

*Ultima ratio*

**Вестник Академии ДНК-генеалогии**

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

**Volume 6, No. 6  
June 2013**

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

ISSN 1942-7484

**Вестник Академии ДНК-генеалогии.**

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии.

Издательство Lulu Inc., 2013.

*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

© Авторские права на статьи принадлежат Академии ДНК-генеалогии, 2013.

При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2013

## СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

DNA Genealogy and Linguistics. Ancient Europe. <i>Anatole A. Klyosov, Giancarlo T. Tomezzoli</i> .....	1051	
Haplotypes of R1b-L165 subclade. <i>Anatole A. Klyosov</i> .....	1077	
ДНК-генеалогия башкирских родов. <i>А.А.Клёсов, Б.А.Муратов,</i> <i>Р.Р.Суюнов</i> .....	1083	
Доказательства распространения единого религиозного культа в неолите на территории Евразии, Японии и Америки (сердцевидные изображения лица Великой Богини). <i>Е.А. Миронова,</i> <i>В.В. Попов</i> .....	1103	
Сердцевидная головка Великой Богини в неолите Нижнего Приамурья. <i>В.В. Попов</i> .....	1113	
Гаплотипы гаплогруппы E1a. <i>А.А. Клёсов</i> .....	1123	
SUSAN'S CORNER		
Stewart and Daugherty. <i>Susan M. Hedeem</i> .....	1128	
В ПРОДОЛЖЕНИЕ ДИСКУССИИ ПО ВЕЛЕСОВОЙ КНИГЕ В ВЕСТНИКЕ №5 (МАЙ 2013) «Влесова книга» как величайший исторический памятник славяно- русов и научные споры вокруг нее: pro et contra. <i>А.Т. Лунатов</i> .....		1136
DISCUSSIONS		
1. On Lithuanians, Slavs and haplogroup N1c1. ....	1139	
2. О научных принципах. ....	1145	
У НАС В ГОСТЯХ САЙТ ПЕРЕФОРМАТ ( <a href="http://pereformat.ru/avtory/">http://pereformat.ru/avtory/</a> ) .....		1153
Вопросы читателей к первым очеркам на «Переформате», и ответы. ....	1163	
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 52, письма 175-178. ....		1197

# DNA Genealogy and Linguistics. Ancient Europe

Anatole A. Klyosov and Giancarlo Tomezzoli

([aklyosov@comcast.net](mailto:aklyosov@comcast.net))

([gtomezzoli@epo.org](mailto:gtomezzoli@epo.org))

*(Published in Advances in Anthropology, vol. 3, No. 2, 101-111, 2013)*

## Abstract

This article attempts to merge the data of contemporary linguistics and DNA genealogy in order to describe the migrations and settlement of peoples and languages in Europe after the last Ice Age. In the new paradigm, three important groups of players have been identified:

-- R1a haplogroup bearers, conditionally identified as Aryans. They arose around 20,000 years before the present (ybp) in central Asia and the Altai Mountains; after their migration along the southern route, they arrived in Europe between 10,000-9,000 ybp, bringing proto-Indo European (PIE) and Indo European (IE) languages. In 4800 ybp they migrated eastward from Europe to the Russian Plane and then to India. About 3000-2500 ybp they migrated with their IE languages from the Russian Plain back to central, western, and southern Europe, laying the genetic groundwork for peoples later called Celts, Germans, Italics, Greeks, Illyrians, and Balto-Slavs.

-- E, F, G, J, I, K haplogroup bearers. The dates of their arrival in Europe (sometime before 5,000 ybp) and their migration routes remain obscure. They apparently spoke non-IE languages.

-- R1b haplogroup bearers, called the Arbins. They arose about 16,000 ybp in central Asia, and migrated to Europe along a northern route. They arrived in Europe between 4,800 and 4,500 ybp bringing with them several non-IE languages. It seems that the arrival of the Aryans (R1a) in Europe was peaceful. There are no clear indications that their arrival triggered any sort of violence. However, the migration of the Arbins (R1b) was marked by an almost complete elimination of the E1b, F, G2a, J, I1, I2, and K haplogroups from Europe. Our analysis of current linguistic theories in the light of DNA genealogy data demonstrates that:

-- the Anatolian theory is generally compatible with DNA genealogy data;

-- the Vasconic and Afro-asiatic substratum theory is partially in agreement with DNA genealogy data;

-- the Kurgan theory and the Palaeolithic Continuity Theory (PCT) appear incompatible with the history of Europe based on haplogroup data.

-- the "Out of Africa" theory has questionable validity.

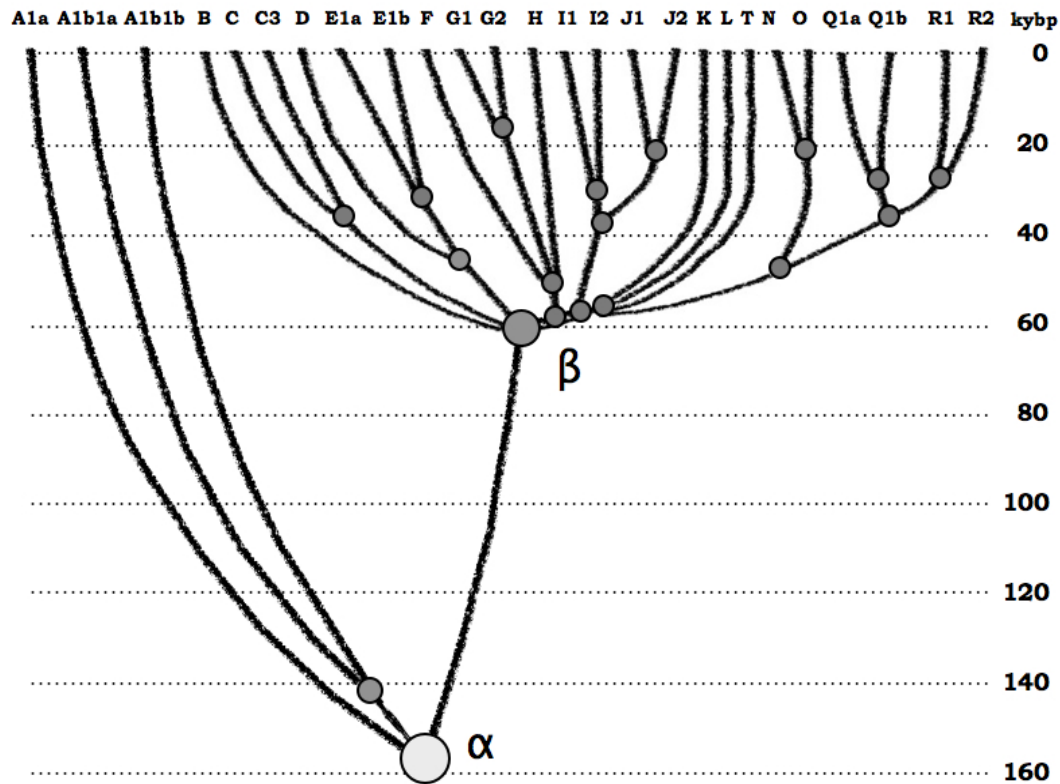
## INTRODUCTION

DNA genealogy is an historical science that allows researchers to trace the migration and evolution of populations. DNA genealogy studies the molecular history of DNA by analyzing the mutations in the Y chromosome (in males) in the mtDNA (in males and females). The haplotypes of the Y chromosome are rather accurate tools; for example, using 111-marker haplotypes resolves DNA-lineages down to 5-generation increments; mtDNA is a much cruder tool, and its resolution stops at a few thousand years.

Many distinct linguistic theories have attempted to pin down when ancient populations speaking different languages settled in Europe after the last Ice Age. These theories offer supporting arguments, discuss the interrelationships with other theories, and often contest, contradict, or reject aspects of other linguistic theories concerning the settlement of ancient Europe. In this paper, we (a) establish a reasonable migration/linguistic/settlement paradigm for ancient Europe from the Paleolithic to the Common Era, and (b) summarize the major linguistic theories of the last 120 years. Then, using the tools of DNA genealogy, we (c) compare our results with the hypotheses of the linguistic theories.

### **Ancient Migrations to, from, and within Europe as Revealed by DNA Genealogy**

The  $\alpha$ -haplogroup of the Y-chromosome (cf. Fig. 1), which is present in almost all males living today (except certain archaic African lineages A0, A00, etc., not shown in Fig. 1, since their dating is still uncertain), arose around 160,000 ybp (Klyosov and Rozhanskii, 2012a) in a location currently unknown. Essentially, the  $\alpha$ -haplogroup was carried by the common ancestor of what we think of as anatomically modern man. We can only conjecture where that common ancestor might have lived; it seems that he could have lived in the vast triangle from Central Europe and Ireland to the west, through the Russian Plain to the east, to the Levant in the south (Klyosov and Rozhanskii, 2012a). This huge area is defined by the greatest number of ancient skeletal fragments of anatomically modern homo sapiens (AMH) found in Europe (dated between 45-43,000 ybp) (Benazzi et al., 2011; Higham et al., 2011), and in the Russian Plains of eastern Europe (dated between 40,000 and 35,000 ybp or even between 45,000 and 42,000 ybp, when optically stimulated luminescence dating of the settlements is used) (Prat et al., 2011; Anikovich et al., 2007).



**Figure 1. Haplogroup tree of the *H. sapiens* Y-chromosome derived from haplotypes and subclades (Klyosov and Rozhanskii, 2012a). The African branch is on the left, the non-African one is on the right. The diagram was composed using 7415 haplotypes from 46 subclades of 17 major haplogroups. The timescale on the vertical axis shows thousands of years from the common ancestors of the haplogroups and subclades.**

Fig. 1 shows the estimated dates of the occurrence of human haplogroups (Klyosov and Rozhanskii, 2012a). To compose this tree, we analyzed 7,415 haplotypes from 46 subclades of 17 major haplogroups. The  $\alpha$ -haplogroup, which is ancestral to both the African and non-African haplogroups, arose about 160,000 ybp. The left branch represents current African haplogroups, which arose 160,000 – 140,000 ybp. The non-African  $\beta$ -branch arose  $\sim$  64,000 ybp;  $\beta$  and its descendants were not descendants of the African branch but share a common ancestor. Haplogroups F through T represent Europeoids (Caucasoids) who arose  $\sim$  58,000 ybp (Klyosov and Rozhanskii, 2012a).

Some contemporary Africans are bearers of recently discovered haplogroups A0, A00, etc. which arose some 200,000-260,000 years ybp, or even earlier (Mendez et al, 2013). These might be the only truly African haplogroups. With respect to mutation, they are very distant from other haplogroup A haplotypes.

This study concentrates on the haplogroups on the right-hand side of the diagram in Fig. 1. Two of them, R1a and R1b, descended from the R1 haplogroup, which is shown in Fig. 1. R1a is the group, conditionally called the Aryans, which embraces about 50% of the current population of Eastern Europe. This group has the same DNA as the legendary Aryans, who arrived to India around 3500 ybp. Currently, approximately 72% of the some upper Indian castes belong to the R1a haplogroup (Sharma et al., 2009).

Haplogroup R1a apparently arose about 20,000 ybp (Klyosov and Rozhanskii, 2012b) in central Asia and possibly in the southern Siberia region of the Altai Mountains. Its ancient subclade M17 is observed in north China (Klyosov, 2009). R1a bearers migrated from central Asia across Tibet, Hindustan, the Iranian Plateau, and Anatolia between 12,000 and 10,000 ybp. Their downstream subclade, M417, crossed Asia Minor and entered the Balkans between 10,000 and 8,000 ybp. It is apparently their arrival in the Balkans which strontium isotope measurements dated at 8200 ybp (Boric and Price, 2013). The M417 subclade spread all over Europe sometime between 9,000 and 5,000 ybp. Around 5,700 ybp, the recently discovered Z645 branch of haplogroup R1a developed. In 4,900 ybp (Rozhanskii and Klyosov, 2012), we find a Eurasian branch, Z283, and its South- Eastern branch Z93, along with the downstream branch Z342.2/Z94 and the central Eurasian branch Z280. The central Eurasian branch R1a-Z280 embraces about half of all contemporary east European males, and the Aryan branch R1a-Z94 is currently observed in Russians, Ukrainians, and in southern Asian populations in like the Kyrgyz, the Kazakh, and the Tajik peoples. This branch also exists in Iran, India, in the Middle East, and along the ancient migration route from the Russian Plain to the Middle East, particularly in Armenia and Turkey. The R1a haplotypes which were excavated in the Andronovo archaeological sites east of the Ural Mountains, and which have been dated at between 3,800-and 3,400 ybp (Keyser et al., 2009), probably belong to the Z94-L657 subclade (Klyosov, 2013).

It seems that only two subclades, Z94 and L657, can be considered descendants of the Aryans in the traditional sense. These subclades match the history, archaeology, and languages of the steppe people. They rode chariots and, in the middle of the 2<sup>nd</sup> millennium BC, arrived in India (Indo-Aryans), Iran (Avesta Aryans), and Mesopotamia (Mitanni Aryans) (Klyosov and Rozhanskii, 2012b).

R1b bearers, called the Arbins, comprise about 60% of the current population of western and central Europe. R1b apparently arose around 16,000 ybp (Klyosov, 2012b) in central Asia, perhaps in the Altai region. Its subclade, M73, is observed in Siberia and central Asia; subclade M269 is found in Bashkortostan near the South Urals; between 6,200 and 5,500 ybp, subclade L23 and its downstream subclade Z2105 can be found on the Russian Plain, in

the Caucasus, and in Mesopotamia; between 5,500 and 5,000 ybp subclades L51 and L11 are found on the migration route between the Middle East and the Pyrenees. R1b-U106 and P312 arose in Iberia around 4,800 ybp and apparently became the initial population of the Bell Beaker culture of continental Europe. L21 apparently arose in the south of France about 4,000 ybp and moved to England and Ireland sometime later. A common ancestor of nearly 25% of the current Irish population, who lived around 1,500 ybp (Klyosov, 2012b), belonged to M222, a subclade downstream of L21.

In addition to R1a bearers, since ~ 9,000 ybp in Europe, and R1b bearers, since ~ 4800 ybp in Europe, ancient Europe was inhabited by bearers of other haplogroups, among them E1b, G2a, F, I1, I2, J2, K. Their migration routes and dates of arrival in Europe remain obscure. Haplogroups E1b and J2 apparently moved to Europe from North Africa or from the Middle East. Haplogroup G2a moved apparently from the Near Asia, probably from the Iranian Plateau. Haplogroups I1 and I2 might have moved westward from the Russian Plain, as had haplogroups IJK (see Fig. 1), between 45,000 and 40,000 ybp. The arrival of haplogroups F and K in Europe has not been dated.

Recently, ancient bones in Spain dated as 7,000 ybp (Lacan et al., 2011) have been shown to belong to E1b-V13. Strikingly enough, present day bearers of E1b-V13 haplotypes all coalesce to a common ancestor who lived only 3,600 ybp. In other words, the contemporary V13 haplotypes reveal a gap between 7,000 and 3,600 ybp. The same gap pattern is observed in almost all the haplotypes of ancient Europe -- except haplogroup R1b, which apparently played an important role not only in the settlement of, but also in the replacement of other haplogroups in Old Europe.

It seems that the arrival of the Aryans (R1a) in Europe had been peaceful; there are no indications that it might have been genetically or otherwise violent. However, the arrival of the Arbins (R1b) was marked by almost complete elimination of the autochthonous haplogroups from Europe; E1b-V13 practically disappeared, and started to proliferate only around 3,600 ybp; G2a fled to the Asia Minor and to Mesopotamia and Caucasus; R1a fled to the Russian Plain; I1 nearly disappeared and started to proliferate only around 3,600 ybp; I2 fled to England, Ireland, and to the Russian Plain. I2 started to proliferate in Eastern Europe only around 2,300 ybp. Only R1b itself has proliferated without pause from approximately 4,200 ybp; a gap between 4800 and 4200 ybp is not filled with their common ancestors as yet.

This brief historical outline of the settlement of Europe provides the basis for our consideration of the movement of peoples and languages in Europe from about 9,000 to the beginning of the Common Era (2,000 ybp).



## How Haplogroups and Languages are Connected

DNA genealogy allows us to trace the migrations of ancient tribes and peoples, but, to date, it has not helped us to unambiguously trace languages. Neither haplogroups nor languages stay the same in the course of migrations: haplogroups can disappear as a result of extermination, epidemics, and ecological catastrophes; in such cases the languages spoken by the haplogroup bearers typically disappear. On occasion, however, the languages are adopted by other tribes. In some cases the invaders adopt the language of the conquered people--when, for example, the women of a conquered people continue to teach their own language to their children, or when a conquered people has a more advanced civilization than its conquerors. Even if the haplogroup maintains itself during the course of long migrations, languages evolve following the rules of glottochronology and the natural dynamics of linguistic evolution.

However, in some cases, a language can migrate and evolve along with the migration and evolution of haplogroups over long periods of time and over large distances. There are several conditions that must be met if our study of these cases is to be productive: (1) the connection between the haplogroups and languages has to be verified by linguistics, DNA, and archaeology, (2) the languages must have evolved in time and distance, (3) the languages can be adopted by bearers of different haplogroups in certain cases.

We have said above that haplogroup R1a migrated across Anatolia to the Balkans between 10,000 and 8,000 ybp; the group spread throughout Europe, moved east to the Russian Plain, and then went to India. The first date is supported by the fact that we find PIE in Anatolia between 10,000 and 9,000 ybp (Gray and Atkinson, 2003; Bouckaert et al., 2012). PIE could have been formed and evolved during the long migration from the Altai Mountains to Anatolia. Then, the language migrated with the same R1a haplogroup to the Balkans and across Europe, where around 6,000 ybp it split into branches; members of haplogroup R1a arrived around 4,800-4,600 ybp on the Russian Plain as speakers of Indo-European language(s). DNA genealogy has confirmed that haplogroup R1a arrived in India as the legendary Aryans around 3,500 ybp; even today nearly 72% of some Indian upper castes are R1a bearers (Sharma et al., 2009).

Therefore, it seems that it was indeed haplogroup R1a carried PIE from about 20,000 to 10,000 ybp, and IE (or some kind of proto- or pre-IE languages from about 10,000 to 3,500 ybp. The facts that (1) the peoples of the Russian Plain continue to speak IE languages, and (2) up to 63% of Russians today belong to haplogroup R1a, and (3) there are marked similarities between the Slavic languages and Sanskrit, permit us to conclude that the migration of bearers of

haplogroup R1a were also bearers of Proto Indo European and Indo European languages.

We can add to our earlier description of haplogroup R1b's (the Arbin's) migratory route the following points: around 6500-6000 ybp, on its way from the Russian Plain south over the Caucasus and probably -- concurrently -- along the eastern side of the Caspian Sea and Eastern Iran, it moved to the Middle East, the Tigris and Euphrates basin; between 6,000 and 5,000 ybp it apparently established the Sumerian civilization; between 4,800 and 4,500 ybp it moved to Europe following several routes. One route brought the Arbins through Northern Africa to the Pyrenees. Between 4,800 and 4,500 ybp, they arrived in continental Europe as bearers of the Bell-Beaker culture; another route brought the Arbins to Europe through the Mediterranean islands and the Apennines; around 4500 ybp, yet another route brought the Arbins to Europe via the Pontic steppes.

In the first part of their migration, along the northern Eurasian route, the Arbins crossed territories, populated at least for the last two millennia (and very probably also much earlier), by speakers of Turkic languages, such as Chuvashes, Bashkirs, Tatars. We can conclude that the Arbins might have carried languages which were proto-Turkic, or Dene-Caucasian, or Sino-Tibetan. We tentatively call these languages Arbin, or R1b, or Non Indo European (NIE) agglutinative languages. In the Caucasus, the Arbins left the northern Caucasian group of languages, together with a characteristic vigesimal counting system. Two thousand years later, the Arbins brought the same base-20 counting system to the Pyrenees. The R1b bearers brought their Arbin language(s) first to Mesopotamia, then to the Sumer state (Assyrians, the likely descendants of the Sumerians, today are largely R1b bearers, which is unusual for the Middle East [Klyosov, 2012b]), then to Iberia, where the present day Basques, 87-93% of whom belong to haplogroup R1b, also employ the vigesimal counting system. As Bell Beaker tribes the Arbins moved north to continental Europe, and brought their agglutinative NIE languages, which apparently were spoken in Europe between 4,500 and 3,500-3,000 ybp, and up into the Common Era (e.g., probably, Picts) and to the present (Basques).

During the period of 3,000-2,300 ybp many R1a tribes migrated with their IE languages from the Russian Plain to central, western and southern Europe bringing to Europe the peoples later called Germans, Italics, Greeks, Illyrians, Balto-Slavs, and Celts (the Hallstatt and La Tene cultures flourished between 2,600 and 2,400 ybp). We posit that some Arbin peoples adopted the IE languages from the R1a bearers and, in exchange, introduced NIE loan words and grammatical structures. One group of Arbins were forebears of the Basques in the Pyrenees and the South of France, as well as the Picts in northern Scotland, and, possibly, the Etruscans in Tuscany.

## LINGUISTIC THEORIES REGARDING THE ANCIENT EUROPEAN SETTLEMENTS

Let us move now to current linguistic theories about ancient European settlements, and compare their notions with those of DNA genealogy.

### **The Vasconic and Afro-asiatic Substratum Theory: The Linguistic View**

The Vasconic and Afro-asiatic substratum theory of Vennemann (2003) proposes that several millennia after the end of the last Ice Age, when the glaciers receded (around 10,000 ybp), NIE peoples started to settle in southern Europe. These peoples were responsible for many European toponyms, hydronyms, and floral and faunal names, some of which have survived up to our times. Krahe (1954, 1964) believed that many of these toponyms and hydronyms were Indo European, but Vennemann was convinced that they contained NIE roots. Krahe argued that hydronyms from the Atlantic were imposed on the Baltic shore areas before 3500 ybp, and *preceded* the formation of the IE Baltic, Celtic, Germanic, Illyrian, Venetic and Italic language groups. Because of their similarities, Krahe concluded that the toponyms and hydronyms descended from a common language system he named Old European (OE). According to him, Old European constituted a language layer intermediate between PIE and the IE Baltic, Celtic, Germanic, Illyrian, Venetic and Italic language groups.

Schmid (1987, 2001) extended Krahe's OE concept by including the Eastern Slavic languages. Vasconic is what Vennemann called the language family of the NIE populations which imposed the toponyms and hydronyms. The Basque language would be the only surviving language of this family. Another argument in support of the Vasconic theory is the persistence in modern languages of traces of the base 20 counting system that would be a relic of the Vasconic culture.

Vennemann (2003) also observed that on the Atlantic shore area of Europe there are toponyms that are neither Vasconic nor IE. He named the languages responsible of these toponyms Semitic. According to Vennemann, these languages were related to the Mediterranean Hamito-Semitic languages, and were spoken along the Atlantic shore between 7,000 and 3,000 ybp. The Semitic languages influenced IE superstratically (i.e., loaning terms for animals, advanced cattle breeding, buildings, warfare, and social organization--especially among the Germans of northern Europe) and substratically (i.e. contributing loan terms for plants, animals and herding, especially among the insular Celts). From about 7,000 ybp onward, the Semitic peoples--thought to be builders of megaliths--moved north along the Atlantic coast, reaching Great Britain and Ireland about 6,000 ybp and Sweden about 5,000 ybp.

According to Baldi et al. (2006) there are several weak points in this theory: no megaliths have been dated before the Bronze Age (3,500 - 2,800 ybp); contrary to the traditionally accepted evidence that the Celts settled the Britain and Ireland no earlier than 4,000 ybp, Vennemann's theory requires a Celtic presence in England and Ireland about 7,000 ybp; the building of megaliths by Semitic settlers is opposed by Renfrew and other archaeologists; finally, Vennemann (2003) assumed that the Picts of northern Scotland were an Atlantic population or at least a population speaking an Atlantic language. A similar hypothesis, according to which the Picts were a NIE people, was set out by Zimmer (1898) on the basis of the Pictish customs of tattooing and their matrilineal social organization.

Vennemann assumes no genetic connection between IE languages and Vasconic and Semitic languages. The expansion of the OE toward north Europe was restricted by the expansion of IE populations which adopted the Vasconic toponyms, hydronyms, and other lexical items related to the natural environment. The Basques, now living in a restricted region between France and Spain, speak the only descendant language of OE or, according to Trask (1995, 1997), a patchwork of NIE languages is uncertain.

Kuzmenko (2011) has reviewed the lexical borrowings made by the Indo-European languages of Europe from an "unknown substrate." In his opinion, most linguists of the last century agree that an unknown substrate contributed not only to German languages but to all European IE languages. Kuzmenko finds merit in Vennemann's hypothesis (2003) that the Basque language is the only surviving representative of the unknown European substrate.

### **The Vasconic and Afro-asiatic Substratum Theory: The View of DNA Genealogy**

The Vasconic and Afro-asiatic substratum (VAAS) theory is partially confirmed by DNA genealogy.

DNA genealogy does not support the assumption of the VAAS theory that NIE populations began their European settlement in southern Europe after the end of the last Ice Age (about 10,000 ybp). Instead, it reveals that between 4,800 and 4,500 ybp (Klyosov, 2012b) the Arbins (R1b) moved into Europe using several routes (Northern Africa and the Pyrenees; the Mediterranean and the Apennines; the Pontic steppes). There were no speakers of Vasconic in Europe before 4800 ybp.

However, the notion that Vasconic is a descendant of the ancient Arbin language is in agreement with DNA genealogy data. Concerning the European toponyms, hydronyms, and the names of flora and fauna which have survived to the present, Vennemann's hypothesis --that they are NIE-- is

acceptable, provided that his temporal estimate (10,000 ybp) be adjusted to 4800 ybp or later. DNA genealogy is in general agreement with the hypothesis of Krahe --that the languages are OE because, according to DNA genealogy, the Arbins (R1b) and their NIE languages migrated as bearers of the Bell-Beaker culture (mainly R1b) and apparently dominated Europe between 4,500 and 3,000 ybp. Krahe (1954, 1964) appears to be correct in assuming that the Vasconic toponyms and hydronyms were imposed before 3,500 ybp.

According to DNA genealogy, the Vasconic language family is nothing other than an alternate name for the NIE languages of the Arbins (R1b). In other words, the NIE language of the contemporary Basques (R1b haplogroup) is probably a surviving descendent language of the NIE languages of the ancient Arbins (R1b). A common ancestor of present day Basques, most of whom belong to haplogroup R1b, lived around 3,700 ybp, which reflects a population bottleneck of the Arbins who arrived in Europe 4,800 years ago (Klyosov, 2012b).

The vigesimal counting system used both by the Basques and by the people of the Caucasus is supported by DNA genealogy data as a characteristic suggesting a connection between the ancient Arbins (R1b) (who migrated along the Northern route across the Caucasus, the Mediterranean islands, and northern Africa to Central Europe) and the isolated ancestors of the Basques in the Pyrenees region.

Concerning the Semitic, or Atlantic group of languages postulated by Vennemann (2003), they might indeed have survived into the Common Era, and could have been spoken by the Picts of northern Scotland. The haplogroup of the Picts is unknown at present, but it might have been I1 or I2, because both haplogroups can be found in Britain today, and their common ancestor lived more than 15,000 ybp (Klyosov, 2010; see also Fig. 1). The majority of the population of England and Ireland carry the R1b haplogroup, which came to Britain and Ireland after 4,200 ybp. Indo European apparently belonged to the Aryan tribes (R1a); Non Indo European belonged to the Arbin tribes; Semitic belonged to haplotypes I1, I2, and G2. The three linguistic communities had a common ancestor who lived around 55,000 ybp (Klyosov and Rozhanskii, 2012a). Therefore, Vennemann's suggestion that there were no genetic connections between IE languages, Vasconic languages, and Semitic/Atlantic languages seems to be justified.

### **The Anatolian Theory: The Linguistic View**

Renfrew (2001), in summarizing the Anatolian theory, affirms that PIE, or the PIE family of languages, or the pre-PIE languages (Diakonov 1984), were formed in central Anatolia during the Neolithic (about 9,000 ybp), and that the PIE or IE languages were diffused throughout Europe from West Anatolia along with the diffusion of the agriculture, which was Phase I of the PIE.

According to Renfrew (2001), reliable radiocarbon datings indicate that the domestication of plants and animals from West Anatolia reached Greece and Crete around 8,500 ybp. Linguistic changes in Greece and in the Danube and Balkan areas were due mainly to demic migrations during the 9<sup>th</sup> and 7<sup>th</sup> millennia ybp. It is possible that around 3,500 ybp the diffusion of agriculture east of what is now Ukraine could have brought speakers of Tocharian to the Chinese Sinkiang/Xinjiang.

On the basis of their study of 87 languages and 2,449 lexical items, Gray and Atkinson (2003) and Gray et al. (2011), suggest that an initial IE divergence occurred between 11,800 and 9,800 ybp, allegedly in Anatolia. This is consistent with the separation of archaic PIE from pre-PIE; Ryder and Nicholls (2011) indicate a unimodal posterior distribution for PIE at about 10,400 ybp, which supports the Anatolian theory; other linguistic studies by Sturtevant (1962), Dolgopolsky (1987, 1993), Gamkrelidze and Ivanov (1984, 1995), Pringle (2012) and Bouckaert et al. (2012) also support the Anatolian theory. Interestingly, Bouckaert's study is based on a model of spatial diffusion of infectious diseases. Renfrew (2001) affirms that a first linguistic advergence area was formed in the Balkan region between 7,000 and 5,000 ybp, which was Phase II of PIE.

Some linguistic characteristics of the Celtic and Tocharian languages indicate that they were not part of the Balkan linguistic advergence area. The disaggregation of the Balkan advergence linguistic area, which occurred at around 5,000 ybp, indicates the end of Phase II of PIE, and the separation of proto-Greek from proto-Thracian, proto-Dacian, proto-Phrygian and others. At about the same time, there was a separation of the proto-Indo-Iranian spoken in the northern area of the Black Sea from its diffused form on the Iranian plateau and in India. Renfrew (2001) asserts that other IE languages were developed in advergence areas, where now their descendant languages are spoken.

### **The Anatolian Theory: The View of DNA Genealogy**

The Anatolian theory is generally compatible with DNA genealogy data, although the linguistic theory is silent about the evolution of PIE before 10,000-9,000 ybp.

As we discussed above, the proto-Aryans (R1a) migrated westward across Anatolia around 10,000 - 9,000 ybp, which fits the linguistic estimates of Renfrew--9,000 ybp (2001), Diakonov--11,800 to 9,800 ybp (1984), and Gray et al. (2003, 2011). Diffusion of agriculture, demic diffusion, and non-demic diffusion are concepts beyond the purview of DNA genealogy, though migrations of the proto-Aryans (R1a) from Anatolia to the Balkans about 9,000 - 8,000 ybp could represent Phase I of PIE. The later spreading of the Aryans

(R1a) along with their IE languages across Europe about 8,000 – 5,000 ybp could represent Phase II of PIE. The migrations eastward of Proto-Aryans to the Russian Plain and their split (about 4,500-3,500 ybp) into at least four migration routes to the south, southeast, east southeast, and east toward India could represent Phase III of PIE.

The suggestion of the Anatolian hypothesis that Tocharian languages were not part of the Balkan linguistic advergence area is conditionally supported by DNA genealogy. According to Gray and Atkinson (2003), the Tocharian languages were an archaic branch, which arose around 7,900 ybp, and were spoken by R1a populations in the Tarim basin. Based on the dating of the Tocharian language and the relatively high linguistic distance of Tocharian A and B from the other IE languages (Tomezzoli and Kreutz 2011), it is unlikely that the proto-Tocharians migrated westward to Europe and the Russian Plain with the proto-Aryans (R1a), and then *moved back* to the Tarim Basin. It is more likely that the proto-Tocharians migrated from the Altai region of north China to the nearby Tarim basin and remained there (never going to Europe), forming the autochthonous R1a peoples of Central Asia. The Anatolian hypothesis groups these Tocharians rather superficially with Europeans (Li et al., 2010), without any DNA justification--their haplotypes were not even reported for a comparison with European R1a haplotypes. It is not enough to consider Tocharians as Europeans on the basis of their somatic features and their clothing which, in 4,000 ybp, looked like Scottish plaid. In fact, plaiding techniques could equally well have been brought to Europe by R1a tribes from the Altai and Central Asia.

Still, there is some room for the Tocharian languages to be considered as derivatives of the archaic European R1a languages of the IE family. Tocharian is possibly an ancient Centum branch. In that case, we have to admit that Gray and Atkinson's (2003) estimate of their appearance (7,900 ybp) should be reduced at least to around 6000 ybp. There should also be a recognition of an earlier migration (between 6000-5500 ybp) of R1a bearers from Europe to the Altai region, and their possible contributions to the Afanasyevo archaeological culture and perhaps to the Centum Tocharian languages in the area, including the Tarim basin. This concept is verifiable; if Afanasyevo bones not too far away from the Tarim basin are dated at least 5,000 ybp and are shown to belong to the R1a-Z93 subclade, the case for a migration of R1a from Europe to the Tarim basin will be well supported.

DNA genealogy data disallows Anatolia as the homeland of PIE and IE languages. DNA records show that these languages had no specific homelands--R1a bearers migrated over thousands of miles during the course of thousands of years. No archaeological site can be possibly identified as a location in which IE split into branches--the branching of IE was a continuous process of divergence and convergence over millennia.

According to DNA genealogy data (see Fig. 1), the predecessors of those who spoke PIE languages might have migrated 50,000 ybp or earlier from the unknown birthplace of the  $\beta$ -haplogroup. The birthplace might have been in Europe, the Russian Plain, or south Siberia (where they arrived between 40,000-35,000 ybp). Much later, sometime after 20,000 ybp, they migrated westward along with the R1a haplogroup via Anatolia, to the Balkans, to the Russian Plain and Pontic steppes, to the Middle East, Middle Asia, the Iranian plateau, the Ural mountains, Hindustan, South Siberia (again), North China, and Mongolia. All of these locations are migrational passing points and not homelands for the predecessors of the IE languages.

### **The Kurgan Theory: The Linguistic View**

During the Mesolithic and the Neolithic, during the dry and cold period of the Younger Dryas (12,800 - 11,500 ybp), NIE and PIE peoples settled along the shores of the Black Sea. According to the Kurgan theory, Proto Indo European formed in this area. At about 7,600 ybp (Ryan et al. 1998), due probably to a cataclysm, the waters of the Mediterranean Sea entered the Black Sea through the Bosphorus, triggering a rise in the water level and the submersion of many human settlements. The cataclysm caused extensive migrations toward the Balkan region and Central Europe; it ultimately gave rise to the formation of the Neolithic cultures of Vinča and the Linearbandkeramic (LBK).

Marija Gimbutas (1991) defined Ancient Europe as the European Culture developed between the 9<sup>th</sup> and the 7<sup>th</sup> millennia bp in the area of the Balkans, Greece, Adriatic region, Moldavia and Ukraine before the arrival of the IE bearers. Earlier (1956), she had provided a rather comprehensive description of the cultural level of an ancient Europe characterized by well organized settlements, mixed orticular economies, high quality sculpture and ceramics, and elaborate religious traditions. This materialized in the cultures of Bükk, Butmir, Cucuteni-Trypillia, Dimini, Karanovo, Lengyel, Petrești, Vinča, and LBK.

The languages spoken in Ancient Europe were NIE, as indicated by the survival of NIE agricultural, technological and social terms, toponyms, and personal and tribe names. Between 7,500 and 6,300 ybp Ancient Europe developed an advanced civilization, excelling in metallurgy. The Model of the Steppe, or the Kurgan model, or the Kurgan hypothesis, or the Kurgan theory was developed mainly by Gimbutas (1994, 1997), (see the synthesis by Marler [2001]); it proposes the presence, in about the 7<sup>th</sup> millennium bp, of territorial, nomadic, pastoral peoples speaking PIE languages. This Kurgan culture was situated in the area of the Dnepr and Don basins, the middle and lower Volga basin, and in the Caucasus and Ural mountains. The tombs, covered by round tumuli named kurgans often contained weapons and other artifacts, suggest a culture that was patrilineal, pastoral (with rudimentary agriculture),



territorial, and nomadic. The Kurgans had domesticated the horse around 7,000 ybp (Bököny, 1997, Gimbutas, 1956).

The Kurgan culture had characteristics different from those of the cultures of Ancient Europe, indicating to Gimbutas that it had not developed from the cultures of Ancient Europe.

A first migration of Kurgan peoples, according to Gimbutas' theory, took place about 6,400 – 6,300 ybp, as a result of the progressive drying of the steppes during the 8<sup>th</sup> and the 7<sup>th</sup> millennium bp. The Kurgans moved towards Bulgaria, the Danube basin, and Central Europe. This migration is given support by the increasing number of kurgan tombs (discovered between the egalitarian tombs of the Ancient Europe cultures), the fortification of settlements, the damage to the settlements of the Varna, Karanovo-Gulmenița, Vinča, Lengyel and LBK cultures, and the replacement of some Ancient Europe cultures by new Kurgan cultures. The development of IE languages was due to language substitution and bilingualism.

A second migration took place around 5,500 ybp from the area north of the Black Sea through Ukraine toward Poland, and central and east Germany. This migration led to the formation of hybrid-cultures: the Baden complex in the middle Danube basin (which had the Vinča culture as substrate), the Ezero culture in Bulgaria (which had the Karanovo culture as substrate), the Globular Amphora culture in Romania, West Ukraine, Poland, and Germany (which had the Trichterbecherkultur [BK] as substrate). In parallel with the development of these hybrid-cultures, the fragmentation of PIE into several IE languages took place.

A third migration, this one from the Volga steppes, took place between 5,000 and 4,800 ybp. It was more massive than the other two as witnessed by the numerous Yamnaya culture burials in the Balkan region and East Hungary. This migration caused the displacement of the hybrid cultures of central Europe toward northern Europe, southern Scandinavia, the Baltic area, and central Russia. This last migration was followed by a period of stability characterized by the formation of cultural groups (Gimbutas 1994, 1997) which spoke distinct IE languages.

### **The Kurgan Theory: The View of DNA Genealogy**

DNA genealogy data suggests that the Kurgan theory is incompatible with the history of Europe.

According to the DNA data, PIE arrived in the Balkans after a long migration from central Asia. Using strontium isotopic measurements, Boric and Price (2013) have shown a significant increase in non-local individuals in the Balkans from ~ 8200 ybp. This generally coincides with the arrival in the

Balkans of R1a peoples and IE languages. Neither the people nor the languages came from the Pontic steppes.

DNA genealogy indicates (1) a migration of R1a peoples eastward from Europe to the Russian Plain between 4,800 and 4,600 ybp (i.e. a direction opposite to that suggested by the Kurgan theory), and (2) a migration of R1b peoples from Asia to the Russian Plain and then southward between 7,000 and 5,000 ybp, and westward, between 5,500 and 4,500 ybp. In other words, the migrations of the Arbins (R1b) and the Aryans (R1a) were separated in time and went in largely opposite directions. Overall, NIE speakers were moving west to Europe and south to the Caucasus; IE speakers were moving east. The Kurgan theory posits language migration in the opposite directions. In other words, the Kurgan theory distorts the whole pattern of what happened in Europe and the Russian Plain between 5,000 and 3,000 ybp. Additionally, contrary to what is proposed by the Kurgan theory:

-- PIE speakers and their languages were not settled or formed along the shores of the Black Sea between 12,800 and 11,500 ybp. At present, we don't know which haplogroups were the most affected by the Black Sea cataclysm. The victims might have been G2a, E1b, F, I1, I2, etc., with survivors moving westward, to Europe.

-- Ancient Europe cannot be considered as having an established European culture developed between the 9<sup>th</sup> - 7<sup>th</sup> millennia bp in the area of the Balkans, Greece, the Adriatic, Moldavia, or Ukraine before the arrival of IE. In fact, the IE speakers (R1a) arrived in the Balkans and further in Europe between the 10<sup>th</sup> - 8<sup>th</sup> millennia bp.

-- The languages spoken in Gimbutas' Ancient Europe were not totally NIE. In fact, the arriving IE speakers (R1a) introduced their IE languages between the 10<sup>th</sup> - 8<sup>th</sup> millennia bp. The survival of NIE agricultural, technological and social terms, toponyms, and personal and tribe names cannot be considered an argument supporting a totally NIE Ancient Europe, since from the 10th millennium on IE and NIE languages co-existed in Europe

-- Gimbutas' theory is in error when it proposes the formation of territorial, nomadic, pastoral populations speaking PIE languages (collectively named the Kurgan culture), in the 7<sup>th</sup> millennium bp in the area of the Dnepr and Don basins, the middle and lower Volga basin, the Caucasus and the Ural mountains. In fact, there were no PIEs (R1a) at those times in those territories. The Kurgan theory apparently has inverted the roles of the NIE (R1b) and the IE (R1a).

-- The Kurgan theory is in error in ascribing kurgans, nomadism, and the domestication of horses to speakers of IE who lived around 7,000 ybp. Instead, these cultural features should be ascribed to NIEs (R1b) who migrated westward.

-- Gibutas claims that IE speakers migrated to Europe three times--first, between 6,400 and 6,300 ybp; second, between 5,500 ybp (from the area North of the Black Sea); third, between 5,000 and 4800 ybp (allegedly from the Volga

steppes). These claims are unsupported. There were no IEs (R1a) in the Volga steppes between 5,000 and 4,800 ybp or earlier; they arrived between 4,600 and 4,300 ybp. Had they been in the steppes, they would have been moving from Europe eastward. As we suggested above, there might have been an ancient migration route for R1a bearers (between 6,000-5,000 ybp). That route has not been proven as yet. If it is proven, it will most certainly be a migration to the east rather than the west as Gimbutas alleged.

