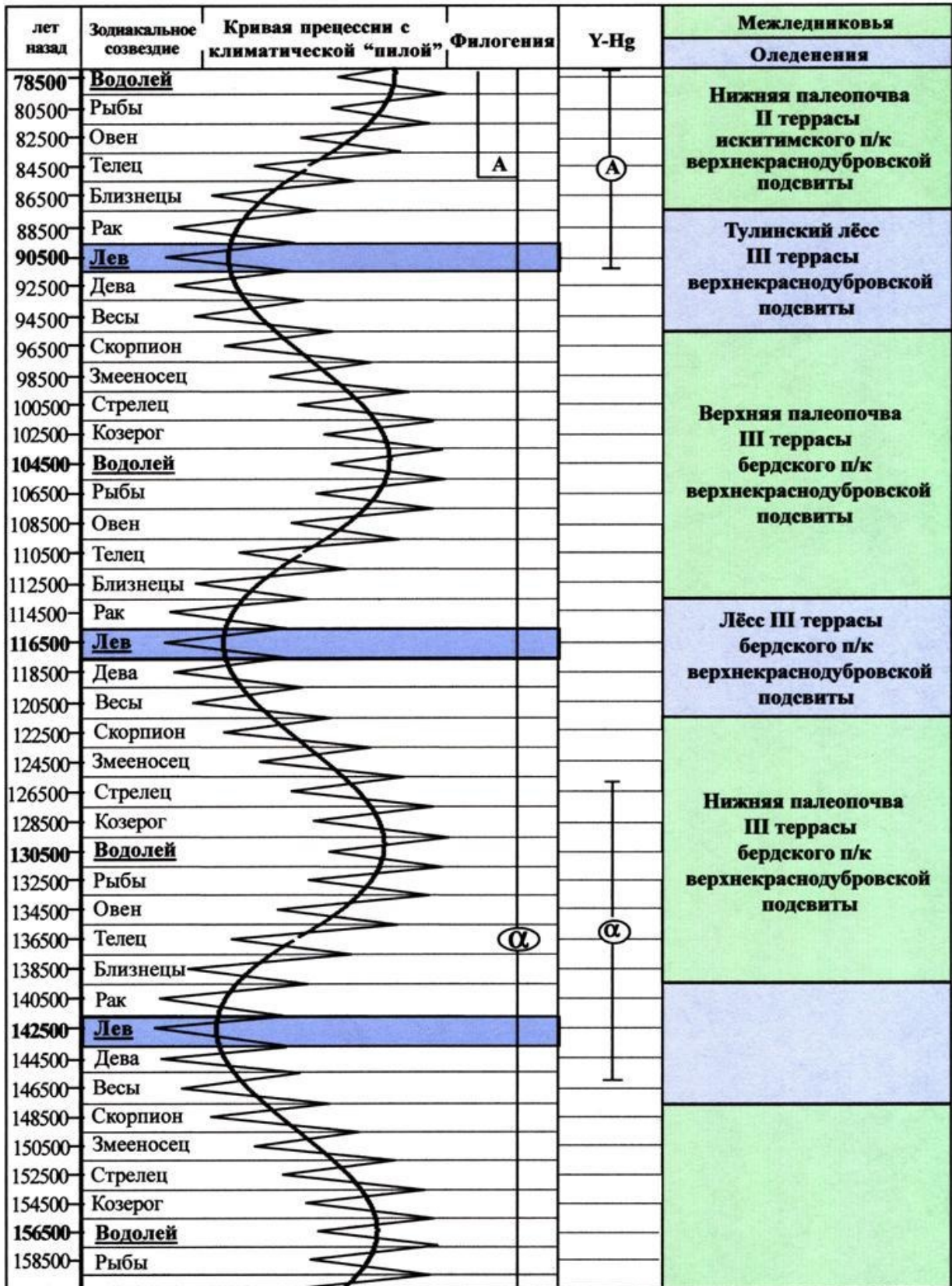


Таблица 2. Климатические корреляции. Западная Сибирь. Продолжение



Геологический материал этой таблицы взят из обобщающей работы С.А.Архипова, посвящённой хронологии геологических событий позднего плейстоцена Западной Сибири (Архипов, 1997). Как можно видеть в Таблице 2, в почвенно-лёссовом разрезе Западной Сибири, также как и на Русской равнине, уверенно выделяется Костёнковское межледниковье, которому соответствует верхняя почва II террасы искитимского педокомплекса верхнекраснодубровской подсветы. Справа от климатических кривых в Таблице 2 (так же, как и в Таблице 1) представлена филогения и возрасты основных гаплогрупп человечества, рассчитанные А.А.Клёсовым и И.Л.Рожанским по медленной 22-маркёрной панели (Клёсов, 2011; Клёсов, Рожанский, 2011). Их сопоставление показывает, что периоды кладообразования напрямую связаны с глобальными климатическими изменениями.

В Таблицах 3 и 4 представлены результаты сопоставления климатических событий с археологическими данными (в основном по Русской равнине) и палеогеографией Понто-Каспия (Yurkovets, 2011). Для удобства климатические события, определяемые большим и малым циклом, здесь обозначены цветом. Похолодания отмечены синим фоном, потепления – жёлтым.

Как видно из таблиц, смена археологических культур и колебания уровней морей (несмотря на их фрагментарную изученность) чётко коррелируют с астрономическими циклами и подчинены им.

Если говорить о территории т.н. «убежища последнего оледенения» (LGR – Last Glacial Maximum Refugia), то таковой на территории северной Евразии являлась Русская равнина южнее Северных увалов, далее на запад (схематично): южнее линии Вологда – Гомель – Варшава – Берлин – Амстердам – Лондон. На восток (также схематично): южнее линии Пермь – Магнитогорск – предгорья Алтая – Барнаул – Томск – Вилюй – Якутск – Охотск – Анадырь. С юга LGR ограничивали: горные системы Европы – Чёрное море – Кавказ – Каспийское море – горные системы Азии. Такая схема получается, если рассматривать «максималистскую» гипотезу развития ледниковых щитов М.Г.Гросвальда (Гросвальд, 1989). Другие варианты распространения оледенения формально ещё больше расширяют LGR.

Тем не менее, пригодная для проживания зона от этого не становится больше. Дело в том, что в пределах всей области LGR климатические пояса существенно сужены в сравнении с межледниковыми периодами. Так, в наиболее широком пространстве Русской равнины кустарниковая тундра, начинавшаяся примерно на 60° с.ш., сменялась суровой перигляциальной

степью и полупустыней уже на 50° с.ш. (Симакова, 2008). В этих условиях наиболее биологически продуктивной была территория, примыкающая к внешнему краю конечных морен. Это - т.н. «зандры». Здесь происходило осаждение материала, вынесенного тальми ледниковыми водами. Ландшафт зандра - это волнистая равнина, образованная пологими плоскими конусами выноса продуктов перемывания морены. Зандры с их обилием водных и биологических ресурсов становятся местом, наиболее оптимальным для жизни и привлекательным для заселения представителями древних культур (Сорокин, 1997).

Таблица 3. Археологические корреляции

Время max. КС	Тысяче- летие	Ледн. цикл	Климатич. событие (КС)	Экологические и культурно-исторические последствия
1	2	3	4	5
+500	3	Современное межледниковье (голоцен)	Современное потепление	«Глобальное потепление». Повышение уровня Мирового океана на 25 метров, опустынивание степей, остепнение лесостепей. Таяние арктического ледового поля.
-500	2		Похолодание 5 УГ	Расцвет средней полосы. Заселение человеком огромных пространств, ставших пригодными для животноводства и земледелия. Как следствие – глобальный демографический взрыв.
-1500	1		Потепление Субатлантик	Крах великих империй в результате великих засух. Как следствие - глобальный феномен, известный под названием «Великое переселение народов».
-2500	1 до н.э.		Похолодание 4 УГ	Расцвет Железного века в Европе. Время великих империй Евразии - Персидской, Римской, Маурьев в Индостане, китайской Цинь. Цивилизация Майя в Мезоамерике.
-3500	2 до н.э.		Потепление Суббореал	«Катастрофа бронзового века» - упадок культур бронзы средней полосы в результате опустынивания степей . «Сейминско-турбинский феномен». Зброшен Стоунхендж. Распад Древнего Египта.
-4500	3 до н.э.		Похолодание 3 УГ	Расцвет бронзового века. Распространение КШК от Рейна до Волги, распространение ККК в Западной Европе, расцвет Ямной культуры. Стоунхендж 1-2. Начало цивилизации древнего Египта.
-5500	4 до н.э.		Потепление Атлантик	«Катастрофа энеолита» - упадок среднестоговской и трипольской культур. Упадок Самарской, Агидельской, Суртандинской культур. Конец Убейдской культуры. По сути – также «Великое переселение народов».
-6500	5 до н.э.		Похолодание 2 УГ	Расцвет Среднестоговской (Самарской, Хвалынской), Трипольской культур и культуры Винча, дунайских культур. Распространение животноводства по всей Евразии. начало северной культуры ЯГК.
-7500	6 до н.э.		Потепление Бореал	«Сотворение» современного мира: окончание таяния ледников, подъем Мирового океана до современного уровня, прорыв Босфора, образование Балтики, начало Сахары. Пик культур Лепенского Вира, Стрчево-Криш.
-8500	7 до н.э.		Похолодание 1 УГ	Неолитическая революция – переход от присваивающего типа хозяйства к производящему. Одомашнены коза, овца, корова, свинья, на южном Урале (Муллино II) одомашнена лошадь. Культ. Лепенского Вира.
-9500	8 до н.э.	Потепление Пребореал	Начало масштабного таяния покровных ледников. Конец приледникового - «зандрового» - способа хозяйствования. Конец Мадлена как экологического феномена.	
-10500	9 до н.э.	Поздневалдайское оледенение	Похолодание позд. Дриас	Последняя фаза Поздневалдайского оледенения. Последний период существования Ресетинской культуры ВОМ, господствовавшей в центральных областях РР весь период Поздневалдайского оледенения.
-11500	10 до н.э.		Потепление Аллерёд	Отступление ледников. Мадлен 6. Ресетинская культура. Расцвет культур «балтийского мадлена» - Аренбургская культура, культура Федермессер. Свицарская культура. Конец Натугийской культ. Леванта.
-12500	11 до н.э.		Похолодание сред. Дриас	Максимальное оледенение. Мадлен 5. В Европе 11–13 тыс. лет до н.э. существ. только культуры Мадлена - Ресетинская на РР, Свицарская (и Гамбургская) в Центр. Европе и собственно Мадлен в Зап. Европе.
-13500	12 до н.э.		Потепление Бёллинг	Отступление ледников. Мадлен 4, Ресетинская культура. Окончание гамбургской культуры. Начало Свицарской культуры.
-14500	13 до н.э.		Похолодание ранн. Дриас	Оледенение. Мадлен 3, Ресетинская культура (наследует восточный Граветт), Гамбургская культура (имеет сходство с Ресетинской).
-15500	14 до н.э.		Потепление	Отступление ледников. Мадлен 2. Ресетинская культура. Начало Гамбургской культуры (культура полностью принадлежит к раннему Дриасу от тепла до тепла: 13500 - 11100 лет до н.э.).
-16500	15 до н.э.	О к о н ч а н и е МШМ	Похолодание	Начало Поздневалдайского оледенения. Начало третьей волны гибели мегафауны. Верхняя Солютре. Мадлен 1. Ресетинская культура (?).
-17500	16 до н.э.		Потепление	Окончание Молого-Шекснинского межледниковья. Бадегульская культура. Средняя Солютре. Окончание Вост. Граветта - Костенковско-Авдеевской культуры (наследует Ресетинской культурой).
-18500	17 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Нижняя Солютре. Восточный Граветт - Костенковско-Авдеевская культура.
-19500	18 до н.э.		Потепление	Климатический кризис. Протосолютре. Восточный Граветт - Костенковско-Авдеевская культура.
-20500	19 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Восточный граветт - Костенковско-Авдеевская культура.
-21500	20 до н.э.		Потепление	Климатический кризис. Окончание Граветта, Восточный Граветт - Костенковско-Авдеевская культура.

