

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

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

**Volume 6, No. 8
August 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

Гаплогруппы и короткие (7-маркерные) гаплотипы Болгарии. <i>А.А. Клёсов</i>	1354
ОСТОРОЖНО, ПОПУЛЯЦИОННЫЕ ГЕНЕТИКИ. <i>Предисловие редактора</i>	1359
Субклад R1a-Z93 среди дравидов Индии (по данным работы Chennakrishnaiah et al "Indigenous and foreign Y-chromosomes characterize the Lingayat and Vokkaliga populations of Southwest India" (<i>Gene</i> , 2013). <i>А.А. Клёсов</i>	1361
Очередной провал популяционных генетиков (во главе с Chris Tyler-Smith) по сопоставлению констант скоростей мутаций по снипам и гаплотипам (по данным работы Wei, Ayub, Xue and Tyler-Smith "A comparison of Y-chromosomal lineage dating using either resequencing or Y-SNP plus Y-STR genotyping" (<i>Forensic Science International: Genetics</i> , 2013). <i>А.А. Клёсов</i>	1374
ДНА-ГЕНЕАЛОГИЯ БАШКОРТОСТАНА	
Two branches of the Kipchaks: Quns-Toksoba and Cumans-Polovtsians <i>В.А. Муратов</i>	1383
История Башкирского ДНК-проекта (Y-DNA). <i>Р.Р. Суюнов</i>	1390
Касожско-ясская подветвь G2a3b1a1b1. <i>Муратов, В.А., Ночевой, М.Ю.</i> .1395	
SUSAN'S CORNER	
TMRCА Methods Study. The Case for DNA Genealogy. <i>Susan M. Hedeem</i> .1411	
История рода Романовых. 1. История рода князя Видевута. 1.1. Новые технологии ДНК-генеалогии. <i>Г.В. Трутнев</i>	1429
У НАС В ГОСТЯХ САЙТ ПЕРЕФОРМАТ (http://pereformat.ru/avtory/)	1473
Суэта погенетиков вокруг генома. <i>А.А. Клёсов</i>	1473
Кто делает из Украины изолированный остров? <i>А.А. Клёсов</i>	1490
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 54, письма 184-187.	1504

Гаплогруппы и короткие (7-маркерные) гаплотипы Болгарии

А.А. Клёсов

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

Балканских гаплотипов и гаплогрупп известно очень мало. Причин к этому несколько – и бедность, и как следствие – отсутствие интереса. Остальное – культурные факторы. Вот несколько примеров – из 2387 67-маркерных R1a-гаплотипов в базе данных IRAKAZ, для которых известна страна происхождения гаплотипов (всего в базе с добавлением гаплотипов США и неизвестного происхождения – 3134 гаплотипа) – всего 6 гаплотипов из Хорватии, 3 из Болгарии (один ветви Z280-BC2 и два M458-CE-2), два из Боснии-Герцеговины, два из Македонии, и один из Сербии.

Для сравнения – в той же базе данных 373 гаплотипов из Польши, 333 из Англии, 257 из России, 229 из Германии, 145 из Шотландии, 107 из Ирландии, 93 из Украины, 75 из Норвегии, 68 из Литвы, 47 из Беларуси, 38 из Чехии, 36 из Венгрии, 6 из Эстонии.

Поэтому, когда мне попала старая статья (Zaharova et al, 2001) со списком из 280 болгарских гаплотипов, пусть только коротких, 7-маркерных, у которых даже гаплогруппы не определяли, я решил на нее посмотреть внимательнее. Конечно, анализировать 7-маркерные гаплотипы без гаплогрупп – удовольствия мало, но, с другой стороны, есть даже азарт – интересно, что получится.

Сама статья – типичное исследование популяционной генетики, которое, как часто в популяционной генетике, и исследованием назвать трудно. Были взяты три группы болгарского населения – болгары, болгарские турки, и цыгане, всего 284 человек (127, 66 и 91 гаплотип, соответственно), четыре гаплотипа не получились, оставшиеся 280 гаплотипов свели в таблицу, и главный вопрос был – насколько различаются гаплотипы у болгар, турок и цыган. Поскольку подразделения на гаплогруппы не было, то, естественно, основные различия были между гаплотипами неидентифицированных гаплогрупп. Иначе говоря, получили кашу, столь типичную для популяционных генетиков. Как результат – все «обсуждение» уместилось в один абзац. Суть «обсуждения» – что цыгане отличаются по гаплотипам от болгар и турок, и что последние две группы тоже отличаются одна от другой. Приведено еще несколько совершенно бесполезных цифр, не имеющих особого смысла, типа что 129 гаплотипов из 280 характерны только для одной из трех популяций.