### **The Palaeolithic Continuity Theory: The Linguistic View**

Writing a half century after Gimbutas proposed the Kurgan theory, Alinei (2001) asserts that a great IE invasion in the Chalcolithic, triggering a total ethnic and linguistic substitution on a continental scale, is simply inconceivable. He suggests that the greater part of the common Neolithic IE lexicon, (i.e. loan words designating innovative devices like the plow, the yoke, the wheel, some domesticated animals, plants, and some metals), was already diversified in almost all the IE languages during the Mesolithic and the Neolithic.

With respect to the Anatolian hypothesis, Alinei (2001) observes that limited migrations in the Balkans and Central Europe from Anatolia, even over a few millennia, are not sufficient explanation for the development and differentiation of IE languages in Europe. Moreover, these migrations cannot explain the relatively large number of NIE toponyms in the Aegean area and the NIE words in Greek and other languages in southern Italy, Sicily, Sardinia, Corsica, and Spain. These observations, according to Alinei, support the hypothesis that the populations coming from Anatolia were NIE speakers and that the Neolithic in Europe was a period of complex acculturation and geographical differentiation in which small migrating groups played a limited role with respect to the populations already inhabiting Europe.

The fact that the greater portion of the grammatical structure of Celtic, Germanic, Italic, Greek, Illyrian, and Balto-Slavic is different from IE grammatical structures indicates that they could not have been formed in the Chalcolithic or Eneolithic. Alinei (2001) indicates that that the only possible solution to the linguistic conundrum is offered by the Palaeolithic Continuity Theory (PCT). PCT is supported by paleoanthropologists who have concluded that that not only *Homo erectus* but also *Homo habilis* and perhaps even *Australopithecus* were able to speak (Tobias 1996). Some researchers in the cognitive sciences have reached the same conclusion, (i.e., to explain the innate character of human language it is necessary that *Australopithecus* had some capacity for language [Pinker 1994]). Thus, the structural portions of all human languages, including PIE (i.e. words, affixes, syntax) allegedly were formed a long time ago in Africa as part of human evolution.

Alinei (2001) believes that Neolithic Europe would have been occupied by IE, NIE and Uralic peoples, though the NIE speakers would have influenced the IE languages only by contact and adstrates. Although he excludes the possibility of a massive invasion of Europe during the Chalcolithic or Neolithic, Alinei (2001) notes that an important hybridization took place in southern Europe at the beginning of the Neolithic as a result of the infiltration of NIE populations and the migrations of the Kurgan peoples during the Chalcolithic. Other hybridizations took place during the Bronze Age. However, these hybridizations would have altered the languages and cultures of the IE populations only superstratically.

Alinei (2001) asserts that Celtic and northCeltic peoples occupied western Europe, including Brittany and Ireland, before the retreat of the glaciers, and that they created megalithism and the TBK cultures. During the Palaeolithic, the Italic or Italoide ethnolinguistic peoples occupied southern Europe from the Iberian Peninsula to Dalmatia. During the Neolithic, the Balkan area was influenced by NIE migrant groups of farmers, who created the *Balkan Sprachbund*, (i.e. the Balkan group of languages: Greek, Serbian, Bulgarian, Macedonian, Albanese, and Romanian).

According to Alineli (2001) the Kurgan culture introduced Turkic, not Iranian, influences to IE languages, and the border between the Trypillia and the Srednyj Strog cultures is the border between Slavic and Turkic cultures. In this theory, the late Combat Axe population were the IE peoples influenced by the Kurgan culture. Furthermore, according to the Uniformity Principle of historical linguistics, the languages of Europe during the Bronze Age correspond to the languages of modern Europe (i.e., the areas of Bronze Age civilizations correspond to dialectal language areas, which in turn correspond to each IE language).

#### *THE PALAEOLITHIC CONTINUITY THEORY: THE VIEW OF DNA GENEALOGY*

The Palaeolithic Continuity Theory appears incompatible with the history of Europe based on DNA genealogy data.

The PCT places the origin of PIE languages in Europe in the Upper Palaeolithic (minimum 10,000 ybp), and links it to the arrival of people in Europe from Africa; it proposes the continuity of peoples and languages in Europe for the last at least 10,000 ybp. This view is contradicted by DNA genealogy data.

The only parts of the PCT which find support from DNA genealogy are:

- PIE languages arrived in Europe around 10,000 ybp; they did not, however, arrive from Africa, but from Asia, via Anatolia.
- Words designating innovative devices, domesticated animals, plants and some metals, were already diversified in IE languages, and were not brought

by R1b “invaders” who arrived in Europe at the beginning of the 5<sup>th</sup> millennium bp.

According to DNA genealogy data, genealogical lineages or haplogroups, and languages in Europe have not shown a continuous pattern. In fact, according to DNA genealogy data:

-- IE (R1a) populations fled from Europe to the Russian Plain around 4,600 ybp. There were at least ten R1a tribes each with a distinct subclade/SNP and/or branch of haplotypes, which migrated back to Europe after 3,000 ybp.

-- Haplogroup G populations were almost completely eliminated in Europe between 4,500 and 4,000 ybp, apparently by the arrival of the Arbins (R1b); the survivors fled to Asia Minor, Mesopotamia and the Caucasus. There are excavated haplotypes of E-V13 dated 7,000 ybp; however, the common ancestor of contemporary E-V13 bearers lived only 3,500 ybp, indicating a population bottleneck .

-- Haplogroup I1 populations were almost completely eliminated in Europe between 4,500 and 4,000 ybp; they went through a severe population bottleneck until around 3,600 ybp, which was a new beginning for I1 haplotypes in Europe.

-- Haplogroup I2 populations were almost completely exterminated in Europe 4,500 ybp, and the survivors fled to England and Ireland, and to eastern Europe. Present day I2 populations have common ancestors at 4800 ybp and 2300 ybp, respectively (Klyosov, 2012c).

-- NIE speakers (R1b) arrived in Europe near the Pyrenees around 4,800 ybp; they arrived at the Apennines and the Balkans from the Pontic steppes, around 4,500 ybp. These migrations caused major disruptions in the populations and languages of Old Europe.

There are other aspects of PCT that are questionable in the light of DNA genealogy:

-- The notion that a few millennia in the Neolithic and a limited number of migrations to the Balkans and central Europe from Anatolia were not sufficient for the development and differentiation of the IE languages in Europe is questionable. In fact, IE speakers (R1a) were in Europe from about 10,000 to about 4,500 ybp. Thus, it cannot be assumed that there was a too short time for “development” and “differentiation” of IE languages.

-- The proposal of the PCT that the arrival of IE languages from Anatolia cannot explain the relatively large number of NIE toponyms in the Aegean area and the NIE words in Greek and other languages of South Italy, Sicily, Sardinia, Corsica and Spain (see above; Alinei, 2001) is questionable. The IE speakers (R1a) did not come to an empty Europe, there already were NIE populations of haplogroups E, F, G, I1, I2, J2, K, etc. So, IE languages were very likely introduced in a NIE speaking Europe. Moreover, the PCT assumption that the populations coming from Anatolia were NIEs (see above) is contradicted by DNA genealogy data. It might well be, though, that some other haplogroups/tribes speaking NIE languages also migrated to Europe

about between 10,000 and 9,000 ybp; nevertheless, even if that had happened, it would not change the language landscape of ancient Europe.

-- The PCT suggestion that the structural portions of all human languages, formed long ago in Africa in connection with human evolution (see above) appears erroneous. Nobody can responsibly exclude the idea that *H. habilis* and *Australopithecus* were able to speak; however, DNA genealogy has shown that non-Africans do not have "African" SNPs on their Y chromosomes (Klyosov and Rozhanskii, 2012; Klyosov et al., 2012). Africans and non-Africans have plenty of SNP-mutations from a common ancestor of humans and chimpanzees; however, non-Africans have apparently, not received them from the Africans (ibid.). As a consequence of this lack of DNA data, it is hard to imagine that African languages could have evolved into PIE languages. Overall, it is highly questionable that "anatomically modern homo" arose in Africa (Klyosov and Rozhanskii, 2012; Klyosov et al., 2012; Bednarik, 2012, 2013), see also Fig. 1.

-- The suggestion of the PCT that Celtic and north Celtic populations occupied Western Europe, including Brittany and Ireland, as long ago as before the retreat of glaciers appears erroneous. According to DNA genealogy data, Celtic IE languages reached England and Ireland in the 3<sup>rd</sup> millennium bp. Their languages were imposed on the existing NIEs (R1b). This explains why Indo European languages are spoken today in Britain and Ireland by R1b populations (around 90% and above of today populations) plus a few (singular per cent) of R1a, I1, I2, and other minor haplogroups populations in Britain and Ireland.

### EARLIER GENETIC STUDIES

This section describes a number of erroneous statements made in the early stages of genetic genealogy (also called genogeography and/or population genetics), in the 1990s and 2000s. Some of these statements still carry weight in linguistics. The founding fathers of genetic genealogy claim, for example, that bearers of R1b lived in Europe 30,000 ybp (Wells et al., 2001; Wells, 2006), or between 40,000 and 35,000 ybp years ago (Semino et al., 2000). The main reason for this presumption is, apparently, that if R1b populations live in Europe now, they have lived there always. The claim that there were R1b tribes in Europe about 30,000 ybp, stuck for 15 years and even continues to be cited in contemporary population genetics literature. The date has been cross-cited hundreds of times in academic publications. However, according to DNA genealogy, R1b tribes arrived to Europe only between 4800 and 4500 ybp (Klyosov, 2012b).

The founding fathers of genetic genealogy claimed initially that haplogroup R1a arose in the southern Russian steppes about 15,000 ybp (Wells et al., 2001). Five years later, the estimate date was changed (without explanation) to 10,000 ybp (Wells, 2006). In fact, both dates were invented. Without offering any substantiation for the claim, the founders postulated that the oldest R1a

bearers survived the Ice Age in a Ukrainian refuge (Semino et al., 2000). As a result, R1a was called the Ukrainian haplogroup (e.g., Wiik, 2008) for years--without any justification.

Genetic genealogists claim, without any supporting facts (for a mini-review see Klyosov et al., 2012) that genetic data show that man left Africa some 70,000 ybp (or 50,000 or 60,000 ybp). They make no calculations based on Y chromosome markers. They base their "Out of Africa" theory on the comparative diversity of African haplogroups. However, diversity as a criterion of age is valid only in closed systems. In open systems, such as Africa in this particular case, diversity is a consequence of the mixing of bearers of different Y chromosomes. Unfortunately, these erroneous dates have been used in academic literature from the 1990s to the present time. More recent genome studies have shown that there is a wide gap between the African genome exemplified with indigenous hunter-gatherer peoples (Schustler et al., 2010; Lachance et al., 2012, and ref. therein; Klyosov et al., 2012), and the non-African genome, as, in fact, should follow from Fig. 1 above. There are no indications that non-Africans descended from Africans. African SNPs are absent, for example, in Europeans (Klyosov and Rozhankii, 2012; Klyosov et al., 2012). Klyosov et al. (2012) have shown that the stream of SNP mutations from a common ancestor with chimpanzees goes to the  $\alpha$ -haplogroup, from which the African lineage (haplogroup A) split around 120-160,000 ybp, and evolved in a separate Y-chromosomal lineage from the European lineage. Another archaic African lineage split even earlier, some 200,000 ybp or perhaps some 350,000 ybp (Mendez et al., 2013); bearers of this archaic lineage still live in Africa. In other words, the "Out of Africa" hypothesis has presented a distorted pattern not only of the origin of man but also of the development of human languages (Klyosov and Rozhanskii, 2012; Klyosov et al., 2012; Bednarik, 2012, 2013).

The population geneticists of the 1990s - 2000s, have tried, apparently, to match the historical convictions of those decades by bending their DNA-based theories. They uncritically consider gradients of frequency (or clines), which can always be found for whatever reason, including population bottlenecks, ignoring the existence of downstream subclades. In many studies (Hammer 2009, Underhill 2009, Zhivotovsky 2004) erroneous mutation rates were employed (e.g., population rate constants or Zhivotovsky mutation rates --which increase the actual number of years to common ancestors by 300-400%). As a result, the dating of populations are inflated by a factor of 3 or 4. Using these measures, Indo Europeans first appeared in India 14,000 ybp rather than 3,500 ybp. There are dozens of examples of this kind in the literature.

Similarly, Semino et al. (2000) concluded that some European peoples (e.g., the Basques) are genetically different from others. But the majority of contemporary Basques belong to haplogroup R1b and share with about 60%

of all Europeans the same arrival-in Europe-date. This conclusion was recently confirmed using a genome-wide study of the Basques, according to which Basques are not genetic outlier among European populations (Laayouni et al., 2010). In fact, southern Europe has many Palaeolithic haplogroups, such as E, F, G, K, J, which passed through a severe population bottleneck around 4500 ybp apparently as a result of the Arbins' (R1b) arrival in Europe. Similarly, northern Europe has Palaeolithic haplogroups, such as I1, which passed the same bottleneck and started to recover only about 3600 ybp. We do not know their "genetic components" before that.

## Conclusion

To sum up, early genetic studies of the origin of Europeans often present superficial conclusions based on scarce data that has not been subjected to serious scientific scrutiny. DNA genealogy has not only enabled us to reconstruct migration and settlement patterns in ancient Europe, it has also permitted us to put the leading linguistic theories under scrutiny. We have been able to disprove the Kurgan theory and the Palaeolithic Continuity Theory and bring into question the "Out of Africa" hypothesis. We have also been able to fine tune the Vasconic and Anatolian theories.

## Acknowledgments

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

## REFERENCES

Alinei, M. (2001) Un modello alternativo delle origini dei popoli e delle lingue europee: la "teoria della continuità". In: *Le radici prime dell'Europa Paravia, Bruno Mondadori Editori*, 177-234.

Anikovich, M.V., Sinitsyn, A.A., Hoffecker, J.F., Holliday, V.T., Popov, V.V., Lisitsyn, S.N., Forman, S.L. et al. (2007) Early Upper Paleolithic in Eastern Europe and implications for the dispersal of modern humans. *Science*, 315, 223-226.

Baldi, Ph., Page, R.B. (2006) Review Europa Vasconica - Europa Semitica. *Lingua* 116, 2183-220. ISSN 0024-3841.

Bednarik, R.G. (2012) The origins of human modernity. *Humanities (ISSN 2076-0787)*, 1, 1-53.

Bednarik, R.G. (2013) Pleistocene palaeoart of Africa. *Arts (ISSN 2076-0752)*, 2, 6-34.



Benazzi, S., Douka, L., Fornai, C., Bauer, C.C., Kullmer, O., Svoboda, J., Pap, I., et al. (2011) Early dispersal of modern humans in Europe and implications for Neanderthal behaviour. *Nature*, 479, 525-528.

Bököny, S. (1997) Horses and Sheep in East Europe. In: Proto-Indo-European: The Archaeology of a Linguistic Problem. Studies in Honour of Marija Gimbutas, Skomal, S.N., Polomé, E.C. (Eds.). Institute for the Study of Man, Washington (DC), 136-144.

Boric, D., Price, T.D. (2013) Strontium isotopes document greater human mobility at the start of the Balkan Neolithic. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 110, No. 9, 3298-3303.

Bouckaert, R., et al. (2012) Mapping the origins and expansion of the Indo-European language family. *Science* 337, 957-960.

Schustler, S.C., Miller, W., Ratan, A., Tomsho, L.P., Giardine, B., Kasson, L.R., Harris, R.S. et al. (2010) Completer Khoisan and Bantu genomes from southern Africa. *Nature* 463, 943-947.

Diakonov, J.M. (1984). On the Original Home of the Speakers of Indo European. *Soviet Anthropology and Archaeology*, 23(2), 5-87.

Dolgopolsky, A.B. (1987) The Indo-European Homeland Problem. *Mediterranean Archaeological Review*, 3, 7-31.

Dolgopolsky, A.B. (1993) More about the Indo-European Homeland Problem. *Mediterranean Archaeological Review*, 6-7, 251-272.

Gamkrelidze, T.V., Ivanov, V.V. (1984) *Indoevropeskij jazik i Indoevropelijcy*. T'bilisi State University, T'bilisi.

Gamkrelidze, T.V., Ivanov, V.V. (1995). *Indo-European and the Indo-Europeans. A Reconstruction and Historical Analysis of a Proto-Language and a Proto-Culture*. Nichols, J., de Gruyter, M., Berlin-New York, 2 vol.

Gimbutas, M. (1991) *The Civilization of the Goddess: The World of Old Europe*, Harper. San Francisco.

Gimbutas, M. (1956) *The Prehistory of Eastern Europe. Mesolithic, Neolithic and Copper Age Cultures in Russia and the Baltic Area*. American School of Prehistoric Researches. Harvard University Bulletin, 20. Peabody Museum, Cambridge (Mass.).

Gimbutas, M. (1994) *Das Ende Alteuropas*. *Archaeolingua*, Budapest.

Gimbutas, M. (1997) The Fall and Transformation of Old Europe: Recapitulation. Institute for Study of Man, Washington (DC). *Journal of Indo-European Studies, Monograph 18*, 351-372.

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

Gray, R.D., Atkinson, Q.D., Greenhill, S.J. (2011) Language evolution and human history: what a difference a date makes. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 366, no. 1567, 1090-1100.

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

Higham, T., Compton, T., Stringer, C., Jacobi, R., Shapiro, B., Trinkaus, E., Chandler, B. et al. (2011) The earliest evidence for anatomically modern humans in northwestern Europe. *Nature*, 479, 521-524.

Keyser, C., Bouakaze, C., Crubezy, 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.

Klyosov, A.A. (2009) 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. (2010) Haplogroup I. *Proc. Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, No. 1, 96-158.

Klyosov, A.A. (2012a) Microsatellites and genes of Y-chromosome. *Proc. Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 5, No. 7, 911-913.

Klyosov, A.A. (2012b) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16000 to 1500 years before present. *Adv. Anthropology*, 2, No. 2, 87-105.

Klyosov, A.A. (2012c) Dinaric (East-European) and the "Isle" branches of haplogroup I2a. *Proc. Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 5, No. 11, 1304-1317.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012a) Re-examining the "Out of Africa" theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. *Adv. Anthropol.* 2, 80-86.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012b) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. *Adv. Anthropol.* 2, 1-13.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryanbchenko, L.E. (2012) Re-examining the Out-of-Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y chromosome of Chimpanzee and Humans. *Adv. Anthropol.* 2, 198-213.

Klyosov, A.A. (2013) Subclade R1a-L342-L657 beyond Ancient Urals. *Proc. Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 6, No. 3, 446-451.

Krahe, H. (1954) *Sprache und Vorzeit: Europäische Vorgeschichte nach dem Zeugnis der Sprache*, Quelle und Meyer, Heidelberg.

Krahe, H. (1964) *Unsere ältesten Flussnamen*, Harrassowitz, Wiesbaden.

Kuzmenko, Y. (2011) *Earlier Germans and Their Neighbours: Linguistics, Archaeology, Genetics* – Nestor-History, St. Petersburg.

Laayouni, H., Calafell, F., Bertranpetit, J. (2010) A genome-wide survey does not show the genetic distinctiveness of Basques. *Hum. Genet.* 127, 455-458.

Lacan, M., Keyser, C., Ricaut, F.-X., Brucato, N., Tarrús, J., Bosch, A., Guilaine, J. et al. (2011) Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 108, No. 45, 18255-18259.

Lachance, J., Vernot, B., Elbers, C.C., Ferwerda, B., Froment, A., Bodo, J.-M., Lema, G., et al. (2012) Evolutionary history and adaptation from high-coverage whole-genome sequences of diverse African hunter-gatherers. *Cell* 150, 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.* 8:15, doi: 10.1186/1741-7007-8-15.

Marler, J. (2001) *L'Eredità di Marija Gimbutas: una ricerca archeomitologica sulle radici della civiltà europea*. In: *Le radici prime dell'Europa*, Paravia Bruno Mondadori Editori, 3-22.

Mendez, F.L., Krahn, T., Schrack, B., Krahn, A.-M., Veeramah, K.R., Woerner, A.E., Fomine, F.L.M. et al. (2013) An African American Paternal Lineage Adds an Extremely Ancient Root to the Human Y Chromosome Phylogenetic Tree. *Amer. J. Human. Gen.*, <http://dx.doi.org/10.1016/j.ajhg.2013.02.002>, February 28, 2013.

Pinker, S. (1994). *The Language Instinct. The New Science of Language and Mind*. Penguin Books, London-New York.

Prat, S., Pean, S.C., Crepin, L., Drucker, D.G., Puaud, S.J., Valladas, H., Galetova-Laznickova, M. et al. (2011) The oldest anatomically modern humans from far Southeast Europe: direct dating, culture and behavior. *PLoS ONE*, 6, No. 6, e20834.

Pringle, H. (2012) News & Analysis: New method puts elusive Indo-European homeland in Anatolia. *Science* 337 (6097), 902.

Renfrew, C. (2001) Origini indoeuropee: verso una sintesi. In: *Le radici prime dell'Europa Paravia*, Bruno Mondadori Editori, 3-22.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. *Adv. Anthropol.* 2, 139-156.

Ryan, W., Pittman, W. (1998) *Noah's Flood. The New Scientific Discoveries about the Event that Changed History*. Simon & Schuster. New York.

Ryder, R.J., Nicholls, G.K. (2011) Missing data in a stochastic Dollo model for binary trait data and its application to the dating of Proto-Indo-European. *J. of R. Stat. Soc. C, (Appl. Statistics)* 60, Issue 1, 71-92.

Schmid, W.P. (1987) "Indo-European" - "Old European". - in: Skomal, S.N., Polomé, E.C. (Eds.). *Proto-Indo-European: The Archaeology of a Linguistic Problem*. Studies in honour of Marija Gimbutas. Institute of the Study of Man, Washington, 322-338.

Schmid, W.P. (2001) Was Gewässernamen in Europa besagen. *Akademie-Journal* 2, 42-45.

Semino, O., Passarino, G., Oefner, P.J., Lin, A.A., Arbuzova, S., Beckman, L.E., De Benedictis, G. et al. (2000) The Genetic Legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens. In *Extant Europeans: A Y Chromosome Perspective*. *Science* 290, 1155-1159.

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 Genetics*, 54, 47 - 55.

Sturtevant, F.H. (1962) The Indo-Hittite Hypothesis. *Language* 38, 376-382.

Tobias, P.V. (1996) The Evolution of the Brain, Language and Cognition. In Colloquium VIII: "Lithic Industries, Language and Social Behaviour in the First Human Form, Facchini, F. (Ed.), ABACO, Forli, 87-94.

Tomezzoli G.T., Kreutz J. (2011) The linguistic position of the Tocharian. Proceedings of the 9<sup>th</sup> International Topical Conference: Origin of Europeans. Ljubljana 03 June 2011, 67-86. Založništvo Jutro, ISBN 978-961-6746-52-6.

Trask, R.L. (1995) Origin and relatives of the Basque language: review of the evidence. In: Toward a History of the Basque Language. Hualde, J.L. et al. (Eds.). Benjamin, Amsterdam, 65-77.

Trask, R.L. (1997) The History of Basque. Routledge, London, New York.

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J. et al. (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Eur. J. Human.Genet.*, 18, 479-484.

Vennemann, T. (2003) Europa Vasconica – Europa Semitica, Berlin.

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

Wells, S. Deep Ancestry. Inside the Genographic Project (2006) National Geographic, Washington, DC, 248 p.

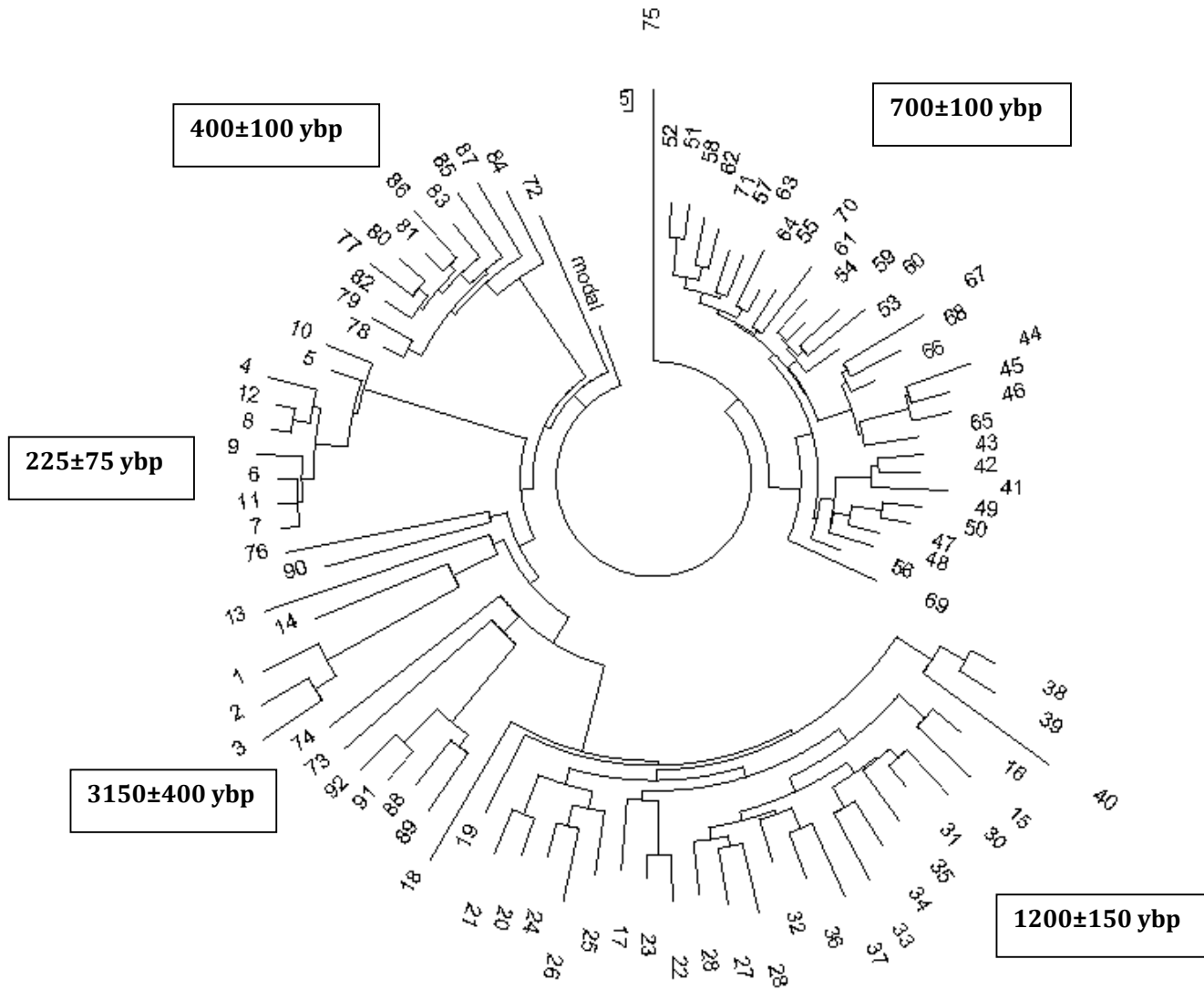
Wiik, K. (2008) Where did European men come from? *J.Genet. Geneal.* 4, pp. 35-85.

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

Zimmer, H. (1898) Matriarchy among Picts in Henderson, G., Zimmer, G. (Eds.), Leabhar nan Gleann. Norman Macleod Edinburgh, 1-42.



The haplotype tree of the 92 L165 haplotypes is shown below. It was composed using PHYLIP Y-DNA Comparison Utility, FTDNA 111 Mode BETA (July 15, 2012).



R1b-L165 haplotype tree in the 67 marker format. The tree contains 92 haplotypes. Haplotypes are listed in the L165 FTDNA Project as of May 24, 2013, <http://www.familytreedna.com/public/R-L165Project/default.aspx?section=yresults> and updated by Alasdair Macdonald, Group Co-Administrator. The tree contains at least five branches, with their TMRCA, as calculated in this study, shown at the branches.

The TMRCA calculations of the branches were performed as follows:

The branch on the upper right side contains 31 haplotypes (# 41 through 71). All of them contain exactly 100 mutations from the base haplotype of the branch:

13 25 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 16 9 10 11 11 26 15 19 31 14 15 15 16 -  
11 11 19 23 16 15 18 17 37 37 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12  
12 16 8 12 22 20 15 12 11 13 11 11 12 12 (L165 branch, 700±100 ybp)

This gives  $100/31/0.12 = 27 \rightarrow 28$  conditional generations (of 25 years each), or  $28 \times 25 = 700 \pm 100$  years to the common ancestor. Here 0.12 is the mutation rate constant for the 67 marker haplotypes (Rozhanskii and Klyosov, 2011), the arrow shows a correction for back mutations, which can be taken from the Table (Klyosov, 2009) or calculated as explained in (Klyosov, 2012).

The second branch at the right lower side and at the tree bottom contains 26 haplotypes (# 15 through 40), and has 143 mutations from the base haplotype of the branch:

12 25 14 10 11 13 12 12 12 12 13 28 - 18 9 10 11 11 25 15 20 31 14 15 15 16 -  
11 11 19 23 16 15 18 17 37 37 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12  
12 16 8 12 22 20 15 12 11 13 11 11 12 12 (L165 branch, 1200±155 ybp)

This translates to  $143/26/0.12 = 46 \rightarrow 48$  conditional generations, or  $1200 \pm 155$  years to the common ancestor.

The third branch at the upper left side contains 11 haplotypes (# 77 through 87), and has only 21 mutations from the base haplotype of the branch:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 16 9 9 11 11 22 15 19 29 14 15 17 17 -  
11 12 19 23 16 15 18 16 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 12 10 12 23 23 16 10 12  
12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 10 11 12 12 (L165 branch, 400±100 ybp)

This gives  $21/11/0.12 = 16$  conditional generations, or  $400 \pm 100$  years to the common ancestor.

The fourth branch at nine o'clock contains 9 haplotypes (# 4 through 12), and has only 10 mutations from the base haplotype:

14 25 14 11 11 14 12 12 13 13 13 29 - 18 9 10 11 11 25 15 19 31 14 15 17 17 -  
11 10 19 23 17 15 19 16 37 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 8 23 24 16 10 12  
12 15 8 13 22 20 14 12 11 13 11 11 12 12 (L165 branch, 225±75 ybp)



This gives  $10/9/0.12 = 9$  conditional generations, or **225±75 years** to the common ancestor.

The last, fifth branch, at eight o'clock, contains haplotypes from the oldest common ancestor in the lineage, and do not belong to the young lineages. The branch contains 13 assorted haplotypes with an apparent base haplotype:

13 25 14 10 11 14 12 12 13 13 13 30 – 18 9 10 11 11 25 15 19 29 14 15 16 17 –  
11 11 19 23 16 15 18 18 37 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12  
12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L165 branch, 3150±400 ybp)

The branch contains 175 mutations from the above base haplotyper. It gives  $175/13/0.12 = 112 \rightarrow 123$  conditional generations, or **3150±400 years** to the common ancestor.

The tree contains two single haplotypes, # 72 and #75, which do not belong to the branches, however, they are confirmed L165+ haplotypes.

In order to calculate the TMRCA to the “overall” common ancestor of the tree, we need to treat the base haplotypes as we do haplotypes in a dataset, with only one exception: while haplotypes in the dataset are commonly the extant haplotypes (that is, the contemporary haplotypes), base haplotypes are remote from the present time; they have their calculated timespans. The “overall” TMRCA has two components: a timespan from the “overall” TMRCA to the average time of all the base haplotypes, plus their average timespan to the present time. Let me illustrate this methodology.

A matrix of five base haplotypes and two “stray” haplotypes (#72 and 75) is as follows:

13 25 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – **16** 9 10 11 11 **26** 15 19 31 14 15 15 16 –  
11 11 19 23 16 15 18 17 37 **37** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12  
12 **16** 8 12 22 20 **15** 12 11 13 11 11 12 12 (L165 branch, 700±100 ybp)

**12** 25 14 **10** 11 **13** 12 12 12 **12** 13 28 – 18 9 10 11 11 25 15 **20** 31 14 15 15 16 –  
11 11 19 23 16 15 18 17 37 **37** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12  
12 **16** 8 12 22 20 **15** 12 11 13 11 11 12 12 (L165 branch, 1200±155 ybp)

**12 24** 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – **16** 9 **9** 11 11 **22** 15 19 **29** 14 15 **17 17** –  
11 **12** 19 23 16 15 18 **16 38 39** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 **12** 10 12 23 23 16 10 12  
12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 **10** 11 12 12 (L165 branch, 400±100 ybp)

**14** 25 14 11 11 14 12 12 **13** 13 13 29 – 18 9 10 11 11 25 15 19 31 14 15 **17 17** –  
11 **10** 19 23 **17** 15 **19 16** 37 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 8 23 **24** 16 10 12  
12 15 8 **13** 22 20 **14** 12 11 13 11 11 12 12 (L165 branch, 225±75 ybp)

13 25 14 **10** 11 14 12 12 **13** 13 13 **30** – 18 9 10 11 11 25 15 19 **29** 14 15 **16 17** –  
11 11 19 23 16 15 18 **18** 37 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12  
12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L165 branch, 3150±400 ybp)

**12** 25 14 **13** 11 14 12 12 12 13 13 29 – 18 9 **9** 11 11 25 15 **20 30** 14 15 15 **15** –  
11 11 19 23 16 15 18 **18** 37 **40** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12  
12 15 8 12 **23** 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L165, haplotype 72, 0 ybp)

13 **24** 14 11 **12** 14 12 12 **13** 13 13 29 – **19** 9 10 11 11 25 **16 19 29 13** 15 15 16 –  
11 11 19 23 16 15 18 **19** 37 **39** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 **11** 12  
12 15 8 12 22 20 **12 13** 11 13 11 11 12 12 (L165, haplotype 75, 0 ybp)

All seven haplotypes contain 76 mutations (marked); therefore  $76/7/0.12 = 90$   
→ 99 conditional generations, or 2475 years from the “overall” common ancestor to the average year of all the seven haplotypes, which equals to 810 years. Therefore, the “overall” common ancestor lived about  $2475+810 = 3285$  ybp.

Indeed, the introduction to this paper says: “it can be estimated that the TMRCA for L165 should be between 3675 and 3150 ybp”.

Now, where could have been a region of R1b-L165 appearance? In Iberia (from where L11 and P312 have descended 4800 and 4100 ybp respectively), on the continent (where its “parallel” L21 has seemingly appeared 3750 ybp), or in the Isles? It is very likely that L165 appeared in the Isles, because out of 79 L165 haplotypes with known recent ancestry (the rest of 92 haplotype were of the “unknown origin” category), 56 haplotypes, or almost three quarters of all, were from Scotland, 11 from England, 6 from UK, and the rest were singular haplotypes, one each of Ireland, France, Germany, Sweden, Spain, US.

Therefore, it is likely that R1b-L165 arose in Scotland, with its upstream subclade(s) having arrived from France either by land or by sea directly from Iberia. Of course, other scenarios could be suggested, however, they could hardly be supported by experimental data.

## References

Klyosov, A.A. (2011) DNA genealogy, mutation rates, and some historical evidence written in the Y-chromosome: I. Basic principles and the method. J. Genet. Genealogy, vol. 5, No. 2, 186-216.

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, vol. 4, No. 6, 1127-1195.

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

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.* Vol. 2, No. 2, 87-105.







В первых 67 маркерах в 14 гаплотипах содержится 88 мутаций, что дает  $88/14/0.12 = 52 \rightarrow 55$  условных поколений (по 25 лет на каждое), то есть  $1375 \pm 200$  лет до общего предка. В принципе, это совпадает в пределах погрешности с приведенной выше датировкой, но, видимо, последняя цифра более точная. Здесь 0.12 – это константа скорости мутации, в числе мутаций на 67-маркерный гаплотип на условное поколение в 25 лет.

В другой подветви субклада Z2123 всего 6 гаплотипов, базовый

13 **25 15** 11 11 **13** 12 12 **10** 13 11 31 -- 15 9 **9** 11 11 **25** 14 20 **33** 12 15 15 **16** – 11 11  
 19 23 16 **16 18** 20 **34** 38 **13** 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 **11 12** 22 22 15 10 12 12 **12**  
 8 14 23 **18 11** 12 11 13 11 11 12 13 – **32 16** 9 15 **12 23 27** 19 **12** 12 1212 10 9 **13** 11  
 10 11 12 30 **12** 14 24 13 9 **11 20** 15 **18 11 23 15 12** 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Видно, что он очень значительно отличается от базового гаплотипа усуньской подветви башкир из субклада Z2123 – на 24 мутации в 67-маркерных гаплотипах, и на 41 мутацию в 111-маркерных гаплотипах, то есть их разделяет большой временной отрезок. Он равен  $24/0.12 = 200 \rightarrow 249$  условных поколений, то есть примерно 6225 лет для 67-маркерных гаплотипов, или  $41/0.198 = 207 \rightarrow 260$  поколений, то есть 6500 лет для 111-маркерных гаплотипов. Разница в этих результатах – всего 4%.

Вторая подветвь субклада Z2123 характерна для башкир из кланов карый-кыпсак, хуун-кыпсак, санкем-кыпсак, бошман-кыпсак, суюн-нугай-бурзян, сура-уф-телеу и буре-телеу.

Как мы видим, большая часть перечисленных башкирских кланов относится к башкирским кипчакам и телеу. Мы связываем эту вторую подветвь башкир с сако-динлинскими (sakes-dinlings) племенами, в середине I тыс. до нашей эры расселявшихся на огромной территории от Приаралья на западе до Минусинской котловины на востоке, и до Индии на юге<sup>7</sup>. Саки-динлины как и усуни (wusuns), массагеты-аланы (massagetaes-alans), относятся к крупной туранской ветви R1a, объединенных общим снипом R1a+Z2123<sup>8</sup>.

11021102110211021102\_\_\_\_\_

<sup>7</sup> Антонова К. А., Бонгард-Левин Г. М., Котовский Г. Г.. История Индии (краткий очерк). М., Мысль, 1973.

<sup>8</sup> Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. 1-й том, проект «Суюн», 2-е издание, исправленное и дополненное. М., Урал, 2013, 267 с., ISBN 9785990458314, С.113.

Общий предок башкир из сако-динлинской, усуньской и массагето-аланской подветви субклада Z2123 жил  $(6500+1375+750)/2 = 4300$  лет назад. Это означает, что субклад Z2123 весьма «старый», что эти подветви давно разошлись, потому сейчас настолько (на 6500 лет) удалены друг от друга. Таким образом, все три подветви данной серии – Z2123-wusuns, Z2123-sakes-dinlings, Z2123-massagetaes-alans, а также арийский субклад L657 (который во множестве обнаружен в Индии и на Ближнем Востоке) – образовались в течение одного тысячелетия, в III тыс до н.э. Все они относятся к категории арийских субкладов, но Z2123, возможно, не уходил в Индию и Иран – хотя и это предположение дополнительно необходимо подтверждать.

Географическое расселение сако-динлинской подветви в середине I тыс. до н.э. – с Урала до Минусинской котловины прослеживается, по всей видимости, с эпохи бронзы, это потомки древних арийских племён, названия которых в формах 'туры, туранцы, хиона, саки, саи, динлины, хиониты, теле, хуни' мы встречаем как в древнеперсидской<sup>9</sup>, так и в древнекитайской историографии<sup>10</sup>.

У башкир сако-динлинская подветвь встречается в основном среди кланов кыпсак (кипчак) и телеу. Кипчаков и телеу исследователи связывали по происхождению с потомками племён теле. Так Г.Е. Грумм-Гржимайло отмечал, что западная ветвь динлинов (теле) смешалась с кочевым населением Казахстана и стала известна под именем кипчаков. Г.Е. Грумм-Гржимайло пишет: «На западе элементы «андроновской» культуры переживают ее минусинский вариант, и поэтому представляется возможным видеть в «андроновцах» древних кипчаков – кюе-ше, народ, несомненно, динлинского происхождения...»<sup>11</sup>.

Мнение Г.Е. Грумм-Гржимайло поддержал палеоантрополог Г.Ф. Дебец, который писал, что: «очагом формирования «андроновского» подтипа были казахстанские степи, и в Минусинском крае «андроновцы» являются западными пришельцам»<sup>12</sup>.

Также происхождение кипчаков от западной группы племён теле (динлин) поддерживал и Л.Н. Гумилёв, который отметил в своих 11021102110211021102

<sup>9</sup> Абаев В.И. Скифский быт и реформа Зороастра // Archiv Orientalni, t. XXIV/1. Praha, 1956.

<sup>10</sup> Таскин В.С. Материалы по истории сюнну (по китайским источникам). / Предисловие, перевод и примечания В.С. Таскина М., 1968.

<sup>11</sup> Грумм-Гржимайло Г.Е. Западная Монголия и Уранхайский край. Л., 1926, Т. II, С.59.

<sup>12</sup> Дебец Г.Ф. Палеоантропология СССР. М.-Л., 1948, С.70.



исследованиях, что «таким образом, нет никаких оснований не рассматривать «андроновцев» - кипчаков как западный вариант динлинской расы»<sup>13</sup>.

О происхождении телеу от племён теле писали в своих работах Р.Г. Кузеев, Л.П. Потапов, и Б.А. Муратов. Так Л.П. Потапов пишет, что основные тюркоязычные родо-племенные группы телеуты, теленгиты и телесы сохранили в своем названии древний этноним теле<sup>14</sup>. Р.Г. Кузеев также считает, что башкирские телеу восходят к телеутам и доказывает тождественность этнонимов телеут и телеу<sup>15</sup>. О происхождении башкир-телеу от племён теле (динлин) отмечает и Б.А. Муратов<sup>16</sup>.

Часть родов сако-динлинской подветви из туранского субклада R1a+Z2123+ в начале н.э. вошла состав сарматского союза племён Приуралья, получив имя аорсы (aorsen), что отражено в самом их этнониме аор (abar)+sai (sakes), т.е. союз племён аор (абар) и саи (саки).