Таблица 3. Археологические корреляции. Продолжение

1	2	3	4	5
-22500	21 до н.э.	Молого-Шексинское межледниковье	Похолодание	Климатический оптимум. Граветт, Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорфская общность культур, 30–20 тысячелетия до н.э. (в т.ч. Костенковско-Авдеевская культура, 26–16 [Зарайск] тысячелетия до н.э.).
-23500	22 до н.э.		Потепление	Климатический кризис. Граветт, Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорфская общность культур, 30–20 тысячелетия до н.э. (в т.ч. Костенковско-Авдеевская культура, 26–16 [Зарайск] тысячелетия до н.э.).
-24500	23 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Граветт, Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорфская общность культур, 30–20 тысячелетия до н.э. (в т.ч. Костенковско-Авдеевская культура, 26–16 [Зарайск] тысячелетия до н.э.).
-25500	24 до н.э.		Потепление	Макс. потепление. «Потоп». Конец Ориньяка. На севере - расцвет мегафауны. Граветт, Вост. Граветт - Костенковско-Виллендор. общность культур, 30–20 до н.э. (в т.ч. Костенковско-Авдеевская культура).
-26500	25 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Ориньяк, Граветт, Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорф. общность культур, 30 – 20 тысячелетия до н.э. (в т.ч. Костенковско-Авдеевская культура, 26–16 тысячелетия до н.э.).
-27500	26 до н.э.		Потепление	Климатический кризис. Ориньяк. Граветт, Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорфская общность культур, 30 – 20 тысячелетия до н.э. (в т.ч. Костенковско-Авдеевская культура 26 - 16 тл до н.э.).
-28500	27 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Ориньяк. Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорфская общность культур (30 – 20 тысячелетия до н.э.).
-29500	28 до н.э.		Потепление	Климатический кризис – аналог Суббореала. Конец Селетской и Стрелецкой культур, Ориньяк, Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорфская общность культур (30 – 20 тысячелетия до н.э.).
-30500	29 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Ориньяк. Стрелецкая культура, Селет, Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорфская общность культур (30 – 20 тысячелетия до н.э.).
-31500	30 до н.э.		Потепление	Климатический кризис - аналог Атлантика. Начало Ориньяка. Стрелецкая культура, Селет, Восточный Граветт - Костенковско-Виллендорфская общность культур (30 – 20 тысячелетия до н.э.).
-32500	31 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Стрелецкая культура. Селет.
-33500	32 до н.э.		Потепление	Климатический кризис. Аналог Пребореала. Стрелецкая культура. Селет.
-34500	33 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Стрелецкая культура. Селет.
-35500	34 до н.э.		Потепление	Окончание Леясциемского оледенения. Аналог Бореала. Стрелецкая культура. Селет.
-36500	35 до н.э.	Леясциемское оледенение	Похолодание	Оледенение. Аналог позднего Дриаса. Стрелецкая культура. Селет.
-37500	36 до н.э.		Потепление	Отступление ледников. Аналог Аллерёда. Стрелецкая культура. Селет.
-38500	37 до н.э.		Похолодание	Максимальное оледенение. Аналог среднего Дриаса. «Ядерная зима» Палеолита. Ориньяк Костёнок и его катастрофический конец («слой в пепле»). Стрелецкая культура. Селет.
-39500	38 до н.э.		Потепление	Отступление ледников. Аналог Бёллинга. Спицынская культура («пре-Ориньяк»). Начало Стрелецкой и Селетской культур.
-40500	39 до н.э.		Похолодание	Оледенение. Аналог раннего Дриаса. Костенки 14 слой IVb (предшествует «пре-Ориньяку»).
-41500	40 до н.э.		Потепление	Отступление ледников. Костенки 14 слой IVb (предшествует «пре-Ориньяку»).
-42500	41 до н.э.		Похолодание	Начало оледенения. Начало второй волны гибели мегафауны. Окончание (43 тл) стоянок Костенки 12/слой V и Костенки 12/слой IV. Начало Костенок 14 слой IVb.
-43500	42 до н.э.		Потепление	Окончание Костёнокского межледниковья. Костенки 12/слой V и Костенки 12/слой IV (50 - 43 тл).
-44500	43 до н.э.		Похолодание	Климатический оптимум. Костенки 12/слой V и Костенки 12/слой IV (50 - 43 тл).
-45500	44 до н.э.		Потепление	Климатический кризис. Костенки 12/слой V и Костенки 12/слой IV (50 - 43 тл).

Таблица 4. Палеогеографические корреляции

Время тах. КС	Тысяче- летие	Ледн. цикл	Климатич. событие (КС)	Палеогеография Каспийского моря		Палеогеография Чёрного моря	
				По Матюшину	По Яниной	По археологическим данным	По Яниной
1	2	3	4	5	6	7	8
+500	3	Современное межледниковье (голоцен)	Современное потепление		Новокаспийская трансгрессия тепловодный бассейн		Черноморская трансгрессия тепловодный бассейн
-500	2		Похолодание 5 УГ			Корсунская регрессия	
-1500	1		Потепление Субатлантик			Нимфейская трансгрессия	
-2500	1 до н.э.		Похолодание 4 УГ			Фанагорийская регрессия	
-3500	2 до н.э.		Потепление Суббореал			Новочерноморская трансгрессия	
-4500	3 до н.э.		Похолодание 3 УГ	Туралинская трансгрессия			
-5500	4 до н.э.		Потепление Атлантик	Махачкалинская регрессия			
-6500	5 до н.э.		Похолодание 2 УГ	Гоусанская трансгрессия			
-7500	6 до н.э.		Потепление Бореал	Желалдинская регрессия			
-8500	7 до н.э.		Похолодание 1 УГ	Дагестанская трансгрессия			
-9500	8 до н.э.		Потепление Пребореал	Мангышлакская регрессия		Мангышлакская регрессия	
-10500	9 до н.э.	Поздневалдайское оледенение	Похолодание позд. Дриас	Сартасская трансгрессия	Позднихвальнская трансгр.	Новозвксинская регрессия холодноводный бассейн	
-11500	10 до н.э.		Потепление Аллерёд	Бегдашская регрессия	Еногаевская регрессия		
-12500	11 до н.э.		Похолодание сред. Дриас	Хвальнская трансгрессия	Раннехвальнская трансгрессия холодноводный бассейн		
-13500	12 до н.э.		Потепление Бёллинг				
-14500	13 до н.э.		Похолодание ранн. Дриас				
-15500	14 до н.э.		Потепление				
-16500	15 до н.э.		Похолодание				
-17500	16 до н.э.		Потепление				
-18500	17 до н.э.	О к о н ч а н и е МШМ	Похолодание	Ахтубинско- ательская регрессия		Сурожская трансгрессия тепловодный бассейн	
-19500	18 до н.э.		Потепление				
-20500	19 до н.э.		Похолодание				
-21500	20 до н.э.		Потепление				

Таблица 4. Палеогеографические корреляции. Продолжение

1	2	3	4	5	6	7	8
-22500	21 до н.э.	Молого-Шекснинское межледниковье	Похолодание		Ахтубинско-ательская регрессия брянский интерстадиал		Сурожская трансгрессия тепловодный бассейн
-23500	22 до н.э.		Потепление				
-24500	23 до н.э.		Похолодание				
-25500	24 до н.э.		Потепление				
-26500	25 до н.э.		Похолодание				
-27500	26 до н.э.		Потепление				
-28500	27 до н.э.		Похолодание				
-29500	28 до н.э.		Потепление				
-30500	29 до н.э.		Похолодание				
-31500	30 до н.э.		Потепление				
-32500	31 до н.э.		Похолодание				
-33500	32 до н.э.		Потепление				
-34500	33 до н.э.		Похолодание				
-35500	34 до н.э.		Потепление				
-36500	35 до н.э.	Леясциемское оледенение	Похолодание		Ахтубинско-ательская регрессия ранневалдайский пик похолодания		Посткарагантская регрессия
-37500	36 до н.э.		Потепление				
-38500	37 до н.э.		Похолодание				
-39500	38 до н.э.		Потепление				
-40500	39 до н.э.		Похолодание				
-41500	40 до н.э.		Потепление				
-42500	41 до н.э.		Похолодание				
-43500	42 до н.э.	Костёнковское межледниковье 62 - 43 т.лн	Потепление				
-44500	43 до н.э.		Похолодание				
-45500	44 до н.э.		Потепление				

В Западной и Центральной Европе такими культурами были мадлен и родственные ему гамбургская, федермессер, аренбургская, кресвельская и свидерская культуры. В Восточной Европе - рессетинская культура. В Сибири и на Дальнем Востоке - мальтинско-афоновская и дюктайская культуры. В Северной Америке - культура кловис. Глобальное потепление восьмого тысячелетия до н.э. означало конец мадлена (в широком смысле - вместе с родственными ему культурами) как экологического феномена - как способа хозяйствования, связанного с зандровой экологией. Последние его культуры - свидерская и кундская (Пулли) в Центральной Европе, бутовская культура в Восточной Европе (Волго-Окское междуречье), кловис в Северной Америке - в это время прекращают своё существование (Юрковец, 2011).

Таким образом, «убежище последнего оледенения» (LGR) - это довольно узкая полоса, протянувшаяся с запада на восток на многие тысячи километров. Но никак не локальное, географически обособленное пространство. Очевидно, что миграции в период оледенения ограничивались этой узкой полосой, которая то расширялась, то сокращалась при чередовании потеплений и похолоданий, обусловленном малым циклом. Именно малому циклу подчинена смена культур мадлена внутри всего периода оледенения - см. Таблицу 3.

В период трёх (возможно четырёх) тысячелетних максимумов оледенения (16500?, 14500, 12500, 10500 лет назад) эта полоса разрывалась системой стока талых вод по линии: Мансийское подпрудное ледниковое озеро - Тургай - Арал - Узбой - Каспий - Маныч - Чёрное море на две неравные части, разделяя европейскую часть LGR от азиатской. Эта система на выходе аккумулировала сток основных рек Сибири - Оби, Енисея и даже Лены. Продолжительность таких разделений составляла около 1000 лет - примерно столько длилась последняя ледниковая трансгрессия Каспийского моря, которая питалась стоком именно этой системы (Гросвальд, 2009; Yurkovets, 2011). В перерывах между максимумами оледенений мансийско-каспийский проток прекращал своё существование, в результате чего разорванные территории евразийского LGR вновь соединялись.

Практически то же самое (и в эти же периоды времени) происходило в период оледенения и в Берингии. Только разрывал территорию LGR Азии и Америки не мощный поток подпрудных вод, а ледниковый щит. В перерывах между максимумами оледенений ледниковый щит деградировал (пики потеплений были 15500, 13500, 11500 лет назад) и дюктайцы по ещё не затопленной, но уже частично свободной ото льда Берингии могли проникать на Американский континент.

Аналогичная картина смены одних археологических культур другими наблюдается и в межледниковья – см. Таблицу 3. При этом пояс умеренного климата в периоды потеплений становится зоной экологических кризисов, в разные периоды приводящих к краху и преодолению очередного этапа развития человечества – «сотворению мира», «катастрофе энеолита», «катастрофе бронзового века», «великому переселению» народов» (Юрковец, 2011). В том числе и наблюдаемому в наши дни началу очередного кризиса, множественные признаки которого оформились в понятие «глобальное потепление». В периоды похолоданий и увлажнений климата всегда наблюдался расцвет цивилизации и рост численности населения Земли. Таковым было прошедшее тысячелетие.