Можно спросить - ну и что? Да ничего, раз цифру можно технически определить, то почему бы и нет? Популяционная генетика.

Взглянем на дерево всех этих 280 гаплотипов, которое представляет собой типичное разнородное дерево с многочисленными вкраплениями молодых ветвей, имеющих вид гребенок, коротких и подлиннее. Это - базовые гаплотипы молодых ветвей. Длина гребенки зависит от двух факторов - возраста общей ветви (в которую входит гребенка) и ее многочисленности. Чем ветвь многочисленна и моложе - тем длиннее гребенка. Они помогут нам определить гаплогруппы, в которых находятся ветви.

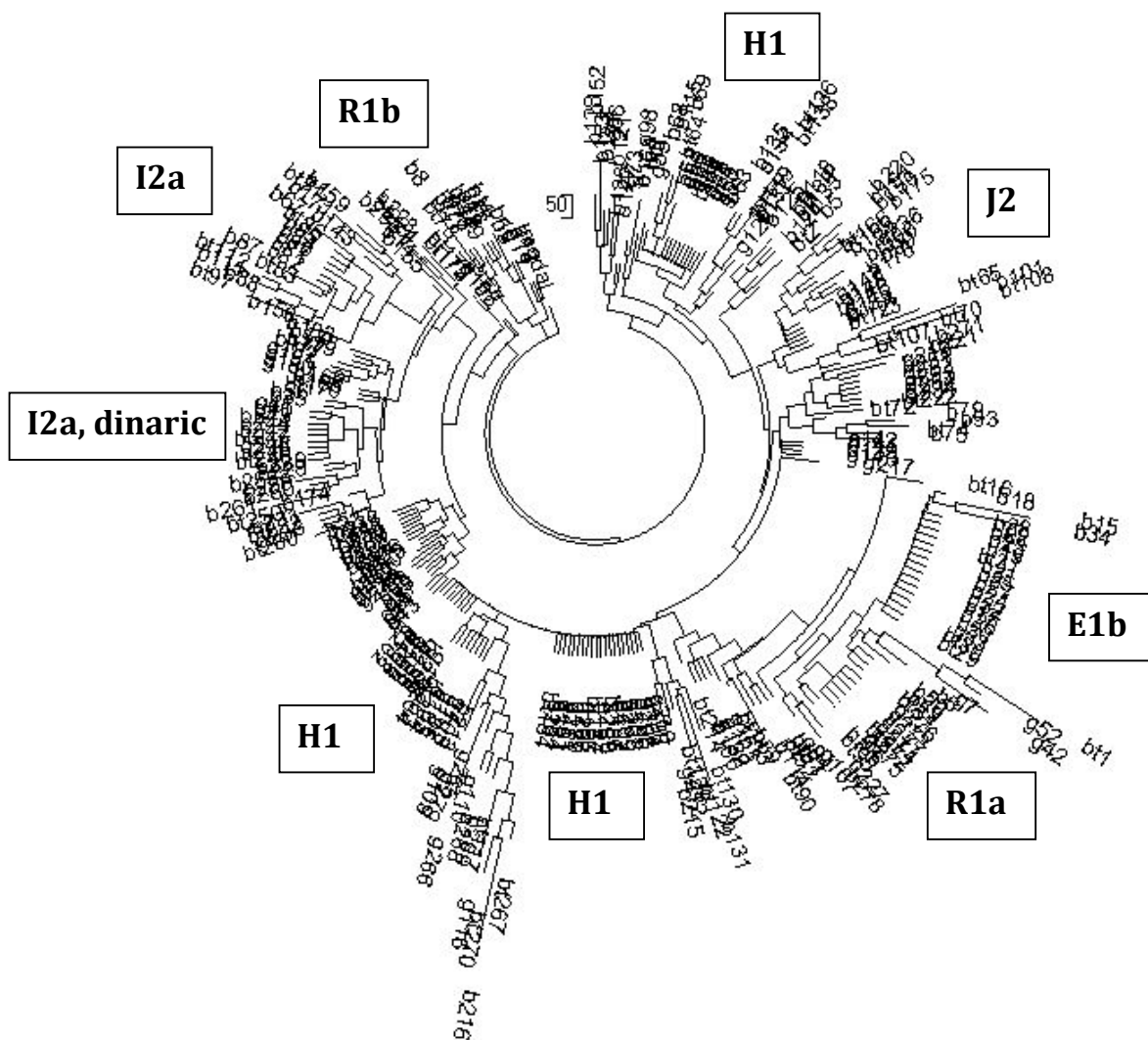


Рис. 1. Дерево 7-маркерных болгарских гаплотипов - этнических болгар, болгарских турок, и болгарских цыган. Всего на дереве 280 гаплотипов. Показаны гаплогруппы некоторых ветвей.