О роде аор (абар) практически не сохранилось сведений. Л.Н. Гумилёв отмечал, что абары были реликтом древнего этноса, слава которого гремела до VI века. Предположительно именно абары разгромили угорские и самодийские племена Западной Сибири («тролли» – образ предков лопарей), вынудив тех спасаться на север, по льду Оби, Волги и Енисея<sup>17</sup>.

Согласно другому исследователю, Н.Я. Бичурину, абары не относились ни к хуннской, ни к телеской, ни к тюркской группе, а составляли «Особливое поколение»<sup>18</sup>. «Особливое поколение», т.е. абары, иногда сопоставляются с потомками парнов (апарнов), из которых, как известно, происходила парфянская династия Аршакидов<sup>19</sup>.

11021102110211021102—————

<sup>13</sup> Гумилёв Л.Г. Динлинская проблема. Пересмотр гипотезы Г.Е. Грумм-Гржимайло в свете новых исторических и археологических материалов//Известия Всесоюзного Географического общества СССР. 1959. №1.

<sup>14</sup> Потапов Л.П. Этнический состав и происхождение алтайцев, С.45.

<sup>15</sup> Кузеев Р.Г. Происхождение башкирского народа. М. Наука, 1974, С.226.

<sup>16</sup> Муратов Б.А. Телеские предки башкир в китайской хронике «Суй-шу». ISSN 1991-5497. Мир науки, культуры, образования. №3 (34) 2012, С.250-252.

<sup>17</sup> Гумилёв Л.Н. Тысячелетия вокруг Каспия. Баку, Азернешр, 1991.

<sup>18</sup> Бичурин Н.Я. Собрание сведений о народах, обитавших в Средней Азии в древние времена. Т.1, С.296.

<sup>19</sup> Луконин В. Г. Древний и раннесредневековый Иран. М., Наука, 1987. 295 с.

В древнекитайской хронике «Хоу Хань-шу», относящейся к I в. н. э., пишется, что владение Яньцай/Ант-сай (аорсы) - переименовано в Аланья<sup>20</sup>. Это свидетельство подтверждает факт покорения аорсов племенами алан, или говорит о возвышении среди аорсов некоего рода под названием 'алан'.

Существует также гипотеза, что этноним 'алан' является вариантом этнонима 'aryan'<sup>21</sup>, в значении 'хозяин, гость, товарищ'<sup>22</sup>.

Вследствие вышеизложенного можно допустить предположение, что среди аорсов возвысился именно род 'аор (абар)', название которого мы знаем именно в сако-хорезмийском его произношении<sup>23</sup>, т.е. - 'алан'.

Про алан упоминали и античные авторы. Аммиан Марцелин, в частности, писал следующее: «Аланы - бывшие массагеты... - мало-помалу своими победами изнуряли соседние народы и распространяли на них своё название народности подобно персам»,... - «с течением времени они приняли одно имя и теперь все вообще называются аланами за свои обычаи, дикий образ жизни и одинаковое вооружение»<sup>24</sup>. Это очень важное замечание А. Марцелина, т.к. оно свидетельствует, что в Аланский союз племён, помимо собственно алан, позднее были включены разные племена. В итоге это отразилось в том, что к началу гуннской экспансии на запад, аорсы, а также сарматские племена роксолан, языгов, сираков, и собственно сами массагеты-аланы, а также возможно другие племена - были известны под одним общим именем алан.

Аланский союз племён, по всей видимости, был непрочной конфедерацией, т.к. восточная часть аорсов под именем абар уже в конце I в. н.э. переселяются с Приуралья в Тарбагатай и Джунгарию.

Западная часть аорсов в составе алан также распадается в связи с нашествием гуннов, часть вместе с аланами уходит на запад, другие - в

<sup>20</sup> Бичурин Н.Я. Собрание сведений о народах, обитавших в Средней Азии в древние времена. Т. II. М.-Л., 1950, С.229.

<sup>21</sup> Абаев В.И. Историко-этимологический словарь осетинского языка. Т. 1. М.-Л., 1958. С. 47-48.

<sup>22</sup> Гамкрелидзе Т.В., Иванов В.В. Индоевропейский язык и индоевропейцы. Т. II. Тбилиси, 1984. С. 755.

<sup>23</sup> Толстов С.П. По следам древнехорезмийской цивилизации. М.-Л., Наука, 1947, С.214.

<sup>24</sup> Аммиан Марцелин XXXI, 13, 17.

составе саков-хионитов остаются в Приаралье. Приаральские потомки аорсов в дальнейшем были известны в истории под именем авар-вархонитов<sup>25</sup>.

В проектах FTDNA есть гаплотипы, близкие гаплотипам башкир из сакодинлинской подветви. Один из них (180380) также имеет субклад R1a+Z2123. Б.А. Муратов связывает их с потомками западных аорсов.

R1a (USA, 251923) 13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 29 -- 14 9 9 11 11 23 14 20 32 15 15 15 15 -- 12 11 19 22 16 15 18 19 34 34 12 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 14 10 12 12 13 8 15 26 21 13 12 11 13 11 11 12 13

R1a-Z2123 (USA, 180380) 13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 29 -- 14 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 -- 12 11 19 22 16 15 18 19 34 37 12 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 14 10 12 12 13 8 15 26 21 13 12 11 13 11 11 12 13

R1a-L342.2 (Russia, 235754) 13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 29 -- 14 9 10 11 11 25 14 20 35 12 15 15 16 -- 11 11 19 23 16 15 19 20 34 37 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 12 33 15 9 15 12 26 27 19 12 12 11 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 15 24 13 9 10 18 15 19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 16 9 11 11

R1a-L342.2 (Russia, 219516) 13 25 17 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 14 9 10 11 11 25 14 20 34 12 15 15 16 -- 11 11 19 23 16 15 18 20 34 37 13 11 -- 11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 16 10 12 12 13 8 14 23 21 13 12 12 13 11 11 12 12

R1a-L342.2 (214554) 13 25 16 10 11 13 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 30 12 14 15 16 -- 11 11 19 22 16 15 18 18 35 37 12 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 23 21 13 12 11 13 10 11 12 13

R1a-Z2124-Z2122 (Poland, 57291) 13 26 15 10 11 14 12 12 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 33 13 15 15 16 -- 11 11 23 23 16 15 18 18 34 38 13 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 24 21 12 12 11 13 10 11 12 13 33 12 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 16 10 23 15 12 15 24 12 23 18 10 15 17 9 11 11

R1a-L342 (Karachay, 240222) 13 25 15 11 12 14 12 12 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 25 14 20 31 12 14 15 17 -- 11 12 19 23 16 17 17 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 21 13 12 11 13 11 11 12 13

11021102110211021102-----

<sup>25</sup> Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. 1-й том, проект «Суюн», 2-е издание, исправленное и дополненное. М., Урал, 2013, 267 с., ISBN 9785990458314, С.120.

Башкиры из сако-динлинской подветви принадлежат именно к потомкам восточной ветви аорсов, т.е. к абарам, и их дальнейшая история с эпохи Великого переселения народов развивалась в Азии.

Л.Н. Гумилев в своих исследованиях вкратце повествует об истории абар в Азии. Так, к примеру, именно абарами была остановлена в Тарбагатае армия сяньбийского генерала Таншихая, состоявшая из мукринов, приамурского племени тунгусской группы<sup>26</sup>.

Л.Н. Гумилёв продолжает, что к тому, что джунгарские абары были храбрецами, поверить можно, т.к. остановленные ими мукрины, или мукри (кит. -мохэ), - этнос, хорошо известный на Дальнем Востоке и неоднократно прославлявшийся мужеством и стойкостью.

Засуха III века отгородила абаров и мукринов от восточных, северных и западных соседей и дала возможность им уцелеть. Мукрины и абары воевали друг с другом недолго, ибо обеим народам грозила разбойничья держава Жужань. От нажима жужаней мукрины уходили в горы Тянь-Шаня, ибо были привычны к горам Хингана на своей покинутой родине. Только в 552 г. держава Жужань была разгромлена тюрками Ашина.

В истории Азии абары под своим именем упоминаются еще в VII в., после чего были покорены тюрками Ашина. В дальнейшем абары слились с потомками мукрин в сложный этнос тюркешей, состоящий из «желтой» (мукрины) и «черной» (абары) ветвей.

В VII веке тюркешаи создали свой каганат, просуществовавший, как Второй тюркский каганат, до середины VII века. Потомки абаров известны: это каракалпаки, часть которых в X-XI вв. попала в Древнюю Русь, сохранив свое название: «черные клобуки»<sup>27</sup>.

Мнение Л.Н. Гумилёва подтверждается и данными ДНК-генеалогии, так потомки черных клобуков совпадают с каракалпаками из клана естек, с башкирами из кланов елан и бикатин, и с карачаевцами-балкарцами (потомками массагето-аланской подветви). Более того, у массагето-аланской подветви такой же, как и у сако-динлинской подветви башкир, общий субклад, т.е. R1a-Z2123.

11021102110211021102—————

<sup>26</sup> Гумилев Л.Н. Три исчезнувших народа //Страны и народы Востока, вып. II, 1961, С.107-109.

<sup>27</sup> Гумилёв Л.Н. Тысячелетия вокруг Каспия. Баку, Азернешр, 1991.

(247851 Kandri-Elan Bashkir Yuldash (1700-?), Ural, Bashkortostan, Elan clan Russian Federation) R1a1a 13 25 16 11 11 14 12 12 10 12 11 29 -- 15 9 10 11 11 25 14 20 32 12 14 15 16 -- 11 12 20 24 14 16 17 18 35 39 13 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 11 12 22-22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

(211933 Bostan Bostan , Karachay Russian Federation) R1a1a-Z2123 13 25 16 11 11 14 12 12 10 12 11 29 -- 15 9 10 11 11 25 14 20 33 12 14 15 16 -- 11 12 19 24 16 16 17 19 35 39 13 11 -- 11 8 16-17 8 12 10 8 11 10 12 22-22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

(275449 Bostanov Ataul Karabuga, Karachay Russian Federation) R1a1 13 25 16 11 11 14 12 12 10 12 11 30

(247853 Khrapach Khrapach (1596), Ukraine, Tork Cossack clan) R1a1 13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 29

(262277 Estek Karakalpak Esemurat (XVIII), Karakalpakstan, Estek clan Uzbekistan) R1a1a 13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30

(262274 Estek-2 Karakalpak Esemurat (XVIII), Karakalpakstan, Estek clan Uzbekistan) R1a1a 13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 19 9 9 11 11 24 14 20 30 [12 12 14 15 15 15 16 16] 10 11 19 23 16 15 19 18 34 34 14 11

(211864 Sharipov Kyshtym, South Ural, bashkirs, Bikatin clan Russian Federation) R1a1a 13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30

(262284 Estek-3 Karakalpak Jalimbet (XIX), Karakalpakstan, Estek clan Uzbekistan) R1a1a 13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 25 14 19 32 12 14 14 17 -- 11 12 19 23 15 16 18 19 34 38 12 8

Касаясь истории происхождения башкир сако-динлинской подветви, весьма интересным является и тот факт, что такие древние этнонимы как 'хиона', 'сак', 'сармат', 'аорс', 'теле' (динлин) - сохранились в названиях родовых имён и подразделений у башкир этой подветви, что помогло в свою очередь классифицировать их происхождение. Так этноним 'хиона', отражен в названии рода хуун (*хуун*) и родовой фамилии Суюнов (*хөйөн* - на башкирском языке); этноним 'сак' в названии клана 'кыпсак' (*кыпсак* - башкирское название кипчаков); этноним 'сармат' в антропониме Сура (*сура* - обозначение сармат у башкир); этноним 'аорс' в антропониме Аурсай, этноним 'теле' в названии клана телеу (*теләу*)<sup>28</sup>.

<sup>28</sup> Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. 1-й том, проект «Суюн», 2-е издание, исправленное и дополненное. М., Урал, 2013, 267 с., ISBN 9785990458314.





«Юань ши» имя его предка, который переселился из первоначального места обитания их рода на северо-запад, как *Цюй-чу* (так, как это написано в «Юань ши»), тем более что оно передает хорошо знакомое тюркское имя «Кучук». Но обращение к первоисточникам, т.е. к «Гочао вэнь-лэй» и «Юань мин-чэнь шилуэ», показывает, что публикаторы (или резчики печатных досок) минского издания «Юань ши» ошибочно поставили знак 出 «чу» вместо знака 年 «нянь» (сходные в рукописном варианте, который также использовался при резке печатных досок) в имени *Цюй-чу*, т.е. этого предка на самом деле звали (в китайской транскрипции его имени) *Цюй-нянь*<sup>32</sup>. А это в значительной мере меняет ситуацию – такими знаками в XIII-XIV вв. транскрибировали звучание некитайского имени, которое можно передать как Кун-йан»<sup>33</sup>.

Если посмотреть, что же именно сообщает об этом Цюй-нянь/Кун-йане «Юань ши», то становится ясно, что речь идет об одном из предводителей племени *кун*, т.е. тех *кун*, о которых мы знаем из Марвази. Приведем этот пассаж целиком: «Тутука: его предки происходили из племени, [проживавшего у] гор Алтанган и реки Джэрэм, что на севере от Упина<sup>34</sup>. Кун-йан своими силами переселился на северо-запад, к горам Юйлиболи, поэтому [он] считается за [самостоятельный] род, а название его государства – «Кипчак». Его земли отстоят от Китая более чем на 30 000 *ли*, летом ночи [там] чрезвычайно короткие и солнце, едва опустившись, сразу появляется. У Кун-йана родился [сын] Сомонак, у Сомонака родился Инасы. [Все они] были потомственными владетелями государства Кипчак»<sup>35</sup>.

Р.П. Храпачевский также отмечает, что дедом Кун-йна по всей видимости был Хун-йан - хан объединения цзубу, в честь имени предка получил своё имя и его внук Кун-йан. В династийной хронике «Ляо-ши» отмечается также, что: «Телабуга младший брат Хун-йана, мятежного главаря цзубу, увёл войска племени и присоединился [к Ляо]... Девять племён прислали послов...». Девять племён или, по другому, туксаба (токус-оба, токсобичи) как известно из истории было вторым название кунов-кипчаков.

11021102110211021102—————

<sup>32</sup> См. комментарий китайских исследователей «Юань ши» к жизнеописанию Тутука – Юань ши, С.3140.

<sup>33</sup> Храпачевский Р.П. Половцы-куны в Волго-Уральском междуречье (по данным китайских источников). М., ЦИВОИ, 2013, 128 с., С.19-20.

<sup>34</sup> Эти горы и реку китайские комментаторы указывают на северо-востоке аймака Джирэм уезда Тунляо в совр. АРВМ КНР. См. Юань ши цыдянь, стр. 268.

<sup>35</sup> Юань ши, С.3131.



Не только временные рамки деятельности предков Тутука, но и местонахождение их кочевий можно определить из текста жизнеописания – если удастся локализовать упомянутые в вышеприведенном отрывке «горы Юйлиболи». Р.П. Храпачевский в связи с этим отмечает, что *боли* это стандартная для юаньских текстов транскрипция слова *балык*, т.е. «город». А *Юй-ли* – это транскрипция для «Ур»<sup>36</sup>. Таким образом, в «Юань ши» говорится о некоем топониме «гора/горы Ур-балык». Современные китайские комментаторы, использовавшие весь массив примечаний и исправлений целых поколений китайских исследователей «Юань ши», отождествляют его с междуречьем Урала и Волги<sup>37</sup>. Попробуем со своей стороны найти ему соответствие в других источниках. Сразу бросается в глаза противоречивость в его названии – это «горы/гора», но в названии входит элемент «город». Возможно, что это город при неких горах, и

<sup>36</sup> Т.Олсен в работе Allsen Thomas Prelude to the Western Campaigns: Mongol Military Operations in the Volga-Ural Region 1217-1237// Archivum Eurasiae medii aevi. №3 1983, следует за П.Пелльо, который предлагал реконструкцию Юйлиболи как Urbeli, и считает род Тутука олберлик-кипчаками. Но это ошибка, так как Пелльо исходил из древности этого названия, в то время как автор эпитафии внука Тутука, юаньский литератор Юй Цзи (1272-1348), пользовался привычными в его время способами транскрипции, где знаки бо-ли были стандартной юаньской транскрипцией для тюрк.-монг. слова балык. Кроме того, его попытка истолковать юйлиболи/Urbeli как транскрипцию названия племени олберлик наталкивается на противоречие с точной юаньской транскрипцией этого названия – в жизнеописании Мэнгусара (цз. 124, см. также в Приложении 3) название этого племени затранскрибировано как 穩兒別里欽察 *вэнь-эр-бе-ли цинь-ча*. Знаками 穩兒別里 *вэнь-эр-бе-ли* в текстах монголо-китайской канцелярии 13-14 вв. передавали некитайские звуки ул-р-бе-ли(к), с учетом нередкой в юаньских текстах метатезы эр <-> бе, имеем в итоге ул-бе-р-лик, что абсолютно точно передает название этого рода как ölberlik. Вместе все эти знаки в жизнеописании Мэнгусара передают название олберлик-кипчаки, т.е. весьма точно к оригинальному названию и поэтому провести связь между юйлиболи с олберлик при наличии столь точной юаньской транскрипции весьма затруднительно. Тем более ошибочно предположение Олсена о том, что предки Тутука взяли название «олберлик» по имени гор Юйлиболи – помимо вышеразобранной ошибки в прочтении их как «олберлик», сам такой перенос названия чужих гор на имя рода в качестве **самоназвания** невозможен в принципе. Ведь и из «Сокровенного сказания» и из монгольских преданий в составе «Сборника летописей» Рашид ад-Дина, нам известно, что монгольские и тюркские племена если и брали сами себе новое название, то это было только в случаях отделения нового рода от рода отца (деда) и создания новой его ветви. В таких случаях новый род назывался по имени его основателя, и никак не по чужим географическим названиям.

<sup>37</sup> См. Юань ши цыдянь, стр. 268. Они основываются, в частности, на сообщении в тексте сочинения «Цзин-сюань цзи» юаньского автора Янь Фу, где есть дополнительная - к тексту «Юань ши» - информация о местах кочевания кипчаков рода Тутука: междуречье рек «Я-и» и «Е-дэ-ли», т.е. Яика (р. Урал) и Итиля (р. Волга).

если все части имеющегося топонима представить в их исходной тюркской форме, то видимо этот топоним должен быть восстановлен как «Ур-таг балык»<sup>38</sup>, где позднейшие юаньские авторы эпитафий перевели тюркское *таг* на китайский язык, восприняв этот формант топонима как нарицательное слово «горы», а не как часть топонима.

Если сравнить эту восстановленную форму города/горы «Ур-таг балык» с известными нам данными источников, описывающих территорию кочевий кипчакских орд в XII веке, то нахождение в них аналогичных названий может окончательно подтвердить как правильность реконструкции этого топонима, так и выяснить его локализацию. И среди источников, описывающих «страну кипчаков», или Дешт-и-Кипчак, такие данные есть – у ал-Идриси (первая половина XII в.) и у более поздних, следующих его данным, авторов – Абу-л-Фиды и Ибн Саида ал-Магриби (XIII-XIV вв.). Обратимся к первоисточнику таких сведений. Ал-Идриси в описании 6-го климата, 8 и 9 секции, описывает т.н. «Зловонную землю» у границ «земель басджиртов (башкир)», где имелся город на горе Тагура<sup>39</sup>. Описание этой «Зловонной земли» у ал-Идриси, точнее ее рек, которые впадают в Каспийское море с северо-востока, а также ее расположение относительно р. Волга, указывают на земли к северо-востоку от дельты Волги.

Р.П. Храпачевский также предполагает, что часть разгромленных кипчаков бывшей орды Инасы-хана бежала к башкирам – основанием для этого является их соседство, а также наличие среди башкир родового подразделения имя которого прямо соотносится с кипчаками *кун* – хуункыпсак (*нуун/һөйөн*)<sup>40</sup>. И.Г.Добродомов в своем специальном исследовании надежно показал, что древнерусское *Хынове* является, через болгарское посредство, отражением названия кипчаков-кун, звучавшего в XII в. как \*хуун<sup>41</sup>. Еще одним подтверждением включения в состав башкир части кипчаков-кун является наличие клича (урана) *токсоба* у них – как известно, именно род Токсоба хорошо известен среди домонгольских кипчаков<sup>42</sup>. А в русских летописях «токсобичи» и

110211021102110211021102—————

<sup>38</sup> Ур-таг означает «бурые горы», т.е. хорошо ложится в традицию наименований гор, таких как например «Ак-даг», «Кара-даг» и т.п.

<sup>39</sup> Коновалова И.Г. ал-Идриси о старанах и народах Восточной Европы, С.124, 243.

<sup>40</sup> Суюнов Р.Р. Предисловие// Храпачевский Р.П. Половцы-куны в Волго-Уральском междуречье (по данным китайских источников). М., ЦИВОИ, 2013, 128 с., С.10.

<sup>41</sup>Добродомов И.Г. О половецких этнонимах в древнерусской литературе// Тюркологический сборник 1975, С.125.

<sup>42</sup> Отметим также, что по сообщениям Ибн Халдуна и Рукн-ад-дина Бейбарса девадар Эльмансури именно кипчакский род Токсоба перешел на сторону монголов, чтобы

«каепичи» (т.е. представители рода *каи*) часто упоминаются вместе, что коррелирует с сообщением Марвази о связи кипчакских орд *кун* и *каи*.

Более того, клан каев в Турции, потомка основателя Османской империи - Османа I Гази сына Эртогула, имеет гаплотипы, близкие к гаплотипам башкир из сако-динлинской подветви, а это значит что *каи* и *куны*, потомки Огуз-Хана и Кун-Йана - были представителями одного клана.

(Damat Gürcü Halil Rifat Paşa FTEMF) R1a 13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 31  
-- 16 9 9 11 11 25 14 20 34 12 15 16 16 -- 11 12 19 23 15 15 18 19 35 39 14 11

Здесь можно отметить ещё несколько параллелей - так, к примеру, известно, что племена теле были известны в истории под именем токуз-огузов, т.е. «девять родов», а как мы отметили выше, вторым названием куно-кипчаков было туксаба, что также переводится как «девятиродцы». Принадлежность башкирских телеу (теле) к потомкам кунов подтвердилось и данными ДНК-тестирования. Помимо всего этого, кипчаки считались потомками огузов, По легенде об Огуз-кагане, приведенной у Рашид-ад-дина, кипчаки относились к одному из 24 племен огузов.

Подчинившиеся монголам подразделения орды *кун* частью ушли вместе с монголами на восток (судьба Балтусака/Балдучака, отца Тутука), а частью остались на своих прежних местах и со временем слились с другими соседними башкирскими племенами.

Р.Р. Суюнову удалось сопоставить имя одного из потомков Кун-йана - Хурусмана, с Сураманом из шежере башкир клана телеу. Сураман, согласно башкирским легендам, был катаем (т.е. переселенец-кун из Китая), живший в XIII веке на Урале<sup>43</sup>.

Внуком Сурамана был кипчакский богатырь Башман, организовавший борьбу с монголами Менгу-кааана. По легендам Башман происходил из семейства оло-буре (великий волк)<sup>44</sup>. Часть телевских башкир также

---

разгромить своих врагов - другой кипчакский род Дурут. Вполне возможно предположить, что именно к роду токсоба относились те части орды Инасы-хана, которые вместе с Урусманом перешли на сторону монголов. См. Золотая Орда в источниках, т.1..., С.240-241.

<sup>43</sup> Башкирское народное творчество. Предания и легенды. Том II, Уфа, Башкнижиздат, 1987, С.168-169.

<sup>44</sup>Точная юаньская транскрипция этого названия - в жизнеописании Мэнгусара (цз. 124, см. также в Приложении 3) название этого племени затранскрибировано как

именует себя волками (буре). ДНК-тестирование подтвердило родственность башкир из рода буре-телеу другим потомкам кунов: сура-уф-телеу, хуун-, санкем-, бошман-кыпсакам, суюн-нугай-бурзянам.

В седьмом колене потомком Башмана был ногайский мирза Басман, от которого произошли суюн-нугай-бурзяне, санкемы и бошман-кыпсаки. От родного брата Басмана, по имени Тура - произошли башкиры клана сура-уф-телеу.

В XVIII веке из рода бошман-кыпсак вышел знаменитый его представитель Кинзя Арсланов, сподвижник Е.И. Пугачева. Принадлежность рода Кинзи Арсланова к потомкам кунов подтвердилась результатами ДНК-теста прямого потомка Ирназара Арсланова (родного брата Кинзи). Его результат ДНК-теста полностью совпал с данными ДНК-тестирования потомков Кун-йана у башкир из других кланов.

(262279 Boshman Qipsaq Bashkir Irnazar Arslanov (XVIII), Ural, Boshman-Qipsaq clan Russian Federation) R1a1 13 25 15 11 11 13 12 12 10 13 11 31 -- 15 9 9 11 11 25 14 20 34 12 15 15 16 -- 11 11 19 23 16 16 18 20 34 38 13 11

Не менее интересны данные ДНК-генеалогии и у других башкирских кланов.

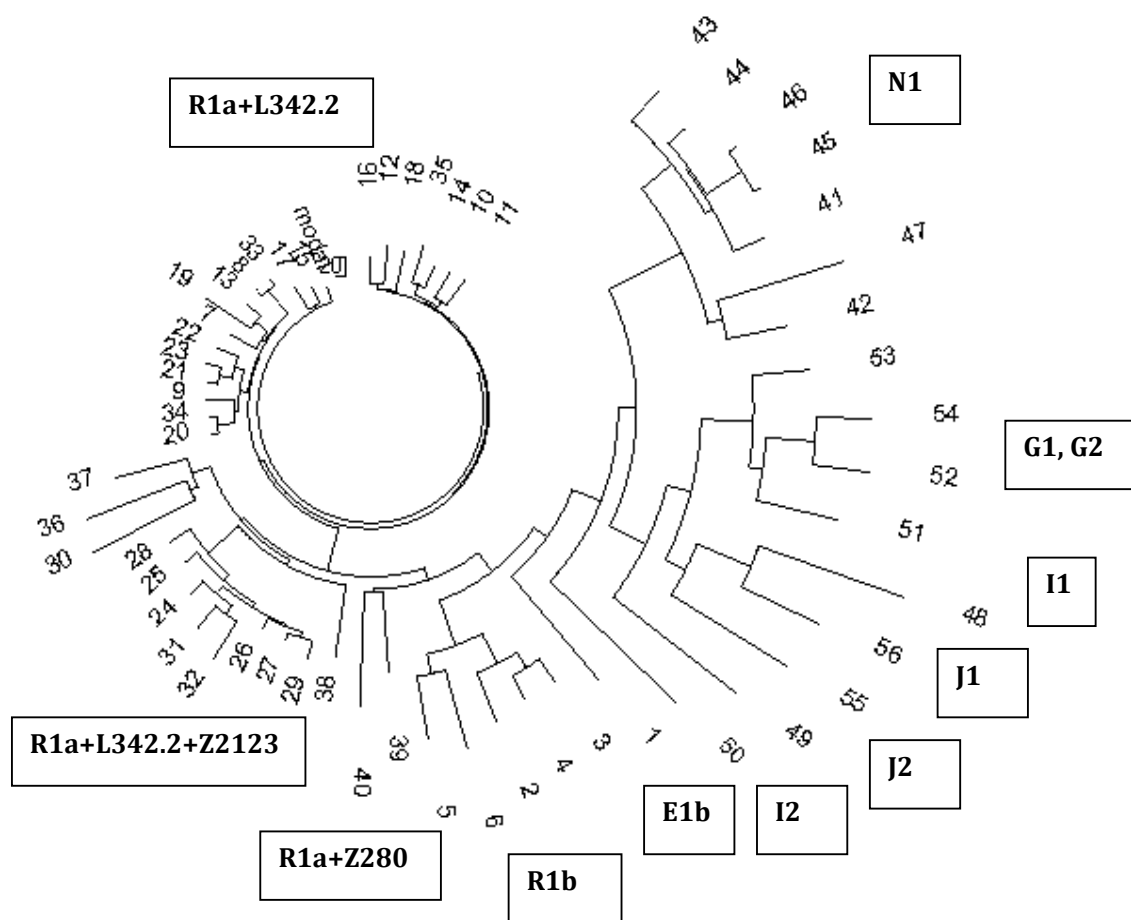
В правой части дерева на рис. 1 – разрозненный набор единичных гаплогрупп башкир – N1b, N1c1, E1b, G1a, G2a, J1, I1, R1b. Их слишком мало и они слишком разнородны, чтобы по ним вести какие-либо расчеты. На дереве также три гаплотипа субклада Z280, но такие одиночные гаплотипы особого интереса не представляют. Они могли попасть к башкирам в любое время, в том числе в ходе последних веков.

Для того, чтобы охватить более широкий круг гаплотипов, рассмотрим бегло дерево 37-маркерных гаплотипов. У них отсутствует 30 маркеров последней панели, поэтому расчеты по ним существенно менее точны, но это отчасти компенсируется большим их количеством в проектах.

Как видно, принципиальная картина ветвей на дереве 37-маркерных гаплотипов та же самая, как и на рис. 1. Гаплотипов в субкладе Z2123 – восемь, всего на два больше, чем в 67-маркерном наборе гаплотипов, базовый гаплотип тот же, что и в первых 37 маркерах 67-маркерного гаплотипа. Все 8 гаплотипов содержат 24 мутации, что дает 24/8/0.09 =

穩兒別里欽察 вэнь-эр-бе-ли цинь-ча. Знаками 穩兒別里 вэнь-эр-бе-ли в текстах монголо-китайской канцелярии 13-14 вв. передавали не китайские звуки ул-р-бе-ли(к), с учетом нередкой в юаньских текстах метатезы эр <-> бе, имеем в итоге ул-бе-р-лик, что абсолютно точно передает название этого рода как ölberlik.

33 → 34 поколения, или  $850 \pm 190$  лет до общего предка. Это тоже самое, что рассчитанные выше  $750 \pm 180$  лет до общего предка в пределах погрешности расчетов для субклада Z2123. Здесь 0.09 – это константа скорости мутации, которая выражается в числе мутаций на 37-маркерный гаплотип на условное поколение в 25 лет. Этот пример – для того, чтобы показать, что и при несколько другом количестве гаплотипов, и при 37-маркерных гаплотипах вместо 67-маркерных, получаются те же самые результаты.



**Рис. 2. Дерево 37-маркерных 56 гаплотипов башкир. Показаны основные субклады гаплогруппы R1a и другие единичные гаплогруппы.**

Среди гаплотипов группы R1a есть несколько, выпадающих из ветвей L342.2 и L342+Z2123+. Это – гаплотипы субкладов, входящих в субклад Z280, предположительно Z280+CEA2, Z280+WEA1, Z280+BC1, Z280+BC2, Z280+NC. Они в данном исследовании не представляют интереса, так как они – потомки визитеров с «ближнего Запада», скорее всего из России, Украины, Белоруссии – ветви центральная евразийская, западная евразийская, балто-карпатская, северо-карпатская<sup>45</sup>.

В качестве примера рассмотрим также гаплотипы гаплогрупп I1 и I2a из башкирского проекта. Ниже – татарский 111-маркерный гаплотип гаплогруппы I1:

13 23 14 10 14 14 11 14 12 12 11 28 – 15 8 8 8 11 22 16 21 29 12 12 14 14 – 10 10  
19 21 15 14 16 19 36 36 12 10 – 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 23 24 15 10 12 12 16 8  
13 25 20 14 13 11 12 11 11 12 11 – 31 12 8 17 11 23 27 19 11 12 12 13 11 9 11 11 10  
11 12 31 11 13 21 16 11 10 26 15 18 11 25 18 13 15 28 12 21 18 12 14 19 9 12 11

Это – типичный восточно-европейский (и российский) гаплотип с общим предком примерно 3600 лет назад, базовый 67-маркерный гаплотип для которого следующий:

13 **22** 14 10 14 14 11 14 **11** 12 11 28 – 15 8 8 **9** 11 **23** 16 **20 28** 12 **14 15 16** – 10 10  
19 21 **14** 14 16 19 **35 37** 12 10 – 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 23 **25** 15 10 12 12 16 8  
13 25 20 **13** 13 11 12 11 11 12 11

Отклонение у татарского гаплотипа от базового составляет 13 мутаций на 67 маркеров (отмечено выше), то есть общий предок этих двух гаплотипов жил примерно  $(3025+3600)/2 = 3300\pm 400$  лет назад. Это и есть общий предок гаплогруппы I1 в Восточной Европе, как и практически по всей Европе. Здесь 3600 – это «возраст» гаплогруппы I1, 3025 лет – это эквивалент разницы в 13 мутаций на 67 маркерах:  $13/0.12 = 108 \rightarrow 121$  условных поколений, то есть 3025 лет.

Еще один единичный татарский гаплотип – гаплогруппы I2a1b-M423, так называемый динарский субклад, с общим предком  $2350\pm 250$  лет назад. Он распространен по всей Восточной Европе от Греции до Прибалтики. Татарский 37-маркерный гаплотип:

14 24 15 11 14 16 11 13 13 14 11 31 – 18 8 10 11 11 25 15 20 31 12 14 15 15 – 10 10  
21 21 15 12 18 18 34 35 11 10

Базовый динарский 67-маркерный гаплотип (мутации по отношению к татарскому 37-маркерному гаплотипу отмечены):

**13** 24 **16** 11 14 **15** 11 13 13 **13** 11 31 – **17** 8 10 11 11 25 15 20 **32** 12 14 15 15 – 10 10  
21 21 15 12 18 18 34 35 11 10 – 11 8 15 15 7 12 10 8 11 9 12 22 22 16 10 12 12 12 7  
10 30 21 13 14 10 13 11 11 12 9

Всего на 37 маркерах в татарском гаплотипе имеется 6 мутаций, что эквивалентно разнице во времени  $6/0.09 = 67 \rightarrow 72$  условных поколения, или 1800 лет между динарским базовым гаплотипом (возрастом 2350 лет)

<sup>45</sup> I.L. Rozhanskii and A.A. Klyosov, 2012. Adv. Anthropol., vol. 2, No. 3, 139-156.

и татарским гаплотипом, то есть их общий предок жил  $(2350+1800)/2 = 2075 \pm 250$  лет. Это и есть общий предок динарского субклада  $(2350 \pm 250)$  лет назад). Таким образом, приведенный татарский гаплотип принадлежит тому же динарскому субкладу гаплогруппы I2a. То есть все они действительно принадлежат визитерам с запада.

В завершение следует отметить, что согласно базам данных башкир по Y-хромосоме в ИБГ УНЦ РАН и FTDNA на сегодняшнее время известно, что совместный пул гаплогрупп R1a и R1b у башкир составляет вместе около 80-90% (с небольшим преимуществом гаплогруппы R1b)<sup>46</sup>. Всё это, позволяет по новому взглянуть на происхождение башкирского народа, определить правильность или ошибочность прошлых концепций по этнической истории башкир, и закрепить новые результаты на основе данных ДНК-генеалогии.

11021102110211021102—————

<sup>46</sup> Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. 1-й том, проект «Суюн», 2-е издание, исправленное и дополненное. М., Урал, 2013, 267 с., ISBN 9785990458314, С.47.

# Доказательства распространения единого религиозного культа в неолите на территории Евразии, Японии и Америки (сердцевидные изображения лица Великой Богини)

Е.А. Миронова, В.В. Попов

Продолжая исследование, начатое в работе [Миронова, 2013] и посвящённое сравнению артефактов, имеющих удивительное сходство в формах, орнаментации, стилистике и обнаруженных на территориях от Канарских островов и по всей Евразии до Сибири, Индостана, Китая, вплоть до Северной и Южной Америки, мы проводим в данной статье сопоставительный анализ изображений Великой Богини, выполненных в рамках ещё одного канона – в виде «сердца».

Данные артефакты изображают Великую Богиню, чей культ по результатам исследований М. Гимбутас (2006), А. Голана (1993), Б.А. Рыбакова (1981) и многих других отечественных и зарубежных учёных, существовал в неолите и принадлежал **только** раннеземледельческим цивилизациям.

Наряду с крестообразной формой туловища Великой Богини, с её изображением в позе роженицы, а также с головой, имеющей прямоугольную или трапецевидную форму (данные канонические изображения были выделены нами ранее в работе [Миронова, 2013]), изображение Великой Богини лишь в виде отдельно выписанной головы/лица в форме так называемого «карточного сердца» также имеет широкое распространение.

Сердцевидную форму лица Богини впервые описал А. Голан [Голан, 1993], который, прежде всего, отмечает нефигуративность всего искусства неолита. Отношение человека к миру, по его словам, – а именно это является одной из функций искусства, неолитические художники проявляли не фотографическим воспроизведением деталей природы, а символическим, знаковым [Голан, 1993: 166]. Исследователь считает, что образ Великой Богини пришёл из палеолита, и поскольку вселилия этого божества опасались, то часто статуэтки, изображавшие Великую Богиню были либо без головы, либо без лица, либо без рта: «Образ почитаемой богини глобален. И повсюду он носит сходные черты: она – мать-родительница и в то же время злая, жестокая,



кровожадная» [Голан, 1993: 167]. В виде сердца – без глаз и рта – такой образ Богини встречается у кельтов в 1 в. до н.э. По мнению А.Голана, вид головы Богини трансформировался из изображения в палеолите женских бёдер – это изображение бёдер Богини: «Значение символа Богини имело, очевидно, и изображение женских бёдер. Переходная форма подтверждает, что именно таково происхождение древней графемы, которая в наше время считается изображением сердца» [Голан, 1993: 169].

Такие сердцевидные изображения, подтверждающие существование культа Великой Богини в Европе, мы приводим далее. Это несколько идентичных изображений из разных археологических культур (Рис. 1-4):



Рис. 1 Схематический лик Великой Богини в виде сердца на керамической вазе с Кипра (Музей Пьеридиса, Ларнака, фото Е.А. Мироновой).



Рис. 2 Сердцевидное изображение лика Великой Богини на вазе из Греции.

<http://www.mallstuffs.com/blogs/BlogDetails.aspx?BlogId=191&BlogType=Spiritual&Topic=Was%20hinduism%20ancestral%20religion%20of%20Europe>

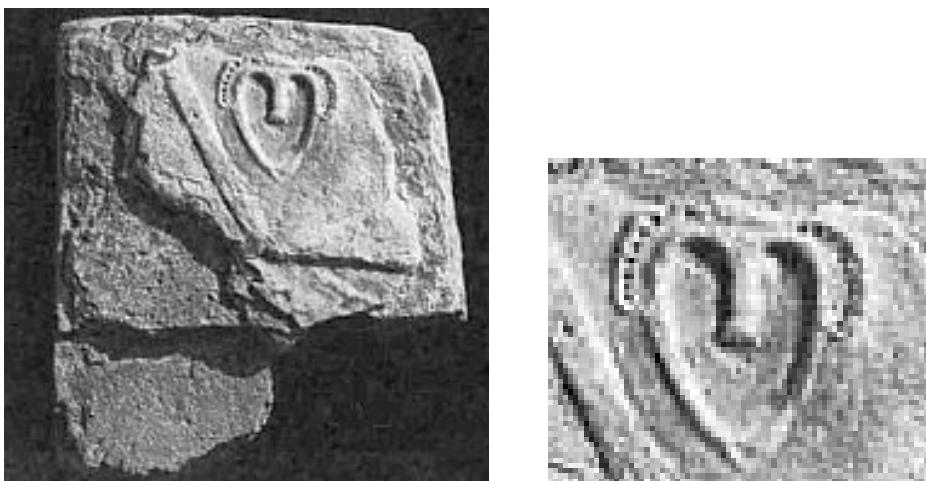


Рис. 3 Каменная стела с высеченным на ней изображением человеческого лица, форма которого напоминает сердце, Троя [Блеген]

<http://lib3.podelise.ru/docs/137/index-31085.html?page=2>



Рис. 4 Артефакт из раскопок в с. Мёзино – изображение Великой Богини в виде сердца (палеолитическая стоянка Мёзино, 18 тыс. лет до н.э.)

<http://ekotur.com.ua/kulturnyy-turizm.html>

На петроглифах Карелии, Урала и Алтая также встречаются подобные сердцевидные изображения (Рис. 5-6):

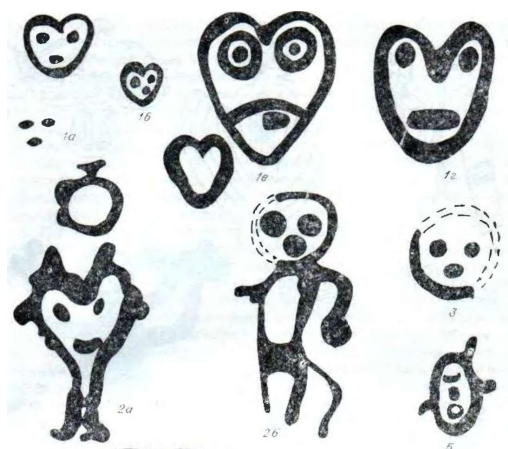


Рис. 5 Сердцевидные личины на петроглифах Томских скал.  
<http://www.altaj.ru/petroglify-urala?page=0%2C6>



Рис. 6 (1 — бронзовая бляшка с изображением личины на груди (Пермь); 2—4 — бронзовые бляшки пермского звериного стиля; 5 — антропоморфное изображение (Карелия); 6 — наскальное изображение маски-личины с берегов Енисея; 7 — изображение сердцевидной личины с р. Вишеры; 8 — сердцевидная «личина на трех ножках» (р. Вишера).  
<http://www.altaj.ru/petroglify-urala?page=0%2C6>

На Рис. 5 представлены так называемые писаницы р. Вишеры, расположенные на двух скалах — Моховой и Писаной. На них выбиты изображения широких, остроконечных книзу, сердцевидных личин с большими круглыми глазами, иногда с точками внутри. Эти рисунки на скалах известны ещё с 1689 г., поскольку упоминаются в челобитной

вишерских вогулов 1в. Первые зарисовки были сделаны Стралленбергом. Но лишь в 1918—1949 гг. В. Ф. Геннинг во время работ Камской археологической экспедиции под руководством О. Н. Бадера сделал точные прорисовки изображений и опубликовал материалы в журнале «Советская археология».