Литература

- Архипов С.А. 1997. Хронология геологических событий позднего плейстоцена Западной Сибири. *Геология и геофизика*. 38(12):1863-1884.
- Гросвальд М.Г. 2009. Оледенение Русского севера и Северо-Востока в эпоху последнего великого похолодания. *«Наука», Москва*.
- Клёсов А.А. 2011. ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2). *Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484)*. 4(7):1367-1494.
- Клёсов А.А., Рожанский И.Л. 2011. Архаичная (архантропная в терминах антропологии) линия гаплогруппы А. *Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484)*. 4(7):1495-1502.
- Матюшин Г.Н. 1996. Археологический словарь. *Просвещение, «Учеб. Лит.»*, Москва.
- Симакова А.Н. 2008. Развитие растительного покрова Русской равнины и Западной Европы в позднем неоплейстоцене – среднем голоцене (33 - 4.8 тыс. л.н.) (по палинологическим данным): автореферат диссертации на соискание учёной степени кандидата геолого-минералогических наук. *Геологический институт РАН. Москва*.
- Сычёва С.А., Гунова В.С., Симакова А.Н. 2007. Два варианта строения позднплейстоценовой покровной толщи перигляциальной области Русской равнины. V Всероссийское совещание по изучению Четвертичного периода. Фундаментальные проблемы квартера: итоги изучения и основные направления дальнейших исследований: *Материалы V Всероссийского совещания по изучению четвертичного периода. Москва, 7–9 ноября 2007 г. ГЕОС. 404–407*.
- Шнитников А.В. Внутривековая изменчивость компонентов общей увлажненности. – Л. Наука, 1969. - С. 244.

- Юрковец В.П. 2010. Климатические корреляции. *Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484)*. 3(2):301-325.
- Янина Т. А. 2009. Палеогеография бассейнов Понто-Каспия в плейстоцене по результатам малакофаунистического анализа: автореферат диссертации на соискание учёной степени доктора географических наук. МГУ, Географический факультет, Москва.
- Anikovich, M.V., Sinitsyn A. A., Hoffecker John F., Holliday Vance T., Popov V. V., Lisitsyn S. N., Forman Steven L., Levkovskaya G. M., Pospelova G. A., Kuz'mina I. E., Burova N. D., Goldberg Paul, Macphail Richard I., Giaccio Biagio, Praslov, N. D. 2007. Early Upper Paleolithic in Eastern Europe and Implications for the Dispersal of Modern Humans. *Science* 315:223-225.
- Kennett, James P., Cannariato, Kevin G., Hendy, Ingrid L., and Behl, Richard J., (2003) *Methane Hydrates in Quaternary Climate Change: The Clathrate Gun Hypothesis*, Washington, DC: American Geophysical Union. ISBN 0875902960
- Klyosov Anatole A., Rozhanskii Igor L. 2012. Re-Examining the "Out of Africa" Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids) in Light of DNA Genealogy. *Advances in Anthropology* Vol.2, No.2, 80-86
- Pettersson, Otto. 1914. Climatic variations in historic and prehistoric time: Svenska Hydrogr. Biol. Komm., Skriften, No. 5, 26 p.
- Verhoogen, J., Turner, F.J., Weiss, L.E., Wahrhaftig, C., Fyfe, W.S. 1970. The Earth. An Introduction to Physical Geology. *Holt, Rinehart and Winston, Inc. New York - Chicago - San Francisco - Atlanta - Dallas - Montreal - Toronto - London - Sydney.*
- Yurkovets, Valery, 2011. Climatic Correlations. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*. 4(8):1633-1659.

ДИСКУССИИ - DISCUSSIONS

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)

Дискуссия по статье R. Bouckaert et al «Картирование происхождения и экспансия индо-европейской языковой семьи»

И.Л. Рожанский:

В журнале Science вышла новая статья Аткинсона с соавторами о древе индоевропейских (ИЕ) языков. Ее развернутое приложение доступно для просмотра <http://www.sciencemag.org/content/337/6097/957/suppl/DC1>

По сравнению с первой работой 9-летней давности, авторы дополнили свою модель новыми параметрами, в частности, географическим распределением языков, а также приняли во внимание больше других, конкурирующих, моделей. Обратите внимание на древо, схематично показанное на Fig. 2 основного текста статьи. В датировках, деталях ветвления и этнической принадлежности носителей оно совпадает с деревом гаплогруппы R1a, что выложено на заглавной странице сайта. Единственно, у Аткинсона с соавторами узлы сдвинуты чуть чуть глубже, но в пределах погрешности.

Примеры (Аткинсон Fig S2 и <http://r1a.org/index.htm>).

- Аткинсон: разделение прото-индо-иранской и прото-"древнеевропейской" ветвей: 6400±700 лет назад;
- Родство.ру: разделение субкладов Z93 и Z283 5700±600 лет назад.

- А: общий предок балто-славянской, кельтской и германской ветвей 5700±900 лет назад
- Р: общий предок субкладов M458, Z280 и Z284 5300±600 лет назад.
- А: разделение индоарийской и иранской ветвей 4900±600 лет назад;
- Р: начало расхождения юго-восточной ветви L342.2 4700±500 лет назад.

Это явно датировки одной и той же цепи событий, особенно если принять во внимание, среди каких народов представлены упомянутые выше субклады R1a1. Ни гаплогруппа J2a (по воззрениям лорда Ренфрю), ни R1b (как думают энтузиасты всего кельтского), ни, тем более, I (по мнению сторонников палеолитической непрерывности) в эту схему никак не вписываются. При временах менее 4000 лет назад корреляции начинают размываться, что также закономерно, потому что распространение языков идет уже во многом за счет ассимиляций, стягивания географически близких диалектов и других механизмов, не связанных напрямую с генеалогией этнических групп.

В связи с этим возникают серьезные замечания к диффузионной схеме распространения ИЕ языков, изображенной на Fig. 2 и в прилагаемом к статье видеофайле. Хотя внешне, с позиций мат. статистики там все выглядит гладко и убедительно, схема резко расходится с данными ДНК-генеалогии в ряде деталей. Например, из нее выпадают ископаемые R1a1 из Красноярского края, с большой долей вероятности из субклада Z93. Каким образом они смогли "продиффундировать" из Индии и Ирана, чтобы уже 3800 лет назад заселить Минусинскую котловину? Модель не дает ответа. Или что, к примеру, делать с реликтовыми ветвями (старой европейской и северо-западной) в Европе, что выделились еще до расхождения Z93 и Z283?

Как выясняется из чтения сопроводительных материалов, авторы даже не пытались рассмотреть версию, промежуточную между анатолийской и курганной - балканскую. Вполне возможно, что тот же самый подход даст при несколько другом выборе начальных условий более согласующуюся с ДНК-генеалогией картину.

В целом же, работа очень серьезная, на большом объеме реальных данных. Что ценно, авторы дают погрешности в датировках узлов деревьев, чего никогда не делают лингвисты, работающие с глоттохронологией. Для последних датировки, причем с точностью до 20 лет - как устав строевой службы, погрешностей не имеют.

В.П. Юрковец:

Хотелось бы понять "физический смысл" этого древа. Насколько я понимаю, морфология (структура грамматики) ИЕ языков в этом древе не учитывается. В таком случае это не древо ИЕ языков, а древо распространения "словаря ИЕ". Так?

И.Л. Рожанский:

В принципе, да. Морфология живет по своим законам, что не описываются простой схемой ветвления. На эту тему было довольно много специальных работ. Если проводить аналогии с ДНК-генеалогией, то базовая лексика - это нерекombинируемая часть ДНК, а морфология - аутомные маркеры. Там слишком многое зависит от окружения и общей структуры языка. Например, грамматические системы английского и китайского стремительно сближаются на наших глазах, несмотря на совершенно разное происхождение. И, наоборот, в системе склонения существительных русский и болгарский различаются сильнее, чем, например, русский и немецкий, несмотря на то, что в плане лексики болгарский во многом можно понять и без перевода.

Потому в классификации языков морфологические особенности обычно рассматриваются в третью очередь, после лексики и фонологии.

А.А. Клёсов:

В Приложении рис. S4 вызывает некоторое удивление. Путь ИЕ языков на нем проложен, похоже, на восток, от Европы до Индии через Анатолию, Русская равнина вообще остается за кадром. Или там направления перепутаны, и путь проложен из Анатолии в две разные стороны - на запад в Европу и одновременно на восток в Индию? Но Русская равнина все равно за кадром.

Однако мы знаем, что на завершающем пути ИЕ миграции путь R1a проходит по Русской равнине до той же Индии, и примерно с теми же датировками (5000-3500 лет назад). А до того, древнейшая линия миграции R1a пролегла с востока, со стороны Алтая и Тибета, южным путем через Анатолию и далее через Балканы в Европу с прибытием примерно 9000-8000 лет назад. Это совпадает с датировками статьи про Анатолию.

Означает ли это, что изучению ИЕ больше внимания лингвистами уделялось именно в Анатолии, поэтому Анатолию надо было взять за начало любым образом? И что на самом деле путь через Анатолию на

восток (и 4000-3600 лет назад, на юг) был вторичным, как ответвление от основного, северного потока, но сейчас авторы делают его как бы основным?

И.Л. Рожанский

Насколько понимаю, за основу взято состояние языков на момент их письменной фиксации, а это дает четыре далеко разошедшиеся ветви между Балканами и Анатолией (албанская, греческая, армянская, анатолийская), и далее, с разрывами, идут остальные, более спаянные между собой.

Русская Равнина и евразийские степи в схеме отсутствуют, поскольку там документально аттестованы только недавно распространившиеся тюркские и восточнославянские. Вот и вся механика. Что заложили в основу модели, то и получили, как в анекдоте про военный завод, что перешел на выпуск детских колясок, но при сборке все равно получается пулемет.

Это что касается географии. С датировками и топологией там, кажется, все в порядке.

А.А. Клёсов:

С одной стороны, все вроде знают, что санскрит и славянские языки имеют между собой много общего, не говоря о том, что это одна языковая семья. С другой стороны, лингвисты как от анафемы шарахаются от слов, что славянские языки произошли в своей основе от арийских. Помню, как Л.С. Клейн от этих слов пришел в ужас. Более того, он не мог поверить, что R1a и у русских, и у "индоевропейских" индусов, и гаплотипы очень похожи, и все приговаривал, что там что-то не так. Его слова, что типа "вот, славяне произошли от ариев, еще чего нехватало, очередной бред" являются его визитной карточкой, что он повторяет в разных вариантах в разных изданиях.

Это что, недавняя историческая память еврея и соответствующая "ариефобия", замшелые постулаты, нежелание прислушаться и посмотреть на вещи "свежим взором", или что-то еще?

Аеро:

Как же без евразийских степей? Интересно сопоставить упомянутую модель например с этими картами:

http://www.eupedia.com/europe/neolithic_europe_map.shtml

последующих порядков. А не считать всех "чохом" поперёк основных ветвей.

**Справка. Вот так дает информацию "Лента Ру":
Родиной индоевропейских языков назвали Анатолию.**

Международная группа лингвистов и биологов установила, что родиной индоевропейских языков является Анатолия (сегодня Турция). Работа опубликована в журнале Science, ее краткое описание приводит The New York Times.

Исследования возглавил биолог Квентин Аткинсон (Quentin Atkinson) из университета Окленда в Новой Зеландии. Для анализа индоевропейских языков ученые применили методы, разработанные для изучения эволюции видов. Исследователи проанализировали лексический запас 103 индоевропейских языков и данные об их географическом распространении и историческом развитии.

Ученые рассматривали так называемые когнаты - однокоренные слова, имеющие общее происхождение и сходное звучание в двух или более языках. Когнатами обычно являются слова, меньше всего подвергающиеся изменениям в ходе эволюции языков (местоимения, названия частей тела и обозначения родственных отношений). Сравнивая число когнатов в разных языках, ученые смогли оценить степень их родства, уподобляя, таким образом, когнаты генам, а различия когнатов - мутациям. Далее исследователи использовали исторические данные о предполагаемом времени дивергенции языков. Так, например, считается, что языки романской группы начали отделяться от латыни в 270 году, когда император Аврелиан увел римских колонистов из провинции Дакия. Кроме того, ученые использовали информацию о современном географическом распространении языков.

Совместив все эти данные, исследователи предложили компьютеру построить эволюционное древо индоевропейских языков на основе двух гипотез: анатолийской и курганной. Сравнив получившиеся деревья, исследователи обнаружили, что "анатолийское" древо является наиболее вероятным с точки зрения статистики.

Реакция коллег на работу группы Аткинсона была неоднозначной. По мнению многих ученых, сравнение лингвистической эволюции с биологической недопустимо, так как у них разные механизмы. Другие исследователи сочли использование биологических методов вполне оправданным, но раскритиковали группу за то, что она не проверила

состоятельность третьей гипотезы происхождения индоевропейских языков: балканской.

Индоевропейская языковая семья является самой распространенной в мире: на языках этой группы говорят 2,5 миллиарда человек. Существует две основных гипотезы происхождения индоевропейских языков: курганная и анатолийская. Согласно курганной гипотезе, наиболее популярной у лингвистов и историков, прародина индоевропейских языков находилась в причерноморских степях. Альтернативные анатолийская и балканская гипотезы предполагают, что носители индоевропейских языков расселились, соответственно, из Анатолии или с Балканского полуострова.
<http://www.lenta.ru/news/2012/08/24/indoeuropean/>

И.Л. Рожанский:

>В таком случае это древо - фикция. Потому что в природе существуют только четыре (?) ИЕ языка, морфология которых практически совпадает.

Почему? Если модель дает те же датировки и ту же этническую принадлежность носителей языков, что и ДНК-генеалогия, то это уже не фикция.

Если уж на то пошло, то и деревья Y-хромосомных гаплотипов можно объявить фикцией, поскольку они не учитывают вклад женщин, радиацию, климат, движение полюсов, злоупотребление горячительными напитками и т.п. Почитайте "труды" П. Золина, где он только и делает, что "срезает" (в шукшинском смысле) оппонентов.

Честно говоря, я не слышал нигде о модели четырех "языков-основателей" индоевропейской семьи, хотя прочел немало литературы на этот счет. Возможно, она имеет право на существование, но какова ее продуктивность, в таком случае? Можно ли извлечь из нее датировки, связать с историческими фактами, с другими дисциплинами, включая ДНК-генеалогию? Позволяет ли она предугадать появление новых, ранее неизвестных фактов? Или это герметическая самодостаточная концепция, которая не нуждается в притоке новых сведений? Лично я не в курсе, равно как и не знаю, на чем основан выбор тех 4-х языков. Их морфология похожа лишь в общих чертах, в деталях они различаются довольно сильно. Скажем, тем же критериям соответствует древнегреческий, и наверняка не он один.

Что касается модели Аткинсона, то ее не критиковал только ленивый, но на сегодняшний день это единственная серьезно обоснованная модель лексикостатистики, что дает критерии достоверности деревьев и коридоры

ошибок. Проблема не в том, что она считает неправильно, а в том, какие исходные параметры в нее вводят. Как мы видим, в филогении и датировках она дает неплохое согласие с другими дисциплинами, но с географией пока прокол. Причины тоже называли - отсутствие альтернативных исходных данных.

Aero:

На мой взгляд, проблема - не отсутствие данных по физическому воздействию, а отсутствие документальной аттестации этого воздействия. Физически - воздействие налицо. Имеем его игнорирование в модели. В результате - отрыв от данных археологии. Т.е - "пустые", а фактически - "немые" евразийские степи. Скифы справки не принесли, что говорили на индоиранских диалектах. Разве это адекватная картина? Научная? А с технической точки зрения, построенную по такой методике модель вообще использовать нельзя - не будет учтен вектор и сила (хотя бы возможно приблизительно, если не имеем возможности аттестации - точного измерения) приложенного дополнительного давления - механизм выйдет из строя.

Порассуждаю дальше. Допустим степные индоиранские диалекты, так и не будут аттестованы - например в силу подтверждения их бесписьменной сущности. Каким образом тогда можно воссоздать географически адекватную картину? И соотносить ее с археологической. Или вынуждены будем вечно иметь кособокую в этом плане модель? Может ли вообще такая модель, иметь хотя бы потенциальную возможность географического уточнения?

В.П. Юрковец:

>...Скажем, тем же критериям соответствует древнегреческий, и наверняка не он один.

Древнегреческий тоже дал куст своих производных, как латынь, например? Или он сам по себе?

>... Честно говоря, я не слышал нигде о модели четырех "языков-основателей" индоевропейской семьи, хотя прочел немало литературы на этот счет. ...

Я тоже не слышал и это меня удивляет. Хотя именно эти языки, давшие многочисленные ответвления в пределах ареалов своего влияния, отличаются от всех остальных ИЕ именно сходством морфологии.

>...Возможно, она имеет право на существование, но какова ее продуктивность, в таком случае? Можно ли извлечь из нее датировки, связать с историческими фактами, с другими дисциплинами, включая ДНК-генеалогию? Позволяет ли она предугадать появление новых, ранее неизвестных фактов? ...

Безусловно. Первый и очевидный - появление этих основных четырёх ветвей явилось следствием процессов дивергенции (ветвления), связанных с географическим распространением ариев, а все их производные - итог конвергенции (синтез) с местными наречиями, что и дало такое многообразие ИЕ языков. Это - грубая схема, но итоге получится совершенно иная картина филогенеза, в которой нужно учитывать обе эти составляющие.

И.Л. Рожанский:

>Я тоже не слышал и это меня удивляет. Хотя именно эти языки, давшие многочисленные ответвления в пределах ареалов своего влияния, отличаются от всех остальных ИЕ именно сходством морфологии.

А Вы сравнивали или от кого-то услышали? Вот список грамматических категорий, присутствующих в латыни, старославянском и санскрите.

ГЛАГОЛ

Латынь: инфинитив (наст., прош., буд.), имперфект (ед., мн.), императив (наст., буд., ед., мн., всего 4 комбинации), индикатив (3 лица, 2 числа, 6 времен, всего 36 комбинаций), конъюнктив (3 лица, 2 числа, 4 времени, всего 24 комбинации), причастие (наст., буд.), супин (1 форма), герундий (1 форма). Кроме того, каждая из этих форм, кроме супина и герундия, еще спрягается в активном и пассивном залоге.

Старославянский: инфинитив, настоящее время (5 спряжений, 3 лица, 3 числа - ед., двойств., множ.), будущее время (2 формы, 3 лица, 3 числа), аорист (3 формы, 3 лица, 3 числа), имперфект (3 лица, 3 числа), перфект (3 лица, 3 числа), плюсквамперфект (2 формы, 3 лица, 3 числа), причастие (2 залога, 3 рода, 3 числа, 6 падежей), супин.

Санскрит: 10 классов, 4 времени (настоящее, будущее, аорист, перфект), причастные формы от каждого из времен (акт. и пасс. залого), герундий,

СУЩЕСТВИТЕЛЬНОЕ

Латынь: 5 склонений, 2 числа (ед. и множ.), 3 рода, 5 падежей (имен., вин., дат., род., творит.).

Старославянский: 6 склонений, 3 числа, 3 рода, 6 падежей (имен., вин., дат., род., творит., местн.).

Санскрит: 5 склонений, 3 числа, 3 рода, 8 падежей (имен., вин., дат., род., творит., местн., инструмент., зват.).

ПРИЛАГАТЕЛЬНОЕ

Латынь: 3 склонения, 2 числа, 3 рода (муж., жен., ср.).

Старославянский: 2 формы, 3 числа, 3 рода, 6 падежей.

Санскрит: см. существительное.

Ну как, сильно похожи, особенно основа морфологии - глагольные системы? Это еще без учета, что каждая их форм еще имеет массу вариаций, причем в каждом из языков они оформляются по-своему, разными служебными словами и разными суффиксами.

Чисто формально, санскрит имеет больше всего возможных форм, и на заре индоевропеистики его всерьез рассматривали как предок всех остальных. Однако довольно быстро было доказано, что это не так.

В.П. Юрковец:

Замечательно. А теперь сравните их с германскими, романскими и хинди. Если между славянскими - германскими, латынью - романскими и санскритом - хинди морфологические пропасти, то между старославянским, латынью и санскритом - некоторые непринципиальные различия, явившиеся следствием географического расхождения носителей этих языков. А уже различия (не только морфологические) между германскими, романскими и хинди, в свою очередь, показывают, что их нельзя вообще рассматривать в пределах единого филогенетического древа.

Честно говоря, не понимаю, что тут можно вообще оспаривать?

И.Л. Рожанский:

Честно говоря, я уже не понимаю, в чем предмет спора. Во-первых, термины "пропасть" и "непринципиальные различия" не относятся к научному лексикону, надо показывать на конкретных положениях. Пропасть (в горах), непреодолимая для боксера-тяжеловеса - это принципиальное препятствие для профессионального скалолаза, зато принципиальный удар боксера может оказаться для скалолаза смертельным.

Во-вторых, каким образом из гипотезы о "языках-основателях" можно вывести, например, датировки общих предков индийцев и иранцев, славян и германцев, или объяснить особенности германской фонологии или лексики? Постфактум, наверное, можно вывести все, но будет ли такой подход продуктивным? В смысле, даст новое знание. Пока я этого не вижу, только общие слова. Это и есть признак герметической концепции, не нуждающейся в новых фактах.

Пример из истории медицины. В Европе в течение более 1500 лет лечили по теории 4-х гуморов Галена, что прекрасно объясняла все болезни неправильным смешением крови, лимфы, желчи и черной желчи. Вот только больные как-то не очень выздоравливали. Впрочем, врачей это не слишком смущало, потому что всегда наготове были слова о разлитии желчи или плохой крови. И так в течение столетий по одним и тем же канонам. Типичная самодостаточная концепция, когда на все есть готовый ответ, но нет прогресса, или он происходит вопреки ей.

Возьмем теперь метод ЯМР-диагностики, который к медицине имеет весьма слабое отношение, и всего лишь измеряет количество воды в той или иной точке тела, правда с большой точностью. Казалось бы, совершенно второстепенный признак, но результаты налицо, если их правильно разобрать. То же самое касается "фиктивных" деревьев. Пока знатоки пытаются разложить пасьянс из кучи допущений, как будто бы второстепенный признак в виде базовой лексики дает результаты, которые можно сопоставлять с другими дисциплинами. Это признак продуктивной концепции. Видите разницу?

Kosmonomad:

Классификации хорошо бы рассмотреть с пристрастием, много чего уточнится. Например, в современном русском 13 падежей:
<http://ilyabirman.ru/meanwhile/2006/10/01/2/>

В.П. Юрковец:

Замечательно. То же самое и с плюсквамперфектом, которого якобы нет в современном русском. С чем (его отсутствием) я было согласился по незнанию, но передумал немного поразмыслив (найдите его в последнем предложении)

В.П. Юрковец:

>Честно говоря, я уже не понимаю, в чем предмет спора. ...

В морфологии. Она практически едина у трёх (старославянском, латыни и санскрите) рассматриваемых нами ветвей (в дополнение к лексике и фонологии) и совершенно отлична от остальных ИЕ. И в том, что этот более чем очевидный факт не принимается во внимание при построении древа.

Чтобы было понятно, можно рассмотреть аналогию с деревьями Y-хромосомы и мт-ДНК. Как бы Вы отнеслись к Y-хромосомному древу, на которое навешали бы ещё в качестве самостоятельных ветвей ветви древа мт-ДНК, которые тяготеют к определённым мужским гаплогруппам? Так, к европейским гаплогруппам в таком древе будут пристёгнуты т.н. "семь дочерей Евы", африканские гаплогруппы будут ветвиться с помощью женских L, австралийцы - N, америнды - A,B и C и так далее. Именно такая методика была использована при построении древа Аткинсоном. Вернее, "физический смысл" древа Аткинсона получается таковым, если он говорит о языках ИЕ, а не о словаре ИЕ. А это разные вещи.