Такой же канон удивительным образом повторяется в статуэтках, найденных в Японии (Рис. 7):

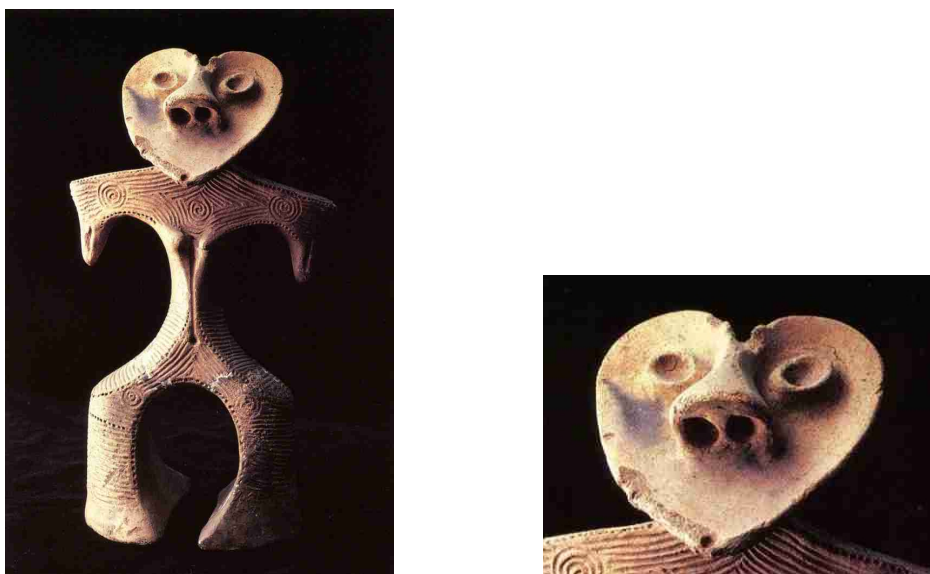


Рис. 7 Догу периода Яёй с лицом в виде сердца  
<http://clm.mybb.ru/viewtopic.php?id=36>

В Японии существовали две древние культуры – дзёмон и яёй. Считается, что культура дзёмон была протоайнской, а культура яёй – протояпонской. Есть основания полагать, что яёй является прямым продолжением древней неолитической культуры дзёмон .

Период Яёй (Яёй дзидай, Yayoi-jidai; 弥生時代) – период японской истории примерно от 300 г. до н. э. до 300 г. н.э. Своё название период получил в честь района Яёй, – населенного пункта вблизи Токио (совр. специальный район Бункё префектуры Токио), где в 1884 году, во время раскопок, были найдены керамические изделия нового стиля, отличного от дзёмонского. В начале XX века подобная керамика была найдена почти по всей Японии. Её датировка дала основания ученым утверждать о переходе Японского архипелага от периода Дзёмон к новой исторической эпохе, которую назвали в честь первой стоянки Яёй, где были найдены артефакты нового периода. Археологическая культура



этого периода также носит название «культуры Яёй». Начало эпохи Яёй – III век до н. э., а конец – III век н. э. Периодизация культуры основана на датировке и классификации керамических изделий и имеет три стадии: 1. раннюю (III–I в. до н. э.); 2. среднюю (I в. до н. э. – I в. по н. э.); 3. позднюю (I–III в. н. э.). Однако ряд современных японских исследователей из Национального музея истории и этнографии указывают на вероятность начала периода Яёй 500 годами раньше – в IX веке до н. э. Как доказательства приводятся данные передатировки самой старой керамики «культуры Яёй» старым радиоуглеродным методом и новым методом АСМ (акселератор спектрометрии масс) [<http://clm.mybb.ru/viewtopic.php?id=36>].

Такое же изображение выявлено нами на керамическом сосуде обнаруженной недавно археологической культуры индейцев Южной Америки – Паракас (Рис. 8):



Рис. 8 Большой кувшин (34.3 x 31.8 x 31.8 см), 200 -100 до н.э., культура Паракас, Долина Ика, Южное побережье Перу (Бруклинский Музей) [http://www.brooklynmuseum.org/opencollection/objects/76232/Large\\_Jar#](http://www.brooklynmuseum.org/opencollection/objects/76232/Large_Jar#)

Культура Паракас – важная археологическая культура в Андах, существовавшая в период примерно с 750 по 100 г. до н. э. Она была обнаружена перуанским археологом Хулио Тельо в 1920-х г.г., который исследовал некрополь с мумиями, обёрнутыми в ткани с богатым орнаментом. Носители культуры Паракас владели искусством ирригации и мелиорации. Культура существовала на полуострове Паракас, согласно современному административному делению – в районе Паракас провинции Писко региона Ика, Перу. Потомком

культуры Паракас предположительно является культура Наска. Однако предшественники культуры Паракас ещё не найдены наукой, поэтому исследование её артефактов и символов на них более подробно в дальнейших работах представляется нам ключом к разгадке её возникновения.

Такое распространение похожих изображений может быть объяснено миграциями древних племён. Согласно новейшим данным, обнаружение идентичной гаплогруппы X у европеоидов и у американских индейцев [Brown M.D., Hosseini S.H., Torroni A. et al., 1998, цит. по: Назарова, 2007] подтвердило определенную общность происхождения этих двух групп человечества, причем методы молекулярной биологии показали, что эта гаплогруппа X у индейцев не привнесена контактами с европейцами уже после открытия Америки Колумбом, а является древней.

В статье А.Ф. Назаровой [Назарова, 2007] упоминается лингвистическое доказательство общности предков японцев и жителей Сибири. Петроглифы с надписью около села Суон-Тит на р. Алдан сделаны в 18-м тысячелетии до н.э. и по мнению советского и украинского востоковеда А.Г. Кифишина, данная надпись означает следующее: **ama+BARAdara +su-kud-Sin**, что в переводе с шумерского означает: «Ама-терасу осуждена Сином». А.Г. Кифишин расшифровал петроглифы десяти пунктов Восточной Сибири (Прибайкалья). Петроглиф со скалы у Хана-Шуулун А.Г. Кифишин расшифровал как **ama-inanna-BARA2 dara-si** и перевел: Ама-терасу (судима) Инанной.

Эти места, по мнению обнаруживших их археологов – В.Е. Ларичева и А.П. Окладникова – можно считать древними святилищами богини Ама-терасу, принадлежащей к пантеону древних обитателей Северной Азии (Сибири), являвшихся предками как шумеров и хеттов (древних европеоидов), так и японцев (монголоидов).

А.Ф. Назарова отмечает, что существуют параллели в пантеонах богов древних шумеров и хеттов, и в японской религии синто. Синтоистская религия японцев – совокупность представлений о существовании богов в виде животных, растений, камней и т.д. Одни лингвисты относят японский язык к алтайской группе языков, другие – к австралийской языковой семье. Но согласно исследованиям Кифишина, прапоянцы, как и прашумеры, жили в регионе Алтая и Забайкалья (Селенги), где существовал культ Ама-барагеси. Ама-барагеси упоминается в надписях 2-й Бородинской скалы под Челябинском на Урале (18 000 лет до н.э.), в протошумерском архиве Каменной Могилы в Приазовье (12-3 тыс. лет до н.э.), в архиве месопотамского Ура (3-е тысячелетие до н.э., и в надписях Урнанши из Лагаша (2450 г. до н.э.). То есть, можно проследить несколько пунктов многотысячелетней миграции древних

протошумеров из региона Восточной Сибири через Приазовье в Переднюю Азию.

А.Ф. Назарова делает вывод: «1. Генетические расстояния человеческих популяций Европы, Азии, Америки, Африки и Океании, построенные по ним дендрограммы, а также распределение гаплогрупп митохондриальной ДНК в человеческих популяциях говорит о том, что европеоиды, так же, как и северные монголоиды, жили в палеолите в Азии, в Сибири, и пришли в места своей современного обитания в результате многотысячелетней миграции. 2. Ряд данных антропологии и палеозоологии поддерживает эту гипотезу палеоазиатского происхождения северных монголоидов, европеоидов и предков американских индейцев. 3. Недавняя расшифровка учеными-лингвистами зачатков праписьменности в Прибайкалье также говорит об обитании европеоидов в палеолите в Сибири, и о древней близости их к монголоидам» [Назарова, 2007].

Помимо известных артефактов, хранящихся в музеях, и имеющих изображения Великой Богини, совсем недавно появились сообщения о том, что на камнях, которые находятся в большом количестве в виде волноломов на побережье Северной Америки (а именно в Нью-Йорке, на пляже Брайтон-Бич), очевидцы обнаружили выгравированные изображения в виде ликов. Несколько таких изображений, приведённые на Рис. 9-10, напоминают канонические изображения Великой Богини в форме сердца:



Рис. 9 Камни с гравировкой на Брайтон Бич. Гравировка – предположительно лицо Великой Богини в виде сердца  
[№34 Камни на Brighton Beach часть 2 США Brooklyn 2013 YouTube](#)



Рис. 10 Изображение на камне (Брайтон-Бич, США)  
<http://www.youtube.com/user/IgorAlpatov/videos>

Итак, поскольку самое древнее из обнаруженных пока изображений лица Великой Богини, выполненное по описываемому здесь канону – в форме сердца с V-образным вырезом сверху, как мы видим, находится на территории Европы, на Украине, в поселении верхнего палеолита – Мёзинской стоянке, древность которой – 18 000 лет, а современные данные, приведённые в работе А.Ф. Назаровой [Назарова, 2007]: генетические, антропологические, палеозоологические, а также археолого-культурологические говорят о том, что европеоиды Европы и Азии, так же, как северные монголоиды и американские индейцы имели центром своей дифференциации центр Азии (Южную Сибирь и соседние регионы), мы разделяем точку зрения А.Ф. Назаровой о том, что эти народы попали в места своего нынешнего пребывания в результате многотысячелетней миграции. Исходный ареал волн этой миграции следует искать, в том числе в местах, где обнаружены самые древние культовые артефакты – изображения лица Великой Богини в виде сердца.

### *Литература*

1. Блеген, К. Троя и троянцы. Боги и герои города-призрака. Электронный ресурс. URL: <http://lib3.podelise.ru/docs/137/index-31085.html?page=2>
2. Гимбутас, М. Цивилизация Великой Богини: мир Древней Европы / М.: Росспэн, 2006. – 572 с., илл.
3. Голан, А. Миф и символ.: Русслит. 1993. – 375с.: ил. Электронный ресурс. URL: <http://astrovic.ru/lib/golan.htm>
4. Миронова, Е.А. Распространение культа Великой Богини от Канарских островов до Сибири и Северной Америки в неолите //



- «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567, публ.18044, 25.05.2013.  
Электронный ресурс. URL:  
<http://www.trinitas.ru/rus/doc/0211/002a/02111107.htm>
5. Назарова, А.Ф., Биологические, археологические и культурологические доказательства палеоазиатского происхождения северных монголоидов, европеоидов и американских индейцев // «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567, публ.14446, 12.06.2007.  
Электронный ресурс. URL:  
<http://www.trinitas.ru/rus/doc/0016/001b/00161386.htm>
- 6.Петроглифы Урала. Электронный ресурс. URL:  
<http://www.altaj.ru/petroglify-urala>
7. Рыбаков Б.А. Язычество древних славян / М.: Издательство «Наука», 1981 г.
8. Brown M.D., Hosseini S.H., Torroni A. et al. mt DNA haplogroup X: an ancient link between Europe/ Western Asia and North America. Amer.J.Hum.Genet.,1998, 63, P.1852-1861.

# Сердцевидная головка Великой Богини в неолите Нижнего Приамурья

В.В. Попов

На Нижнем Амуре головка Великой Богини в виде карточного сердца встречается чаще, чем в неолитических культурах других регионов, но академическими глазами остаётся неузнанной. Созданная псевдонаучная парадигма о неисторичности региона востока Северной Азии и бесписьменности проживавших здесь народов не позволяет исследователям беспристрастно интерпретировать многочисленные изображения Великой Богини на керамике и в петроглифах.

До сих пор рисунок в виде сердцевидной головки Великой Богини, как одной из многочисленных форм изображений её, не выделена исследователями, хотя М.А. Дэвлет, В.Е. Медведев, Е.А. Окладникова, З.С. Лапшина, А.П. Деревянко обращали внимание на эту форму головки с V-образным вырезом в области макушки и по своему объясняли его смысл. Их интерпретации оказывались неизменно курьёзными в рамках этой академической исторической парадигмы. Например, М.А. Дэвлет считает вырез отверстием Брахмы – сосредоточением жизненной силы или воротами выхода души из тела, что является поздней буддийской эзотерикой. Археолог В.Е. Медведев считает V-образный вырез знаком женского полового органа, что тоже курьёзно, поскольку смущает местонахождение этого знака – на макушке.

На самом деле это не знак, а символ, относящийся по принятой терминологии к шевронам (уголкам). Они могли изображаться на лбу, теле, рядом с рисунком, на макушке (Рис.1, слева – божество с женским символом (шевроном) на лбу, справа – мужское божество):

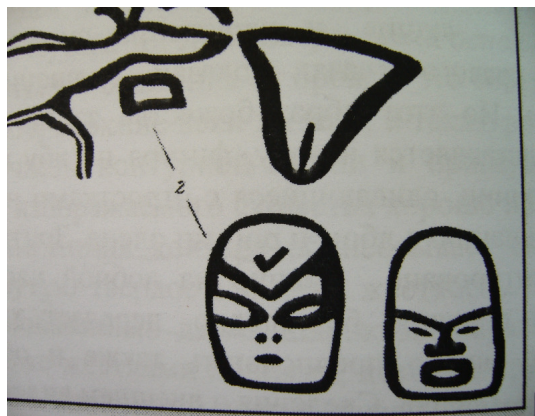


Рис. 1 Личины р.Усури (с.Шереметьево) [1]

Хабаровский культуролог З.С. Лапшина считает такие изображения Великой Богини портретами Змеи-дракона-Солнца, не учтя, что в неолите мифических драконов изображали исключительно в виде фигуры в профиль (Рис.2), а солнцу в неолите люди не поклонялись, почитание его пришло позже – во II-I тыс. до н.э., что почти все исследователи не учитывают.



Рис. 2 Описание китайских Драконов <http://zhongdao.ru/opisanie-drakona>

Директор Института Археологии Сибирского Отделения РАН А.П. Деревянко использовал эту форму головки для эмблемы Института Археологии (Рис.3), путём трансформации прежней эмблемы института (Рис.4) в монголоидного монстра мужского пола, прототип которого он обнаружил в Сикачи-Аляне на мысе Гасян (Рис. 5).



Рис. 3 Современная эмблема ИАЭт СОРАН

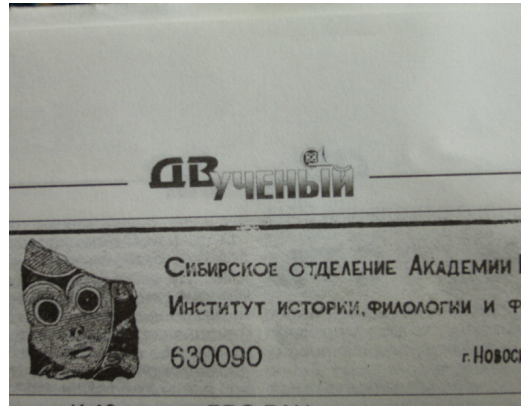


Рис. 4 Превжняя эмблема ИАЭт СОРАН (фото почтового конверта В.В. Попова)

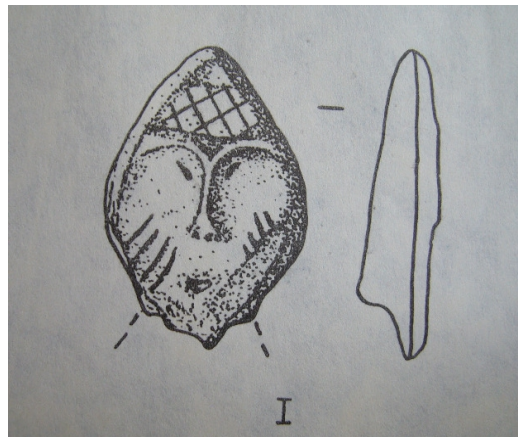


Рис. 5 Артефакт из поселения Гася (Сикачи-Алян) [2]

Вырез в макушке антропоморфных изображений в Приамурье встречается в разных вариантах, особенно в петроглифах п. Сикачи-Аляна и реки Кии (п. Переяславка). Они нигде не повторяются и их можно отнести к уникальным, не имеющим аналогов в мире. Здесь конструкции изображений Богини являются математически точными и удивительно гармоничными, что указывает на высокий класс художников и развитое религиозное сознание (Рис.6-7), не имеющего ничего общего с примитивными демоническими верованиями монголоидов Амура.

Иногда они сочетаются со спиральным изображением контура лица в виде «рогов барана» (термин от А. Голана) (Рис.8, слева – петроглиф из п. Шереметьево, справа – петроглиф из Предкавказья).

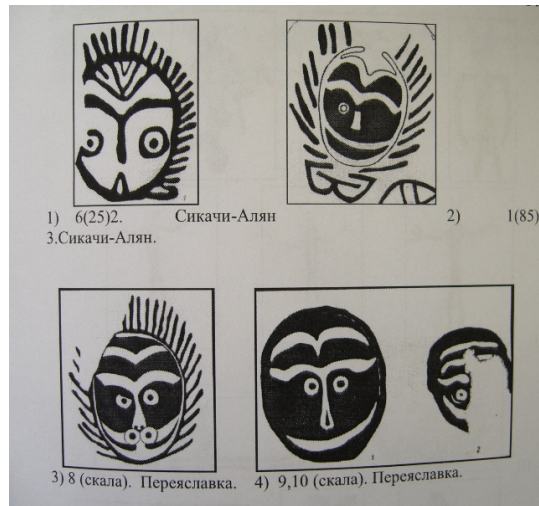


Рис. 6 Антропоморфные изображения с V-образными знаками на верхней части лица [1]



Рис. 7 Петроглифы из Сикачи-Аляна [1]



Рис. 8 Слева – петроглиф п. Шереметьево [3]; справа – сердцевидное изображение, выбитое на камне, Предкавказье [4]



При внимательном анализе ликов Богинь становится понятно, что все без исключения изображения имеют атипичные элементы лица, не свойственные лицу земной женщины. Уместно заметить – зачем изображать солнце или дракона с разновеликими глазами, одноглазыми, ртом до ушей или в виде уголка, с необычным носом или без него, двойным контуром лица (Рис. 6, Рис. 7, Рис. 9) и т.п.?



Рис. 9 Личина из Сикачи-Аляна[1]

У академистов на этот вопрос ответа нет. Но логично предположить, что таким приёмом древний художник стремился обозначить отличие лика Богини от лица обыкновенной женщины. В некоторых случаях изображение её было звероподобным и страшным, ведь Богиня неолита вовсе не была олицетворением тепла и материнской доброты. Порой она представлялась как «страшная мать», пожирающая своих детей-людей. Такой приём передачи лика богинь находит подтверждение в изображении в Сикачи-Аляне стада животных (Рис.10):



Рис. 10 Петроглиф из Сикачи-Аляна (Фото В.В. Попова)

Что это за животные – никто точно не скажет. Они имеют признаки быков, лошадей, лосей т.е. они синкретические (составные). Таким способом художник передал их инобытиё, принадлежность к миру животных нездешних – неземных, где животные другие – божественные. По этому же принципу можно сделать вывод, что непохожесть этих

животных на земных подсказывает идею отличия и лика богинь от лиц земных женщин.

Важно также заметить, что вырез расположен у богинь на макушке. Уж не от этой ли особенности изображения Великой Богини неолита у русских позже появилось имя этой богини – «Макошь». Существуют различные интерпретации слова Макошь: «мать жребия» (судьбы), «мать-кошёлка», «мать воды» (небесной). Этимологи усматривают происхождение её имени от слова «макушка» из лексемы «мак».

Итак, вырез в макушке как и шевроны, несколько шевронов или длинные ряды их в виде ёлочки – достоверные признаки изображения Богини. Они могут сочетаться (Рис. 11, неолит Средней Азии) или быть несвязанными между собой, (Рис. 12, Сикачи-Алян), (Рис. 13, Монголия), (Рис. 14, Сикачи-Алян).

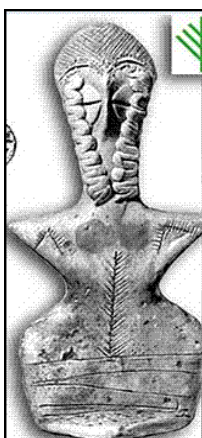


Рис. 11 Алтын-Депе, Южная Туркмения, III – начало II тыс. до н.э.  
(Эрмитаж)



Рис. 12 Петроглифы из Сикачи-Аляна [5]



Рис. 13 Антропоморфное изображение с орнаментом – ёлочкой [6]  
[www.archaeolog.ru](http://www.archaeolog.ru)



Рис. 14 Петроглиф из Сикачи-Аляна [5]

Рассмотренные признаки Великой Богини Неба позволяют причислить к её изображению и знаменитую антропоморфную личину, которую академики относят к рисунку нанайского дракона Мудура или Чёрного дракона – его, якобы, портрета (Рис.15): у неё тоже есть вырез в макушке и шевроны в виде причёски, подтверждающие её божественную материнскую сущность. Эта «страшная мать», внушающая ужас, сродни богине Ушас из древнеиндийской мифологии.

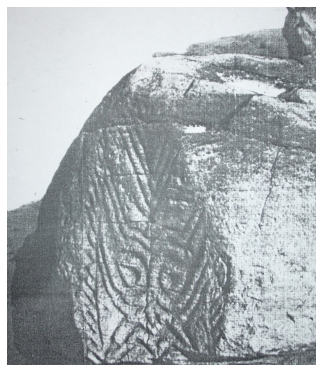


Рис. 15 Петроглиф из Сикачи-Аляна [3]



Понятно даже не специалисту, что все рассмотренные антропоморфные женские изображения Приамурья имеют матриархальную религиозную сущность. Ярким примером этого является антропоморфные маски на вознесенской керамике (Рис.16-17), но академики умудряются их называть шаманскими масками.

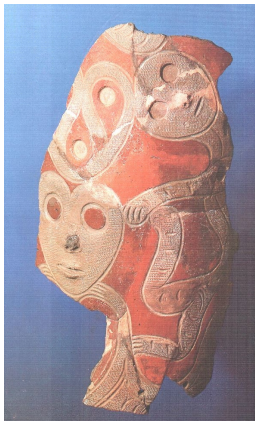


Рис. 16 Фрагмент керамического краснолощёного сосуда с антропоморфным изображением в виде сердца, Приамурье [7]

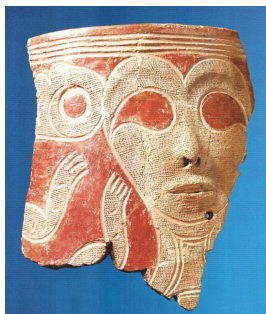


Рис. 17 Сердцевидный лик с V-образным вырезом сверху, Приамурье [7]

У так называемых коренных малочисленных народов Севера и их предков всегда преобладало жёсткое патриархальное мировоззрение с абсолютным культом мужчины и подчинённым положением женщины, поэтому петроглифы с изображением женских ликов никак не укладываются в культурно-религиозную жизнь северян, а идола шаманистов вмещали божество и использовались временно, в отличие от индоевропейских, у которых изображение замещало его и служило постоянно, чего не понимают академические исследователи неолита Нижнего Амура. Повсеместное в Евразии распространение сердцевидного лика Великой Богини, включая и Приамурье, доказывает единый источник его возникновения, чем могла быть только индоевропейская религиозная мифология.

Таким образом, культура неолита востока Северной Азии в части символики и изображений сердцевидных ликов Великой Богини была, по-видимому, одной из самых значимых в Евразии и не могла принадлежать монголоидным северянам, исповедовавшим демоническую шаманистскую религию.

## ВЫВОДЫ

Исходя из рассмотренных данных, артефактов и их датировок, мы можем вновь констатировать факт распространения канона изображения Великой Богини по всем упомянутым выше направлениям (Балканы, Япония, Америка) с севера – по крайней мере, из двух коррелирующих по времени источников – со стоянки Мезино, на скалах р. Томь, на Байкале и на Урале, культура которых принадлежала праиндоевропейцам. Логично будет предположить, что данные стоянки не были единичными, а входили в ареал, в котором культ Великой Богини был доминирующим, поскольку такая традиция изготовления её изображений укоренилась на долгие века и тысячелетия абсолютно без изменений и более того – распространилась на многие тысячи километров.

Сердцевидный образ головки Великой Богини в палеолите-неолите был достоянием индоевропейцев, позже этот образ был заимствован религиями других образующихся этносов.

## *Литература*

1. Лапшина, З.С. Архаичная модель мира в наскальных рисунках Амура и Усури / Хабаровск : ХГИИК, 2012. – 212с.
2. Деревянко, А.П., Медведев В.Е. Исследования поселения Гася / Новосибирск. – 1995 г. – ИАЭт СОРАН
3. Окладников, А.П. Петроглифы Нижнего Амура / Ленинград, Наука. – 1971г
4. Голан, А. Миф и символ.: Русслит. 1993. – 375с.: ил. Электронный ресурс. URL: <http://astrovic.ru/lib/golan.htm>
5. Медведев, В.Е. Проблема истоков некоторых скульптурных и наскальных образов в первобытном искусстве юга Дальнего Востока и Находки, от носящиеся к осиповской культуре на Амуре / ИАЭт СОРАН. – 2001г.
6. Дэвлет, М.А. и др. Мир наскального рисунка России.: М., 2005 г. Электронный ресурс. URL: [www.archaeolog.ru](http://www.archaeolog.ru)
7. Окладников, А.П. Древнее искусство Приамурья / Ленинград, Аврора. – 1981г

8. Дегтярёва, А.Г. и др. Наскальные изображения личин и древние сакральные ландшафты. Электронный ресурс. URL: <http://Homoeurasicus.land.ru>
9. Описание китайских Драконов. Электронный ресурс. URL: <http://zhongdao.ru/opisanie-drakona>
10. Пятибрат В. Глубинная книга – Имена и повадки Великой богини. Электронный ресурс. URL: [stezya.ru](http://stezya.ru)

# Гаплотипы гаплогруппы E1a

Анатолий А. Клёсов

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

E1a – редкая гаплогруппа. По сравнению с «параллельной» гаплогруппой E1b она – карлик. Впрочем, возможно потому что ее определяли у относительно малого количества людей. Она встречается в основном в странах западной Африки, но ее носители живут во многих частях мира, в том числе в Европе, на Украине, в России. Наибольшая доля гаплогруппы E1a – в Камеруне, у народностей Fulbe (53%) и Tali (20%), в Мали, у народности Dogon (44%), в Гвинее-Биссау, народности Felupe-Djola (34%), Nalu (12%), Balanta (12%), в Судане, народности Hausa (16%) и Fulani (12%), в Буркина Фасо, народность Fulbe, как и Fulbe в Камеруне (10%).

Гаплогруппа E1a обычно встречается со своими субкладами, которые показаны на следующей диаграмме (ISOGG, 2013):

E L339, M40, M96

- E1 P147/**PF1938**
- • E1a M33, M132, **CTS2808**/L633
- • • E1a1 M44
- • • E1a2 P110
- • • E1a3 L94
- • • E1a4 L133

Поскольку ряд народностей, перечисленных выше, известны в мире своими декоративными поделками, корни которых уходят, видимо, в глубь тысячелетий, то интересно посмотреть, какой возраст имеют гаплогруппы и субклады E1a. Возможность к этому дает Проект FTDNA E1a-M33, M132

<http://www.familytreedna.com/public/HaplogroupE1andE/default.aspx>.

В Проекте 65 гаплотипов, но многие 12-маркерные, которые дают весьма хаотичную картину, трудно поддающуюся обработке (рис. 1). Как можно убедиться, сопоставляя дерево 12-маркерных гаплотипов с 67-маркерным (рис. 2), первое дерево смешивает ветви по причине малого разрешения 12-маркерных гаплотипов.

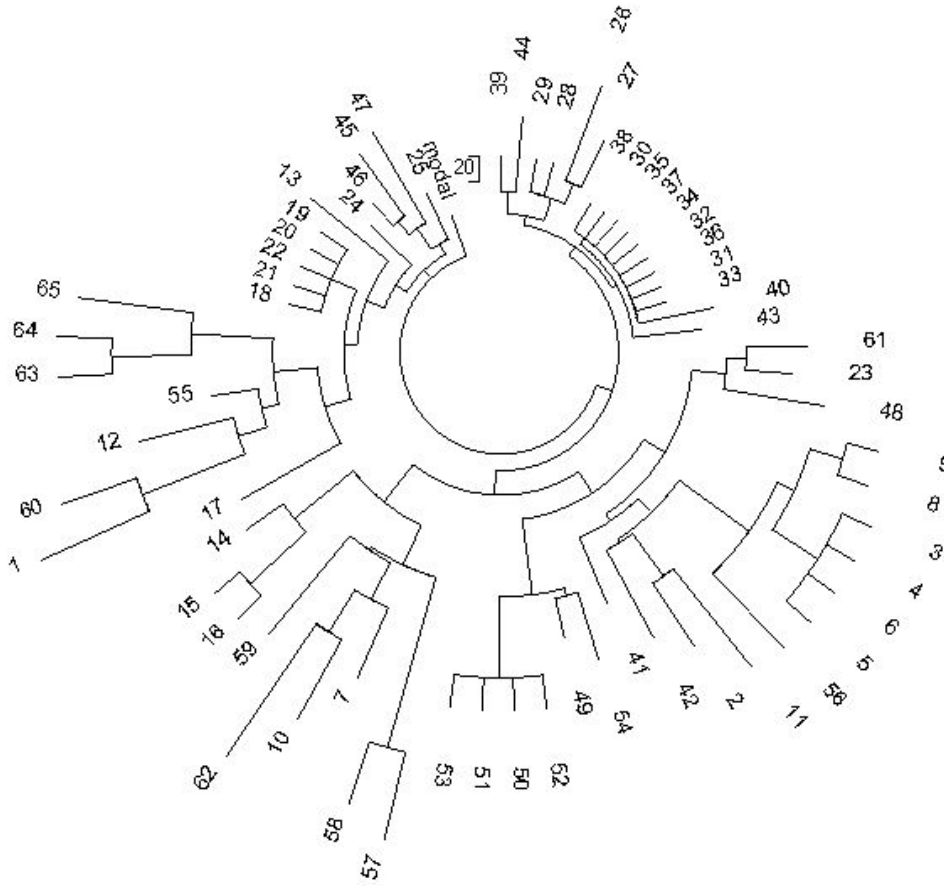


Рис. 1. Дерево 12-маркерных гаплотипов гаплогруппы E1a по проекту <http://www.familytreedna.com/public/HaplogroupE1andE/default.aspx>, содержащему 65 гаплотипов.

Большинство носителей гаплотипов в данном проекте – афроамериканцы, почти никто из них не знает своих предков по причине прошлого их рабства. Известные данные мы приведем ниже, при рассмотрении 67-маркерного дерева (рис. 2).

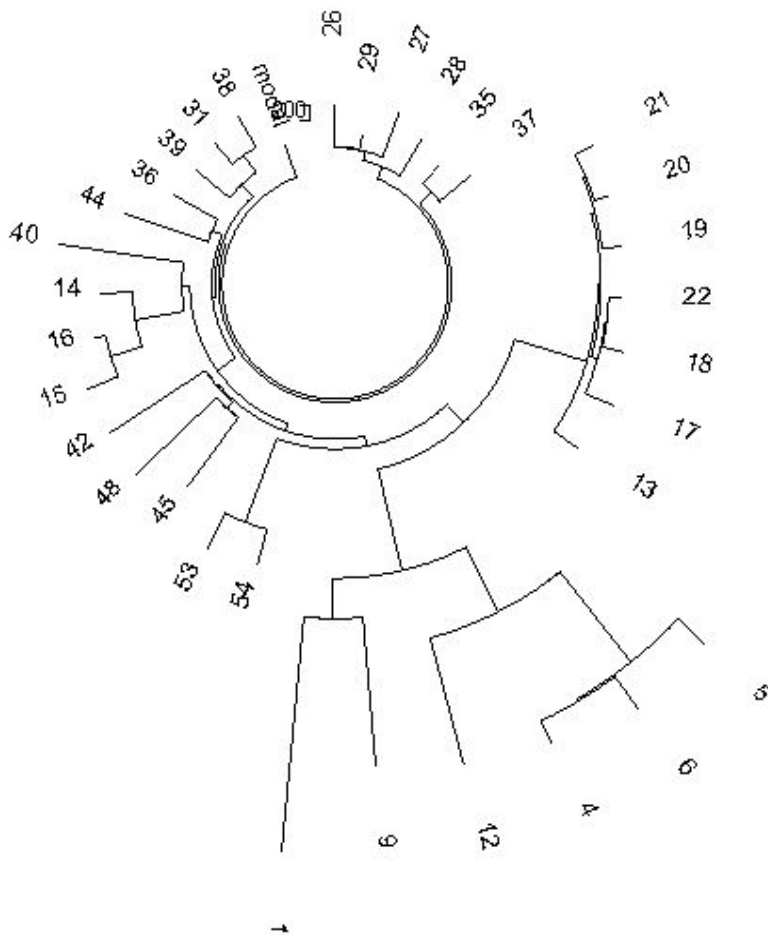


Рис. 2. Дерево 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы E1a по проекту <http://www.familytreedna.com/public/HaplogroupE1andE/default.aspx>, содержащему 33 таких гаплотипов.

Дерево 67-маркерных гаплотипов уже намного лучше разрешено. На нем выделяются три основные ветви – внизу ветвь E1a\*, как сообщает Проект по соответствующим гаплотипам. Это – древняя ветвь, как видно из ее формы (гаплотипы 4, 5, 6 образуют недавнее ответвление), и никто из ее носителей не знает своих предков. Предки всех записаны как unknown. Ветвь справа – субклад E1a1-M44, недавняя ветвь, как опять же видно из ее формы. Остальные гаплотипы – вверху и справа – тоже все E1a1-M44. Ясно, что это наиболее представленный в Проекте субклад. Среди предков его носителей – один из Мали, остальные из Англии, Украины, Польши, Италии, Румынии.

Самая молодая ветвь справа имеет базовый гаплотип

13 22 15 9 15 16 11 12 12 12 12 28 - 16 9 9 11 11 24 16 20 34 15 15 16 17 - 10 11  
18 21 17 12 16 18 33 34 11 10 - 10 8 15 15 8 10 10 8 11 12 12 24 24 20 11 14 12 15  
8 12 27 22 14 11 11 14 9 12 11 11

На все 7 гаплотипов ветви - всего 9 мутаций, что дает  $9/7/0.12 = 11$  поколений, или  $275 \pm 96$  лет до общего предка. Предок известен только одного - в Англии. Но это, конечно, вряд ли так. Поскольку у других предки не известны, а они все родственники, то скорее всего все они чернокожие сейчас или их предки в относительно недавнем прошлом.

На три гаплотипа под номерами 4, 5 и 6 всего семь мутаций, что дает  $7/3/0.12 = 19$  поколений, то есть  $475 \pm 185$  лет до общего предка. Их базовый гаплотип

13 22 15 10 13 16 11 12 13 12 11 29 - 16 9 9 11 12 27 16 19 30 13 14 15 18 - 11 10  
18 18 15 12 18 21 36 38 11 9 - 10 8 15 15 8 10 10 8 11 10 12 20 23 19 11 12 12 16 8  
14 26 21 16 12 13 14 9 12 11 11

Остальные три гаплотипа ветви содержат 84 мутации, то есть  $84/3/0.12 = 233 \rightarrow 302$  условных поколения, или  $7550 \pm 1100$  лет до общего предка. Базовый гаплотип этой древней ветви

13 22 15 10 15 15 11 12 11 12 11 29 - 16 9 10 11 11 25 17 19 31 14 15 16 17 - 10 11  
18 21 15 12 15 18 36 36 11 9 - 10 8 15 15 8 10 10 8 10 10 12 22 22 19 11 12 12 14 8  
13 26 22 16 12 10 13 9 12 11 11

Между этими двумя гаплотипами субклада E1a\* - 40 мутаций, что эквивалентно 12300 лет между их общими предками. Расчеты показывают что, как и следовало ожидать, молодая ветвь возрастом 475 лет является дочерней от древней ветви.

Наконец, 20 гаплотипов левой части дерева, представляющие наиболее многолюдную часть субклада E1a1-M44, имеют суммарно 226 мутаций от базового гаплотипа ветви:

13 22 16 9 15 17 11 12 12 12 12 30 - 15 9 9 11 11 24 16 20 32 15 15 17 17 - 10 11  
18 21 16 12 18 19 34 35 11 10 - 10 8 15 15 8 9 10 8 11 10/11 12 24 24 18 11 12 12  
16 8 12 27 23 16 11 11 14 9 12 11 11

Ее возраст -  $226/20/0.12 = 94 \rightarrow 104$  поколения, или  $2600 \pm 310$  лет до общего предка ветви.

Матрица всех четырех базовых гаплотипов

13 22 15 **9** 15 16 11 12 12 12 12 **28** – 16 9 9 11 11 **24** 16 **20 34** 15 15 16 17 – 10 11  
18 21 **17** 12 **16** 18 **33 34** 11 **10** – 10 8 15 15 8 10 10 8 11 **12** 12 **24 24 20** 11 **14 12 15**  
8 **12 27** 22 **14 11 11** 14 9 12 11 11 (275 лет)

13 22 15 10 **13** 16 11 12 **13** 12 11 29 – 16 9 9 11 **12 27** 16 19 **30** 13 **14 15 18** – **11 10**  
18 **18** 15 12 18 **21** 36 **38** 11 9 – 10 8 15 15 8 10 10 8 11 10 12 **20 23** 19 11 12 12 16  
8 **14** 26 **21** 16 12 **13** 14 9 12 11 11 (475 лет)

13 22 15 10 15 **15** 11 12 **11** 12 11 29 – 16 9 **10** 11 11 25 **17** 19 31 14 15 16 17 – 10 11  
18 21 15 12 **15** 18 36 36 11 9 – 10 8 15 15 8 10 10 8 **10** 10 12 22 22 19 11 12 12 **14**  
8 13 26 22 16 12 10 **13** 9 12 11 11 (7550 лет)

13 22 **16 9** 15 **17** 11 12 12 12 12 **30** – **15** 9 9 11 11 **24** 16 **20 32** 15 15 **17 17** – 10 11  
18 21 **16** 12 18 **19 34 35** 11 **10** – 10 8 15 15 8 **9** 10 8 11 10/**11** 12 **24 24 18 11** 12 12  
16 8 **12 27 23** 16 **11 11** 14 9 12 11 11 (2600 лет)

Во всех четырех гаплотипах имеется 95.5 мутаций, причем, как и ожидалось, наибольшее количество мутаций оказалось у самого молодого базового гаплотипа (33 мутации), затем у второго по молодости (475 лет) гаплотипа (28 мутаций), далее у последнего в списке гаплотипа (23.5 мутаций), и, наконец, у самого древнего гаплотипа (11 мутаций). Это приводит к расстоянию до их обобщенного базового гаплотипа  $95.5/4/0.12 = 199 \rightarrow 248$  поколений, или 6200 лет, к которым следует прибавить усредненный возраст всех четырех базовых гаплотипов, равный 2725 лет. Таким образом, общий предок всех носителей 67-маркерных гаплотипов, то есть общий предок дерева на рис. 2 жил 8925 лет назад.

Это, естественно, не объясняет происхождения предметов западно-африканского искусства, но выставляет временные рамки периода жизни предков небольшого количества носителей современных гаплотипов гаплогруппы E1a. Далее, полученные данные пока не указывают на древние связи носителей этой гаплогруппы с европейцами – в том отношении, что очага носителей этой гаплогруппы в Европе нет, если не считать времен середины 1-го тыс. до н.э., общие предки которых живут сейчас в Мали и в Европе (Польша, Украина, Румыния, Италия, Англия).



## **SUSAN'S CORNER**

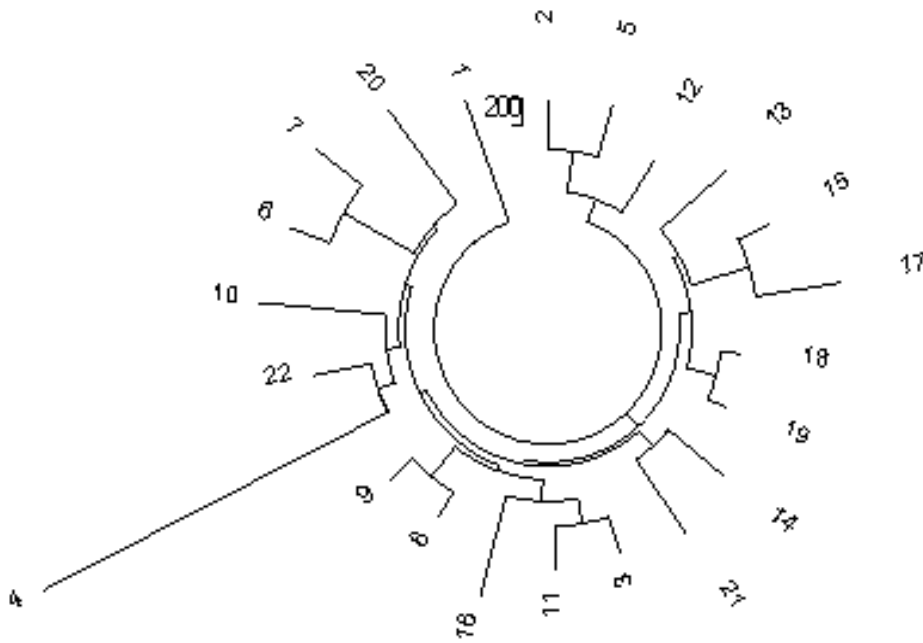
### **Stewart and Daugherty**

**Susan M. Hedeem  
(Virginia, USA)**

This investigation regards the reported close haplotype matches between certain M222 Stewart and the variously spelled Daugherty. The purpose for the investigation was to determine whether or not a particular Stewart lineage may have been the result of a name change from a variously spelled Daugherty. The Stewart and Daugherty surnames are found in Donegal during the Ulster Plantation period beginning in the 1600's CE forward. Upon review of the data bases, five Stewart M222 (SNP confirmed and/or predicted) were available for analysis.