А.А. Клёсов

Строго говоря, ничего нового эта статья в Science не выдала, и тем более никаких сенсаций. Она фактически повторила то, что основные авторы опубликовали в Nature 9 лет назад, приложила некий гарнир, который якобы усиливает данные, но в целом статья является показательным примером манипуляций в лингвистике.

Начнем с того, что уже с Абстракта пошли манипуляции, что якобы есть всего две "конкурирующие гипотезы" о происхождении ИЕ семьи языков. На самом деле их насчитывали 25 гипотез, и недавно наш С. Конча предложил еще одну, с "происхождением" в Ютландии (см. Вестник за этот

год). И у него тоже свои соображения. Среди гипотез - и Балканы, и Дунай, и многое другое, но авторы статьи в Science это просто проигнорировали.

Далее, авторы что-то там заложили в модель, и получили Анатолию. От нее - облако вариантов языка на запад, по всей Европе, и на восток, до Индии и Тибета. Я не нашел в статье пояснений, как эти языки шли на восток и на запад - одновременно? Последовательно? В какой последовательности?

Далее, Русская равнина отмечена как имеющая ИЕ языки всего 1500 лет назад, то есть только славянский. Это никак несовместимо с данными ДНК-генеалогии, с миграциями R1a-L342. Это и отражает манипуляции авторов - что хотели, то якобы и получили.

Недоумение вызывает рис. 2 в статье. От анатолийского 9 тысяч лет назад почкуется тохарский, 7 тысяч лет назад. Как авторы представляют его путь в северо-западный Китай? Откуда они взяли, что это тохарский отпочковался от анатолийского, а не наоборот? Потому что если наоборот, то "родина" ИЕ языков - это Алтай, северо-западный Китай, Центральная Азия.

Далее, у авторов на рис. 2 показано, что якобы индо-иранский и балто-славянский - это параллельные языки, причем исходящие от тохарского и армянского. Наверное, можно в самом деле трактовать как "параллельные", если они от Z93 и Z283, соответственно, но это все одна гаплогруппа R1a. В таком случае понижающиеся подветви "германского" и "италийского" с "кельтским" - это все тоже R1a. Здесь вообще нет места для R1b, что мы в наших работах и показываем. Естественно, в данной статье ничего этого и близко нет.

Нет ничего близкого и о том, что на самом деле "степной" ИЕ язык - это дочерний к анатолийскому, балканскому, дунайскому ИЕ языкам. Это вовсе не "конкурирующие" языки, это наследственная нисходящая последовательность.

Все это делает статью в Science чистым недоразумением, в котором все перепутано и неучтено, кроме манипуляций с расчетами, заточенными на Анатолию. В Анатолии есть смысл, только это не "родина", это - транзит. Транзит миграций R1a.

Odin:

>Куда в модели делись например скифы? Понятно, что язык малоизучен, мало данных и пр., но если не ошибаюсь, научно не оспаривается его индоевропейская

основа. И его существование... в конце концов. Как же можно строя научную модель, полностью игнорировать доказанную сущность. От этого ведь зависит результат.

Первая запись Скифского языка в Секкезе, приблизительно там, где прото-Скифов поместили Диодор Сицилийский и Геродот, так что Скифский бы не внес никакую корректировку.

Дон:

Авторы статьи «Mapping the Origins and Expansion of the Indo-European Language Family» (Science, 2012) взяли индоевропейские лексические базы данных из специально подобранных работ, вот и получились - степи Северного Причерноморья свободные от индоевропейских языков и приготовленные для стрелочек другой языковой семьи. Например Трубачёв О.Н. считал, что предки славян и индоиранцев и даже индоарии соприкасались в Северном Причерноморье, а последние жили в Северном Предкавказье рядом с майкопской культурой III тыс. до н.э., имеющей генетические связи с западными семитами, отсюда и индоевропейско-семитские контакты.

Аеро:

>Первая запись Скифского языка в Секкезе, приблизительно там, где прото-Скифов поместили Диодор Сицилийский и Геродот, так что Скифский бы не внес никакую корректировку.

Как это? Ведь речь о географии (т.е в контексте разговора о евразийских степях и Русской равнине). Кроме того, скифский тоже откуда то взялся. Например, подозреваю, что именно евразийские бесписьменные диалекты - древние. Об этом говорит и археология и ДНК-генеалогия. Их проигнорировали.

Скифский несомненно во что-то трансформировался. Пусть частично. Почему не в русский - пусть через черняховскую культуру? Откуда у нас Семаргл и Хорс?

А мультфильм о динамике распространения, данный в приложении к статье - как его следует воспринимать в этом контексте? Возможно ли, что в следующей работе подобного рода мы будем наблюдать, как некто уже более конкретный - несет по планете индоевропейскую "букву просвещения", уже традиционно минуя Евразийские Просторы вообще и

Русскую равнину в частности? А для пущей убедительности, на картах этих территорий можно написать - не аттестованы.

Помимо того, в статье в Science географически "вырезан" весь субклад Z280, начиная со времени его появления. Про древние движения по Русской равнине уже здесь упоминалось.

А.А. Клёсов:

Не стоит удивляться и так реагировать, уважаемый Аеро. Это в науке типа лингвистики или попугенетики - нормальное дело. Только люди, далекие от науки, думают, что вот ученые знают, что делают, наука - это святое. Ничего подобного. Такие же люди, как и везде.

Вот и эта статья - заложили в модель что хотели, получили что получилось, некий смысл в этом есть, но только некий. Что получится - авторы еще с 2003 года знали, и это их вполне устраивало. Начали статью, и даже Абстракт с заведомо ложного утверждения, и дальше поехали в том же ключе.

Более того, этих авторов (основных) лингвисты с того самого 2003 года активно критикуют, недавно опять критиковали, когда они (опять же в Science) написали, что все языки из Африки произошли, что так якобы модель показывает. Science целую подборку возражений лингвистов опубликовал, и даже не просто возражений, но протестов против их методологии. А им хоть бы хны.

Нормальный ход в гуманитарных "науках".

И.Л. Рожанский:

>Далее, у авторов на рис. 2 показано, что якобы индо-иранский и балто-славянский - это параллельные языки, причем исходящие от тохарского и армянского. Наверное, можно в самом деле трактовать как "параллельные", если они от Z93 и Z283, соответственно, но это все одна гаплогруппа R1a. В таком случае понижающиеся подветви "германского" и "италийского" с "кельтским" - это все тоже R1a. Здесь вообще нет места для R1b, что мы в наших работах и показываем. Естественно, в данной статье ничего этого и близко нет.

Что характерно, есть чисто германские ветви R1a (субклад Z284 и ветвь "десятников"), но таковых нет в гаплогруппах I1, I2 и R1b - более интернациональных по составу. Про кельтов недавно был подробный разбор, там тоже вклад R1b смотрится вторичным. С италийцами сложнее,

потому что массовый переход жителей Аппенин на латынь и приток переселенцев со всех краев Империи фактически стер ДНК-следы осков, умбров и родственных им племен. Возможно, редкие, но не попадающие ни в одну из молодых ветвей гаплотипы R1a1 из горных селений на юге Италии - напоминание о тех растворившихся среди других народах.

Остаются самые рано отошедшие ветви - греческая, армянская и албанская. У всех этих народов доля R1a невелика, за исключением греков. У последних, однако, в основном представлены молодые ветви, характерные для славян - явный след славян, заселивших некоторые районы Греции в 7-9 вв., и затем постепенно эллинизовавшихся. Возможно, в лице этих ветвей мы имеем пример ранних языковых переходов на уровне протоИЕ общности.

В свете их географии, а также при учете вымерших фракийских, гето-дакских, иллирийских, фригийского, мессапского и венецкого языков (возможно, также пеласгского) "диффузионная" модель Аткинсона откровенно теряет свою внешнюю стройность, и к ней применима вся та критика, что уже высказывалась при обсуждении статьи о выводе всех языков из Африки. Там была та же модель, только вместо наборов когнат в ней были закодированы наборы фонем. Вся остальная математика - та же самая.

В голову пришла такая аналогия. А что, если провести численное моделирование плавания Христофора Колумба, что учитывало бы течения, ветра, вместимость и плавучесть судов, и много чего еще, кроме сущей мелочи - наличия килия и парусов на каравеллах? Получатся красивые и убедительные картинки, подкрепленные массой проверочных расчетов, но вот какое они будут иметь отношение к реальному плаванию?

Это к вопросу, насколько важна постановка задачи для правильности решения. "Навороченная" математика сама по себе на вопрос не ответит.

А.А. Клёсов:

На самом деле навороченная математика - признак слабости главной гипотезы. Меня всегда забавляло, как Животовский и его коллеги страницами давали всяческие критерии надежности и математических обоснований, но при этом в три раза ошибались в основном показателе.

В.П. Юрковец:

Только после того, как сам сформулировал то, что написал в этой теме выше ("своими словами"), окончательно понял, что написано у Трубецкого по этому же вопросу - то же самое:

"Романские языки являются одним из примеров развития семейства языков из "праязыка". Пример этот не вполне удачен потому, что "праязыком" в данном случае служил государственный язык с письменной традицией. Но рядом с настоящими романскими языками существуют и языки, так сказать "полуроманские", то есть языки, вставшие на путь постепенной замены своих оригинальных черт и элементов народнолатинскими, но не дошедшими в этом направлении до конца. Таков, например, язык албанский. Значительная часть его словаря состоит из романских элементов, и грамматический строй его сильно напоминает строй романский. Но в то же время язык этот не стал вполне романским и сохраняет еще очень большое число элементов, не объяснимых при помощи латинского. Так как латинский язык хорошо известен по памятникам и, кроме того, имеются живые романские языки, языковеды оказываются в состоянии в значительной мере распутать клубок романских и нероманских элементов албанского языка, хотя это и сопряжено с большими затруднениями. Но если бы в распоряжении ученых находилось только несколько "полуроманских" языков вроде албанского, то, применяя к этим языкам сравнительный метод, выработанный индоевропейским языковедением, пришлось бы восстанавливать их "праязык", причем нероманские элементы этих языков пришлось бы либо оставлять невыясненными, либо объяснять при помощи сложных и искусственных комбинаций, которые непременно отразились бы на восстановленном "праязыке". Картина еще осложнилась бы, если бы в распоряжении науки находилась не одна группа языков, вставших на путь конвергентного развития и остановившихся посреди этого пути, а потомки нескольких таких групп, связанных друг с другом частичной конвергенцией. Применяя метод классического сравнительного языковедения, пришлось бы восстанавливать "праязык" всей этой совокупности языков, так как в них во всех имелись бы и общие черты строя, и общие словарные и грамматические элементы с закономерными звуковыми соответствиями. "Праязык", несомненно, восстановить удалось бы, но он, разумеется, не соответствовал бы никакой реальности.