A data set of five Stewart, two SW Scot McConnachie, two Scot Reid, two Duncan (one Scot, the other American Immigrant), and ten variously spelled Daugherty haplotypes were put through phylogeny for branching and subsequent TMRCA calculation (Fig. 1). The primary reason for this mixed data set was to prevent the Daugherty from swamping the data base; however, the other Scot surnames have been compared with the Daugherty previously in other analyses, and their general TMRCA values are known hence used as a point of validating comparisons.

As may be noticed, the lineages represented in the tree basically fall neatly within their surname groups as would be expected; however there appear to be separation of both Stewart and Duncan with pairings with other surnames. This may be seen at the top of the tree where Stewart 1, 2, 5 are branched with # 12 Dougherty; Stewart 3 being sub-branched with 11 Duncan and 16 Dougherty within a larger branch containing also 8, 9 Reid; and outlier 4 Stewart (thrown out as being possibly another sub-clade other than M222) branched with 10 Duncan and 22 Daughety.

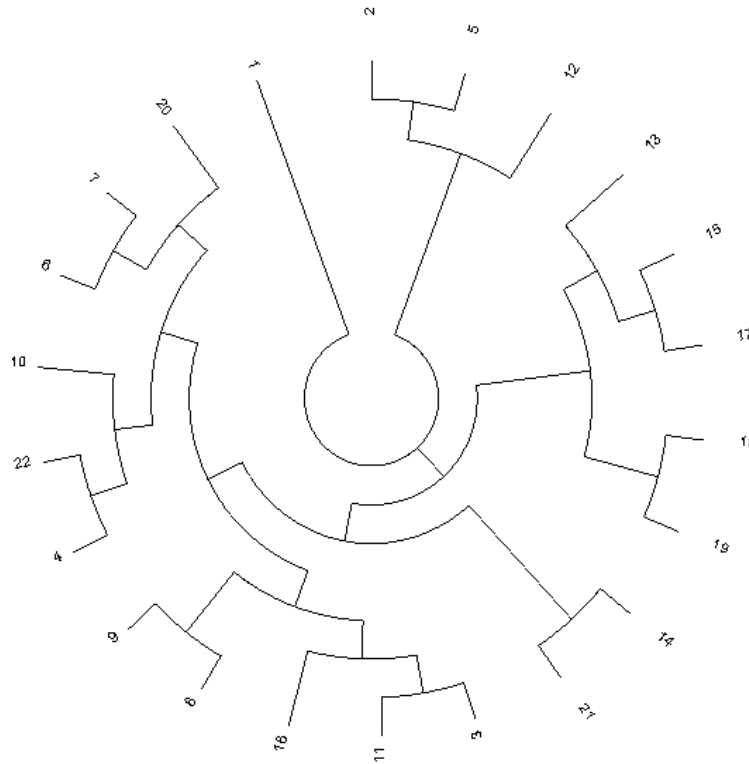


**Fig. 1. Phylo-tree M222 mixed surnames: 1–5 Stewart; 6, 7 McConnachie; 8, 9 Reid; 10, 11 Duncan; 12–18, 20–22 Daugherty (#19 thrown out as a duplicate).**

The group was re-treed with a Topology tree to see separation for calculating these groups. The number/name configuration is the same (Fig. 2).

The haplotypes of each branch and sub-branch were grouped in Excel and calculated using DNA Genealogy formulas published by Anatole Klyosov.

The first group is a stand alone branch at 12 o'clock of the tree, numbers 1, 2, 5, 12. The mutation count of 12.5 among them shows a fractional adjustment for the multi-copy markers (MCM), and has a calculated TMRCA (time to the most recent common ancestor) of  $675 \pm 200$  ybp (years before present), or an inferred date of 1335 CE. To further understand this branch, the haplotypes were compared within the branch. 2&5 Stewart are closely related probably within 210 years; 1 Stewart & 12 Daugherty have a TMRCA of  $650 \pm 275$  ybp or about 1360 CE; 1, 2, 5 show a TMRCA of  $800 \pm 250$  ybp or about 1210 CE. This would suggest that the Daugherty alliance occurred more recently but does not tell us whether or not these Stewart are a name change from Daugherty or the opposite, a Stewart to Daugherty name change. What it does tell us is that this group in this data set began about 1210 with an ancestor of the 3 Stewart.).



**Fig. 2. Phylo-tree M222 mixed surnames: 1–5 Stewart; 6, 7 McConnachie; 8, 9 Reid; 10, 11 Duncan; 12–18, 20–22 Daugherty (#19 thrown out as a duplicate).**

The base haplotype in FTDNA order:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 -- 18 9 10 11 11 26 15 18 30 15 16 16 17  
 11 11 19 22 16 16 17 17 38 38 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 11

The first branch intersects to the right at 3 o'clock another stand alone branch of the Daugherty, 13, 15, 17, 18. Its base haplotype in FTDNA order; difference from above base marked in red:

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 -- 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 15 16 16  
 12 11 19 22 17 16 18 17 38 39 12 12 -- 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10  
 12 22 23 16 10 12 12 16 8 12 25 20 13 12 11 13 11 11 12 11

There are 12 mutations among them for a TMRCA of  $12/4/.12=25 \rightarrow 26G$  or  $650 \pm 200$  ybp or an approximate date of 1360 CE; curiously this is the same dating within a generation of the margin of error as that between 1 Stewart and Daugherty 12 above. Clearly, however, the base haplotypes of the two branches differ in 7 loci which would infer  $7/.12=58 \rightarrow 62G$  or

$(1550+650+675)/2=1440\pm 200$  ybp to a common ancestor, which is a typical dating of Irish M222.

The two groups do share two off modal markers which some believe is indicative of relatedness: 22 repeats at DYS YCAII and 18 repeats at DYS 458. A cursory check of the M222 project data base of over 800 haplotypes shows 52 Daugherty ET. Al. of which 40 of the haplotypes reflect a value of 22 at YCAII and 31 reflect a value of 18 at 458; the total number of M222 with these same values in the project data base is 70 with YCAII=22 and 135 458=18 among numerous varied surnames. 52 M222 haplotypes share both off modal markers at values of 22 and 18 respectively; of those 27 are Dougherty, 52% with 48% among other surnames.

The branch above intersects to the right a pair of Daugherty which intersects a super branch to its right consisting of the balance of the data set. Since this analysis mission is to compare these Stewart to Daugherty, even though all the branches were calculated, the discussion herein will involve only those branches where a Stewart is inserted into branches of the tree.

The next branch where this occurs is that at the bottom of the tree at 6 o'clock, involving 16 Dougherty, 11 Duncan, 3 Stewart. There are 5.5 mutations among them for a TMRCA of  $375\pm 160$  ybp and an approximate date of 1635 when they may have shared a common ancestor. Of interest, however is that three Stewart and 11 Duncan differ at two loci: one at 464a, the other at CDYb, which would infer that they were related within 100 years with a 100% margin of error extending that estimate to within 200 years.

The next branch where there is a Stewart is at 9 o'clock, #4, the outlier, and it was decided that this haplotype may not be M222 (diverse with no SNP confirmation), and it was thrown out.

At the heart of the request for analysis is yet the un-answered question of whether or not there could have been a name change. Apart from the Duncan/Stewart/Dougherty alliance discussed immediately above, the analysis is inconclusive and cannot answer that question. To see if further clarification could be achieved, a data set omitting the other Scot surnames and including all of the Daugherty ET. Al. from the Doherty/O'Doherty project and M222 Stewart found in the Stewart project was compiled and put through phylogeny.

The Stewart results are scattered throughout the tree with the Daugherty -- 1 & 4 (thrown out) in a stand alone branch; 3 & 6 in another stand alone branch; 8 (Barr) is paired with # 65 in a stand alone branch; 2,5 & 7 in a sub-branch of a super branch of Daugherty. Retrospectively, the other Scot surnames should have been included in this data set, as it would appear that these Stewart have more in common with the Daugherty than the previous

data set eluded. None the less, the branches where the Stewart was inserted were calculated.

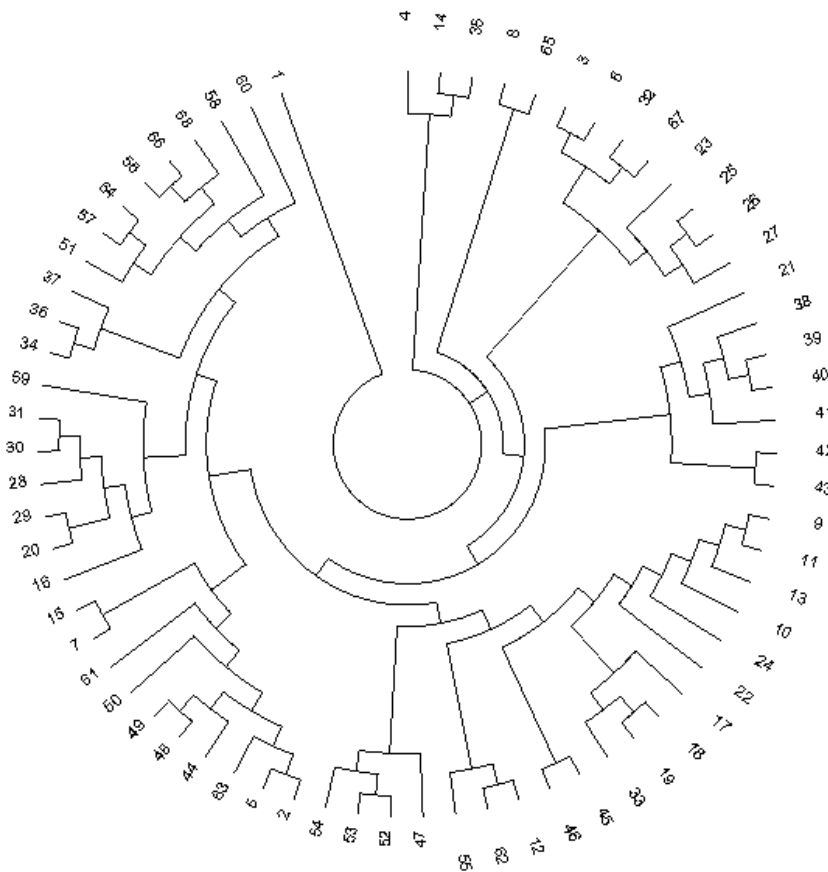
1, 14, 35 have a TMRCA of  $650 \pm 230$  ybp or a date of about 1360 CE

3, 6, 32, 67 have a TMRCA of  $400 \pm 150$  ybp or a date of about 1610 CE

2, 5, 63 have a TMRCA of  $425 \pm 160$  ybp or a date of about 1585 CE.

7, 15, 50, 61 have a TMRCA of  $375 \pm 150$  ybp or a date of about 1635 CE.

The topographical tree is featured below (Fig. 3).



**Fig. 3. Topographical phylo-tree including results of seven Stewart (1–7), one Barr (8), and 9–68 the variously spelled Daugherty.**

On the surface this appears to be quite compelling. All these Stewart lineages must be Daugherty and suffered name changes, right? Otherwise they would not have such close TMRCA with the Daugherty, right? In reality the two surnames (only) were placed in the data set; since the phylogenetic programs infer tree placement based on parsimony and genetic distance, these results will be grouped accordingly. In light of this, does it really confirm that these Stewart suffered a name change from Daugherty?

The Stewart were pulled aside and lined up for haplotype comparison. 1, 3, 6, 7 grouped together and 2 & 5 grouped together. Their respective TMRCA is 700±205 ybp and 210±100% margin of error; they all would have shared a common ancestor about 660 CE, previous to surnames.

The base haplotype of Stewart was then compared to the base haplotype of the Daugherty and the M222 modal haplotype. They are as follows; differences from the modal haplotype are noted in red.

#### Daugherty

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 -- 18 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17  
11 11 19 22 17 16 18 17 38 39 12 12 -- 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 Modal Haplotype

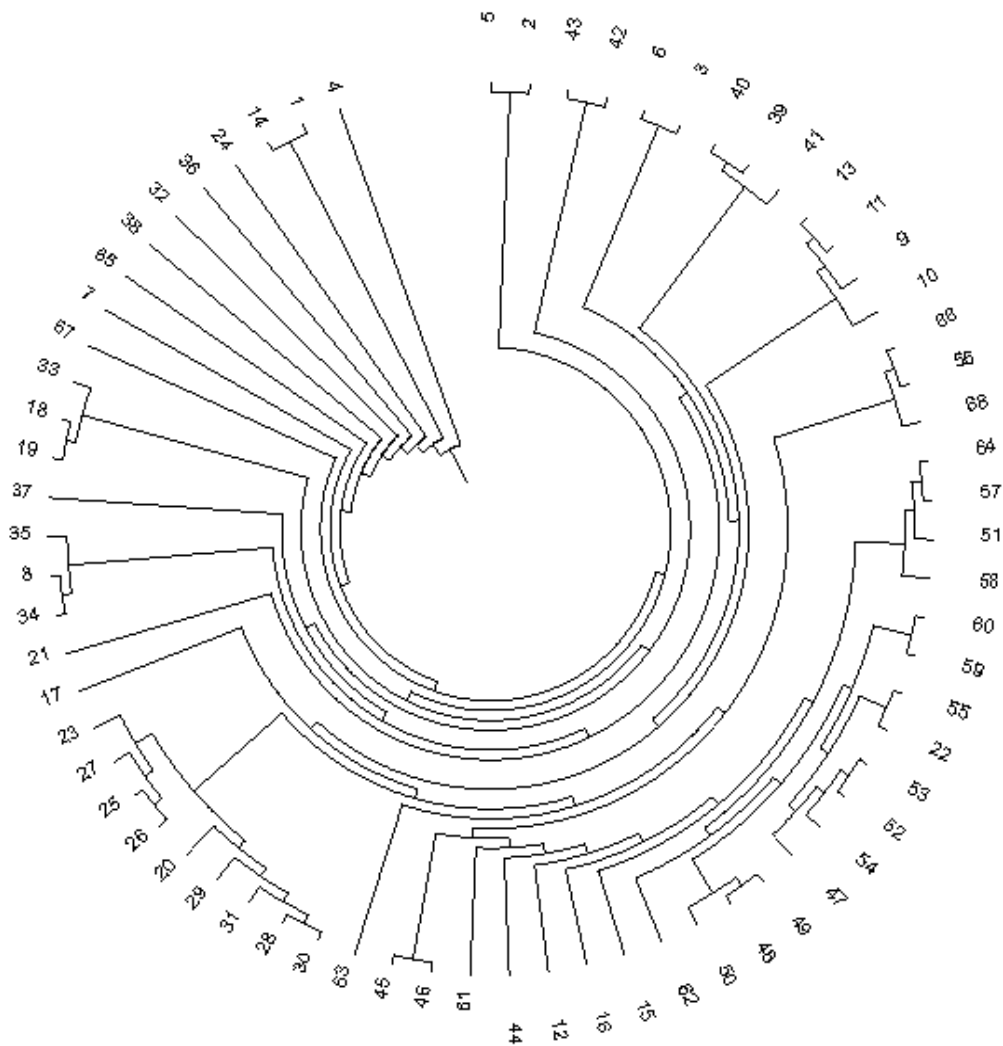
13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 -- 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17  
11 11 19 23 17 16 18 17 38 39 12 12 -- 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10  
12 21 23 16 10 12 12 16 8 12 25 20 13 12 11 13 11 11 12 12

#### Stewart M222

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

The Daugherty base haplotype diverges from the M222 modal haplotype at two alleles with a mutation count of 1.5 and a distance of about 315 lateral years from the modal. The Stewart base haplotype diverges from the M222 modal haplotype at 5 loci with a mutation count of 4.5 and a distance of 1000 lateral years; the distance from the Daugherty is the same. Normally I do not consider sub-clade modal haplotypes what so ever, but what I have learned in all the various analyses involving M222 haplotypes is that the closer to the M222 modal any given haplotype is, the more supposed genetic Y matches will result giving the impression that there are innumerable closely related lineages when in actuality what we may be witnessing is coincidental because of random mutations, the young age of the sub-clade and the result of a possible population bottleneck.

To test these possibilities, a rooted phylogenetic tree (opposed to un-rooted as all other above trees) was prepared by my colleague, Gail Riddell. It is as follows.



**Fig. 4. A rooted phylogenetic tree (opposed to un-rooted as all other above trees). The tree was prepared by Gail Riddell.**

Here as seen the lineages are separated with clarity, and all the Stewart except 1 (Stewart) & 14 (Dougherty) and 8 (Barr) & 34 (Doherty) are inferred into their proper placements; our outlier #4 (Stewart) rooting the tree. 1 and 14 are  $800 \pm 250$  years to their common ancestor or a date of about 1210. According to some information found among the Daugherty (Clan O'Dochtaigh) literature, this is about the time that the O'Dochartaigh was established in Donegal. This dating is also consistent with Stewart 1, 2, 5 in regard to the first tree. The TMRCA for 8 & 34 is  $650 \pm 275$  ybp or about 1360 CE and consistent with the TMRCA between 1 (Stewart) & 12 (Dougherty) of the first tree.

**Conclusion:** The first analysis clearly demonstrates a possible NPE situation (whether name change or something else) between ancestors of three descendants of surname Duncan, Stewart and Dougherty at about 375 years

ago with another about 100 years ago between the ancestors of descendants by name of Duncan and Stewart.

The M222 Stewart generally seem genetically allied with the Dougherty; however, the observation may well be the result of a combination of coincidental mutations of the alleles and the fact that the Dougherty ET. Al. are so close to the M222 modal haplotype. The shared off markers of some of these within the data sets may be suggestive that those sharing the markers are broadly of the O'Dochartaigh lineages; however whether or not there were actually name changes, short of having historical and/or genealogical evidence in support, is yet a matter of "what do you want to believe?" It is also possible that descendants of the O'Dochartaigh migrated to Scotland where surname Stewart was assumed, and descendants of those Stewart migrated to Donegal during the Plantation period. This would be applicable most among those Stewart which calculate out as having TMRCA with the Daugherty previous to the first dates when Stewart was known to have been in Donegal during the 1600's. Since few of the lineages of either these Daugherty or Stewart have firm genealogical documentation previous to the 1800's the circumstances of the observed genetic affiliation is unknown.

#### **ACKNOWLEDGEMENTS**

Gail Riddell, Phylogenetic Tree production  
Doherty/O'Doherty data set augmentation  
Anatole A. Klyosov, DNA Genealogy, Methodology Utilities  
McGee, Phylip Inference Package 3.6 (Neighbor, Kitsch, Fitch), MEGA



## **В ПРОДОЛЖЕНИЕ ДИСКУССИИ ПО ВЕЛЕСОВОЙ КНИГЕ В ВЕСТНИКЕ №5 (МАЙ 2013)**

### **«Влесова книга» как величайший исторический памятник славяно-русов и научные споры вокруг нее: pro et contra**

**(краткое изложение доклада на заседании круглого стола 13  
апреля 2013 года, г. Йошкар-Ола)**

**А.Т. Липатов  
Доктор филологических наук**

Вокруг «Влесовой книги» («ВК») не перестают ломать копья ее сторонники и противники. Огнivo споров высекает то искры восторга, то всплески негодования. Для одних (А. Асов и его сторонники) она – «духовная вселенная древних русов», «единственно сохранившееся до наших дней священное писание Европы», а для других (О. Творогов и его сторонники) «В.К.» вовсе не бесценный исторический источник, а мистификация, «неудачно смонтированный фальсификат нового времени – середина XX века».

Против подлинности «В.К.» активно выступали и выступают Л.П. Жуковская, В.В. Виноградов, Б.А. Рыбаков, О.Л. Творогов, И.Н. Данилевский, В.И. Буганов, В.П. Козлов, А.А. Зализняк и др.

Сегодняшние читатели «В.К.», даже не изоощренные в древних языковых премудростях, могут прочитать ее в переложении на современную русскую речь (А.И. Асов, Г.З. Максименко, О.В. Творогов, Б. Ребиндер, Б. Яценко, Р. Пешич); можно утверждать: нет, слишком опрометчивыми были ее оценки как плохо сработанного фальсификата. Да, «В.К.» - памятник сложный и объёмный. Подделать его так же трудно, как невозможно заново создать «Ригведу», «Авесту» или Библию.

Обратимся к некоторым доводам, свидетельствующим о подлинности «В.К.». Какую, например, предстаёт перед нами в ней история славян при ее наложении на хронологическую сетку? Критикам книги видятся там грубые неувязки и неразрешимые противоречия. Так, О. Творогов обвиняет создателей книги в том, что они, «желая потрясти воображение читателей», оперируют огромными временными масштабами, астрономическим количеством лет – 1500, 1300, 1000... «Воевать с Римом

славяне не могли тысячу лет, - не соглашается О.Творогов, - так как непосредственные контакты их с империей не превышали двух веков».

Давайте вспомним библейского долгожителя Мафусаила с его поистине баснословным возрастом – 969 лет! (отсюда, кстати, пошло и крылатое выражение «*мафусаилов век*»). Но, представьте, нет тут никаких преувеличений; древние иудеи вели отсчет времени по-своему: «год» у них был равен нынешнему лунному месяцу. Вот и выходит, что Мафусаил прожил чуть больше 74 лет: согласитесь, возраст для той далекой поры весьма почтенный.

Еще раз обратимся к Библии, на сей раз прямо к еврейскому тексту. В Четвертой Книге Царств говорится, что в 14 год царствования Иезекии в Иудейское царство вторгся ассирийский царь Сеннахирим, но ангел Господень поразил сто восемьдесят пять тысяч его воинов. Сразу вызывает сомнение это слишком большое количество потерь. Но и здесь виною иной принцип их подсчета: еврейское выражение *сто восемьдесят и пять тысяч* может обозначать *пять тысяч сто восемьдесят* – так же, как в Книге пророка Иезекии выражение *пятьсот и четыре тысячи* не обозначает 504 тысячи, а 4500.

Подобный счет «годам» («летам») вели и древние русы: разделите тысячу лунных месяцев–«лет» на двенадцать – и вы получите те самые неполные двести лет «прямых контактов славян с Римом», о которых говорит О.Творогов. И разве после этого можно согласиться с его обвинением: «упоминание сроков в двадцать тысяч лет производит впечатление издевательской ловушки для невнимательных читателей».

Или, в качестве «самого убедительного довода фальсификации «В.К.» ее оппоненты выдвигают наличие в ней тех же риторических фигур и словесных формул, что и в «Слове о полку Игореве»; тем самым «В.К.» признается просто плохим перепевом «Слова». Ограничимся лишь одним примером. Так, в «Слове» говорится: «Въстала Обида въ силахъ Дажь-Божа внука, вступила девою на землю Трояню», а во «Влесовой книге» есть фраза, похожая на эту: «зме [то есть землю] Трояню сме не дахом сен римиема а да не встане обидоносце Дажбожем внуцем». И в чем тут, скажите, крамола? Создатели «Слова», безусловно, были хорошо знакомы с древним поэтическим гимном - «Влесовой книгой», и заимствования оттуда следовали из рода в род, лишь делая честь славянским боянам: этим устанавливалась историческая и художественная преемственность создаваемых ими творений.

Немало видится оппонентам «В.К.» всякого рода несуразностей и алогизмов, неправильного начертания и употребления слов и их форм, и даже «смещение языковых эпох». Не следует забывать, что за многие века дощечки Изенбека побывали во многих руках; их владельцы

отнюдь не были специалистами в области лингвистики и нередко смотрели на текст в них сообразно своему времени. А известное дело, от времени дощечки все больше и больше ветшали и текст становился не только трудно понятным, а в определенных местах и трудно читаемым. Вот и поступали их владельцы по своему вкусу: далекие от тайн лингвистики, они осовременивали текст, подправляя «темные» места на дощечках, вписывали на них новые слова, а то и новые имена вместо старых или утраченных.

К тому же, количество неточностей и ошибок изрядно умножил Ю. Миролубов. Он и сам признавался, что не был докой ни в области языка, ни в палеографии. Поэтому утратившие четкость и плохо прорисованные на дощечках буквы и знаки переносились переписчиком нередко наугад: так множились в памятнике «темные места»

Нет, не отвергать «Влесову книгу» надо, а исследовать. В ней - наша историческая память, наши древние отеческие корни, в ней - наша гордость за великое прошлое; она - «духовная Вселенная древних руссов».

# DISCUSSIONS

## 1. On Lithuanians, Slavs and haplogroup N1c1

### Question:

I want to understand who are we, the Lithuanians. It seems we are ugro-slavic metises (R1a+N1c1)...

### MY RESPONSE (ANATOLE A. KLYOSOV):

No, it is incorrect. First, there cannot possibly be R1a - N1c1 metis, in a male line you are either R1a, or N1c1. Second, Lithuanians are not Finno-Urgic people, they are IndoEuropeans. On the same reason, they cannot be Ugro-Slavic, since you are using here a linguistic term. I have not heard of Lithuanians speaking Ugric languages.

Third, there is a typical confusion that N1c1 belong to Finno-Ugres, or "Ugro-Slavs". Not at all. There are two rather distinct branches of N1c1, one is South Baltic (it is older, with a common ancestor of around 2500 years before present), Lithuanians, Poles, Russians belong to it, another is Finnish N1c1 lineage. Their haplotypes are quite different.

I have published several papers about it, but mainly in Russian. Recently - in my new book "Origin of the Slavs" (2013, 512 pp, Algorithm Publishers House, Moscow), in Russian. There I specifically considered Lithuanians in several chapters.

### Comment by my correspondent:

I mean R1a-N1c1 metises genetically, not DNA geneologically.

If one of my grandfather is N1c1 (Let's say Uralic or South Baltic) and another is R1a (let's say Slavic), I am South Baltic, but through my mother I inherit all Slavic genetic features, except only one feature - the haplogroup. So, genetically I am a metis. (I cannot say that I have no any gene from my mother line).

I find a lot of mess in interpretation of haplogroups. I know we and Estonians are closer to Mari or Sami than to Finns.

E.g. Kasperaviciute: "Two major haplogroups in Lithuanian males are haplogroup R1a and haplogroup N1c1, comprising 45% and 37%, respectively, of all Y-chromosomes. As noted previously (Zerjale et al. 2001, Laitinen et al. 2002), the high frequency of haplogroup N1c1 places

Lithuanians and Latvians closer to Finno-Ugric speaking groups than to Indo-European groups. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1046/j.1529-8817.2003.00119.x/pdf>

Another reference, now in Russian:

Основной пик частот гаплогруппы N1c1 приходится на некоторые сибирские народы. У якутов и восточных бурятов встречаемость линии N1c1 достигает 80-90%. Значительный процент также присутствует у чукчей — около 50%, у хантов, манси, ненцев — до 40%.

В Европе наибольшая частота представителей рода N1c1 зафиксирована у финнов — до 70%, саамов — от 40 до 60%. В то же время, у шведов N1c1 — от 10 до 20%, а у норвежцев всего около 3%, что резко контрастирует в сравнении с финнами. У балтийских народов, например, эстонцев, литовцев, латышей — от 30 до 40%. Следующий частотный максимум отмечен у народов Волго-Уральского региона. У удмуртов доля линии N1c1 достигает 50%, у марийцев — 30%, у чувашей около 18%.

<http://gentis.ru/info/ydna-tutorial/hg-n/m178>

Another reference:

Modern Baltic people have a roughly equal proportion of haplogroup N1c1 and R1a, resulting from this merger of pre-Uralic and pre-Slavic cultures. (see - we are Uralo-Slavic metises!)

<http://www.familytreedna.com/public/n1c1/default.aspx?section=results>

My next question is:

In one of your papers you found Jews haplogroup J have separated from Arabs haplogroup J about 4000 years ago. When did Slavic R1a have separated from Baltic R1a? Let's say is there any genetic wall?

#### **MY RESPONSE:**

*>I mean R1a-N1c1 metises genetically, but not DNA geneologically.*

DNA genealogy and genetics do not cross, I mean conceptually. If a Lithuanian R1a fellow marries a Finnish woman, his sons will carry R1a, however, their genetics would be (roughly) half way from that Finnish woman. That is why Y-chromosomal SNPs stay for millennia, but anthropology and genetics drift depending on marriages. They are two different things. Their children can be plumbers or brain surgeons, and it is also different things. That is why I said that it cannot possibly be R1a-N1c1 metises. Those things do not mix. Everything else can go any possible way.

*>if one of my grandfather... so, genetically I am a metis.*

Genetically, sure. But you cannot have mix R1a-N1c1. Either one, or another. In any possible metis, there is only one male haplogroup.

*>I cannot say that I have no any gene from my mother line.*

Surely you do have. However, your mother does not have a male, Y-chromosome. In those terms you are not a metis. You inherited your father haplogroup.

*>I find a lot of mess in interpretation of haplogroups. I know we and Estonians are closer to Mari or Saami than to Finns.*

Well, it is often true. Most of Estonians have the South Baltic, and not Finnish N1c1 subclade. So, the language and the origin here do not correlate much. Finns are a young population, they have arrived to the (North) Baltics about 500 years after N1c1 (future) Lithuanians, Poles, and Russians.

*>e.g. Kasperaviciute: "two major haplogroups in Lithuanian males are haplogroup R1a and haplogroup N1c1, comprising 45% and 37%, respectively, of all Y-chromosomes. As noted previously (Zerjale et al. 2001, Laitinen et al. 2002), the high frequency of haplogroup N1c1 places Lithuanians and Latvians closer to Finno-Ugric speaking groups than to Indo-European groups.*

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1046/j.1529-8817.2003.00119.x/pdf>

I know that paper very well. I am analyzing it in detail in the book, Origin of the Slavs, on pages 393-409. The first phrase in the above quotation is more or less correct, the second one is dubious. Lithuanians and Latvians are Indo-Europeans. However, they share N1c1 with Finns, but generally belong to different subclades (that is tribes, or branches). So, they split after they left the Ural mountains some 4,000 years ago.

The quotation in Russian is O.K., however, it is not history. It just describes who is who today. This what population genetics is about.

*>My next question is: in one of your papers you found Jews haplogroup J have separated from Arabs haplogroup J about 4000 years ago. When did Slavic R1a have separated from baltic R1a? Let's say is there any genetic wall?*

There is no any wall (again, the word "genetics" is not applicable where you talk on Y-chromosomal haplogroups. They do not have genes. They do not recombine.)

Slavic and Baltic R1a are essentially the same people in terms of their Y-chromosomes. They migrated from Europe about 4800 years to the East European Plain, and populated the area from the Black Sea to

the Baltic Sea between 4800 and 4000 years before present. There were never any real separation (wall), however, separate habitat led to (partly) separate dialects and languages. As you probably know, both Lithuanian and Russian languages are pretty close - morphologically and otherwise - to Sanskrit, which is the refined language (by Panini in India at the end of BC).

In fact, many of those things are described in my recent book.

### **Comments by my correspondent:**

If you agree that "The quotation in Russian is O.K." then the better title for N1c1 is not a South Baltic, but Yakut, since they have maximum N1c1...We have a common ancestor with Yakuts.

Many sources agree that former successful hunters culture with little mtDNA H in Europe was replaced by farmers culture with 40% H about 4500 years ago. And scientists think hunters were most close to our days Finns.

see: <http://www.bbc.co.uk/news/science-environment-17857641>

and the recent

<http://www.bbc.co.uk/news/science-environment-22252099>

So it seems so called Uralic (or Yakut) people of Y-haplogroup N were these hunters before R1a/b came to Europe?

And about the successful spread of mtDNA H: one way is to spread with their male partners R1b and R1a. But there is another possible way: H type was so attractive, that it made fathers to trade their blonde daughters...These supermodels were most desirable brides.

Is any third way?

### **My response:**

1. On Yakuts - it depends on the context. If you are talking on history of N1c1 in Siberia - certainly, you should consider Yakuts. If you talk on history of the Baltics or the Slavs there, you do not need Yakuts, unless you want to go down to their pre-history, however, it seems, that you do not need Yakuts either (see below).

As I see, you talk "population genetics", not history. You talk on WHAT IS NOW. Because you apparently do not know that Yakuts are not ancestors of N1c1 Lithuanians, they are a side branch on the N1c1 tree. A common ancestor of all N1c1 Yakuts lived only 1300 years ago, when N1c1 Balts were a long time on the Baltics.

This is a permanent problem with population geneticists, they always talk on what they see TODAY. They are trained that way. If you want to talk history, do not follow that route.

2. "Scientists think" is not science. "Think" is not enough for science. Yes, 5000 years ago there was only 19% of mtDNA in Europe, today it is between 40% and 50% in Europe, and around 43% in Finland. I have described it in the literature including possible reasons for it. The last paper in English recently came out in *Advances in Anthropology* (paper about linguistics and populations in ancient Europe). A popular paper in Russian was published recently in <http://pereformat.ru> in my personal column, it was a paper on excavated haplotypes.

Yes, almost all ancient Y chromosome bearers in Europe were either fled or apparently killed between 4800-4000 ybp. However, it was not related to Lithuania or Finland. Sweden - yes, the old inhabitants were disappeared too. All Scandinavian I1 have a common ancestor only at 3600 ybp, R1a - at 4500 ybp, R1b - at 4500 ybp, I2 disappeared from Scandinavia, it is only in the Isles and in East Europe. What popular media writes about it is mainly irrelevant. You need DATA, not blah-blah by population geneticists, which feed media.

3. R1a came to Europe between 10 and 8 thousand years ago. We do not know who lived in Europe before them, probably haplogroup I, G, F, maybe J in the South. I do not see any N in Europe those times, however, I cannot exclude them, albeit it was very unlikely. The Baltics was probably inhabited by bearers of I haplogroup since times immemorial, probably since about 40,000 ybp.

4. About spread of mtDNA H - again, I have recently discussed it on Pereformat (see above) in Russian, and suggested, based on DNA genealogy data, that H women had accompanied R1a men when they came to Europe some 9-8 thousand years ago. Indeed, they were no haplogroup H in Europe before that, in Mesolithic times. By 6000-5000 ybp there was already 19% H in Europe, but there was no R1b as yet. It shows that H did not accompany R1b in Europe those times. 4800-4500 ybp R1b came to Europe, all other haplogroups disappeared, but mtDNA H grew. It seems that R1b retained H women and the population multiplied fast. Those R1a who fled to the east, brought their H women with them (but, as I said, many H women left behind), and soon the H haplogroup level reached around 40-50% all over Europe, including Finland. It seems that women transformed mongoloid Uralic Finns to Europeoids. Women have changed the Finnish anthropology. Those things I have also discussed on Pereformat, with actual pictures showing how Siberian mongoloids were transformed to Europeoids in just three generations, by Russian blond women.



## Question:

Would you be so kind to comment shortly my basic thoughts below?

The Slavs are a great mystery of history. Written sources mention them for the first time in the 6th century *Jordanes* chronicles. Other nations already had long histories by this time. The Slavs however, come from nowhere and claim their positions during a life span.

## My response:

In my view, a description of the Slavs in this context is essentially incorrect. Let me explain.

The most important, you mix the Slavs as (1) the language, and (2) the origin. As the language, yes, indeed, the Slavic language was formed - according to a current linguistic classification - in the middle of the 1st millennium AD. However, the Slavs as people with their origin lived for the last 5,000 years at the East-European plain, and since 4500-4000 ybp on shores of Baltic Sea. They spoke the Aryan language (and it is an official linguistic term), and in the 1st millennium BC they have merged with the South Baltic N1c1 branch of people who arrived from the east, from the Ural mountains region. That merge has led the South Baltic N1c1 to speak the Aryan languages.

In the same 1st millennium BC many R1a tribes began to move to Central and Western Europe. It is very likely that they brought the Aryan language there, which is commonly named as Indo-European language, since the "Aryan" is commonly used for the Southern branch, the "steppe" Aryans. However, a multitude of the Aryan (Sanskrit) toponyms and hydronyms on the Russian North makes the Aryan language to spread on the Russian Plain from North to South. It is also very likely that the first Kelts, who spoke Indo-European language, were R1a migrants from the East, that is from the East European Plain.

So, plenty of the Slavs (or earlier Slavs, with their Gods, culture, heritage) became Gauls, Kelts, and many European tribes. They fought against Julius Caesar, and more than one million of them were killed and enslaved (Plutarch). This is also a part of history of the Slavs. Again, not language but people.

So, they did not come "from nowhere". They lived for millennia on the Russian Plain, and for 1500 years before the establishing the first Slavic (Slovenic) state they lived in Central Europe. This is all confirmed by DNA genealogy. There are many R1a branches in Europe, each with their own geography and times of their common ancestors.

## 2. О научных принципах

### Предисловие.

Ко мне с интересными материалами обратился опытный исследователь, кандидат биологических наук, выпускник Московского университета им. М.В. Ломоносова. В последнее время он занимается древним Египтом, расшифровывает древнеегипетские письмена, и вообще интересуется древней культурой и технологиями. Однако в ходе переписки я стал замечать у моего корреспондента уклон в то, что можно назвать паранаучными объяснениями наблюдаемых (или интерпретируемых) явлений. Это не так важно, каких именно явлений, и перечисление их только бы отвлекло от сути нашей дискуссии. Действительно, дискуссия между нами перешла в обсуждение общих принципов, различающих научный и ненаучный (на мой взгляд) подходы.

Я прекрасно понимаю, что наука не может объяснить всё на свете и за его пределами, и никогда не сможет. В этом суть развития науки. Но, на мой взгляд, нужно каждый раз четко представлять, находимся мы в рамках научной парадигмы, или выходим за ее пределы. И в последнем случае надо опять же четко понимать, нужно ли нам выходить за ее пределы и вводить «потусторонние» понятия (а это и есть выход за пределы научной парадигмы), или все-таки подумать, а не попытаться ли найти альтернативное объяснение наблюдаемым явлениям, оставаясь «по эту сторону науки». Нужно ли торопиться объявлять, что у древних были летательные аппараты, поскольку на дне реки не найдено гранитных плит, которые предположительно перевозили по реке? Может, их и не теряли? Или вытаскивали? Или НЕ перевозили по реке, а волокли по суше? Или плиты везли с другой стороны? А ведь энтузиасты «паранормальных» объяснений обычно и не перебирают альтернатив, они ЗНАЮТ, как было дело.

В общем, подумалось, что обсуждение может представить интерес в наше время почти повального интереса к колдунам, прорицателям, ясновидящим и прочим фокусникам и мошенникам. Я не собираюсь пропагандировать объекты этих интересов, и просто обозначу «мотивы», темы, которые послужили основой для обсуждения. Я вовсе не утверждаю, что я прав в нашей дискуссии, тем более прав во всех случаях. На первый взгляд, я представляюсь в этих дискуссиях неким ретроградом. Однако, мной ведет опыт объяснения массы подобных явлений в нормальных научных терминах. Что казалось необъяснимым, оказывалось объяснимым. Пусть читатель сам решает, какая точка зрения ему ближе.

## **Мой собеседник:**

На мой взгляд в происхождении человеческих рас нельзя исключать инопланетный след...

Имеется невероятное количество впечатляющих артефактов, включающих следы древней обработки камней с применением неизвестных современной цивилизации технологий... Например, это следы сверления и пиления красного гранита в Египте. Трубчатое сверление с шагом 2 мм за оборот "устройства" - недостижимо. Диск для пиления толщиной около 1мм - недостижимо.

На территории Китая и Балкан найдены многочисленные пирамиды, которые построены неизвестно кем... по всей видимости в Доегипетский период.

## **Мои комментарии:**

*>На мой взгляд в происхождении человеческих рас нельзя исключать инопланетный след...*

Исключать, понятно, нельзя, но и включать нельзя. Потому что нет никаких конкретных оснований. Пока, во всяком случае. Гипотеза без конкретных оснований зависает, она не научна.

Поэтому нормальная наука инопланетный след и не упоминает, и правильно делает. Будут конкретные данные - тогда и поговорим.

*>Имеется невероятное количество других впечатляющих артефактов...*

Да, но это - "предположения от противного", за неимением других объяснений. Наука это не принимает, и правильно делает. Иначе мы утонули бы в фальсификациях, в первую очередь.

То, что для нас сейчас "недостижимо" - не есть непременно пришельцы.

Остальные "артефакты" (пирамиды и прочее) - интересно, но тоже ничего не доказывают, кроме того, что мы не знаем и не понимаем. Кстати, наука этим тоже не занимается, все сведения - от любителей с их методами гиперболизированных оценок.

Как видите, я занимаю консервативную позицию. Сейчас занимаюсь "Гипербореей", там тоже с любителями хоть святых выноси.

## Мой собеседник:

Ну, ряд вопросов можно решать на основе элементарной логики, которая суть базируется на законах статистики, чем широко пользуется вся наука, но только не по таким спорным вопросам...

... например, с процессом перемещения блоков гранита "по Нилу лодками и плотами" за 300 км. По статистике должен лежать потонувший материал (лодки по статистике переворачиваются). Но гранитного материала на дне Нила нет....

Если есть прогрессивные орудия пиления и сверления, то должны были быть многочисленные следы высокотехнологичных производств, - а их нет.

В дополнение к теме "Гипербореи" могу сказать следующее. Меридиан пирамид (Константинополь, Одесса, Киев, Чернобыль, Тригорское, С.-Петербург, Кольский полуостров) - очень интересен в контексте неизвестных знаний о том, кто и зачем построил пирамиды в Гизе. Как пирамиды, так и меридиан - это явления планетарного масштаба.

Есть свидетельства человека - бригадира строителя, строившего дорогу на Кольском полуострове. Он рассказывал, что случайно нашли камень с египетскими иероглифами в 70 гг. в Карелии, но план, спешка и т.д., сообщили в Москву, но человек так и не приехал - камень просто скинули на обочину и затем засыпали щебнем.

Насчет местоположения Гипербореи в треугольнике Рязань, Дон, Нижний Новгород могу сказать следующее. По собственным ощущениям (как человека, объездившего Россию от Кавказа, Алтая и до Байкала) - это одно из самых сакральных мест в России. В этом треугольнике находится Болдино, Арзамас и др.

В окрестностях Жирновска встречаются камни из голубого кварцита (насколько я знаю из голубого кварцита сделан Стоунхендж). По своему такому очень необычному местоположению камни напоминают остатки сооружений доледникового периода, обкатанные последним ледником. Если это так, то такое храмовое сооружение могло появиться ок. 20 тыс. лет назад или более.

Также интересный материал по "человеку из будущего", жившего в Жирновске: или в наши дни или Евгений Гайдучок гость из 23 века (и др., материалы лаборатории альтернативной истории).

## Мои комментарии:

Ряд вопросов можно решать "на основе элементарной логики, которая суть базируется на законах статистики" но только в пределах одной "замкнутой" парадигмы, и при условии, что никаких новых закономерностей там нет. Поэтому я такой подход называю "лаборантским мышлением", что к Вам, как я понимаю, никак не может относиться.

Вы, думаю, знаете, что никакое открытие на основе простой логики сделать нельзя, открытия в принципе непредсказуемы. Каждое открытие расширяет парадигму.

Поэтому "элементарной логикой" наука при открытиях не пользуется, логика - это технический аппарат для уточнения уже известных положений. Логика проводит прямую линию между двумя точками, но это верно только при том, что УЖЕ ИЗВЕСТНО, что там только две точки, и больше нет и не будет. В науке такого не бывает.

Поэтому то, что Вы написали - это категорически ненаучно. Именно эти положения и служат основой массы заблуждений, эзотерики, привлечением сверхъестественных сил, инопланетян и прочего, поскольку "логика" говорит, что других решений нет. А на самом деле логика там не работает, поскольку точек больше, но мы их пока не знаем. Поэтому нужно в таких случаях делать альтернативные гипотезы, или даже выходить за пределы парадигмы и искать новые решения, которые не приходят в голову большинству.

Если на дне Нила гранитных блоков нет, то простейшие варианты - (а) плохо искали, (в) затянуло илом, (з) везли не на лодках, (4) лодки не переворачивались, (5) блоки вытаскивали, (6) блоки везли с другой стороны. Вы уверены, что все эти позиции детально проработаны? А Вы, похоже, сразу переходите к некой эзотерике, к полетам блоков.

То же и к остальному.

Если были полеты (что практически исключено при такой аргументации), то нужно не логику применять, а непременно искать материальные признаки. Других вариантов нет.

Я не очень понимаю, при чем "меридиан пирамид" к вопросу о древнем Русском Севере. Концептуально вопрос об обитателях Русского Севера уже в целом решен, недели через две об этом будет статья на "Переформате". Они там жили 4000-3500 лет назад. Арийские топонимы и гидронимы говорят о том же. О том же говорит ДНК-генеалогия. В общем, если есть желание, почитайте. А то, что уходя с Кольского

полуострова на юг в связи с похолоданием, арии (носители гаплогруппы R1a) строили пирамиды по ходу своего миграционного маршрута - это можно, конечно, изучать.

*> Есть также свидетельства человека - бригадира строителя, строившего дорогу на Кольском полуострове. Он рассказывал, что случайно нашли камень с египетскими иероглифами в 70 гг. в Карелии, но план, спешка и т.д., сообщили в Москву, но человек так и не приехал - камень просто скинули на обочину и затем засыпали щебнем.*

К сожалению, это не наука. Кто определял, что это именно египетские иероглифы? Бригадир строителей? Вы представляете себе такое описание в научной статье? Тем более что в итоге ничего нет.

Вы понимаете, меня профессия обязывает делать такие замечания и комментарии.

*>Насчет местоположения Гипербореи в треугольнике Рязань, Дон, Нижний Новгород...*

Ну вот, опять "Гиперборея". То Кольский полуостров, то Рязань-Дон. При чем тогда этот откровенно брендовый термин "Гиперборея"? И на севере, и на Дону, и на Волге были носители R1a, между 4800-4000 лет и позже, оттуда и разошлись по направлениям. "Сакральность" - опять эзотерика, в науке этого нет. И не потому, что наука "скрывает", никакой конспирации. Просто нет корректного описания в научных терминах, потому что «сакральности» нет в парадигме. То же и о датировках 20 тыс лет назад. Вы же знаете, что датировки в науке так не делаются.

В этом и фокус - там, где нет науки, тут же пустоты заполняются эзотерикой.

### **Мой собеседник:**

Я практически полностью согласен. Но по большому счету мы опираемся на некое словесное описание реальности (не важно научными, ненаучными методами) даже не представляя, каков процент совпадения нашего описания и истинного положения вещей по всему кругу вопросов, которых касается наше внимание. Пока наукой только постулируется, что некое соответствие имеется (10%?, 1%?, 0,0001%?, 0%?). Я полагаю (из личного опыта) что мексиканские маги наиболее достоверно описывают реальность. Но загвоздка в том, что "подключиться" к их картине мира можно только осознанно остановив "внутренний диалог" (оперативную память человека).

Кастанеда пишет, что внутренний диалог появляется у людей в 5-6 летнем возрасте, и усилием воли его можно остановить (память в обычном понимании этого слова конфигурируется и перемещается таким образом во всё энергетическое тело человека, которое в том числе выходит за пределы физической оболочки. Я даже полагаю, что древние люди использовали именно этот способ восприятия реальности, минуя (исключая) стадию её описания словами.

Например, слово "дерево" ничего нам не говорит о назначении, природе дерева как целого и самостоятельного явления во вселенной, тем не менее это не мешает "науке" классифицировать деревья, иметь о них суждение, писать статьи, защищать диссертации и прочее. По Кастанеде, чтобы узнать что такое дерево надо самому стать деревом, т.е. узнать "намерение" дерева как части "Намерения Вселенной" или Бога если угодно. Другого Пути познания я тоже пока не вижу.

### **Мои комментарии:**

Ну что же, будем считать, что Вы продвинулись далеко за передний край (уровень) науки. Но я лично предпочитаю оставаться "позади", в рамках классической науки, которая оперирует не "по понятиям", а экспериментальными данными и их по возможности строгим анализом, какой наука на достигнутом уровне позволяет. В соответствии с моим мировоззрением и опытом работы, я не имею права перепрыгивать в эзотерику, в область "по понятиям", вносить духовные элементы, трансцендентальность, волхование и шаманизм. Если данных нет, я говорю - "не знаю".

Пример этого приведен в моем обращении к общественности по поводу Велесовой книги

<http://history-dna-genealogy.ariy.org/>

Кстати, посмотрите этот новый сайт, это - древнеславянское отделение Академии ДНК-генеалогии. Есть еще климатологическое отделение, что очень важно для осмысления причин древних миграций человека. Ссылка на него будет дана вскоре на "Переформате", где появится моя довольно большая статья про "Гиперборею".

### **Мой собеседник:**

Я полностью согласен с вашей статьей и высказываниями из нее: *"Наука развивается бесконечно, поэтому понятие «истины» в науке нет. Есть «общепринятые концепции», которые рано или поздно взрываются новым знанием. Поэтому понятие «консенсус», которым любят оперировать*

*«ученые» с лаборантским строением мозга, не является научным понятием. Это – «временная договоренность», не более того, и то, как правило, декларируемая начальником от науки по своим научно-политическим соображениям. «Консенсус», как правило, означает, что «мы тут с Петром Ивановичем договорились, а кто не согласен, им же хуже». Те же люди с лаборантским строением мозга придумали позорное словечко «фрик», что по сути означает «тот, кто думает иначе, чем консенсус». Или, чаще – «тот, кто думает по-другому, чем я». «Фриками» не так давно в СССР были генетики и кибернетики, «фриками» были противники Т. Лысенко. «Фриками» были сотни и тысячи ярких имен в науке, многие ставшие яркими посмертно*

Это видимо особенности функционирования мозга отдельных индивидуумов. У них внутренние связи в мозге возможны только внутри замкнутой системы и выход из такого типа мышления они считают шизофренией. Второй вариант - это интуитивный путь познания, который кроме связей внутри мозговой системы использует видимые и невидимые связи с внешней (глобальной) системой, не важно что под ней подразумевать. Если хорошо подумать, то именно интуитивный путь познания в науке - решающий. Об этом кстати неоднократно высказывался Эйнштейн, - потому, что новая теория демонстрирует принципиально новую систему внутренних связей, которая не могла появиться на основании предыдущей теории с другими внутренними связями.

### **Мои комментарии:**

Ну вот и замечательно, с этим договорились. Так что на уровне оригинального мышления и создания новых гипотез между нами противоречий нет. Но после этого идут еще четыре важные части научной работы: (1) формулирование гипотезы, (2) обоснование гипотезы, (3) публикация, (4) убеждение (научной) общественности.

И вот по некоторым положениям из этих мы с Вами расходились в дискуссии, или мне так представлялось.

Для п. 1 должна быть проведена, как правило, большая предварительная работа, в которой идет оптимизация своих наблюдений с тем, что уже известно. Непрофессионалы ломаются уже на этом этапе, поскольку они не владеют материалом в достаточно полном объеме. Они часто высказывают с тем, что либо давно известно и обсуждалось в литературе, и давно принято или отвергнуто, или с тем, что непродумано и противоречит известным положениям. Беда не в том, что противоречит, а в том, что они этого не знают. Поэтому идет изобретение велосипеда. Профессионалы пожимают плечами, дискредитация состоялась. А



дилетант везде шумит про "конспирацию", что ученые некомпетентны, безграмотны, не пускают в научный оборот.

Для п. 2 нужно обоснование гипотезы, а не просто ее высказать. Дилетанты этого тоже не делают. Они вбрасывают датировки типа 20-30 тысяч лет назад "по понятиям", как, например, при их безумных рассуждениях про "Гиперборею", а кто датировал? Какими методами? Каковы погрешности? Этого у них не найти. Они "обосновывают" ссылками на Тилака, а это не обоснования. У него самого там безумные фантазии.

Далее, для обоснования нужно всегда приводить несколько альтернативных вариантов, и их последовательно и обоснованно отводить. Не защищать свой вариант, а доказать, что все другие варианты не работают. Дилетанты этого практически никогда не делают.

П. 3 - это вхождение в информационные потоки, без этого науки нет. И потоки должны быть мощными, пропорциональными значимости гипотезы. Ясно, что не сразу, но постепенно.

П. 4 - самый главный. Не столь важно открыть, сколько убедить. Для этого - все предыдущие пункты. Самое важное - убедить научное сообщество, рано или поздно. Дилетанту это, как правило, невозможно. Для этого нужны публикации в профессиональных журналах, выступления на профессиональных конференциях. Например, ни Чудинову, ни Гриневичу это не удалось, хотя их дилетантами назвать никак нельзя. Потому что не играли по этим правилам. Вопрос - а нужно ли им это? Конечно, нужно. И когда они говорят, что не нужно, читайте - "зелен виноград".

Я мог бы по каждому пункту давать много примеров, но и так ясно.

# У НАС В ГОСТЯХ САЙТ ПЕРЕФОРМАТ (<http://pereformat.ru/avtory/>)

Переформат – это общественно-научный ресурс, на котором меня (А. Клёсов) пригласили вести авторскую колонку. Я это делаю, как правило, под углом ДНК-генеалогии, и рассматриваю вопросы истории, археологии, антропологии и другие, принципиально не дублируя то, о чем рассказывают другие авторы, на этом или других ресурсах.

Поскольку эти вопросы имеют непосредственное отношение к ДНК-генеалогии и работам Академии, мы будем время от времени помещать эти материалы сюда, в Вестник. Начинаем со статьи, а точнее, интервью относительно легкого содержания, в котором в крайне популярном виде рассматривается суть подходов ДНК-генеалогии.

## Вместо введения

После некоторых размышлений я решил дать нижеследующее интервью целиком, без сокращений. Во-первых, оно может настроить читателя на легкий, местами ироничный лад. Во-вторых, оно дает определенное вступление в ДНК-генеалогия. В-третьих, помогает понять, что многие непростые вещи в нашем мире взаимосвязаны. Ну, и, наконец, дает некоторую характеристику самого автора. И, разумеется, интервьюера.

## Интернет, похудение и ДНК-генеалогия: полусерьезное интервью

### Предисловие издателя Переформата:

[Анатолий Алексеевич Клёсов](#) – неординарный человек, и этим уже сказано многое. В прошлом многолетний профессор химии Московского Государственного Университета, профессор биохимии Академии наук СССР и Гарвардского Университета, управляющий по исследованиям и разработкам и вице-президент компании в области полимерных композиционных материалов в промышленном секторе США, с 2000 года – старший вице-президент американской компании и главный научный сотрудник по разработкам новых противораковых лекарств. Лауреат Государственной премии СССР и премии Ленинского комсомола, причем не в коллективе, а один. Чтобы перечислить все достижения и заслуги этого человека, потребуется немало страниц и времени. С Анатолием Алексеевичем беседует известный врач-гинеколог, автор книг и учебников в своей области – Елена Березовская,

которая поначалу заинтересовалась его заметками о потере веса с точки зрения биохимии.



*Анатолий Алексеевич, недавно МГУ издало Вашу книгу «Интернет», с чем я Вас поздравляю. Эта книга основана на ваших рассказах, в основном, как научного сотрудника. Почему книгу назвали «Интернет»?*

Да, спасибо. Причин несколько. Одна – рассказы образуют некую сеть событий по всему миру, вот уже и «интернет». Вторая – многие рассказы публиковались по мере их появления в интернете. Ну, и еще одна – волею судеб я оказался первым в СССР, вошедшим в то, что теперь называется Интернет, еще в 1982 году, так и продолжал до отъезда из Союза в 1989 году. Тогда это интернетом не называлось, слово «интернет» появилось только в 1990-м году. А тогда называлось «международные компьютерные конференции». Понятно, что занимался я этим без ведома соответствующих «товарищей» и «инстанций», иначе этого интервью скорее всего не было бы.

*Хотя Вы биохимик по профессии, но всю свою жизнь Вы тесно связаны с медициной. Чем обоснован Ваш выбор в медицинском направлении: случайностью или определенным интересом к процессам, происходящим в человеческом организме?*

И случайность, и интерес. Как правило, одно без другого не бывает. Была цепочка событий, вроде как случайных, но каждое событие было

вызвано интересом. В итоге я, химик по образованию, занялся ферментами, по этой линии попал в медицинскую школу Гарвардского университета еще в далеком 1974 году, там занялся механизмами образования раковых опухолей, так и поехало (кстати, «школой» в Гарварде называется факультет с аспирантурой. Без аспирантуры – это «колледж». Поэтому Гарвардский колледж докторов науки не готовит, только школы). Потом основал свою компанию, она стала «публичной» (public), и я в ней главный научный сотрудник. Так что, как видите, интерес к процессам в организме есть.

*Несмотря на то, что Вы все же попадали в больницу несколько раз, болей Вы не любите и стараетесь поддерживать свой организм в отличной форме. У Вас есть свой «секрет молодости»?*

Вряд ли это секрет. Если секрет, то Полишинеля. Правила три, хотя их можно накидать сколько угодно. Первое – надо жить страстями. Второе – постоянно упражнять мозг и мышцы. Третье – не ныть ни при каких обстоятельствах. Впрочем, есть и четвертое, по секрету – надо постоянно втягивать живот, доведя это до автоматизма. Мы же ходим прямо, держа спину, не думая об этом, просто так настроились. Вот так надо и с животом. Идем пешком – втягиваем. Машину ведем – втягиваем, сидя. Вы думаете, у Шварценегера почему живот не вываливается? Да потому что втягивает, постоянно.

*В книге «Интернет» Вы детально описываете, с вполне научными объяснениями, как Вы сбросили лишний вес. Я не буду раскрывать тайну магического избавления от жира, но все же дело не только в калориях, как Вы пишете. А в чем еще?*

Конечно, не в калориях. А в их разнице, калориях входящих и исходящих. Входят с едой и питьем, особенно алкогольным, но не только. Фруктовые соки тоже по калорийности пиву мало уступают. А выходят калории только при физической нагрузке, которую можно специально оптимизировать. Кстати врачу-гинекологу могу сказать, что на секс в качестве основного средства сброса калорий особенно надеяться не надо, проверено. По этому поводу история.

Жена набрала вес и пошла на консультацию к врачу. Возвращается домой и рассказывает мужу:

- Доктор сказал, что мне надо больше двигаться. Например, раз в неделю ходить пешком до Тамбова и обратно.
- Надюха, тяжело до Тамбова-то! Может, еще чего поможет?
- Ну, еще можно нам с тобой по пять раз в день заниматься сексом.
- А знаешь, Надь, до Тамбова-то не так уж далеко...

*Среди народа бытует мнение, что занятия интенсивным сексом приводят к потере веса. Мифам о сексе я посвятила целую статью [«Семнадцать мифов о](#)*

*[сексе](#)». Кстати, интересный случай из жизни. Одна моя знакомая, женщина весьма зрелых лет, долгий период своей жизни жила без мужчины. Наконец, познакомилась с одним. И начался у них «медовый месяц». Когда я увидела эту женщину, с трудом ее узнала – она сбросила около 7-8 кг, если не больше, и из пышечки превратилась в весьма стройную женщину. Как говорила она сама, все, чем она занималась этот месяц, это сексом с редкими приемами пищи и периодами сна. Конечно, устала беспредельно, но осталась довольна такими «метаморфозами» жизни. Другими словами, ограничение приема пищи сыграло, наверно, большую роль, чем занятия сексом.*

Значит, было редкое попадание по темпераменту с приятелем. Да и по физической выносливости тоже. Но отнесемся серьезно и проверим ту байку цифрами. Допустим, до Тамбова 200 километров. Туда и обратно – 80 часов хода со скоростью пять километров в час. Если идти по 11-12 часов в день – как раз неделя ходьбы. Энергозатраты при такой ходьбе составят примерно 250 килокалорий в час (обычно говорят «калорий», но это жаргон). Всего, до Тамбова и обратно – 20 тысяч килокалорий, по 2800 килокалорий в день только на ходьбу. Да на сон еще 520 килокалорий каждую ночь. В общем, похудеть можно, если всю эту неделю есть умеренно. А если во время ходьбы еще вязать, чтобы не было скучно – то можно добавить еще по 120 килокалорий в час. Еще, считай, по 1000 килокалорий в день.

А секс? Если по совету доктора – пять раз в день, скажем, по полчаса, то энергозатраты составят только 625 килокалорий в день. Нет, ходьба эффективнее. На самом деле, секс и ходьба примерно эквивалентны по энергозатратам, и то и другое – примерно по 250 килокалорий в час. В среднем. На оргазм повыше, около 400 килокалорий в час, но сколько того оргазма? В часах вряд ли стоит его считать. У кого длится 18 секунд, у того на это расходуется две килокалории. Эквивалентно одному Тик-Таку. Но, скорее, будет всего половинка Тик-Така.

*Лечение алкоголизма всегда было актуальной темой. Почему Вы занялись этим вопросом? Это было прямым влиянием Бэрта Велли, главного биохимика США, который опубликовал обширную статью о спиртных напитках в известном журнале «Scientific American»?*

Мне поручили заняться этой темой в Гарвардской медицинской школе. Берт Вэлли и поручил. Видимо, потому что я водку принципиально не пью. Мне ее вкус не нравится. Потому и поручили, наверно, что не буду зря расходовать экспериментальный материал. Так и пошло. Оказалось, что статьи на эту тему – у меня одни из наиболее цитируемых. Это про то, как алкоголь в нашем организме превращается в довольно сильный яд, но организм «знает», как этот яд моментально превращать в безвредный уксус. У нас для этого есть специальный фермент, ускоритель этого превращения. Но есть не у всех. Например, у каждого второго китайца такого фермента нет, поэтому они спиртное не пьют. А

если пьют, то сильно мучаются. У них – сильная аллергия на спиртное.

Вот потому я и занялся, чтобы на этой основе создать лекарство от алкоголизма. Для этого даже в Венесуэлу ездил, алкоголиков там лечить. По знакомству с директором медицинского центра в Каракасе. Он потом стал министром здравоохранения Венесуэлы, но я не думаю, что по этой причине. Зато я многое узнал об истории спиртных напитков в мире, начиная с древнейших времен. Тоже полезно.

*У Вас даже есть коньяк, изготовленный по Вашей технологии?*

Есть арманьяк. Только это не по моей технологии, а по самой заслуженной, французской. Они же, французы, и подарили. Русских любят потому что. Всем и дарят. Кстати, 1946 на этикетке – это год изготовления этого арманьяка.



*Я не против попробовать этот арманьянчик. Так что, оставьте мне, пожалуйста, грамм тридцать. Анатолий Алексеевич, Вас считают экспертом*



*(можно смело сказать «Номер Один») в ДНК-генеалогии. Многие читатели не знают, что такое ДНК-генеалогия. Ваше определение этой науки?*

В общем-то, это тот крайне редкий случай, когда считают правильно. Здесь опять цепочка случайностей, вызванная интересом. Создание новой науки всегда происходит на материале наук известных, все мы «стоим на плечах гигантов», но кто-то переходит в науке на следующий этаж, и этаж быстро заполняется. Так вот, говоря языком научным, ДНК-генеалогия – это синтез секвенирования ДНК и аппарата химической кинетики.

Чтобы это понять, надо знать, что секвенирование ДНК – это определение последовательности цепочки ДНК, которая состоит всего из четырех молекул, связанных друг с другом в разных вариантах. Это как взять вагоны четырех разных цветов, и составлять из них поезд, стыкуя вагоны, перебирая цвета по вкусу и по какому-то плану, который мы все пытаемся понять. Так вот, поезд тот в ДНК – миллионы и миллиарды вагонов, а цвета – те же четыре. И у каждого из нас поезд какими-то вагонами различается. Причем оказывается, что вагоны составлены не случайно, в них есть определенные комбинации цветов, которые повторяются у одних людей, но не так, как у других людей. У отца и сына, у матери и дочери – наиболее близкие узоры в ДНК, а с поколениями накапливаются различия, вагоны уже немного по другому составлены. Эти узоры на самом деле создаются мутациями в ДНК, и это мутации накапливаются со временем.

*Напомню читателям, что мутации – это изменения в генетическом материале (генах) под влиянием разных факторов, и это неизбежное явление нашей жизни, фактически процесса старения.*

Да, но здесь мутации накапливаются не в генах, а «на манжетах ДНК», в негенных участках. Поэтому, строго говоря, ДНК-генеалогия – это не генетика. Нет в ней генов. Так что по этим мутациям «на манжетах» и через тысячи поколений видно, кто друг другу родственники, а кто – совсем нет. А поскольку древние племена были родственниками, из них со временем образовывались этнические группы, а из тех – города и страны, то оказалось, что по узору мутаций в ДНК многие этничности похожи, что по ДНК сразу заметно, если глаз опытный и аппаратура для определения последовательности ДНК хорошая, налаженная, техники опытные, и выбраны те особые участки цепочки ДНК из миллионов и миллиардов, которые наиболее информативные.

Например, есть участки всего из нескольких десятков или сотен «вагонов», которые характерны для русских и украинцев (это на самом деле одна семья, если смотреть на их ДНК), но уже совершенно другие для монголов, или арабов, или американских индейцев, или жителей

острова Пасхи. И эти участки можно изобразить на бумаге всего несколькими десятками цифр, и сразу видно, кто есть кто, и кто с кем и насколько различается. И вдруг может оказаться, что те, кто на острове Пасхи – сплошные украинцы да русские, кто бы мог подумать? Давно уехали и прижились. Это я, конечно, сейчас придумал, но таких находок в ДНК-генеалогии сколько угодно. Это даже пока не ДНК-генеалогия, а так называемая «популяционная генетика», которая и занимается, в частности, тем, что я сейчас описал.

*Ой, Анатолий Алексеевич, так может мы с Вами родственники дальние?*

ДНК-генеалогия становится новой наукой только тогда, когда к этим узорам мутаций в ДНК применяется аппарат химической кинетики, то есть науки о скоростях реакций, процессов, изменений во времени. Оказалось, что по степени набегания этих мутаций в характерных последовательностях ДНК можно вычислять, как давно разошлись потомки от своих общих предков. Иначе говоря, как давно жили основатели тех племен, от которых мы произошли. И тогда, продолжая мой фантазийный пример, можно вычислить, как давно приехал на остров Пасхи первый украинец, или араб, или монгол, от которого и пошло все нынешнее население острова. То есть можно изучать историю миграций древних людей, но не по материалам археологических раскопок, не с помощью лопаты, скребка, кисточки, и не по древним свиткам и фолиантам, а по молекулам наших ДНК. То есть начинается новая наука – молекулярная история.

Кстати, те, кто на острове Пасхи, на самом деле значительно ближе к монголам, отдельная ветвь рода «С» в понятиях ДНК-генеалогии. Та же ветвь и у большинства полинезийцев, и австралийских аборигенов. Монголы – другая ветвь того же рода С. В России и Украине таких практически нет – ни тех, ни других.

Вот так получилось, что моя первая специальность как химика и биохимика – это и была химическая кинетика. Первый учебник, который я написал в давние времена, и был о химической и биологической кинетике. Вот я и применил несколько лет назад научный аппарат химической кинетики к анализу и расчетам тех самых картин мутаций в ДНК. В популяционной генетике этот аппарат никто до этого не применял, у них и так своей работы много. То есть, образно говоря, популяционные генетики смотрят на картины мутаций и говорят – ба, так основателем популяции на острове Пасхи был украинец (или русский, они неотличимы), а я беру те же данные, и вычисляю, когда этот основатель туда приехал, и откуда.

Иначе говоря, ДНК-генеалогия занимается генеалогиями племен, народов и конкретных людей, привнеся в эту науку хронологию,



временные показатели. А это уже история. И языкознание, поскольку древние миграции несли и древние же языки, и рассматривая картину мутаций в ДНК в разных концах планеты вдруг начинаешь понимать, почему и языки там порой похожи, и почему житель острова Пасхи называет огненную воду «горилка». Но это я сейчас опять придумал. Хотя и таких примеров – сколько угодно.

Итак, мы подошли к более правильному определению ДНК-генеалогии. Это – наука, основанная на применении методов и подходов химической кинетики к анализу картин мутаций в ДНК, и применении получаемых данных к истории, археологии, лингвистике, антропологии, этнографии и сопряженным дисциплинам. Интересно?

*Конечно же! ДНК-генеалогия – это далеко не хобби для Вас, а серьезный профессионализм. Вы основали Российскую Академию ДНК-генеалогии и являетесь ее президентом. «Происхождение человека» – объемный труд на более чем 1000 страниц – это итог знаний и опыта за последние десять лет работы в новом для Вас научном направлении?*

То, что профессионализм – понятно из предыдущего рассказа. Академия ДНК-генеалогии пока только неформальное объединение энтузиастов, но каждый из них – профессионал в своем деле. Это – историки, лингвисты, гляциологи (а климатические изменения в прошлом и были основной движущей силой миграций), специалисты по древнерусским текстам. Занимаются ДНК-генеалогией по-настоящему всего несколько человек в мире. Наука-то новая, только создается. Хотя интересующихся – уже сотни и тысячи. Но интерес – не есть профессионализм.

Удивительно, что среди русских-украинцев так мало желающих узнать свою ДНК-родословную, пока всего несколько сотен человек пожелали узнать свои гаплотипы (это и есть характерные участки ДНК), обратившись в ДНК-тестирующие компании. Правда, те делают за деньги, долларов за двести. Но, например, среди небольшой Ирландии таких уже несколько десятков тысяч человек. Там народ просто кипит интересом к своим предкам, к своей истории. Недавно, например, определили последовательность фрагментов ДНК у «ледового человека», Отца, которого нашли в леднике в Альпах и датировали 5000 лет назад. Оказалось, что у него род G2a4, и таких в мире немало. Это – потомки одного и того же древнего рода. Те немногие, кто понимают в этих индексах, сразу видят место этого рода в общей картине мира.

*Работа в ДНК-генеалогии принесла Вам немало неожиданных сюрпризов в плане открытий и переосмысления известных научных и исторических постулатов. Какой из них остался в Вашей памяти как самый яркий, необычный, интересный?*

Таких уже много, но, конечно, можно выделить несколько. Первым по

значимости я считаю доказательство, что половина русских и украинцев – потомки ариев, древнего рода (род R1a), который с Русской равнины примерно 4500 лет назад в своей части продвинулся на восток (кстати, древний Аркаим на Южном Урале – это они), и примерно 3500 лет назад вошел как исторические арии в Индию и Иран. В Индии сейчас до 100 миллионов мужчин – потомки этого рода R1a, большей частью среди индусов Северной Индии, их до 72% в высших кастах Индии. В России в среднем 48% мужчин – потомки того же рода, а на юге России – в Курской, Белгородской, Орловской областях – их до двух третей мужского населения. И гаплотипы (те самые характерные фрагменты ДНК) практически идентичные с индийскими. А вот в центральной и западной Европе гаплотипы совершенно другие, и рода другие, в основном R1b, I1, I2, J2, E и прочие. А поскольку арии и были создателями и носителями в те времена языков, которые после их прихода в Индию были названы «индоевропейскими», то их вклад в культуру современной цивилизации переоценить просто невозможно. Десятки миллионов русских и украинцев – прямые потомки этого рода. Кстати, потому русский язык и санскрит очень похожи с точки зрения лингвистики. Не случайно Валерий Брюсов писал:

Не надо обманчивых грез,  
Не надо красивых утопий:  
Но Рок поднимает вопрос,  
Мы кто в этой старой Европе?  
Случайные гости? Орда,  
Пришедшая с Камы и с Оби,  
Что яростью дышит всегда,  
Все губит в бессмысленной злобе?  
Иль мы – тот великий народ,  
Чье имя не будет забыто,  
Чья речь и поныне поет  
Созвучно с напевом санскрита.

А не случайно – потому что уже двести лет известно, что русский язык и санскрит похожи, только не знали, как это объяснить. А посмотрели на гаплотипы – батюшки, так мы с индусами прямые родственники. У меня целая коллекция фотографий индийцев – ну в точности Рязань, или Курск, или Краснодар. Как вам такая, например?



*Похожа на нашу славянскую девочку.*

Другой пример – при рассмотрении гаплотипов евреев и арабов (а большинство тех и других относятся к одному роду) удалось сделать удивительную находку – они на так называемом «дереве гаплотипов» растут от одного общего предка, который жил примерно 4000 лет назад. От него гаплотипы евреев и арабов резко расходятся на отдельную арабскую и еврейскую ветви, которые с тех пор не пересекаются, и расходятся все дальше и дальше. Иначе говоря, с тех пор, с 4000 лет назад, общего потомства у евреев и арабов практически не было. Думаю, что читателям не составит особого труда тут же сказать, какое имя было у того общего предка евреев и арабов. Но датировка 4000 лет здесь имеет особую важность. Это – важнейшая историческая дата в генезисе арабов и евреев, и всё это принципиально подтверждает адекватность описания этого события в Библии. Понятно, что детали описания, как и имя общего предка вовсе не обязательно те, что в Библии, Торе и Коране, но мы не о деталях. Мы – о науке. И о жизни, конечно...

*С Вами можно разговаривать часами, забывая о делах, еде и многом другом. Спасибо большое за беседу. Ваши пожелания читателям.*

Почаще читать Ваши произведения. Они несут тепло.

## ВОПРОСЫ ЧИТАТЕЛЕЙ К ПЕРВЫМ ОЧЕРКАМ НА «ПЕРЕФОРМАТЕ», И ОТВЕТЫ

### Вопрос читателя:

Но что если предположить, что средняя скорость мутаций в определенные периоды времени и у разных гаплотипов людей была неодинакова либо менялась? Почему вы решили, что скорость мутаций 1000-5000 лет назад была такой же, как сейчас, причем у всех родов и в разных частях планеты – одинакова?

### Ответ:

Вопрос резонный и совершенно типичный для новичков в данной теме. Что правильно и хорошо. Я отвечу сначала в общем, а потом в частности. Комментарий «в общем» на вопрос такой: а Вы за кого специалистов принимаете? В мире с мутациями в ДНК работают тысячи человек, выходят специализированные журналы. И, думаете, никому это в голову не приходило? Естественно, это изучалось вдоль и поперек. Хотя предвижу возражение, тоже резонное: вы же сами пишете, что профессионалы бывают разные, и на новых направлениях науки они часто идут по ложному пути, диктуемому соображениями, от науки порой далекими. Или просто без соображения. И это тоже верно.

Ученые тоже люди, и ошибаются не меньше.

Поэтому – ответ конкретный. При изучениях «вдоль и поперек» никогда, ни разу не было найдено, что в какие-то периоды времени или в разных гаплогруппах скорости мутаций менялись. Напротив, много раз было показано, что мутации – это «молекулярные часы», которые тикают в каждый данный момент неравномерно, но на протяжении столетий, тысяч лет, десятков и сотен тысяч лет, миллионов лет их статистические скорости выравниваются, и служат прекрасным инструментом при расчетах.

Еще более конкретно – полтора года назад в журнале *Advances in Anthropology* (Успехи антропологии) у меня вышла статья (совместно с коллегой И. Рожанским, тоже выпускником МГУ много лет назад), в которой именно для ответа на поставленный выше вопрос были рассмотрены много тысяч гаплотипов из разных гаплогрупп, и проведены сопоставления с данными документальных генеалогий. Естественно, документальные генеалогии применимы только для последних, скажем, 200-600 лет, но они были важны для

принципиального показа, что расчетные формулы верны, как и методология, на относительно коротких временах, в несколько веков. Для многих только это и нужно, тех, кто профессионально работают с «семейными генеалогиями». Для более протяженных времен были использованы другие подходы – сравнение с известными историческими фактами или прочими общими сведениями, порой концептуальными. Например, уже сотню лет исторической науке известно, что арии пришли в Индию примерно 3500 лет назад. Это же дают расчеты ДНК-генеалогии.

Еще пример – расчеты по гаплотипам арабов и евреев дают датировку времени жизни их общего предка. А то, что у них был общий предок, говорит то, что большинство арабов и евреев принадлежат одной и той же гаплогруппе J1, то есть к одному роду. Те, кто знают Библию или Тору, знают об этом тоже, хотя это источники не из научного оборота. Так вот, ДНК-генеалогия показывает, что общий предок арабов и евреев жил 4000 лет назад. Спросите любого раввина, и он, не имея понятия о ДНК-генеалогии, назовет вам ту же самую дату, пусть примерно.

И таких примеров в ДНК-генеалогии сколько угодно. Например, начало археологической культуры колоколовидных кубков датируется в исторической науке 4800 лет назад, это – самые древние находки этой культуры в Португалии, оттуда носители этой культуры отправились на север, в континентальную Европу. Датировка ДНК-генеалогии – 4800 лет назад, Пиренеи, гаплогруппа R1b, эрбины (носители гаплогруппы R1b, оттого и эрбины), направились на север, в континентальную Европу, и заселили ее во временном интервале 4500-3000 лет назад. Кстати, похоже, истребив почти все коренное население Европы, потому что остальные гаплогруппы в Европе пропали, находят только ископаемые, в древних скелетных остатках, ранее 4800 лет назад.

Пример расчетов для более удаленных времен – ДНК-генеалогия показала, что общий предок современного человека и шимпанзе жил около 6 миллионов лет назад. Эту же датировку дают антропологи.

Так что, видите, это действительно молекулярные часы – от пары сотен лет до 6 миллионов лет назад.

Ну, и под занавес – на Преформате появился мой новый пост, в котором приведены конкретные примеры расчетов. Они делаются по двум основным показателям – по числу набегающих мутаций, или по числу убывающих немутированных гаплотипов. Это – две разные формулы, первая – «линейная», простая пропорция, вторая – экспоненциальная, что проще считать в логарифмическом виде. В химии или физике это называется кинетикой первого порядка. Так вот, оба типа расчетов дают одинаковые датировки. Это означает, что мутации действительно

статистические, неупорядоченные, и работают в целом равномерно (в статистическом смысле) на протяжении тысячелетий.

Так что, как видите, этот вопрос действительно изучался вдоль и поперек. Я столь подробно на него отвечаю, потому что вопрос в самом деле важный и принципиальный. Ответ на него получен.

### **Вопрос читателя:**

Ведь не на пустое место праславяне пришли 4800 лет назад. По археологической карте России известны, например, селища возрастом 80-100 тысяч лет в моей Тульской области. Таких древних археологических памятников в России и в Европе найдено много. И ещё найдут. Поскольку остаётся не ясным, как появились здесь праславяне, следовало бы зафиксировать «появление праславянской мутации на Русской равнине после последнего оледенения и освобождения территории от послеледникового затопления».

### **Ответ:**

В целом, с постановкой вопроса согласен. Но только в целом. Если в частности – то «селища возрастом 80-100 лет назад» – это не только не праславяне, но скорее всего и не *Homo sapiens*. Это могли быть неандертальцы, или какие-то другие гоминиды, пока не идентифицированные. Самые древние костные остатки в Европе, принадлежащие *Homo sapiens*, человеку разумному, датируются 45-43 тысячи лет назад, и они найдены в Центральной и Западной Европе, в частности, в Англии. Это данные 2011 года. На Русской равнине, а именно в Костенках, датировка скелетных остатков 42-38 тысяч лет назад, хотя данные скачут и часто даются без каких-либо обоснований. Я бы очень хотел (сам не знаю почему), чтобы датировка в Костенках была хотя бы 45 тысяч лет назад, или лучше древнее, но для этого надо честно и скрупулезно работать, корректно описывать, как получены данные, каким методом проводилась датировка, как калибровалась. В общем, по закону, а не по понятиям.

В Костенках еще есть датировка 50 тысяч лет назад, но это не костей, а почвы предполагаемой стоянки. Но такое в антропологии не принимается, потому что это могли быть неандертальцы: откуда это кому известно? У меня нет сомнений, что праславяне были «человек разумный», а не неандертальцы.

Далее, оледенение занимало вовсе не всю территорию Русской равнины, так что и здесь неточности.

Наконец, понятие «праславяне» требует корректного определения. В

терминах ДНК-генеалогии – это люди, жившие в древние времена на Русской равнине, и которые являются прямыми предками современных славян. Этим мы автоматически выходим на понятие рода, гаплогруппы, ДНК-наследственности.

Среди современных славян есть четыре основных рода-гаплогруппы – это R1a (в среднем половина от этнических русских, они же славяне, потому что говорят на языках славянской группы), I1 (около 7%, или каждый четырнадцатый), I2 (15%, или каждый седьмой) и N1c1 (столько же, 14%, прибалтийские и северные славяне). И вот оказывается, что предки большинства славян – не «коренные», хотя и древние, а прибывшие издалека.

Если считать прямых предков сегодняшних славян в РФ, то R1a пришли сюда примерно 4800 лет назад, круглым путем, который занял 15 тысяч лет, из Центральной Азии через Тибет, Индостан, Иранское плато, Анатолию (современную Турцию), на Балканы, и оттуда на Русскую равнину около 5 тысяч лет назад, как род ариев. Оттуда, с Русской равнины, и начались походы легендарных ариев, гаплогруппы R1a. Но потомки тех ариев, которые ушли по разным направлениям, уже не славяне, а индусы, иранцы, арабы, турки и много других. Хотя немало прямых потомков ариев и среди современных русских, украинцев, таджиков, киргизов, башкир.

N1c1 пришли на Русскую равнину только примерно 2500 лет назад, и прибыли тоже круглым путем, со стороны Алтая, через северный Урал, и в итоге на север будущей России, и в южную и восточную Прибалтику.

А вот с гаплогруппой I, которая представлена двумя подгруппами, I1 и I2 – загадка. Они, похоже, на Русской равнине самые древние, коренные, еще со времен далекого доледникового, возможно, 35-40 тысяч лет назад. Может и раньше, когда гаплогруппы I еще не было, а была сводная гаплогруппа IJK, 40-50 тысяч лет назад. Сейчас мы их видим на Русской равнине, и вообще в Европе, двумя ветвями, с датировками всего 3600 (I1) и 2300 лет назад (I2), но их общий предок жил уже не менее 30 тысяч лет назад. Технически, это самые древние праславяне, по происхождению.

А основная загадка в том, как европеоиды попали в Центральную Азию, поскольку они там жили еще как минимум 20 тысяч лет назад. И почему и I1 – европеоиды, которые в Центральной Азии не обнаружены, и R1a-R1b европеоиды, которые, напротив, из Центральной Азии в Европу пришли несколько тысяч лет назад? И вот анализ всех этих и многих других приводящих факторов и наблюдений ведет к (предварительному) выводу, что они все с Русской равнины (или в целом из Европы) и расходились, примерно 50-60 тысяч лет назад. И были они тогда все европеоиды, сводной гаплогруппы F, из которой уже все

галлогруппы, от архаичной G до относительно новой T, и постепенно образовались, путем необратимых мутаций в Y-хромосоме ДНК. Европеоиды здесь – это сугубо антропологическое понятие, включающее десятки характеристик. Они могли и не в Европе образоваться, но так получилось, что, похоже, именно в Европе.

Так что вопрос о происхождении праславян, а именно прямых предков современных славян (которые, кстати, далеко не только этнические русские, а и поляки, и чехи, и словаки, и сербы, и хорваты, и словенцы, и болгары, и украинцы, и белорусы, и литовцы с латышами, и многие другие), выходит в плоскость происхождения человека. И здесь ДНК-генеалогия открывает совершенно новые пласты знания, еще несколько лет назад совершенно немыслимые. Да и сейчас плохо осознаваемые. «Штатные ученые» от этого шарахаются, потому что надо мышление переделывать, парадигмы ломать, планы научной работы переделывать, а это дело болезненное и не сулящее ничего хорошего, по крайней мере, в ближней перспективе. А бюрократы только ближней перспективой живут, в том числе бюрократы от науки. И вообще дело политически рискованное – там гранты, карьера, начальники, для которых это еще более болезненно и неприятно. В общем, будущие академики сейчас совсем молодые, и выбор пока их. Потом выбирать будут за них другие.