Таким образом, языковое семейство может быть продуктом чисто дивергентного, или чисто конвергентного развития, или, наконец, продуктом сочетания обоих типов развития в разных пропорциях. Критериев, вполне объективно указывающих на то, какому именно типу развития обязана своим происхождением данная группа языков, по-видимому, нет или почти нет. Для семейств, состоящих из языков настолько близких, что почти все словарные и грамматические элементы каждого из этих языков

находятся (с закономерными звуковыми изменениями) во всех или в большинстве других языков того же семейства, - для таких семейств чисто дивергентное развитие, конечно, более вероятно, чем чисто конвергентное. Быть может, некоторые указания можно почерпнуть и из внутреннего членения данного языкового семейства. **Существуют языковые семейства с сетевидным (или цепевидным) членением. Таковы, например, славянские языки. Здесь почти каждый язык является как бы связующим звеном между двумя другими, и связь между соседними языками осуществляется переходными говорами, причем нити связи тянутся и поверх границ, между группами.** Так, южнославянская группа не только представляет собой непрерывную цепь переходов от словенского языка (через кайкавищину) к сербохорватскому, а от него (через ряд переходных говоров) к болгарскому, но можно прямо сказать, что из всех южнославянских языков ближе всего к западнославянским стоит словенский (и, в частности, его хорутанские говоры), а ближе всего к восточнославянским - болгарский (и, в частности, его восточное наречие) и т.д. **Однако при сопоставлении славянских языков с прочими индоевропейскими это цепевидное членение прекращается.** Не подлежит сомнению, что из всех других индоевропейских языков ближе всего к славянским стоят языки балтийские (литовский, латышский и вымерший древнепрусский). **Но нельзя сказать, какой именно балтийский язык ближе всего к славянским и какой именно славянский ближе всего к балтийским. Вместо цепевидного членения здесь имеется иной тип членения, который можно было бы назвать кирпичевидным. И, возможно, что эти разные типы членения групп "родственных" языков связаны с разными типами возникновения этих групп, то есть, что цепевидное членение развивается при преобладании дивергенции, а кирпичевидное - при преобладании конвергенции.** Как бы то ни было, индоевропейское языковое семейство не представляет особо тесной связи между отдельными своими ветвями. Каждая из ветвей индоевропейского семейства обладает значительным числом словарных и грамматических элементов, не имеющих точных соответствий в других индоевропейских языках, - в этом отношении индоевропейское семейство сильно отличается от таких языковых семейств, как тюркское, семитское или семейство языков банту. А при таких условиях предположение, что индоевропейское семейство получилось благодаря конвергентному развитию первоначально неродственных друг другу языков (предков позднейших "ветвей" индоевропейского семейства), отнюдь не менее правдоподобно, чем обратное предположение, будто все индоевропейские языки развились из единого индоевропейского праязыка путем чисто дивергентной эволюции. Во всяком случае, названное предположение должно непременно приниматься во внимание при обсуждении так называемой "индоевропейской проблемы", и всякое высказывание об этой проблеме должно быть построено так, чтобы сохранить свою силу при допущении как того, так и другого вышеупомянутого предположения. **Между тем до сих пор при обсуждении "индоевропейской проблемы" учитывается только предположение чисто дивергентного**

развития из единого индоевропейского праязыка. Благодаря этому одностороннему подходу все обсуждение проблемы попало на совершенно ложный путь [И до сих пор с него не свернуло, моё замечание- ВЮ]. Подлинное, чисто лингвистическое существо индоевропейской проблемы было позабыто. Многие индоевропеисты совершенно необосновательно привлекли к участию в обсуждении "индоевропейской проблемы" доисторическую археологию, антропологию и этнологию. Стали рассуждать о местожительстве, культуре и расе индоевропейского "пранарода", между тем как этот пранарод, может быть, никогда и не существовал. Для современных немецких (да и не только немецких!) языковедов "индоевропейская проблема" получает приблизительно следующую формулировку: "какой тип доисторической керамики должен быть приписан индоевропейскому пранароду?" Но этот вопрос (точно так же, как и ряд подобных ему вопросов) с научной точки зрения разрешен быть не может и поэтому является праздным. Вся дискуссия вертится в заколдованном кругу, так как само существование индоевропейского пранарода доказано быть не может, точно так же, как не может быть доказана и связь определенных типов материальной культуры с определенным типом языка. Таким образом, создается мнимое понятие, романтический призрак "пранарода", и в погоне за этим призраком забывается та основная научная истина, за которую следовало бы держаться, - именно, что понятие "индоевропейцы" является исключительно лингвистическим. Единственная научно допустимая постановка вопроса гласит: как и где образовался индоевропейский строй языка? И ответить на этот вопрос можно и должно, прибегая исключительно к лингвистическим понятиям и фактам.

Вся статья здесь - <http://www.philology.ru/linguistics1/trubetskoy-87d.htm>

Мне теперь отчётливо видна научная недобросовестность С. Кончи, который не только искажил Трубецкого - <http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?show...%CA%EE%ED%F7%E0> , но и умолчал в своей критике принципиальный вопрос о конвергентном развитии большинства ИЕ языков.

А посему и древо, построенное Аткинсоном, также является праздным упражнением, поскольку построено с помощью всё того же одностороннего подхода (это в добавление к критическим замечаниям уважаемых Анатолия Алексеевича и Игоря Львовича).

Odin:

Знакомы языки не всех "скифов" Евразийских степей. Знакомы только язык приазовских скифов, и возможно знаком (спекуляции) язык донских савроматов, а пазырыкцев, например, некоторые связывают с самодийцами-

селькупам.

Кроме того по словам Диодора Сикела выходит, что приазовские скифы и савроматы перебили друг друга, и скифия (западная степь) опустела. Война между ними была во времена Александра и позже. Это значит что ираноязычные скифы там продержались всего 4 века. Кроме того, язык скифов в Секкесе в северо-западном Иране в определенной степени чистый ИЕ. А язык приазовских скифов почему-то приобрел агглютинативный строй. От кого, интересно, от уральцев, алтайцев или же от кавказцев? Семаргла и Хорса у скифов не было, возможно, это от других иранцев, на территории западных степей есть спекуляции о ираноязычии ста или более разных народов.

А.А. Клёсов:

> А язык приазовских скифов почему-то приобрел агглютинативный строй. От кого, интересно, от уральцев, алтайцев или же от кавказцев?

Почему он "приобрел"? (или это ирония?). Если они в значительной степени (или полностью) R1b, то это их исконный язык.

Odin:

"Приобрел", потому что в инскрипции из Секкеса нет агглютинативного строя.

Дон:

Вполне возможно, что в Северном Причерноморье, Приазовье потомки скифов, сарматов, аланов под влиянием вновь прибывающих из Азии степных завоевателей, переходили на агглютинативные языки, но ещё с III тыс. до н.э. племена ямной, катакомбной и срубной культуры были явно ИЕ, как и их родичи митаннийские арии, индоарии и древние иранцы.

Odin:

Геродот не сообщил ни о об одном вторжении в Скифию, кроме как самих скифов с юга. Геродот делит скифов приазовья на две части, на пришлых с юга и на местных. Вполне возможно что местные имели агглютинативный строй.

Славер:

Интересно, почему не рассматривается тот вариант, что просто сарматов принимают за скифов и на самом деле не у скифов, а у сарматов этот язык.

И.Л.Рожанский:

Уважаемый Один, ну вот, опять вы начали мельчить и уводить разговор в сторону. При чем тут скифы, да еще при посредничестве Геродота? Так можно до бесконечности обсуждать, кого включать, а кого не включать в математическую модель Аткинсона с соавторами. Давайте еще о меланхленах с андрофагами и всяких прочих бастарнах поговорим.

Речь совсем о другом, а именно: (а) насколько "диффузионная" модель соответствует реальному течению событий, и (б) возможно ли ее модифицировать так, чтобы она была хотя бы комплементарна к данным из других дисциплин, а не противоречила им едва ли не по всем пунктам?

Ответ на первый вопрос - "не соответствует". Более того, способ, которым авторы обосновывают свои выводы, взят из арсенала славного Карла-Фридриха-Иеронима барона фон Мюнхгаузена. Бравый барон вытянул сам себя из болота за косичку, а авторы модели в качестве ее доказательства используют параметры самой же модели. За обилием формул (в проводительном материале) это, может быть, не бросается в глаза, но физический смысл доказательства именно такой. Плюс психологический эффект от видеоролика, уже прошедшего на многих новостных сайтах. Вот так формируется "общепринятое мнение". Следующий этап - вводная фраза "как известно..." в статьях, посвященных этой теме.

На второй вопрос было бы лучше получить ответ от самих авторов - они лучше владеют технической стороной расчетов. Могу лишь сказать, что они пошли слишком легким путем, сравнивая заведомо выигрышную и заведомо проигрышную (в рамках модели) гипотезы. Это как если бы футбольные букмекеры на вопрос "Кто выиграет Лигу Чемпионов?" принимали ставки только на, скажем, "Баварию" и "Галатасарай". Ответ очевиден), но соответствует ли заданному вопросу?

Еще раз подчеркну, что эти замечания не касаются лексикостатистической модели 2003 года, которая дает датировки и топологию древа, почти один в один накладывающиеся на древо гаплогруппы R1a1a (M198). Более того, древо Грея-Аткинсона воспроизвелось у меня на несколько другом наборе

когнат и дистанционной матрице, рассчитанной по квадратичной формуле Старостина, когда в качестве точки расхождения иранских и индоарийских языков взял возраст ветви L342.2 (около 4700 лет). Похоже, оно довольно устойчиво.

Что касается замечания Валерия Павловича, то Трубецкой во многом был прав, когда говорил о конвергенции и диалектных континуумах. Однако, абсолютизировать эту точку зрения тоже нельзя, поскольку она подразумевает, в идеале, бесконечную изменчивость и свободное перетекание языков из одной группы в другую. Допустим, японский сначала относился к австронезийской семье, а потом постепенно стал алтайским. Насколько мне известно, такую "смену пола" пока не обнаружили ни в ныне существующих, ни в мертвых языках за их 5000-летнюю историю письменной фиксации. Скажем, японский вобрал в себя огромное количество китайской лексики, турецкий - арабской и персидской, а чукотский - русской, но к языкам-донорам они не приблизились ни на шаг.

Чисто эмпирически выяснилось, что определенный набор лексем, называемый базовой лексикой, относительно нечувствителен ни к интеграционным процессам, описанным Трубецким, ни к изменениям в морфологии. В силу того, что абсолютно смешанных языков в природе не существует, эти самые стабильные элементы наследуются в таком наборе только от одного из языков в процессе их взаимодействия. Это прямая аналогия наследования нерекombинируемой части ДНК только от одного из родителей. Поскольку человеческое общество практически всю свою историю управлялось мужчинами, очевидна корреляция с Y-хромосомными линиями, что мы и наблюдаем, причем не только для индоевропейских, но и, например, афразийских языков (субклад E1b1b1-M35).

Как верно выразился Валерий Павлович, все филогенетические деревья языков - это деревья базовой лексики. Однако, это вовсе не означает, что они фиктивные. Раз мы видим совпадения с деревьями, полученными на совсем другом материале, значит они имеют физический смысл. Как и в ДНК-генеалогии, в них за скобки выносятся все, кроме единичного признака, что наследуется только по одной линии. Именно это и позволяет выявить глубинные связи, которые не видят классическая лингвистика и популяционная генетика, соответственно. Помнится, один популяционист (доктор наук, если не ошибаюсь) здесь возмущался, как это А.С. Пушкина можно относить к гаплогруппе R1a, когда он на 1/8 африканец. Да хоть на 7/8, на гаплогруппу это никак не повлияет. Налицо полное непонимание сути ДНК-генеалогии. С лингвистикой, в принципе, то же самое, за

исключением того, что в последней нет физически измеряемых объектов, как нуклеотиды, и для конструирования деревьев приходится полагаться на человеческий фактор в виде ввода исходных данных.

Трубецкой не дожид до тех времен, когда начала развиваться лексикостатистика и расчетные методы в лингвистике, а потому мы не знаем, как бы он к ним отнесся. Он оппонировал другой точке зрения, и во многом справедливо. Однако, опираться на его высказывания для опровержения современных методов, это как опровергать квантовую механику цитатами из Максвелла или Фарадея.

Bugler:

>На второй вопрос было бы лучше получить ответ от самих авторов - они лучше владеют технической стороной расчетов.

Я, думаю, что и спрашивать бесполезно. Модель имеет большую степень свободы. Например, как определить количество ячеек, участвующих в диффузии?

Понятно, что самая мелкая - это семья, где язык передаётся от родителей к детям. Второй уровень это "свои" в рамках поселения, где их объединяют производственные отношения. Далее возникает уровень нахождения взаимопонимания между поселениями, где с одной стороны можно ожидать наибольшую диффузию, а с другой стороны - наибольшую изоляцию, так как другая деревня это "чужие". Должен быть большой "интерес" в общении (торговля, бродячие ремесленники). Затем появляется уровень власти, который определяет куда, когда, что и сколько нести. Далее сильный центр будет привлекать тех, кто предложит свои услуги при "дворе". Возникает "литературный" язык и язык "военной службы". Следующий уровень диффузии это обучение и появление первых стандартов обучения. При этом каждый уровень влияет на предыдущий. Во времени эта схема ломается, возникает снова в новом виде или в составе других схем. И на всё это надо вводить коэффициенты, постоянные скорости и т.п. По сравнению с этим, определение скорости распада языка по стословному словарю - задачка для первоклашки.