### **Вопрос читателя:**

Как Вы считаете, почему в западной литературе по истории и археологии, включая самую последнюю, до сих используются термины «индоарии», «индоиранские племена», «иранские племена», и т.д., и ни слова о праславянах, а об арийцах – только в контексте нацистской Германии? Влияние пятой колонны?

### **Ответ:**

Я не очень понимаю, при чем здесь «западная литература», когда эти же термины используются и в российской научной литературе по истории, археологии, лингвистике. Да, на мой взгляд, они устаревшие, но они в ходу, и в ходу еще долго будут. Научный словарь консервативный.

Что касается «ни слова о праславянах» – это неверно. Наберите в Гугле термин Proto Slavs, и получите 1.2 миллиона ссылок. Наберите Aryans – получите 2.3 миллиона ссылок. Из них крайне малая доля относится к нацистской Германии.

Наверное, в западной научной литературе праславянам уделяют меньшее внимание, чем нам бы хотелось, но много ли в нашей научной литературе уделяют внимание, скажем, древним галлам и франкам, не говоря о древних племенах американских индейцев?



Так что не стоит быть настолько эгоцентричным, чтобы требовать от западной научной литературы того, что нам бы хотелось. Самим надо заниматься.

### **Комментарий читателя:**

Хочу обратить внимание всех на то, что не стоит так уж противопоставлять южно-балтийские земли и Скандинавию в 9-м веке н.э. В Скандинавии тоже есть славянские топонимы, которые остались с тех времён. Есть и топонимы с корнем RUSS, RYSS. Например, Русское озеро – Ryssen (Dalarnas Län, Швеция), Russvatnet (Oppland, Норвегия). Есть три Русских деревни – Ryssby в Швеции, Русские заливы, отмели, горы, долины, реки, острова.

### **Ответ:**

Да никто и не противопоставляет. То, что славяне прошли по Скандинавии – это совершенно очевидно. Более того, в Скандинавии есть характерные ветви R1a, которые ушли с Русской равнины тысячелетия назад. Так и называются – родительская «скандинавская ветвь» R1a-Z284 (образовалась 4300 лет назад), ее дочерняя «старая скандинавская ветвь» R1a-Z287 (образовалась 3700 лет назад), внучатая «молодая скандинавская ветвь» R1a-L448 (образовалась 2700 лет назад), правнучка «шотландская горная ветвь» R1a-L176.1 (образовалась 1850 лет назад). А среди русских этих ветвей или их представителей нет. У русских, у славян – R1a-Z280 (образовалась 4900 лет назад) и R1a-M458 (образовалась 4200 лет назад), и их подветви. Уже один этот факт от норманизма камня на камне не оставляет. Так и получается, что эти «скандинавы» на самом деле славянами и были, возможно, вернувшиеся из военных походов. Но славяне местные, свои, не «скандинавские» ветви. Вообще славянские ветви гаплогруппы R1a разошлись по всей Европе. Опять подчеркиваю – в России скандинавских ветвей R1a нет, как нет и скандинавских ветвей гаплогруппы N1c1, о чем я уже рассказывал. Поэтому слова Л. Клейна, что историки *«констатируют заметный в истории IX-XI веков факт успешного нашествия норманнов (скандинавов) на восточно-славянские земли»* – это типичное ля-ля. Не было такого «нашествия».

Норманисты зацикливаются на совершенно третьестепенных наблюдениях. На том, что славяне приносили из походов скандинавские мечи, мешки с дирхемами, строили дома из шестигранных бревен. Вот, видите, это были скандинавы! – восклицают они. Убожество – только и остается сказать. Я вот в 1980-х годах тайваньский компьютер в Москву привез – выходит, тайваньцы Москву основали.

Что касается топонимов – да, это характерный признак того, что «русские там побывали». В США, в штате Калифорния, есть знаменитая Russian River, русская река. Тоже причина известна, отражена в «культовом» в свое время спектакле, рок-опере «Юнона и Авось», о визите в Америку русской эскадры Николая Резанова в 1806 году.

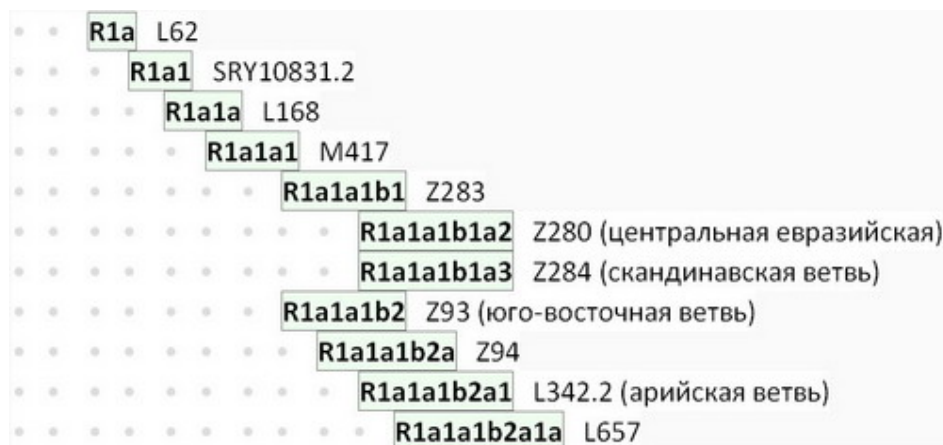
### Вопрос читателя:

У меня вопрос по скандинавам, много раз читал, что скандинавский R1a1 на  $\frac{3}{4}$  соответствует киргизскому, но вот [Eupedia предлагает](#) происхождение киргизов от иранской ветви Z93, а скандинавскую к европейской Z283. Так где правда?

### Ответ:

В том, о чем Вы пишете, ранее было много путаницы, которую Вы и читали. Но это – неизбежное развитие событий при становлении новой науки. Сейчас ситуация стала намного более ясной. Типичные киргизские гаплотипы к скандинавским не имеют никакого отношения, они – киргизские, относятся в основном к группе R1a-Z93-L342.2. Это классическая арийская ветвь, те же L342.2 – сплошь в Индии, среди потомков ариев, прибывших туда примерно 3500 лет назад. В этом отношении Eupedia права, но это – стандартная классификация последних двух лет. Eupedia ее оттуда просто списала.

Скандинавская ветвь имеет основной индекс Z284, и он – подчиненный евразийской ветви Z283 и параллельный центральной евразийской ветви Z280. Так что правду никто не утаивает. Вот так сейчас выглядит расположение ветвей гаплогруппы R1a (в сокращенном виде), которые Вы упомянули:



## Вопросы читателя:

1. Посоветуйте, пожалуйста, что можно еще почитать неспециалисту, чтобы получить более расширенные базовые теоретические знания по данной тематике.
2. Возможно вы (или ваши коллеги?) читает где-то открытые лекции по данной тематике? Где можно послушать? Если лекций нет – не могли бы вы, скажем, в Политехе прочесть лекцию? Они, я думаю, с удовольствием с вами посотрудничают (я частенько хожу в Политехнический музей в лекторий, некоторые лекции платные, некоторые бесплатные – народа обычно много).
3. Где можно сделать ДНК-анализ, чтобы узнать свою гаплогруппу и сколько это примерно может стоить?

## Ответы:

1. Ответ зависит от того, что такое «расширенные базовые знания по данной тематике». Как вариант, есть три уровня приобретения «расширенных базовых знаний», и все ссылки на них даны на одном сайте, линк на который уже дал один из комментаторов. Повторю: <http://aklyosov.home.comcast.net>

Первый уровень – это популярные статьи. Их там приведено немало.

Второй уровень – это книги, в которых материал изложен достаточно систематически. Одна книга – это «Интернет. Заметки научного сотрудника» (А.А. Клёсов, изд. Московского университета, 2010; 512 стр.). Там есть несколько глав для расширения базовых знаний – и по основам ДНК-генеалогии, и по русской истории, и по расследованию и популярному изложению ДНК-тестирования костных остатков царской семьи. И по ДНК-тестированию современных «наследниц царевны Анастасии». Другая книга – значительно более продвинутая, это «Происхождение человека, по данным археологии, антропологии, ДНК-генеалогии» (А.А. Клёсов и А.А. Тюняев, изд. Белые Альвы, 2010; 1021 стр.). Должен заметить, что я взял на себя в этой книге ДНК-генеалогию и часть по эволюции человека, это страниц 600-700, а мой соавтор – археологию и антропологию, и мы специально построили книгу так, чтобы друг с другом не соглашаться, и представить разные точки зрения. Это, впрочем, к ДНК-генеалогии не относится.

Третий уровень – статьи в академических журналах. Линки есть там же, на сайте. Там же выложены все 50 выпусков журнала «Вестник Академии ДНК-генеалогии» (с 2008 года), там многие статьи академические, и многие – научно-популярные.

Если все это освоите, то войдете в первую десятку специалистов по ДНК-генеалогии в мире. Или станете первым.

2. Спасибо за идею. Буду иметь в виду.

3. Советую сделать ДНК-анализ в компании FamilyTreeDNA (США): <http://www.familytreedna.com/>

На сегодняшний день цены такие: 37-маркерный гаплотип – \$169, 67-маркерный гаплотип – \$268. Это – мужские линии (Y-хромосома), но компания тестирует и женские, митохондриальную ДНК. Есть у них и другие варианты тестирования. Я к ним никакого отношения не имею, но сам делал анализ ДНК там, и считаю, что это – лучший вариант. Если с английским языком проблемы, то советую обратиться на <http://www.rodstvo.ru>, там помогут с оформлением заказа. Я этим тоже не занимаюсь.

Советую, чтобы не терять денег, сначала определить 37-маркерный гаплотип, и только потом, если будет желание – 67-маркерный, для этого дополнительный образец посылать уже не надо. Потом можно определить и 111-маркерный гаплотип, самый информативный.

### **Комментарий читателя:**

Спасибо за статью. Смотрел и я этот фильм «Русь. Зарождение государственности. Идентификация Рюрика». Данными там оперировали, конечно, как хотели: в начале фильма на карте скандинавский полуостров был обозначен как зона гаплогруппы I, а в конце фильма скандинавской стала гаплогруппа N1C1 :) Кстати, Гагарин там в синхроне говорил, что Рюрик однозначно славянин :)

### **Ответ:**

Как Вы, наверное, догадываетесь, норманофилы, начиная с Л. Клейна, это никогда не процитируют. У них однобокий фильтр информации. Полупроводник, всегда только в одну сторону. Это то, что науке категорично противопоказано. В народе есть меткое определение этого явления – «жульё».

### **Комментарий читателя:**

Это Л. Клейн, который не учил географию в школе.

Клейн (в статье против Клёсова): «Те арии, которые ворвались в Индию во втором тысячелетии до н.э. и которые образовали там высшие касты,

никак не могут происходить с Русской равнины, что бы ни говорили об этом гаплотипы. Это было степное население».

Клёсов: «Что мне теперь, и про Русскую равнину Л. Клейну рассказывать? Карту приводить? Что, мне ему теперь рассказывать, что Русская равнина включает и причерноморские степи? И простирается от этих степей далеко на восток, включая и часть Казахстана? Ну хорошо, вот хотя бы Википедия:

*Восточно-Европейская равнина, или Русская равнина – одна из крупнейших равнин земного шара... На севере омывается водами Белого и Баренцева, а на юге – Чёрного, Азовского и Каспийского морей. На северо-западе ограничена Скандинавскими горами... на востоке – Уралом и его продолжением Мугоджарами. Протяженность с севера на юг – около 2750 км, с запада на восток – около 2500 км... На территории равнины полностью либо частично расположены Белоруссия, Латвия, Литва, Эстония, Молдавия, Россия, Украина, Финляндия, Швеция, Польша, Румыния, Болгария и Казахстан.»*

### **Вопрос читателя:**

А где-нибудь есть красивая карта со стрелочками направления расселения этих самых гаплогрупп?

### **Ответ:**

Карт много, только на них лучше не смотреть. Они составляются «популяционными генетиками», у которых в принципе порочная методология. Они исходят из того, что есть *сейчас*. И вот то, что есть сейчас, соединяют стрелочками. Если где-то какой-то гаплогруппы много – там, значитца, прародина. :)

То, что это должно основываться на датировках, им обычно в голову не приходит, а если кому придет, то датируют неправильно. Нет у них методологии датирования. Этим занимается ДНК-генеалогия, совершенно другая научная дисциплина.

Карты нарисовать можно, но стрелок много, да еще даты нужно у каждой проставлять. Технически это тоже возможно, но руки не доходят.

### **Вопрос читателя:**

Подскажите, пожалуйста, к каким субкладам относятся R1a1 у саамов, удмуртов, казанских татар. Быть может, здесь и стоит искать корни той самой восточноевропейской Руси, которую ищет Грот. Ведь насколько те же марийцы похожи на славян, в костюмах, поклонению берёзе и т.д. Эта культура сложилась до прихода славян, как нас уверяют историки, да и

не произошло ассимиляции языка славянами. Но в то же время Ибн Фадлан называет своё путешествие в страну царя сакалиба. Русы, возможно, – потомки ариев, которые впоследствии ассимилировались славянами с запада. Заранее спасибо.

### **Ответ:**

Таких данных пока нет, или почти нет. «Академические» исследования продолжают выполняться с коротенькими гаплотипами, и субклады определяют редко. А заказывать свои гаплотипы и субклады в коммерческих организациях – не всем по карману. Всего в России пока имеется около тысячи 67-маркерных гаплотипов, к которым есть субклады. Это – немало, но хватает только для концептуальных работ, что уже неплохо. Но вот саамы и удмурты по какой-то причине гаплотипы с субкладами не заказывают, тем самым лишая меня возможности ответить на Ваш вопрос в должной мере.

Что касается татар, по ним есть только 10-15 протяженных гаплотипов с субкладами. Пока там – сборная солянка. Есть два представителя балто-карпатской ветви субклада R1a-Z280 (общей центральной евразийской ветви), есть один с восточно-карпатской ветви R1a-Z280, один с северной евразийской ветви Z280-Z92, один с западно-евразийской ветви Z280, один из субклада R1a-M458, центрально-европейская ветвь, есть двое с южно-восточной ветви Z93, есть несколько литовских татар субклада L342.2, есть один татарин из Татарстана того же субклада L342.2. Вот, пожалуй, и все. Не хотят татары узнать своих ДНК-предков, или финансовых возможностей нет. Или просто не знают о новых направлениях.

*> Русы, возможно, – потомки ариев, которые впоследствии ассимилировались славянами с запада.*

Возможно. А возможно, и наоборот, или что процесс протекал в обоих направлениях. Здесь надо давать определение понятию «ассимилировались». Гаплотипы-гаплогруппы, например, не ассимилируются, их можно только уничтожить, вместе с носителем.

### **Комментарий читателя:**

1. Цитата: «На самом деле имеют две основные гаплогруппы – R1a и N1c1».

Все рюриковичи N1c относятся к одному субкладу – N1c1d и близки филогенетически, т.е. скорее всего они действительно потомки одного человека. А вот среди рюриковичей R1a единства нет. Мы видим четыре разрозненные линии R-L260, R-Z92, R-P278, R-Z280.

2. Цитата: «"шведских гаплотипов" просто не бывает».

Как же такое может быть, если люди себя самоидентифицируют, как шведы?

3. Цитата: «Кто имеет гаплогруппу R1a? Наиболее серьезные кандидаты на «Рюриковичей» – группа из четырех человек – князь Оболенский, князь Волконский, Пентекост/Волконский, князь Барятинский».

А почему это серьезные кандидаты, ведь представители рюриковичей N1c1d есть и у черниговской ветви и у мономашичей, а данная группа рюриковичей R-L260 представлена только в черниговской ветви?

4. Цитата: «Ну, и где там финны? Нет их там. Это – южные балты, славяне».

А как быть с этими скандинавами (в основном шведы), которые к рюриковичам ближе всех: 193008, 139986, 187619, 211870, N86056, N50634, 161450, 223703? Вот здесь неплохой разбор идет (ссылка).

## **Ответ:**

1. Ну, согласен. Дальше что? Я ведь именно об этом и писал в колонке – и что «рюриковичи» N1c1 близки друг другу, и что «рюриковичи» R1a1 – не близки (хотя и там есть небольшая плотная группа, с общим предком по времени близким к Рюрику). Или Вы хотите мне указать, что они не N1c1, а N1c1d? Так и это уже устарело. Я потому и пишу N1c1, потому что номенклатура каждый год меняется. В 2011 году было N1c1d-L550, в 2012 году стало N1c1a1a1, а в этом, 2013 году, уже N1c1a1a1a. Вот чтобы не было путаницы, я намеренно пишу N1c1. Как, разобрались?

2. Кто себя идентифицирует как шведы? Князя Российского Дворянского собрания?

3. Риторика. Где вывод?

4. А как с ними быть? Пусть живут, я так думаю. Все они – славяне по происхождению, у всех та самая шестерка 9-9, 14-14-15-15, о которой я и писал. Для Вас, видимо, слово «швед» имеет некую магическую силу. Для меня – нет. Я занимаюсь ДНК-генеалогией, и при рассмотрении гаплотипов вижу, кто откуда. Вот они – по происхождению славяне. Шведских гаплотипов как таковых вообще нет. Они либо от финнов, либо от славян.

Ну и что, что они «ближе всех»? Пусть радуются. Все они, повторяю, по происхождению южные балты, шестерка аллелей показана выше. Один из них, 139986, вообще «адаптед», то есть усыновлен. Один – румын, по гаплотипам – южно-балтийский славянин. Ничего удивительного, такие и в Испании есть, целая группа. Пять из перечисленных Вами вообще в ветвь рюриковичей не входят на древе гаплотипов, среди них Муковников. Он – в соседней ветви. А собственно, Вы что сказать-то хотели?

*>Вот здесь неплохой разбор идет...*

Опять, Вы как-то криптографически говорите. Для Вас – неплохой, но для меня это не критерий. Мне надо знать, что этот разбор мне или другим дает, конкретно. Так вот, статья Волкова никуда не годится. Он там сразу постулирует, что «рюриковичи» – шведы, и дальше из этого исходит. Вы это «неплохим разбором» называете? А для меня это – профанация. Волков слова произносит, а в ДНК-генеалогии не разбирается.

Вторая работа – нормально, но ни на какие загадки не отвечает. Некий склад информации, более или менее имеющей отношение к рассматриваемому нами вопросу. Вы вот дали номер 187619, а там по снипам определено, что у него вообще гаплогруппа N, значит, L550 вообще нет. Что же Вы об этом не говорите? Или Вы даете это сюда, не думая?

Вы видите, в чем проблема? – вот в такого рода «дискуссиях». Вы задаете глухие вопросы, типа «а как быть с теми?», «а как быть с этими?», и Вы хотите, чтобы я на эти глухие вопросы отвечал? Давайте так – либо у нас полноценная квалифицированная дискуссия, либо Вы задаете грамотные вопросы, как другие на этом сайте. А задавать и держать фигу в кармане – так я просто отвечать не буду.

### **Ответ:**

Поступил встречный комментарий «Павла», который включает и сотни цифр по результатам генетического анализа человека, который к «рюриковичам» никакого отношения не имеет. Это уже переходит в сказку про белого бычка. На новоязе это называется, по-моему, троллизм. На ряд его вопросов я уже ответил, так что не буду повторяться. Я выбрал те, на которые стоит отвечать, тем более что он сам, понимая, написал – «Вы можете не отвечать, ваше право».

1. Цитата (ААК): «Кто себя идентифицирует как шведы? Князя Российского Дворянского собрания?» Павел: *Конечно же, нет – разговор о*



*тех шведах, которые самоидентифицируют себя шведами и которые ближе всего к рюриковичам N1с.*

Быть «ближе» к рюриковичам – это как быть немножечко беременной. Либо они входят в ветвь «рюриковичей», либо не входят. Если даже отдельные индивидуумы и входят – то мало ли какие романы где крутил предок «рюриковичей». Кто-то вообще «из близких гаплотипов» усыновлен, я об этом писал. Более того, **все**, кто близок к ветви «рюриковичей» – славяне по происхождению. Я уже об этом много раз писал. Для Вас «шведы» – это что-то самодостаточное. А я оперирую гаплотипами.

Ну, всем уже очевидно, что «Павел» пошел по кругу?

2. ...Павел: *>следовательно, наиболее вероятными кандидатами на роль «потомков» являются рюриковичи N1с.*

Ну и замечательно. Я им и посвятил больше всего места в анализе. Не заметили?

Дальше в более чем десяти комментариях «Павел» повторяет про шведов, что они близки к «рюриковичам». Мы с этим уже разобрались, см. выше.

3. Цитата (ААК): «Вы вот дали номер 187619, а там по снипам определено, что у него вообще гаплогруппа N, значит, L550 вообще нет».

Павел: *У него L550+ и если он до какого-то времени не проверял этот сноп, то это не значит, что он не L550+, а вот сейчас проверил.*

Ну и замечательно. Сноп L550 – это южно-балтийская ветвь, он есть у миллионов человек. Русские князья – «Рюриковичи» – это только одна характерная подветвь в общей южно-балтийской ветви. Здесь важно не только то, что они L550+, но и то, что у них гаплотипы славянские по происхождению. Об этом я уже рассказывал. Что касается того, что у индивидуума под указанным номером стоит «N» – это по тому линку, что Вы дали. Надо же смотреть, что даете. Я не буду ходить в геномную базу данных по каждому, кто к рюриковичам отношения не имеет. Таких, повторяю, миллионы человек. А Вы на одном зациклились. Мало ли кто «близок к рюриковичам», к тому же с южно-балтийским, славянским гаплотипом.

Мораль: есть люди, которые как мантру повторяют: «швед», «швед». Для них важно, что кто-то, объявляющий себя «Рюриковичем», или у кого гаплотип «близок», пишет в анкете, что он швед. Я отвечаю здесь на эти

вопросы, во всяком случае поначалу, чтобы показать, что большого смысла эти «аргументы» не имеют.

### Комментарий читателя:

*“...нам веселее”*

Да уж чего тут весёлого, когда любая чушь а-ля “лишь бы не славяне” принимается “на ура” и продвигается авторитетами с научными степенями.

### Ответ:

Так что нам, плакать? Изрекаемая чушь – это факт жизни, и с этим фактом жизни надо жить, извините за игру слов. Людей мы не переделаем. Максимум, что можем – это разъяснить, что мы и делаем. Авторитеты со степенями – такие же люди, как и все остальные, и тоже несут чушь, как и все. Одна разница – они несут чушь, многослойно бронированную, по их представлениям. Они ее подкрепляют цитатами, источниками (которые цитируют избирательно), научными трудами, которые тоже тщательно выбирают из массы тех, что им противоречит.

Здесь я не удержусь, и дам выдержку из своей мемуарно-научно-популярной книги **«Интернет. Заметки научного сотрудника»** (изд. Московского университета, 2010). Герой этой выдержки – Берг Вэлли, в то время – главный биохимик США, а именно глава отделения биохимии Национальной Академии наук США, он же глава научного центра в Гарвардском университете, где я работал много лет профессором биохимии. Там же упоминается швед Ханс Йорнвал, мой соавтор по ряду научных публикаций.

*Так вот, биохимия алкоголизма в сентябре 1993 года стала тематикой Нобелевского симпозиума в Стокгольме. И мы с Вэлли стали подбирать список участников и докладчиков. Проходило это примерно так – я предлагаю фамилию известного ученого в этой области, Вэлли восклицает – нет, вы положительно сошли с ума. Думать же надо, еще ЕГО там не хватало! И вообще, у меня с НИМ свои счета еще не завершены... Так повторялось много раз, и каждый раз Вэлли камня на камне не оставлял от своего бывшего впечатления по части моих умственных способностей, причем каждый раз не оставлял это очень эмоционально. Но я давно привык к его манере вести обсуждения, и старался не реагировать. Надо сказать, что другие к этой манере относились весьма болезненно, и желающих спорить с Бергом не было. Видимо, поэтому он Нобелевскую премию так и не получил, и сам прекрасно понимает, почему. И на эту тему, почему он не получил Нобелевскую премию, и получит ли, он разговаривать категорически отказывается, причем*

*отказывается опять же эмоционально и с явным внутренним переживанием. Больная для него тема.*

*Недавно, кстати, был эпизод. Мы с Бертом Вэлли прогуливались по дорожкам парка на берегу реки Чарльз, которая разделяет Бостон и Кэмбридж. Мы с ним по выходным часто прогуливаемся, несмотря на то, что не работаем вместе уже восемь лет. Ему ни за что не дать его 85 лет. Берт сохраняет совершенно ясный ум, более того, ум совершенно неординарный. С ним интересно разговаривать. Ему со мной, видимо, тоже интересно, иначе непонятно, зачем все это. И по ходу разговора Берт сообщает, что ему на днях в шесть утра из Стокгольма позвонил Ханс Йорнвал.*

*- Неплохо, говорю я, это хороший знак. – Это с чего же хороший? – спрашивает Берт. – Ну, можно подумать, вы не знаете, что я имею в виду, – говорю я. Когда тебе в шесть утра звонит ученый секретарь Нобелевского комитета, это просто классика.*

*Берт резко останавливается. – Запомните, Anatole, раз и навсегда: Нобелевскую премию я не получу. И вы прекрасно знаете, почему. Есть два основных способа получения Нобелевской, как и многих других премий – анальный и вагинальный. О втором не будем, а первый никогда не представлял для меня интереса. У меня много приятелей – Нобелевских лауреатов, и они такие же козлы, как и масса других (здесь я перевожу слово jerk как современное русское слово «козел»; другой вариант перевода еще менее приличный, поскольку по звучанию напоминает слово «чудак»). Так получилось, что проголосовали за них, и этот акт голосования моментально сделал их «бессмертными», в отличие от многих, гораздо более достойных в науке людей. Так называемые Нобелисты ничем не отличаются от меня и от вас, но вот внезапно вознеслись, и получили бесценное право выдвигать других на Нобелевскую премию. За что их и носят на руках, и расчетливые обожатели активно работают с ними по первому способу, а именно анальному. В итоге большинство из Нобелистов страдают тяжелым комплексом неполноценности. Короче, прошу со мной о них больше не говорить.*

### **Комментарий читателя:**

С большим интересом прочел Вашу статью, практически со всеми выводами согласен, однако не могу не указать на одно тонкое место. Вы пишете, что представители того же южнобалтийско-славянского субклада живут, в том числе, в Норвегии и Швеции. Причем их там не так уж и мало. Получается, что чисто теоретически предок Рюриковичей мог в свое время приехать на Русь из Скандинавии, вернувшись таким образом на свою «историческую родину».

Примечательно, что Волков, утверждая, что субклад L550 делится на 2 ветви (южнобалтийскую и скандинавскую), а гаплотип «Рюрика» несомненно является скандинавским по происхождению, сам же при

этом проговаривается: *«Основываясь на генетических данных можно предполагать, что предки Рюриковичей N1c1 появились в районе Уппсалы около 1500 лет назад в процессе миграции представителей скандинавской ветви с территории Северо-Западной России в Швецию».*

Т.е. он то ли не понимает, что этими словами сам же себя, по сути, опровергает: ведь если носители этой ветви прибыли в Швецию из Северо-западной Руси, значит, какая-то их часть (и, скорее всего, большая) должна была здесь же и остаться! То ли он просто не придал этому значения, а может – случайно проговорился :)

Но тут дело в том, что это место, являющееся слабым у Волкова, не самое сильное и в ваших построениях. И поэтому мы не можем наверняка утверждать, был ли «Рюрик» местным или «репатриантом» из Скандинавии. Хотя в том, что вы разбили их «неопровержимые доказательства», я на 100% согласен. Но при этом точного ответа на главный вопрос – о происхождении Рюрика, все равно (пока?) не получили.

### **Ответ:**

*Обратите внимание на место в статье выше: «Поэтому надо понимать, что ДНК-генеалогические признаки не являются абсолютными (как, впрочем, и никакие другие), но они, будучи вероятностными, помогают приходиться к определенным выводам, особенно когда подкрепляются положениями археологии, антропологии, лингвистики, которые, естественно, тоже не являются абсолютными. Так происходит постепенное приближение «к истине», которая тоже не абсолютна, потому что в постоянном приближении. Так работает наука».*

Поэтому в науке нет слова «истина». Как и в документах Генштаба нет слова «война». Но если последнее – дань традиции, то первое имеет глубокий смысл. Наука выдает результат как продукт оптимизации большого количества факторов, часто противоречивых, и мы в каждый данный момент не знаем, что из них верно, что нет, что ошибка, что сфальсифицировано (да, бывает и так), что натянуто или не рассмотрены возможные альтернативы. Поэтому «точный ответ» в науке является на самом деле «наиболее вероятным ответом», особенно на передних фронтах науки, когда картина еще не устоялась. Кстати, устоявшаяся картина – в науке тоже далеко не всегда правильная.

Поэтому по совокупности данных, по их «оптимизации», а значит, по результату взвешивания «за» и «против», и оценки достоверности каждого приводящего фактора, происхождение Рюрика – славянское, а не «скандинавское». В общую картину идут и вторичные факторы, которые в отдельности имеют вес небольшой. Например, что князь

Гагарин, один из «Рюриковичей», член Российского Дворянского собрания, судя по комментарию выше, сказал в фильме, что Рюрик был безусловно славянин. Сам по себе этот комментарий князя имеет малую научную ценность, сказать можно все, что угодно, но когда картина складывается убедительная, то слово самого «потомка» приобретает дополнительный вес.

Я здесь должен подчеркнуть, что говоря «Рюрик», мы в данном контексте имеем в виду предка группы русских князей. Его не обязательно звали именно «Рюрик», но в общей постановке проблемы и ее решении этот фактор имеет важное значение. Мы ведь складываем мозаику, и это есть та самая оптимизация. До привнесения ДНК-генеалогии эти князья рассматривались как вторичный, или третичный фактор. Мало ли что они говорят, они, может, вовсе и не родственники друг другу. И вдруг оказалось, что родственники, одна ДНК-линия, и которая сходится к общему предку, жившему в то же время, что и легендарный Рюрик. Сразу фактор князей стал одним из важных, если не определяющих. И норманисты на это моментально отреагировали. В ответе мне ведущий «норманист» Лев Самуилович Клейн написал: *«Что значительная часть русских князей-рюриковичей оказалась по гаплотипу не скандинавской, мне известно. Это те князья, принадлежность которых к рюриковичам и ранее ставилась под сомнение по другим основаниям»*. Как видите, Л. Клейн признает, что не скандинавы по происхождению, но сразу включается отрицание самого фактора князей. Вот так работают норманисты. Их в дверь, а они в окно.

И последнее. Не «точный ответ» меня в данном случае интересовал, когда я работал с ДНК князей и вообще большим количеством носителей гаплогруппы N1c1 и R1a. Не в этом была задача, которую я сам перед собой поставил. Если бы меня тогда спросили – «а вы получите точный ответ?», я бы сказал, что наука в таких ситуациях не дает «точных ответов». Но она показывает, что теории норманистов дутые, что есть толковые альтернативы, которые они не рассматривают, а если рассматривают, то, как обычно, жульничают, заматают под ковер, искажают.

Я работал над материалом, который может пролить свет на проблему с другой, неожиданной стороны, добавить новые факторы в ту самую оптимизацию. И добавил. А что до того, откуда Рюрик со своими славянскими корнями мог вернуться на родину, свою или предков – то что это принципиально меняет? Да хоть из Австралии. На то, откуда вернулся, есть горы материалов у историков. Только они опять противоречивы, вот в чем штука. Поэтому, думаю, их надо еще раз (и не один) пересмотреть, используя новое знание, полученное в последнее время. Процесс познания бесконечен, и в этом вопросе тоже.

*>Вы пишете, что представители того же южнобалтийско-славянского субклада живут, в том числе, в Норвегии и Швеции. Причем их там не так уж и мало.*

«Много» или «мало» – категории относительные. Мало по сравнению с чем? Я в статье выше пишу – среди 425 гаплотипов гаплогруппы N1c1, приведенных в базе данных, русских – 77, поляков – 32, шведов – 21, норвежцев – 10, эстонцев – 3, датчан – 2. Остальные в основном финны, но у них другие гаплотипы. А подавляющее большинство «скандинавских» (включая и эстонские) гаплотипов – славянские по происхождению. И это не удивительно – ведь направление миграции носителей N1c1 на запад от северной и южной Балтики было или от финнов, или от южно-балтийских славян. Нет «своих» гаплотипов в Скандинавии, там либо финские, либо славянские. И славяне там доминировали, это даже по языку видно. Обратите внимание, языки в Швеции, Норвегии, Дании и части Финляндии – индоевропейские, а не финно-угорские. Это был вообще единый язык до середины 11-го века нашей эры, опять же индоевропейский. Потому и славянские гаплотипы доминируют, эти понятия – гаплотипы и язык – часто взаимосвязаны.

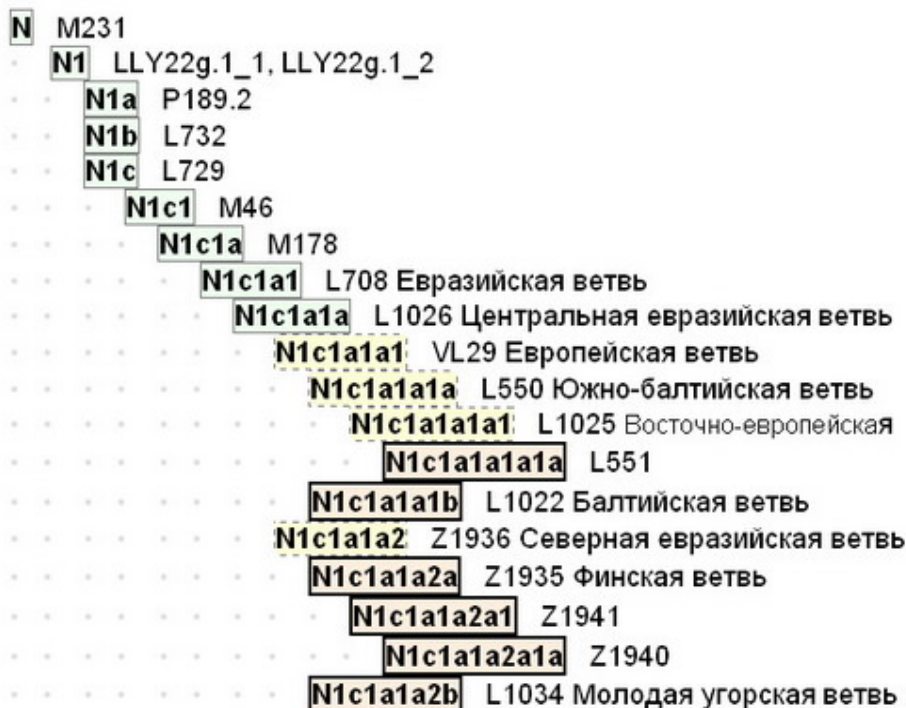
Я на днях поработал с классификацией субкладов гаплогруппы N1c1, которые имеют отношение к обсуждаемому здесь вопросу. Тем, кто интересуется ДНК-генеалогией, это может быть интересно. Субклады – это пирамида подгрупп гаплогруппы, они действительно образуют лесенку, и показывают, как по мере возникновения необратимых мутаций в Y-хромосоме образуются все более и более молодые подгруппы, и у каждой подгруппы, а это и есть субклад, есть свой индекс.

Так вот, лесенка такая: где-то в первой трети субкладов, начиная от верхней части пирамиды, появляется евразийская ветвь (L708), потом центральная евразийская ветвь (L1026), потом европейская ветвь (VL29) и параллельная ей северная евразийская ветвь (Z1936). От последней образуется ее дочерняя молодая угорская ветвь (L1034) и параллельная ей финская ветвь (Z1935).

От европейской ветви отходит балтийская ветвь (L1022) и параллельная ей южно-балтийская ветвь (L550), от последней отходит дочерняя восточно-европейская ветвь (L1025), в которой особенно много литовцев и поляков (почти половина ветви), а также русских, чехов, словаков, латышей, украинцев, белорусов. Финнов в ней почти нет (шесть гаплотипов, меньше 5%), и у всех шести знакомая нам славянская шестерка 9-9, 14-14-15-15.

Из этого следует, что между финской ветвью (Z1935) и славянской ветвью (южно-балтийской и дочерней восточно-европейской) – целый

ряд ступенек. Они друг от друга не образовались, они разошлись от общего предка. Потому-то финские и южно-балтийские гаплотипы так различаются: финские гаплотипы имеют шестерку 10-10, 13-13-14-14, а славянские - 9-9, 14-14-15-15. Между ними - как минимум пара тысяч лет разницы, они разошлись от центрально-евразийской ветви. Вот почему нет «шведских гаплотипов» в гаплогруппе N1c1.



### Комментарий читателя (Владимир Волков):

У гаплогруппы N1c1 есть много субкладов и много кластеров, и вот тот кластер, в который входят Рюриковичи и который определяет DYF395S1 = 15 18 встречается в основном у шведов.

### Ответ:

Среди многих слов В. Волкова, в основном общая словесная шелуха, на которую отвечать не имеет смысла, проскочило единственное конкретное положение. Суть его в том (см. выше), что у «рюриковичей», князей Российского Дворянского собрания, в гаплотипах есть пара 15-18, которая встречается «в основном у шведов». Значит, они шведы.

Это - очередная бессмысленность. Самая распространенная (соответствующая) пара в гаплогруппе N1c1 - это 15-17. Иначе говоря, до 15-18 у нее всего одна мутация. Опять В. Волков смотрит на одиночную

мутацию, которая может произойти у любого в любом поколении, и далее передаваться в потомках. Категорически нельзя в ДНК-генеалогии что-то базировать всего на одной мутации. Нужна система. Вот когда я обращал внимание на «шестерку» 9-9, 14-14-15-15, которая в основном у славян, и 10-10, 13-13-14-14, которая в основном у финнов, то это была система. Это – серия независимых мутаций.

Да что, собственно, его слушать? Давайте посмотрим, где там у шведов «встречается в основном» пара 15-18. В основном проекте гаплогруппы N1c1 среди 425 человек имеется 21 шведский гаплотип, из них только у 18 человек определена эта пара. Смотрим. Значения 15-17 – у 13 шведов, 17-17 у двух, 15-18 у трех. Где там, у шведов, «в основном 15-18»?

Ну, о чем после этого можно с Волковым говорить? Ему страстно хочется, чтобы рюриковичи шведами оказались, но не получается.

В другом комментарии Волков называет ветвь гаплогруппы N1c1 как «скандинавско-русская» (в их проекте это «скандинавская», так что уже прогресс), и это здесь же использует как аргумент, что это скандинавская. Порочная «аргументация».

Что, мне ему отвечать на «возражение», что *«славяне не могли двигаться по территории, где никаких славян не было»*? Даже лингвистически это неверно, в сторону Швеции языки индоевропейские, включая древнескандинавские. Откуда они туда попали? Так от славян же, язык которых – тоже индоевропейский.

*«Гаплотипов скандинавской ветви нет на южном побережье Балтики»* – это именно то, что я и пишу. Что никаких скандинавов там не было.

Он жонглирует лингвистическими понятиями – *«Все этнические славяне из южнобалтийской ветви N1c1 стали славянами не ранее, чем 1000 лет назад, первоначально будучи балтами»*, а я – ДНК-генеалогическими, где «балты» и «славяне» относятся к одному и тому же роду (в данном случае, а в целом – к нескольким родам, опять совпадающих у балтов и славян).

*«Также не стоит считать гаплотипы Рюриковичей финскими»*. Ну, спасибо. Вы видите приемы Волкова? Он якобы отрицает то, что сам приписывает оппоненту. Опять – заболтать, замотать, авось читатель не разберется.

*«Но таким же научным фактом является присутствие скандинавов на территории Северо-Западной России»*. Ну и что? При чем здесь рюриковичи и основание русской государственности? Опять подмена понятий. Мало ли где славяне были в Европе, да везде были. Что с того? Да и то, что написано, не факт. Он сам только что выше писал, что *«гаплотипов скандинавской ветви нет на южном побережье Балтики»*. Если



взять R1a, то в России вообще нет скандинавской ветви. Или они сортировали своих дружинников по гаплотипам, прежде чем на Русь идти? Были бы на Руси скандинавы в заметных количествах, то и гаплотипы бы их были, включая R1a. Нет их.

И тут же – реклама их норманистского сайта, мол, заходите, люди добрые, мы тут вам все расскажем, что славян не было, все это – скандинавы. Нет, спасибо. Хотя обычная ответная фраза «нет, лучше вы к нам» тоже не подходит. Оставайтесь у себя, раз дискутировать не умеете.

### **Комментарий читателя:**

Не могу не отметить, что вы избираете единственно верную тактику в данном случае: обвинения в ненаучности и незнании «очевидных фактов», славянофилии и квасном патриотизме (не считая мусора, не имеющего отношения к делу) растянулись бы на многие страницы. Неблагодарное дело – всё равно ничего не докажешь сотруднику агитпропа. Тем более, что эти товарищи очень любят лишать слова оппонентов на своих ресурсах- так к чему двойные стандарты? ))

### **Ответ:**

Да, это так. Вот, посмотрите на модельное поведение типичного норманофила, томского историка В. Волкова. Он начал с того, что объявил в телеинтервью, что «в Белоруссии свои славяне», «на Украине живут другие славяне, ближе к полякам», «генетически различаются от русских очень сильно», а «в России славяне появились вообще недавно, до этого их там не было».

Я в ответ привел конкретные данные, что славяне практически одни и те же, и что украинцы, наоборот, от поляков по содержанию разных гаплогрупп отличаются наиболее значительно. Повинился Волков? Признал, что он неправ? Да что вы, он же норманофил, а не ученый. Более того, тут же выскочил с другой завиральной идеей, что гаплотипы русских князей якобы «скандинавские», потому что у них в гаплотипах на третьем месте стоит 14, а это – якобы «скандинавская цифра», у балтов там – 15.

Я в ответ привел конкретные данные, что это не так. И что по одной цифре в ДНК-генеалогии ничего не заключают, одна мутация может проскочить у кого угодно, в любой цифре, и уже передаваться по наследству. Проскочила мутация у предка русских князей, и у всех, или почти у всех потомков унаследована такая же, до новой мутации, которая может произойти через века, а может – через тысячелетия. Проглотил Волков, больше не вспоминал. Повинился? Да что вы, он же

норманофил, это – религия. Более того, опять выскочил со следующей завиральной, которая оказалась уже прямой ложью. Чуть выше это все описано, в этой же дискуссии, от 13 февраля. Что якобы пара 15-18 в гаплотипе Рюриковичей «встречается в основном у шведов». А это – ложь, у шведов встречается в основном 15-17, которой у Рюриковичей нет. Повинился он? Признал, что неправ? Да что вы, он же норманофил. У них этики нет.

И так – буквально во всем, за что норманофилы не возьмутся. Ложь, передергивания, намеренное смещение акцентов. А читатель или слушатель – откуда ему знать? Ну откуда бы читатель знал, что у шведов там, в основном, 15-17? Читатель в базах данных гаплотипов не работает, верит этим лжецам на слово. А за руку постоянно ловить надоедает, уже безгливость нарастает. Да и времени жаль.

### **Комментарий читателя:**

Чтобы иметь хоть какую-то определённую в происхождении Рюриковичей, надо исследовать ДНК останков Андрея Боголюбского (находятся в Успенском соборе г. Владимира, зубы сохранились хорошо).

### **Ответ:**

Это, естественно, самое очевидное предложение, и самое, наверное, частое со стороны людей разумных, но не очень ощущающих реалии в современной науке. Помните известную поговорку, какие самые серьезные проблемы в США? Это – дураки и дороги. Или я что-то путаю?

Так вот, самые серьезные проблемы в науке – это деньги и научные школы, точнее, их отсутствие. К сожалению, для анализа древних ДНК в России нет ни научной школы, ни денег. Если помните, какие сложности были с анализом ДНК царских останков, то причина именно в этом. И если деньги кто-то может дать, ну, скажем, какой-то олигарх, чтобы войти в историю, то ничего все равно нельзя будет сделать, потому что нет соответствующей научной школы. А она создается даже не годами, а десятилетиями. Поколениями профессоров, их сотрудников, аспирантов, самых толковых студентов. При использовании сложного и дорогостоящего оборудования, при бесперебойном снабжении реактивами, при поездках на международные симпозиумы и плотном общении с другими специалистами, при научных стажировках молодых ученых. И для того, чтобы все это было, надо, чтобы были хорошие дороги. Закон такой. И чтобы дураки не сильно мешали, это часть того же закона. Никто не знает, почему такой закон, но это – экспериментальный факт.

Так вот, ДНК – это органический материал, и как любая органика, она со временем разлагается. Особенно под действием микробов, или как говорят в науке – микроорганизмов. Любая древняя ДНК просто набита этими микробами, и анализ ДНК в первую очередь покажет ДНК этих микробов. До Боголюбского очередь не дойдет. Далее, древняя ДНК уже распалась до малых фрагментов, которые нужно анализировать, то есть определять последовательность их нуклеотидов, и затем в результате сложных приемов нужно «внахлест» восстанавливать – на бумаге – исходную последовательность полимерной ДНК. Пусть только одной Y-хромосомы, или только тех фрагментов, которые нужны для определения – Рюрикович или нет? Совпадает ДНК (в необходимой степени) с русскими князьями или нет?

Вот такая работа – это высший пилотаж в современной науке. За нее дают самые высокие научные премии. Нобелевскую пока не дали, но дадут, сомнений нет. Хотя, правда, категория Нобелевской премии «по физиологии или медицине» здесь не очень подходит. Остальные – за выдающиеся достижения в физике, химии, литературе и за вклад в дело мира – тоже как-то неочевидны. Ну ладно, придется ограничиться Государственной премией Российской Федерации.

Это я к тому, насколько выдающейся должна быть такая научная работа, для определения ДНК (Y-хромосомы) Андрея Боголюбского. Стоимость? Для начала несколько миллионов долларов, но это только для начала.

### **Вопрос читателя:**

А могут те Рюриковичи, которые имеют гаплотип N1c1, быть потомками гуннского или аварского царского рода?

### **Ответ:**

Для того чтобы ответить на этот вопрос, надо знать гаплотипы гуннского или аварского царского рода, чтобы было с чем сравнивать. Но думаю, что это крайне маловероятно, поскольку гаплотипы «Рюриковичей», если под ними понимать русских князей, членов Российского дворянского собрания, относятся к южно-балтийской группе с мутацией L550 (см. схему выше). А гунны и авары относятся, наверное, к евразийским ветвям, или, не исключено, к молодой угорской ветви (см. ту же схему).

Если посмотрите на рис. 3 выше, то правая верхняя ветвь, по словам их активистов, претендует на то, чтобы быть потомками то ли болгарских царей, то ли Чингизидов, но они, как видите, совершенно другая ветвь по сравнению с князьями (в нижней части дерева). Возраст общего предка этой верхней ветви – более двух тысяч лет, то есть он жил до

нашей эры. Рюриковичами они быть, конечно, никак не могут.

Для тех, кто любит цифры, добавлю, что у одиннадцати «Рюриковичей» в гаплотипах на круг 58 мутаций, то есть по 5.27 мутаций на гаплотип. А у той верхней правой ветви на восемь гаплотипов 74 мутации, то есть по 9.25 мутаций на гаплотип, почти вдвое больше. То есть их предок жил значительно раньше, вот и накопились от него мутации в гаплотипах потомков. Предок Рюриковичей жил по расчетам примерно 1150 лет назад, то есть в районе 862 года нашей эры, с определенной погрешностью, конечно. А предок тех верхних – 2100 лет назад. И мутации у них систематически другие, потому и ветвь разная.

Кстати, та самая пара у них 15-17 (на чем погорел Волков, см. выше), как в основном у шведов. Уже отсюда видно, что сравнивать по одиночным маркерам, как заявлял здесь Волков в отчаянных поисках желанного для него «шведского следа», не имеет никакого смысла. Система нужна, для того и дерево гаплотипов строим. Тем более что те «верхние» настойчиво утверждали, что они потомки Золотой Орды. То есть и у них 15-17, и у шведов в основном 15-17, а у «Рюриковичей» 15-18. И ничего это особенно не говорит.

### **Вопрос читателя:**

Простите за глупые вопросы новичка:

- 1) А устанавливаются гаплотипы по останкам? К примеру, по мощам Александра Невского? И если да, где можно посмотреть подобные результаты?
- 2) Недавно была инфа, что число потомков Чингисхана оставляет 1 млн. с лишним человек. Какая гаплогруппа у Чингисхана?

### **Ответ:**

Глупых вопросов не бывает. Бывают глупые претензии на ответы.

Гаплотипы по останкам, конечно, определяют. Правда, в основном по «женской», митохондриальной ДНК (мтДНК), она по размеру маленькая, с ней легче работать, но все равно непросто. А легче – по сравнению с гаплотипами мужской, Y-хромосомы. Если в мтДНК человека всего 16600 нуклеотидов (точнее, нуклеотидных пар), то в Y-хромосоме – 58 миллионов, в три тысячи раз больше. Поэтому и определять в тысячи раз труднее, условно говоря. Но мтДНК для изучения истории значительно менее информативные, мутации там редкие, можно легко проскочить тысячелетия, что обычно и получается. Поэтому ископаемые мтДНК позволяют определять только

принципиальную картину древности, типа кто-где-был-когда, из каких дальних краев, причем в отношении именно женщин. А они, как известно, привозились в качестве жен или трофеев из самых разных концов мира, да и вообще жены обычно поселялись в племени, семействе мужа, редко наоборот. Как часто и сейчас. Поэтому мтДНК дает по регионам картину часто хаотическую, по сравнению с намного более упорядоченной картиной распределения мужских гаплотипов.

ДНК древних останков извлекают из костей, лучше всего из зубов. Просверливают и извлекают маленький керн, которого вполне достаточно. А дальше – высший пилотаж науки и техники, который в мире освоили всего несколько лабораторий. В России, к великому сожалению, таких нет. Поэтому чтобы зарубежная лаборатория сделала ДНК-анализ, например, мощей Александра Невского, надо, чтобы она была колоссально в этом заинтересована. Каждый раз такая работа гремит по всему миру, во всех средствах массовой и академической информации, за нее дают высшие научные (и не только) награды и премии, огромные, многомиллионные гранты на будущие работы. Сейчас, например, гремит работа по определению ДНК Ричарда Третьего, которого Шекспир описал в своей пьесе «Ричард III» как предателя и злодея, что вряд ли было так. Он пал в бою в 1485 году. Так вот, для него замахнулись только на определение мтДНК, на гаплотип и гаплогруппу не хватило или квалификации, или денег, а скорее – и того, и другого. Александр Невский для них неинтересен. На Западе его не знают.

Где посмотреть? В научной печати. Еще – в Вестнике Академии ДНК-генеалогии (вся галерея Вестников, примерно 50 выпусков с 2008 года, приведена на сайте <http://aklyosov.home.comcast.net>, а бумажный вариант выпускается в США и рассылается оттуда), в котором все ископаемые гаплотипы описываются по мере их появления в академической литературе, и им дается толкование с точки зрения ДНК-генеалогии, что сами авторы раскопок и последующего анализа ДНК обычно делать не умеют.

Что касается Чингиз-хана, то история о якобы его гаплотипе прошла не недавно, а десять лет назад, в 2003 году. Число его потомков авторы оценили в 8% от всей Азии, а это намного более миллиона человек. Сами авторы исходной статьи оценили число потомков того гаплотипа в 16 миллионов человек. Гаплогруппу определили как C(xC3c), то есть гаплогруппа C, за исключением ее части C3c (то есть субклада C3c).

Как показали, что это Чингиз-хан? Да никак. Просто решили, что если потомков так много, то это непременно от Чингиз-хана. В общем, в научной литературе эту публикацию всерьез не воспринимают, хотя «официальных» опровержений не было. Так, проехали и все. Более того,

известно много так называемых чингизидов, потомков детей и внуков Чингиз-хана, хотя и там много взаимоисключающих вариантов. Короче, ни у одного из них гаплотипы не похожи на опубликованный якобы гаплотип Чингиз-хана.

Здесь надо понимать, что как только научные данные попадают в руки массовой прессы, то от науки там моментально ничего не остается. Выпячиваются совершенно несущественные данные, исчезает самое главное, присочиняется третье, и искажается все остальное. В общем, основной критерий такой, что это должно активно продаваться. Ругать прессу за это бесполезно, это их хлеб. Это примерно как ругать путану, что она деньги берет с клиентов, и настаивать на том, что это непременно должна быть высокая любовь. А уж когда сама исходная статья была написана с прицелом на рекламу, как та статья про «гаплотип Чингиз-хана», то ожидать науки просто не приходится. Но расчет авторов был прост – это одна из наиболее тиражированных историй за последние десять лет.

Если кто интересуется, то вполне детальное рассмотрение чингизидов, и также той «статьи про Чингиз-хана», опубликовано в Вестнике Академии ДНК-генеалогии за апрель 2009 года, под названием «В поисках Чингиз-хана». Эпиграфом взяты слова из Ясы Чингиз-хана: «Опять будут охотно искать Чингиз-хана и не найдут».

### **Комментарий читателя:**

Выглядит убедительно. Но как быть со скандинавскими именами Игоря и Олега? Влияние культуры варягов, занятых перевозками на Руси?

### **Ответный комментарий (Л.П. Грот, канд. ист. наук):**

А с чего Вы взяли, что они скандинавские? И вообще, по-моему, пора вводить категории: будьте любезны определить, что такое скандинавские имена?

### **Ответный комментарий другого читателя:**

Во-первых, имена сплошь и рядом заимствуются. Еще автор 6-го века Иордан писал об этом в своей «Гетике» (основной источник сведений о готах, очень важный – о гуннах, антах, склавинах и т.д.): «Ведь все знают и обращали внимание, насколько в обычае у племен перенимать по большей части имена: [...] у сарматов – германские. Готы же преимущественно заимствуют имена гуннские».

Что, думаете, норманисты об этом не знают, не читали Иордана?

Разумеется, прекрасно знают. Почему тогда не принимают во внимание? А просто не хотят – им это не выгодно, значит, можно не обращать на это внимание. У тех же русских князей были имена Дмитрий, Юрий, Александр, Давид – это что, славянские имена, что ли?

Во-вторых – с чего вы взяли, что Игорь и Олег – скандинавские имена? Имя Игорь якобы происходит от Ингваря. Так в летописях есть русские князья, которых уже намного после 10-го века звали Ингварь и Ингорь (очевидно, у них мамы или бабушки были из скандинавок – нередкое явление в те времена, жена Ярослава Мудрого была шведкой Ингрид). Вопрос: отчего эти имена никто и не думал изменять, а имя Ингваря-Игоря якобы так сильно изменилось?

Дальше норманисты уверяют, что переход Инг-Иг в этой паре имен – вполне закономерный. Но они же утверждают, что варяг происходит от вэринг, а витязь – от викинг! И что у нас получается? В одном случае постулируется переход Инг-Иг, во втором – Инг-Яг, в третьем – Инг-Язь. И во всех трех случаях они пишут, что – так и должно быть, что эти переходы – «закономерны»! Какая же тут закономерность, если мы видим три совершенно разных рефлекса?

Переходим к Олегу. Якобы Олег – это Хельги. Совсем похожие имена, ничего не скажешь. С какой это вдруг причуды «е» перешло в «о»? Почему «и» на конце перешло в «ь», а не в «ъ», что смягчило бы «г»? Сплошные натяжки. При этом почему-то никто не обращает внимания, что у тех же кочевников было имя Хулагу (чем этот вариант хуже Хельги?), а у наших соседей болгар и вовсе встречается имя Олгу!

Была найдена древняя надпись, относимая к 904 году и посвященная некоему Феодору Олгу Тракану! Тракан, таркан, тархан – это распространенное тюркское воинское звание/титул типа тысячника (упоминается во многих источниках, названия городов Астрахань и Тматорокань скорее всего связаны с этим термином). Феодор – это, очевидно, христианское крестильное имя военачальника, а Олгу – его родное языческое! Болгары – наши близкие соседи. И имя Олг вполне могло быть заимствовано от них. Эта версия намного логичнее, чем совершенно искусственный вариант с Хельги.

Часто упоминается, что аналогия с Хельги – женское имя Хельга, превратившееся у нас в Ольгу. Здесь очень интересно то, что ни один (!) скандинавский источник, неплохо знакомый с киевскими князьями, никакой Хельги не знает вовсе. Зато одна из саг называет имя княгини при дворе князя Владимира – Аллогия, которую характеризуют как «мудрейшую из женщин». Напомним, что Ольга была бабушкой Владимира. Впрочем, не факт, что Аллогия обязательно тождественна

Ольге, но саги упоминают бабушку Владимира, и почему-то не называют ее именем Хельги.

Наконец, есть версия, что имена Игорь, Олег, Глеб – это исконные славянские имена. И эта версия тоже ничем не хуже других. К ней склонялся, в частности, еще польский лингвист С. Роспонд.

И наконец – самый главный аргумент. По археологическим источникам не наблюдается никаких следов скандинавов в Киеве до 20-х годов 10-го века. Если принять традиционную хронологию, то получится, что ни Олег, ни Игорь скандинавами быть не могли. А ведь русский каганат известен задолго до Игоря, Олега и даже «призвания» Рюрика – с 839 года!

Так что все эти версии норманистов трещат по швам. Вот они и притягивают сомнительные трактовки ДНК-исследований, при этом в статьях о гаплогруппах они ссылаются на все те же давным-давно опровергнутые «аргументы» о Рослагене и т.д.

### **Ответный комментарий третьего читателя:**

Имя Игорь очень распространено в бывшей Югославии. Как бы немного не Скандинавия. На Руси имя Ингвар использовалось параллельно Игорю (Ингварь Игоревич), то есть не смешивалось. Олег не более скандинавское имя, чем былинный Вольга.

### **Вопрос читателя:**

Спасибо автору за статью! Написано очень доступно. Единственное, что я не могу понять, так это почему N1c1-L550 Вы называете славянской? Ведь кроме северных русских популяций, у других славян она встречается крайне редко. Реже чем, например, R1a, I1b, E3b и даже кельтская R1b.

### **Ответ:**

Славянской я назвал эту ветвь по целому ряду причин, которые достаточно подробно пояснил в самой статье. Если вы посмотрите выше, то увидите ступенчатую диаграмму субкладов гаплогруппы N. В ней вы найдете субклад L550 (южно-балтийская ветвь), от которого отходит субклад L1025 (восточно-европейская ветвь). Как вы понимаете, и тот, и другой – субклад L550, как и тот, и другой – гаплогруппа N. В обоих доминируют славянские фамилии, что логично, второй субклад – потомок первого. Это легко проверить по данным рис. 5 статьи. В правой верхней части – субклад L550, там – русские князья. В левой части – опять славянские фамилии, там субклад L1025, потомок первого.



Далее, характерным признаком обоих субкладов является шестерка аллелей 9-9, 14-14-15-15, это я тоже пояснил в статье. Эта шестерка – и у князей, и у славян всей левой части дерева. То же показано и объяснено на рис. 4 статьи.

Далее, термин «славянский» многих запутывает. Обычно этот термин употребляется в лингвистическом контексте. И тогда встает вопрос – а причем здесь гаплотипы? Ответ – не при чем, потому что я употребляю термин «славяне» в контексте происхождения популяций. Язык у них обычно тоже славянский, но не всегда. Уехал древний славянин в Швецию, стал шведом. А гаплотип – славянский, с той самой шестеркой, которая и у князей, и у многочисленных украинцев, белорусов, русских, поляков... Ну почему же не славяне? Я вот в США живу, и, тем не менее – русский и славянин. И над норманофилами посмеиваюсь. Хотя, если по языку, большую часть дня – то получаюсь англосакс. Вот поэтому ДНК-генеалогия оперирует происхождением, а не языками. За исключением специальных случаев.

В той самой группе русских князей (справа наверху на дереве) неподалеку сидит несколько гаплотипов, причем сидит не компактно, а рассеянно, со скандинавскими фамилиями. А шестерка аллелей – славянская. Норманофилы просто на стенку лезут, мол, смотрите, шведы и финны, их кластер! То, что там русские, причем по численности больше, они видеть не хотят. Некто Муковников сидит в паре со шведом, это даже не ветвь, а непонятно что. Компьютер такие одиночные гаплотипы пристраивает от отчаяния куда угодно, лишь бы пристроить. Надо же куда-нибудь, дерево гаплотипов – круглое. Вот он и пристроил их двух по соседству. Так Муковников просто обмирает от желания хоть немного побыть шведом, хотя своей родословной не знает. То, что у его соседа-шведа славянские корни, ему думать не хочется. Драйва нет. Вот шведом побыть – драйв есть. Хочется хоть в предках, но иностранцами побыть.

Теперь к вашему основному вопросу. Задан он в крайне неудачной форме. У нас на Форуме такие вопросы называют ля-ля. И вот почему. Есть позитивная форма вопроса, и есть негативная, некорректная. Позитивная форма была бы, если бы вы взяли *все* гаплотипы L550 из баз данных, выписали фамилии *всех*, и рядом выписали те самые шестерки аллелей, а также, если угодно, другую «подпись» в их гаплотипах. И сказали бы – вот, посмотрите, нет там славян, или очень мало. Почему вы называете L550 славянской, когда там большинство шведов (например)? Или австралийских аборигенов. То есть если бы вы проделали *сами* работу, и получили явное противоречие с моими данными. Тогда бы

мне крыть было нечем. Понимаете, как надо? А я именно эту работу сам провел, потому и уверен в данных и своих выводах.

А вы спрашиваете, мол, не могу понять... Да потому что не поработали, данные не проанализировали, ответ не выстрадали. И далее, о том, что встречается якобы редко. Повторяю, вы данные *сами* смотрели? Где они? Почему не показываете, что редко? Откуда вы взяли, что они реже, чем «E3b» (такой вообще нет в современной номенклатуре), «I1b», R1b? На каких территориях? Да и какое это вообще имеет значение? Где данные по последнему утверждению, почему не показываете? Откуда вы все это взяли? А то, что N1c1-L550 меньше, чем R1a – слава Богу, глаза открыли. В среднем по России – да. А на севере России есть места, где N1c1 побольше будет, чем R1a. Так что опять нечетко. Неконкретно. Нельзя так вопросы задавать. Это не вопросы, а неверные утверждения.

### **Вопрос читателя:**

Читаешь всё это, и становится как-то не так. Ну ладно, когда спорят чайники и приходят к смешным выводам. Но когда учёные, используя одни и те же факты, приходят к совершенно противоположным выводам... Кому вообще верить!? Хотите, Рюрика скандинавом сделаем. Другие напрочь этого не хотят – пожалуйста, будет славянин. И при этом приводятся горы якобы научных доказательств. Может, вообще не доверять горе ДНК генетике.

### **Ответ:**

Добро пожаловать в науку – хотя, впрочем, по вопросу ясно, что задавший его к науке отношения не имеет.

Пример – я профессионально занимаюсь (молекулярно-биологическими и биомедицинскими) причинами раковых заболеваний, и там – «используя одни и те же факты» – имеется больше сотни разных теорий происхождения рака. Что делать будем? Науку разгонять? Раковых больных на улице выставим?

Во-первых, никогда не используются «одни и те же факты», кто-то знает больше фактов, кто-то меньше, кто-то за факты принимает интерпретации, кто-то – подтасовки и жульничества (бывает и такое, человек слаб к соблазнам, и в этом отношении ученые – те же люди, что и другие, просто они волею судеб и своей волей выучились в институте, а «нутро» осталось тем же). Талант ученого – высветить основные закономерности, выбрать их из горы противоречащих сведений, подтасовок и фантазий, необоснованных «интерпретаций», провести оптимизацию вариантов решений, и выбрать наиболее оптимальный вариант. Он никогда не будет окончательным, потому что завтра

появятся новые данные, которые нужно будет принять к сведению и подправить, построив новый «оптимальный вариант».

Наука развивается бесконечно, поэтому понятие «истины» в науке нет. Есть «общепринятые концепции», которые рано или поздно взрываются новым знанием. Поэтому понятие «консенсус», которым любят оперировать «ученые» с лаборантским строением мозга, не является научным понятием. Это – «временная договоренность», не более того, и то, как правило, декларируемая начальником от науки по своим научно-политическим соображениям. «Консенсус», как правило, означает, что «мы тут с Петром Ивановичем договорились, а кто не согласен, им же хуже». Те же люди с лаборантским строением мозга придумали позорное словечко «фрик», что по сути означает «тот, кто думает иначе, чем консенсус». Или, чаще – «тот, кто думает по-другому, чем я». «Фриками» не так давно в СССР были генетики и кибернетики, «фриками» были противники Т. Лысенко. «Фриками» были сотни и тысячи ярких имен в науке, многие – посмертно.

Не знаю как кто, а я от всей души презираю тех, кто произносит слово «фрик», и при этом не показывают детально и обоснованно, в чем проблема, не разбирают построений того, кого они бесстыдно оскорбляют, и сами не продвигают этим разбором знание. Произносящие «фрик» – это сама посредственность, «серые» в терминологии братьев Стругацких.

### **Продолжение вопроса читателя:**

К науке я действительно не имею никакого отношения. Во всяком случае, к ДНК генетике точно. Меня больше интересуют исторические факты. И как эти факты соотносятся с выводами генетики. Кем тогда, по-вашему, являются так называемые Русы. К примеру, в договорах руси с греками упоминаемые послы почти поголовно носят неславянские имена. Так кем же тогда они были?

### **Ответ:**

Очень хорошо, что вас интересуют исторические факты. Но я только что ответил, что понятие «факты» каждый раз нуждается в осмыслении. Что за факты, кем получены, как вы их интерпретируете? Вы хотите узнать, кем являлись «так называемые Русы». Так вот, «так называемых» фактов не бывает. И вообще, Русы – это этническая идентификация, причем у историков спорная, дискуссионная. Более того, этническую идентификацию к генетике не свести. И тогда вообще непонятно, что конкретно вы хотите узнать, и что хотите от генетики в данном отношении. С моей стороны хотелось бы узнать, как вы себе представляете прямой ответ на вопрос о Русах в рамках «выводов

генетики»? Что, у кого нуклеотид такой-то, то он Рус?

Теперь об именах. Действительно, в договорах и посольских документах мы видим целый калейдоскоп этимологии имен – и славянские, и тюркские, и балтийские. Ну и что? Что эти имена означают? Например, сейчас бы это звучало так:

Мы, купцы русские, Усманов, Алекперов, Фридман, Вексельберг, Михельсон, Хачатуров, Дерипаска, Хан, Махмудов, Гуцериев, Керимов, Авен, Скоч, Илиев, Нисанов, Березовский, Абрамович, Ходорковский, Миллер, Прохоров...

И что, это было бы свидетельством, что все они основатели земли Русской? Или хотя бы их потомки?

Вернемся к Русам. У меня в домашней библиотеке есть книга-двухтомник на сербском языке, под названием «Историја Срба и Руса», издания 2010 года, общий объем – более 1100 страниц. История Сербии и Балкан вообще вся испещрена древнеславянским словом Рус. У него – древняя история, далеко выходящая за времена послов, о которых вы упоминаете. Так какие факты вы хотите рассматривать, говоря о Русах?

У меня об истории Русов есть свои соображения, которые я приводил в дружеской дискуссии с Л.П. Грот, здесь же, на Переформате. Советую почитать: <http://pereformat.ru/2013/02/otvet-klyosov/>

### **Комментарий историка Лидии Грот:**

*Совершенно согласна с мнением А.А. Клёсова: «Финнов совершенно напрасно пристегивают к истории северного региона России. Будем надеяться, что это искажение русской истории будет исправлено пересмотром этих ошибок, причем пересмотр будет проводиться при активном рассмотрении данных и выводов ДНК-генеалогии».*

Данное искажение истории Русского Севера я пытаюсь исправлять в своих последних статьях. Я начала развивать собственную концепцию после того, как выяснила, что нынешний подход по «пристегиванию» финнов пришел в науку вместе с норманизмом и является его молочным братом, ибо напитан той же грудью шведского утописта от истории Олофа Рудбека ([Происхождение Руси и культ солнца](#) и др.). То есть, проще говоря, «сплошного финно-угорского мира» на севере Восточной Европы, существовавшего там якобы до расселения восточноевропейского славянства уже во втором тысячелетии, никогда в живой истории не было, эта картина – часть норманизма. Поэтому совсем не случайно мотив о том, что славяне, то бишь русские появились в центре и на севере Восточной Европы очень поздно (напр. фраза В.

Волкова – [«в России славяне появились вообще недавно, до этого их там не было»](#)) постоянно крутится у всех норманистов. О подлинных истоках этого взгляда – политического, связанного с политикой шведского короля от Смутного времени до Северной войны – я рассказываю [в отдельной статье](#).

Безусловно, при развитии своей концепции я обязательно буду использовать исследования по ДНК-генеалогии. Собственно, я уже начала это делать: работы ААК мне очень помогли для уточнения терминологии и исторических категорий в моих последних статьях по начальному периоду древнерусской истории.

Русы – современники ариев, часть индоевропейского субстрата Восточной Европы и поэтому восточноевропейские насельники. Как русы, с точки зрения исторических фактов, соотносятся с ариями и со славянами, я поясняю в статье [Арии ушли в Азию, русы – остались в Восточной Европе](#) (дискуссия по этому поводу с ААК развивалась [здесь](#) и [здесь](#)). О русах и «балтах» можно посмотреть [здесь](#)

Надеюсь, что эти статьи помогут разобраться с вопросом о том, почему «послы носят неславянские имена». История древних русов – современников ариев – должна начинаться с III тыс. до н.э. А «славянские» имена начинаются, наверняка, с VI в. н.э., со времени формирования современной славянской семьи языков – так сейчас принято в науке. Поэтому «славянские» имена – это имена, которые понятны современным носителям славянской семьи языков, а которые непонятны, то они и «неславянские». Но ведь носители индоевропейского субстрата, в частности, древние русы нарекали себя именами и в III тыс. до н.э. Однако одни их имена дожили до современности, другие – остались во глубине времен. Среди древнерусских летописных имен очень много таких реликтовых имен древнего индоевропейского именованослова Восточной Европы. Типичным примером является имя Кол – есть в договоре князя Игоря, но также входит как часть имени в скифский, венгерский, чешский, польский именованословы, причем именованословы правителей. Я рассматриваю это имя в статьях [Происхождение Руси и культ солнца](#) и [Кем были первые солнцепоклонники Евразии](#).

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Part 52

**Anatole A. Klyosov**

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

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

### LETTER 175

New criteria have been just published on which novel SNP are “legitimate” to be added to the SNP list.

[http://www.isogg.org/tree/ISOGG\\_SNP\\_Requirements.html](http://www.isogg.org/tree/ISOGG_SNP_Requirements.html)

According to the criteria, if a novel SNP is identified (“tested positive”) in two individuals, the following things are necessary or not necessary:

- surnames do not matter,
- “Infinite Alleles Model” should be used, according to which multi-step mutations at a marker are counted as one mutation,
- all markers tested must be compared,
- For 74 markers or less, minimum number of mutations between the two haplotypes is 7
- For 75 markers or more, minimum number of mutations between the two haplotypes is 10% (for example, minimum 11 mutations between two 111 marker haplotypes)

What do you think about it?

### MY RESPONSE:

As I understand, the principal requirement is that the two individuals in which novel SNPs are found, should not be close relatives, otherwise the SNPs might be private ones. The system wants the novel SNPs to embrace a rather wide group of people, to be classified as a “subclade”, not a “common family”.

For example, 7 mutations between two 67 marker haplotypes result in  $7/0.12 = 58 \rightarrow 62$  generations, or 1550 years between the haplotypes. With the same (new) SNP their common ancestor lived  $1550/2 = 775$  years ago. In other

words, a new subclade is permitted to be as young as 775 years back, that is the 13<sup>th</sup> century AD.

11 mutations between two 111 marker haplotypes results in  $11/0.198 = 56 \rightarrow 60$  generations, or 1500 years between the haplotypes. With the same (new) SNP their common ancestor lived  $1500/2 = 750$  years ago. It is also the 13<sup>th</sup> century AD.

Typically, in such young lineages multi-step mutations are very unusual, if they are random. They can happen, however, as a single event. For example, in Ballantyne et al (2010) study, in nearly 1800 father-son pairs 924 mutations were found at 186 STR markers (66 markers of those 186 were not mutated, in other words, only 120 markers were mutated at least once), and 30 loci of those showed multi-step mutations in one generation (about 3% of all cases). Of those 30 multi-step mutations 25 were double-step, 3 were triple-step, 1 was quadruple-step, and 1 was quintuple step mutation. Most of them were losses, not gains in alleles.

What is obvious in one-generation study, is not so obvious when you compare two haplotypes, particularly peppered with mutations. With young haplotypes, such as 750 years from their common ancestor, the situation is also rather easy – if they contain two- or three-step mutations, particularly at “slow” markers, those clearly can be considered as one mutation. With older haplotypes, rules of DNA genealogy recommend consider ALL mutations as random ones. Otherwise we will underestimate the TMRCA of the haplotype dataset.

## LETTER 176

I have obtained my Geno 2.0 test results and made them public, by transferring them to FTDNA. As you well know from our preceding correspondence, I am R1a-L664+. What do you say?

CTS10168+, CTS1034+, CTS10362+, CTS10436+, CTS10627+, CTS10713+, CTS10738+, CTS109+, CTS11085+, CTS11358+, CTS11411+, CTS11454+, CTS11575+, CTS11720+, CTS11726+, CTS11734+, CTS11844+, CTS12173+, CTS125+, CTS12632+, CTS1619+, CTS1996+, CTS2080+, CTS2223+, CTS230+, CTS2447+, CTS2907+, CTS295+, CTS3135+, CTS3234+, CTS3331+, CTS335+, CTS3358+, CTS3431+, CTS3536+, CTS3548+, CTS3647+, CTS3654+, CTS3662+, CTS3763+, CTS3868+, CTS3914+, CTS3996+, CTS4276+, CTS4364+, CTS4368+, CTS4437+, CTS4443+, CTS4623+, CTS4714+, CTS4740+, CTS477+, CTS5164+, CTS5318+, CTS5457+, CTS5458+, CTS5532+, CTS5580+, CTS5884+, CTS6010+, CTS6135+, CTS6353+, CTS6383+, CTS6384+, CTS6800+, CTS6891+, CTS6907+, CTS7453+, CTS7492+, CTS7859+, CTS7922+, CTS7933+, CTS7951+, CTS8008+, CTS8133+, CTS8178+, CTS8243+, CTS8244+, CTS8851+, CTS8980+, CTS9096+, CTS947+, CTS9512+, CTS9548+, CTS9596+, CTS9828+, F1046+, F1050+, F1088+, F115+, F1173+, F1209+, F1221+, F1300+, F1302+, F1320+, F1327+, F1329+, F1369+, F1704+, F1707+, F1714+, F1753+, F1754+, F1767+, F1769+, F180+, F1808+, F1831+, F1833+, F1842+, F1870+, F1882+, F2000+, F2048+, F2075+, F211+, F212+, F2137+, F2142+, F2150+, F2155+, F2177+, F2215+, F2223+, F2234+, F2402+, F2494+, F2503+, F2546+, F2587+, F2631+, F2684+, F2688+, F2710+,

F2837+, F2845+, F2887+, F29+, F2901+, F2932+, F2948+, F295+, F2957+, F2985+, F2993+, F3035+, F3039+, F3111+, F313+, F3136+, F3159+, F317+, F3185+, F3187+, F3194+, F3197+, F3225+, F33+, F332+, F3335+, F3337+, F3364+, F3394+, F3397+, F3398+, F344+, F3455+, F3466+, F3551+, F3556+, F356+, F3570+, F359+, F3644+, F3650+, F3692+, F375+, F378+, F3948+, F3965+, F4+, F4099+, F4131+, F4277+, F47+, F506+, F556+, F63+, F640+, F647+, F652+, F671+, F719+, F82+, F83+, F830+, F842+, F869+, F886+, F889+, F910+, F928+, F93+, F942+, F943+, F947+, F969+, F989+, L122+, L132+, L145+, L146+, L15+, L16+, L168+, L350+, L366+, L457+, L468+, L470+, L471+, L477+, L493+, L498+, L515+, L516+, L517+, L552+, L566+, L594+, L62+, L63+, L664+, L721+, L747+, L768+, L779+, L781+, L82+, M139+, M168+, M17+, M207+, M235+, M263+, M294+, M417+, M42+, M45+, M459+, M512+, M526+, M89+, M94+, P128+, P131+, P132+, P135+, P136+, P138+, P14+, P141+, P145+, P146+, P148+, P151+, P158+, P159+, P160+, P166+, P187+, P207+, P225+, P226+, P228+, P229+, P230+, P232+, P233+, P235+, P236+, P237+, P238+, P240+, P242+, P243+, P244+, P245+, P280+, P281+, P282+, P283+, P284+, P285+, P286+, P295+, PAGES00007+, PAGES00083+, PF1016+, PF1029+, PF1031+, PF1040+, PF1046+, PF1061+, PF1092+, PF1097+, PF110+, PF1203+, PF1269+, PF1276+, PF15+, PF192+, PF210+, PF212+, PF223+, PF234+, PF258+, PF2591+, PF2593+, PF2599+, PF2600+, PF2608+, PF2611+, PF2615+, PF2624+, PF263+, PF2631+, PF2643+, PF272+, PF2745+, PF2747+, PF2748+, PF2749+, PF2770+, PF278+, PF292+, PF316+, PF325+, PF342+, PF4208+, PF4330+, PF500+, PF5061+, PF5465+, PF5468+, PF5471+, PF5851+, PF5853+, PF5854+, PF5865+, PF5869+, PF5871+, PF5882+, PF5886+, PF5887+, PF5888+, PF5953+, PF5956+, PF5957+, PF5964+, PF5965+, PF5982+, PF6007+, PF601+, PF6063+, PF6145+, PF6151+, PF6159+, PF6165+, PF6167+, PF6169+, PF6170+, PF6210+, PF6211+, PF6214+, PF6215+, PF6216+, PF6218+, PF667+, PF6868+, PF719+, PF720+, PF725+, PF7392+, PF7530+, PF7540+, PF7542+, PF779+, PF796+, PF803+, PF815+, PF821+, PF840+, PF844+, PF892+, PF937+, PF951+, PF954+, PF970+, V186+, V189+, V205+, V52+, V9+, YSC0000067+, YSC0000176+, YSC0000179+, YSC0000182+, YSC0000186+, YSC0000201+, YSC0000205+, YSC0000207+, YSC0000227+, YSC0000230+, YSC0000232+, YSC0000233+, YSC0000251+, YSC0000270+, YSC0000279+, YSC0000288+, Z148+, Z191+, Z365+, Z85+

## MY RESPONSE:

Thank you for your Geno data. As you know, most of your SNP pattern features were expected, such as L664+, and lack of most of R1a younger subclades. However, several SNPs in your dataset are clearly conflicting with "common sense". For example, you do not have SRY10831.2 and M198. In other words, you are not R1a. Well, we all know that you are.

Then, you are L366+, according to GENO, which is a downstream of Z280. You cannot possibly be there. First, L664+ is not there, second, you are Z280- and it should be.

Overall, I have seen it before and see it now, that Geno is not quite reliable. I wonder if it is a machine error or a human error.

## CONTINUATION:

Yes, indeed, I am not shown as positive for SRY10831.2 and/or M198, but I do have M459+ which is an equivalent SNP. Indeed, they do show me as L366+. I agree that can not be right. I am looking at the new revised FTDNA Draft Tree



as posted by Thomas Krahn. It seems there is allot of uncertainty at the present.

I show positive for the following SNPs in the R tree: (R) M207+, (R1) P233+, (R1a) L62+ & L63+, (R1a1) M459+, (R1a1a) M17+, (R1a1a1) M417+ & Z85+ & page 00007+. I am also L664+ That is how I compare against the current R draft tree.

What is strange is the haplogroup tree they show for me on the NG Geno 2.0 site. It shows the following SNP's in my line: M42, M168, M89, P128, M45, M207, P231, M417, M17. I am shown as positive for all of them except P231 (R1), but I do have P233+, the equivalent to P231.

They say my haplogroup is R-M17. That would seem to imply M17 is my terminal SNP and downstream from M417. I sent an email to FTDNA and pointed out I should be R-M417 (R1a1a1) on Geno 2.0 because that is how I am shown on my haplotree page on their site.

#### **MY RESPONSE:**

As you certainly see, Geno 2.0 did not bring you any real surprises, except a couple of doubts in its reliability. However, it is probably good to have the results. Just to have them, for the record.

I value Geno 2.0 (and similar type of data) when they solve a puzzle which bothered scientists (and "plain" individuals) for some time, and thereby advance science in a certain direction. If it did in your case, good for you. What I do not like in Gene 2.0 "universe" is that its creators start to operate with ethnicities, and calculate "Neanderthal" and "Denisovan" components, percent-wise, as well as "Amerindians", etc. ". This is a strictly commercial approach, and a counterscientific one. It seems, though, that "people" like it and get excited about it. I seriously doubt the science of it.

To me, it is like the Gypsies predict fortune from a palm of your hand, but in a more technically sophisticated way.

Well, if people get kick out of it, why not?

Best regards,

#### **LETTER 177**

I would like to upgrade my FTDNA test results for Z280, Z284, Z93, and Z283, but cannot find at the FTDNA site how to do it. The site brings me to my account page, and suggests to select SNPs highlighted in orange. However, I

do not see those SNPs there which I would like to order. Please advise how can I find them.

**MY RESPONSE:**

You should go further after the page with "select SNPs highlighted in orange".

On that page ("Advanced SNP Test Ordering"), click on Order An Upgrade in the upper right corner. Then click on "Order an Advanced Test". On the page opened see the window, in which you select "Y DNA" and then click on FIND. The page will open with a long list of SNPs, in which you find all your SNPs to order, that is Z280, Z284, Z93, Z283.

**LETTER 178**

Please, help me to understand better my results by telling me to which subclade of haplogroup **R1b** do I belong. By ethnicity I am pure blooded Serb. So, you can imagine how surprised I was when I got my results, and I can try to guess where my ancestors originated from, only if I use some historical facts.

My ancestors lived in Znepole region on Bulgarian border. If my results belong to some of older subclades it might be connected with history of Roman province Moesia superior, inhabited by Moesian tribes and some Celts named Scordisci. If my results belong to some of the younger clades, that might be caused by settlement of miners from Germany because there was a lot of silver mines in medieval times.

Also, I have read a lot of your articles on genetics and I must say I agree with your theory of Out of Africa origin of haplogroups. Your work on finding R1a and R1b origin in Central Asia and their later successive settlement in Europe from different directions is impressive.

My results are, in the 17-marker order:

13 24 14 11 11-14 12 15 13 31 17 15 19 12 16 12 23

Thanks in advance!

**MY RESPONSE:**

Thank you for your kind words, However, I have to disappoint you. Your haplogroup is too short and too common to make any certain conclusion. The only unusual mutation is 15-31 (in DYS389), while it is typically 13-29 in R1b haplotypes. However, it is not a feature of any known branch, it is your personal mutation (in your lineage). A 17-marker haplotype is not "designed"

to make any assignment to a branch. Imagine, compared to a 67-marker haplotype you miss as many as 50 markers (!).

You have two ways to go. Either test to a number of SNPs, such as P312, U152, U106, U198, L21, etc., or determine the 67-marker haplotype (you still might need to determine some SNPs to clarify the matter).

Regards,