И.Л. Рожанский:

Кажется, понял, в чем принципиальная ошибка "диффузионной" модели Аткинсона. Подобно мысленному эксперименту с каравеллами Колумба без руля и ветрил, в гипотезе отсутствует один принципиальный момент - люди как носители языков. Дело в том, что по своему математическому

формализму гипотеза описывает следующий механизм передачи и географического распространения языков: люди живут безвылазно в своих деревнях/селениях/кишлаках, а языки медленно диффундируют в их среде, накапливая различия по мере удаления от географического центра. То есть, сами носители языков рассматриваются здесь как некая однородная масса, пассивно усваивающая новую базовую лексику. Все остальное - детали расчетной схемы.

Что бы ни писали авторы и какие бы поправочные параметры ни вводили, сам метод решения задачи неизменно будет возвращать к пресловутой культурно-языковой диффузии, как пороховые газы возвращают затвор в автомате Калашникова. Как мы знаем, в том числе из ДНК-генеалогии, такой диффузии в чистом виде, скорее всего, никогда не существовало, это всего лишь идеализированная модель, призванная как-то связать концы с концами в чрезвычайно запутанных и трудно интерпретируемых данных археологии, причем только европейской. Так что, вольно или невольно, но Аткинсон с соавторами подыграли археологам из господствующей в англоязычных странах школы.

Парадоксальным образом, они подыграли и взглядам Трубецкого, который критиковал ТОГДАШНИХ археологов за их склонность обязательно связывать тип керамики с языками людей, ее изготовлявших. Его взгляды на развитие языков фактически совпадают с заданной моделью. Различие только в том, что он отрицал древовидный характер изменений.

Если снова вернуться к статической модели 2003 года, то в ней конкретный механизм передачи языков, включая географическую компоненту, отсутствует. Она в нем не нуждается, потому что там все вынесено за скобки, помимо наборов базовой лексики. Потому и сработала. Похоже, на этом ее потенциал и закончился. Хочется надеяться, что авторы осознают, где модель дает сбой, и постараются ввести миграции людей взамен нынешней серой массы. Как это сделать, не знаю, но в любом случае надо привлекать информацию не только из лингвистики.

В.П. Юрковец:

И всё-таки я так и не понял причины того, что никто из лингвистов не принимает во внимание единство фонологии и морфологии (кроме лексики) у старославянского, санскрита и латыни (для первого приближения лучше остановиться только на этих трёх языках), каждый из которых и дал свою географическую группу ИЕ языков Евразии. А рассматривают только лексику в отрыве от вещественного материала (фонология) и внешних форм (морфология) языков. Мне кажется, что все

лингвисты в этом конкретном вопросе хором что-то всем им очевидное не договаривают. И делают это не сговариваясь, явно не принимая какой то - опять-таки всем им очевидный, но неприемлемый для них вывод.

Может быть, причина в том, что если к лексике добавить морфологию и фонологию, то ИЕ языки распадаются на две противоположные группы? В одной из этих групп будут только однородные со всех точек зрения старославянский, санскрит и латынь, а в другой - все остальные и, что самое главное - неоднородные не только в разных континуумах, но и внутри каждого континуума? Может быть это и есть главная причина того, что прародину ИЕ так долго не могут найти - такая истина никого не устраивает?

Bugler:

>... Мне кажется, что все лингвисты в этом конкретном вопросе хором что-то всем им очевидное не договаривают. И делают это не сговариваясь, явно не принимая какой то - опять-таки всем им очевидный, но неприемлемый для них вывод...

У Тилака есть интересная мысль: " ...Нам следует помнить, что результаты сравнительной филологии, как бы они ни были интересны и поучительны с точки зрения исторической или лингвистической науки, способны дезориентировать нас, если мы не знаем, где находилась прародина народа, не знаем, когда была обитаема и когда покинута предками нашей расы..." Во всяком случае, я давно не могу отделаться от мысли, что лингвистика может быть использована только для проверки какого-то маршрута, но не может указать этот маршрут.

И.Л. Рожанский:

>И всё-таки я так и не понял причины того, что никто из лингвистов не принимает во внимание единство фонологии и морфологии (кроме лексики) у старославянского, санскрита и латыни (для первого приближения лучше остановиться только на этих трёх языках), каждый из которых и дал свою географическую группу ИЕ языков Евразии. А рассматривают только лексику в отрыве от вещественного материала (фонология) и внешних форм (морфология) языков. Мне кажется, что все лингвисты в этом конкретном вопросе хором что-то всем им очевидное не договаривают. И делают это не сговариваясь, явно не принимая какой то - опять-таки всем им очевидный, но неприемлемый для них вывод.

Ну, зачем сразу видеть какие-то заговоры? Вы хорошо владеете латынью,

старославянским и санскритом, чтобы так утверждать? Думаю, лингвисты мало обращают на внимание на ваш тезис по той же причине, почему антропологи давно не рассматривают африканских негров, индийских дравидов и австралийских аборигенов как представителей одной большой черной расы. Ситуация там намного сложнее, и один признак (цвет кожи, в данном случае), вырванный из общего контекста, мало что решает. Кстати, гаплогруппы у них совсем разные, если на то пошло.

Не знаю, что там лингвисты "не договаривают". Лично я никаких фигур умолчания не находил. Возможно, такое впечатление складывается из-за того, что в силу своей подготовки им не требуется каждый раз разъяснять в специальной литературе какие-либо определения, очевидные для них, но малопонятные для общей публики. Совершенно обычная ситуация для науки.

В.П.Юрковец:

Ну, антропологи хотя бы объясняют почему они их не рассматривают - подробно и убедительно. А вот лингвисты этот вопрос обходят стороной. Или вы можете подсказать, где они об этом пишут?

И.Л. Рожанский:

Возьмите первый том монографии Гамкрелидзе и Иванова, они там всю структуру индоевропейских языков по полочкам разбирают. Если осилите хотя бы 1/3 материала, вопрос рассосется сам собой.

Пока он похож на просьбу к англичанину перевести слово "шизгаре", причем без контекста, где оно звучит.

В.П. Юрковец:

Они там как-то объясняют своё нежелание учитывать морфологию с фонологией при построении древа ИЕ языков?

И.Л. Рожанский:

Почему Вы вдруг решили, что где-то там нежелание? Есть масса работ и по фонологии, и по морфологии, причем в таких деталях, что неспециалисту и в голову не придут. Более того, построение деревьев, основанных на базовой лексике, абсолютно неразрывно с фонологией. Ведь в этом методе считают не буквальные совпадения, как русское "дорога" и японское "доро", а слова, восходящие к одному и тому же исходному корню. По

возможности, с доказательством, что слово не заимствовано позже или это не случайное совпадение. Собственно, доказательство последних двух положений и является главным предметом спора "объединителей" (как Иллич-Свитыч и Старостин) и "рассекателей" (англо-американская школа лингвистики).

Без знания и применения закономерностей фонологии тут не обойтись. Иначе как доказать, что индийское "чакра" и английское "wheel" - это слова, производные от одного и того же древнего корня с тем же самым значением "колесо"? Или английское "eye" и старославянское "око", также независимо произошедшие от древнего слова, обозначавшего глаз. Информацию по спискам таких слов, называемых когнатами (от лат. cognato - родственник) можно найти, например, на сайте этого проекта <http://www.cs.rice.edu/~nakhleh/CPHL/>

Это чрезвычайно тонкая и скрупулезная работа, требующая высокого профессионализма. А Вы сразу о заговоре. Прямо дело врачей какое-то.

Эти же авторы приложили немало усилий, чтобы включить морфологические черты в построение языковых деревьев, но оказалось, что это почти не работает. Во-первых, морфологические черты настолько взаимосвязаны между собой, что изменение в одной грамматической форме зачастую тянет за собой целую цепочку изменений в других, вплоть до смены строя языка (но при сохранении базового словаря, сравните английский и немецкий). Во-вторых, многие морфологические черты развиваются в разных языках параллельно и независимо, путем т.н. гомоплазии. Например, неопределенная форма глагола (инфинитив) имеется в латыни, санскрите и старославянском, но в каждом из этих языков она оформляется разными суффиксами, позаимствованными из разных грамматических форм. Очевидно, в языке-предке эта форма глагола отсутствовала, и каждая из дочерних ветвей "изобретала" ее по-разному.

Пребрав сотни морфологических черт из 24-х ИЕ языков, авторы из упомянутой выше группы смогли выбрать всего 15, что не подпадали бы под те две категории. Как понимаете, дерево из такого скудного материала не построить. Такие вот конкретные результаты. Как видите, никого замалчивания, все обосновано.

И вообще, морфология - вещь весьма изменчивая. Кое-что происходит на памяти одного-двух поколений, как формы употребления падежей в русском. Стабильна она только в изолирующих языках, типа китайского, и то по причине почти полного своего отсутствия. Ее там заменяет синтаксис.

В.П. Юрковец:

Благодарю вас, уважаемый Игорь Львович! Как всегда чёткий и обстоятельный ответ.

Не знаю, правда, заметили ли вы сами, что подтвердили мой тезис о том, что морфология разбивает все ИЕ языки на две противоположные группы - однородные со всех точек зрения старославянский, санскрит и латынь, и все остальные - неоднородные не только в разных континуумах, но и внутри каждого континуума? Естественно, с такими исходными данными древа не построишь - его там просто нет. Зато морфология даёт чёткие три географически разделённые ветви - старославянский, латынь и санскрит, каждая из которых дала свой куст (континуум) ИЕ языков в результате конвергенции с местными наречиями.

При этом не следует углубляться в те детали, которые появились в этих трёх исходных ИЕ языках уже после географического разделения, иначе за деревьями можно не увидеть леса - их безусловного морфологического единства.

Что касается фонологии - конечно, всё что Вы написали бесспорно, но я опять о другом - об исходном материале, о звуках. В современном итальянском, в большей мере сохранившем фонологию латыни, и санскрите звуки речи на слух ровно те же самые, что и в современном русском. Мелкие отличия ничего не меняют - они неизбежны за столько тысячелетий раздельного существования. Куда как весомей то, что объединяет фонологию этих трёх языков - не надо быть лингвистом, чтобы это определить на слух. В то же время, если взять фонологию географически близкого к нам английского и сравнить с далёким санскритом - между ними пропасть по сравнению с парой санскрит - современный русский. И это очевидно не только тем, для кого родной язык русский, но это очевидно даже профессиональным лингвистам - вот я о чём. И ещё о том, что этот, повторюсь, более чем очевидный факт не принимается ими во внимание при построении древа ИЕ языков.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Part 43

Anatole A. Klyosov

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

LETTER 146

I think I read your paper where you discussed the fractional mutations, but if I remember, I didn't understand it well.

You are referring to the multi copy STRs? Such as 385a/b and 389 1.2 (although not a multi-copy if one mutates the other will too), the 464s, etc?...

I have been counting each mutation as one whether or not it is 1 step or more... but I have not allowed for less for these multi-copies. Which ones do you allow for a fraction, etc, and do you have a sheet to refer to?

MY RESPONSE:

No, by fractional mutations I meant different things. When you compare two base haplotypes, you compare rounded numbers. In fact, they depend on actual combination of all the alleles in the dataset. So, you need to take an average of all in those cases when you see a difference between two base haplotypes. Sometimes you obtain 14.48, and in your (rounded up) haplotype it is 14, and in the other haplotype it is 14.53, and you took (round up) 15. Therefore, you compare 14 and 15 and take it is a 1-mutation difference. It is incorrect, in reality it is $14.53 - 14.48 = 0.05$, and you practically do not have a difference.

That is why you need (in some cases, particularly when compare base haplotypes) to take into account fractional, averaged alleles. Of course, you compare fractional alleles only where you see a difference in two (rounded up) base haplotypes. Do not bother to calculate averages for each allele. They compensate each other when there are many markers.

CONTINUATION:

I understood now, thank you. However, what about my more general question on that I have been counting each mutation as one whether or not it is 1 step or more...?

MY RESPONSE:

If in one particular markers, say, DYS390, you see alleles 24, 25, 23, etc., and the base allele is 23, then you have 1, 2, and 0 mutations, respectively in those particular haplotypes. You do not know 23--> 25 was an one-step mutation or a two-step, therefore by default you assume all mutations are statistical, independent from each other and one-step mutations. It was proven many times that this approach works.

However, even if some of them in reality were two-step mutations, those situations are so rare, that they do not change a thing.

With multi-copy mutations we see a different story. When you have 11-14 in most cases (in DYS385), and in a few cases 11-11, this is ONE mutation. The same thing, in DYS464 if you see 15-15-17-17 compared with 13-14-12-11 (I am making this up), there are TWO mutations, if the 13-14-12-11 is in the base haplotype. Mutation to 15-15 happen at once, and covers whatever it was earlier. The same with 17-17. That is why those double numbers cover 13-14, or 12-11, or whatever. Each time when you see 37-37 or 39-39 in YCA, it was a one-step mutation in the multi-copy marker.

That is why all those "Generation" program calculations do not work with multi-copy markers. The Program "does not know" how to handle them.

LETTER 147

I am trying to follow your methodology in TMRCA calculations, it is quite understandable. However, I am confused how to compare two base haplotypes?

MY RESPONSE:

Counting of mutations between branch to branch (that is between two base haplotypes of the branches) is almost the same thing, as counting mutations in a dataset. You compare two base haplotypes and count a number of mutations between them. For a better precision use fractional averages in the base haplotype alleles (see the above Letter). The total amount of mutations (say, 8 in

the example below) divide by the mutation rate constant, such as $8/0.12 = 67 \rightarrow 72$ generations, or 1800 years between two common ancestors. Then, if the "age" of said two branches are, say, 600 and 400 years, then $(1800+600+400)/2 = 1400$ years before present (ybp). I am not considering here calculations of margins of error of the figures obtained, it is a different subject.

LETTER 148

Please take a look at the "Sons of Aodh" Project:

<http://www.familytreedna.com/public/Sons-of-Aodh/default.aspx?section=ycolored>

What do you think on the first group?

Comments welcomed and appreciated.

MY RESPONSE:

What kind of comments are you expecting?

O.K., I will start from the beginning. First, the "modal" in the first group does not make any sense, because the group consists of two quite different populations, or "families", or "branches". See the Figure below, which represents a 19-haplotype 67-marker tree. The numbering are deciphered in the Excel file (attached) [not shown here - AK].

One family, on the left, more "close" to the trunk of the tree has a common ancestor who lived about 560 years ago. The other branch, on the right, more more remote from the trunk, has a common ancestor who lived 1500 years ago. The difference between their base haplotypes amounts to 5 mutations, that is 1100 years between their common ancestors. Altogether, THEIR common ancestor lived about 1600 ybp. It is the common ancestor of M222, if all of them belong to M222 subclade.

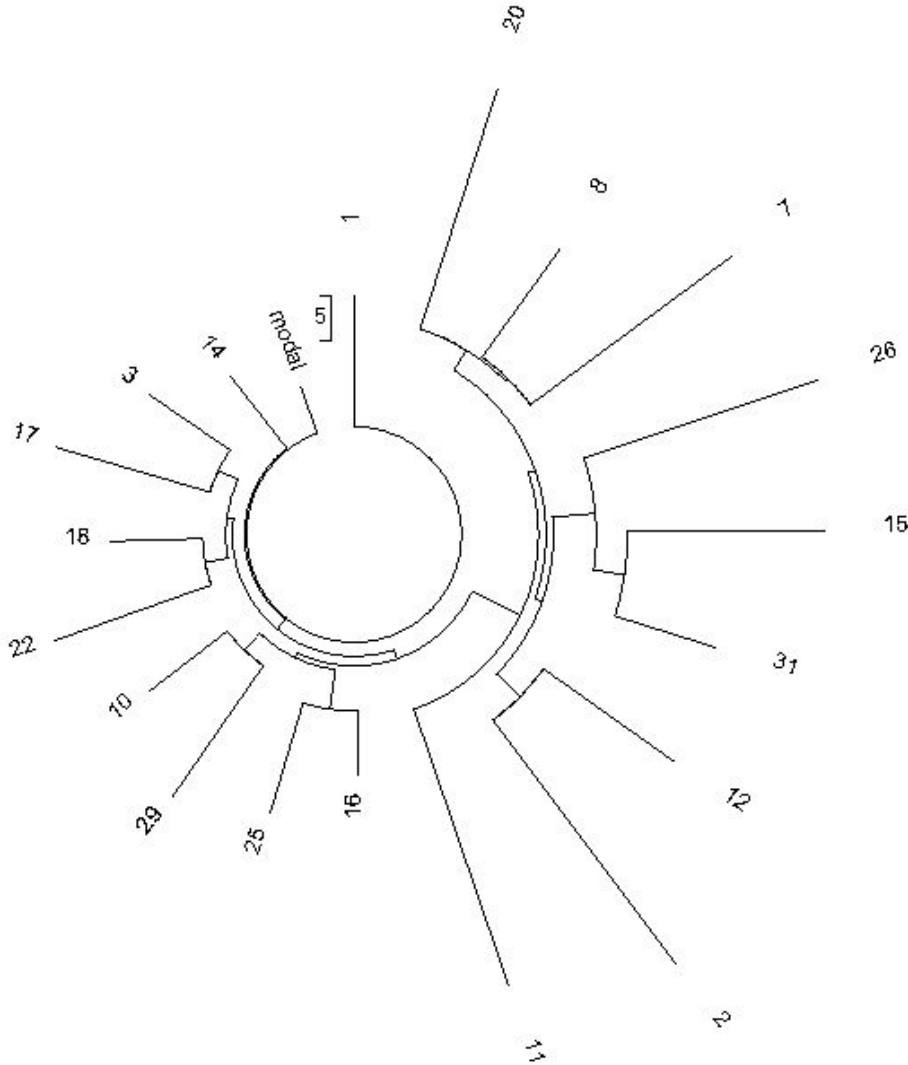
Here is what the data shows. The base haplotype of the young branch is as follows:

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 -
12 11 19 23 17 16 18 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 21 23 16 10 12 12
16 8 12 **22** 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (M222, 560±120 ybp)

It has only four mutations from the base M222 haplotype (marked):

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 -
 11 11 19 23 17 16 18 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 21 23 16 10 12 12
 16 8 12 25 20 13 12 11 13 11 11 12 12 **(R1b1a2-M222, 1450±160 ybp)**

All 10 haplotypes have 27 mutations from the base haplotype of the branch, which gives $27/10/0.012 = 22.5$ conditional generations, or 560 ± 120 years from their common ancestor.



A 67 marker haplotype tree of Group 1 of the Project
<http://www.familytreedna.com/public/Sons-of-Aodh/default.aspx?section=ycolored>. The tree contains 19 haplotypes; 10 haplotypes are in the left-hand side younger branch, and 10 haplotypes in the right-hand side older branch.

The base haplotype of the older branch is as follows:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 -
11 11 19 23 17 16 18 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 21 23 16 10 12 12
16 8 12 **25** 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (M222, 1500±245 ybp)

It has four (in fact, 3.91) mutations from the base haplotype of the younger branch, and no mutations (in fact, only 0.43 mutations) from the base M222 haplotype. Indeed, it has the same "age" as the M222 itself.

All 9 haplotypes have 60 mutations from the base haplotype of the branch, which gives $60/9/0.012 = 56 \rightarrow 60$ conditional generations, or 560 ± 120 years from their common ancestor.

3.91 mutations between two base haplotypes place their common ancestors by $3.91/0.12 = 33 \rightarrow 34$ generations, or approximately 850 years, and THEIR common ancestor lived $(850+560+1500)/2 = 1455$ ybp. It is a common ancestor of M222 himself.

As you see, your "Group 1" in fact contain two branches, one is the M222 itself, and another one is a young (560 ybp) branch of M222.

Unfortunately, those FTDNA Projects repeats the same mistake again and again. They put into the same "group" different branches, having different common ancestors, hence, get a mess. A "modal haplotypes" is typically a fiction, it reflects some phantom string of numbers, which either is a mix of alleles, or reflects the most massive branch in the dataset. As you can see, the "modal" haplotype of "Group 1" is the base haplotype of M222. The young branch, which contains 10 67-marker haplotypes, was "lost in translation".

In short, the "group 1" has only one thing in common - they all are M222.

Regards,

LETTER 149

I am sending you 503 of 67-marker haplotypes of the R1b-M222 subclade. I have noticed that DYS481 has many different alleles, from 22 to 27. There are 49 haplotypes which have 26 & 27. Many of those listed England, Scotland, Ulster Scot, Northern Ireland...don't know if it really means

anything, but it might! The majority mutation in M222 presently is DYS481=25 with upward mutation to 26 and 27 in the majority...it might mean something...what exactly I do not know, but the fact that so many are listing ancestral origin as England & Scotland, it might be a clue....--the rest of the count is thus: 25 have 24; 7 have 23; 19 have 22 and the balance are at the modal value of 25.

MY RESPONSE:

Without looking into details in all those 503 of 67 marker haplotypes, I would suggest you to think in terms of DNA genealogy, not population genetics.

It means that if you have variations in, say, DYS481, as you have described, it does not make much sense to count how many are 24, 25, 26, etc. It does not give you anything constructive besides some loose information. Population geneticists adore it, they make tables and describe those numbers and how many of each particular allele is in the dataset. That is how they finish.

In DNA genealogy it is only a start. By the way, you wrote the "M" word: "19 have 22 and the balance are at the modal value of 25". How do you define that "modal"? It might be just one of several base haplotype values, other base haplotypes might have 24, yet other might have 22, etc., if there are distinct branches in the dataset. In this case your "modal" is just the base allele value in the most numerous branch. However, all branches are EQUAL in their significance, each reflects a family, a genealogy line. When you list base haplotypes, you treat them equally, you count mutations between them, and they lead you to THEIR common ancestor.

Therefore, in terms of DNA genealogy those different numbers at, say, DYS481 represent one of two principally different situations: (1) they belong to distinct branches, each one with its base haplotype and its own TMRCA, hence, with their common ancestor. In this case those numbers at DYS481 reflect a size of each branch, no more. (2) They reflect just statistics, when the dataset represent only one branch. In this case those numbers at DYS481 mean nothing. It is like to count a number of heads and tails when you are tossing a coin.

It might well be that in this particular case there are no branches, and what you look at is just statistical variations. Again, in that case counting alleles does not give any information.

In DNA genealogy you do not count those alleles and think what it might mean. You know what it might mean - either silly statistics or different branches. You compose a tree, separate branches, and treat each of them differently.

Now, having said that, I looked at the dataset. 169 haplotypes from the total 503 have identical 12-marker haplotype. Using the logarithmic approach we obtain $[\ln(503/169)]/0.02 = 54 \rightarrow 57$ generations, or 1425 years to the common ancestor of all those 503 haplotypes. In fact, it is indeed the timespan to a common ancestor of R1b-M222 subclade (1450 ± 160 years). So, it looks like the dataset has no distinct branches, otherwise the timespan would be distorted.

Let's look at the 25 marker haplotypes. There are 43 identical 25 marker haplotypes in the dataset (th base haplotypes). It gives $[\ln(503/23)]/0.046 = 53 \rightarrow 56$ generations, or 1400 years to the common ancestor of all those 503 haplotypes. It is practically the same timespan as that above. It all indicated that it is a tree for R1b-M222 subclade. Therefore, to count alleles at DYS481 (and any other marker) does not give you any particular information, because deviation happens in every marker, but they compensate each other.