Первая серия из 10 базовых гаплотипов (в формате DYS 393, 390, 19, 391, 389-1, 392, 389-2) – в верхней правой части дерева:

13 22 14 10 12 11 16

Это – типичная структура коротких гаплотипов гаплогруппы H1. Например, в книге «Происхождение славян и других народов» (2011) [<http://aklyosov/home.comcast.net>] на стр. 258 приведен базовый индийский гаплотип группы H1 (в 6-маркерном формате, с добавлением DYS388 = 12)

12 22 15 10 12 12 11 X

и такой же гаплотип болгарских цыган с возрастом 550 лет. Действительно, из 10 гаплотипов «гребенки» восемь – болгарских цыган. Всего в ветви 11 цыганских гаплотипов, из них 8 – базовые. Это дает $[\ln(11/8)]/0.013 = 24$ поколения по 25 лет каждое, или 600 лет до общего предка этой группы цыган в Болгарии. Так в целом и должно быть.

Следующая ветвь по часовой стрелке – гаплогруппы J2. Базовый гаплотип (гребенки)

12 23 15 10 13 11 16

В ней из пяти гаплотипов трое цыган, один болгарин и один болгарский турок. В ветви – 16 гаплотипов, что дает $[\ln(16/5)]/0.013$ – примерно 2450 лет до общего предка.

Далее по часовой стрелке – длинная гребенка из 17 базовых гаплотипов

13 24 13 10 13 11 17

Это – гаплогруппа E1b.

Следующая небольшая гребенка из шести базовых гаплотипов, из которых пять – цыгане, относится к субкладу R1a-M458 (Rozhanskii & Klyosov, 2012):

13 24 17 10 13 11 17

Действительно, из независимых источников известно, что европейские цыгане (в частности, венгерские) во многом имеют этот субклад (Клёсов, 2012а, анализ данных статьи Ramjani et al., 2012). Их базовый гаплотип в том же 7-маркерном формате

13 25 17 10 13 11 17

Далее, в нижней части дерева – длинная гребенка из 28 базовых гаплотипов

12 22 15 10 14 11 16

Это – тоже гаплогруппа H1, только, видимо, другой субклад. По строению ветви видно, что ветвь совсем молодая. Из этих 28 базовых гаплотипов 24 – цыганские. Да и прочие гаплотипы ветви почти все цыганские. В итоге из 42 гаплотипов ветви с 28 базовыми имеем $[\ln(42/28)]/0.013 = 31 \rightarrow 32$ поколения, то есть 800 лет до общего предка. В ту же ветвь в виде вкрапления входит малая гребенка из пяти одинаковых гаплотипов, все цыганские:

12 22 14 10 14 11 16

Посередине этой ветви возвышается составная ветвь, в которой четыре гаплотипа цыган, и шесть гаплотипов болгар и болгарских турок. Вряд ли эту ветвь целесообразно принимать всерьез, с ее фантомным (скорее всего) возрастом 8000 лет.

Слева на дереве – динарская ветвь гаплогруппы I2a, с гребенкой из семи базовых гаплотипов, среди которых ни одного цыганского:

13 24 16 11 13 11 18

Действительно, восточноевропейская динарская ветвь (субклад I2a1b-M423) имеет вид в 12-маркерном формате (Клёсов, 2012b):

13 24 16 11 **11 14 11 13 13** 13 11 18

Здесь выделены маркеры, не входящие в 7-маркерный формат. Поскольку в ветви 23 гаплотипа, имеем $[\ln(23/7)]/0.013 = 92 \rightarrow 102$ поколения, то есть примерно 2550 лет до общего предка динарских гаплотипов. Расчеты по 49-маркерным гаплотипам дали 2350 ± 250 лет до общего предка, то есть то же самое в пределах погрешности расчетов.

В верхней левой части дерева – ветвь гаплогруппы R1b. Там всего три базовых гаплотипа из 18 гаплотипов ветви:

13 24 14 11 13 13 29

Получаем $[\ln(18/3)]/0.013 = 138 \rightarrow 161$ поколение, или примерно 4025 лет до общего предка. Это в целом не противоречит возрасту гаплогруппы R1b на Балканах, которая варьируется между 4000 и 4500 лет в

зависимости от выборки. Среди гаплотипов гаплогруппы R1b нет ни одного цыганского.

Вот так ДНК-генеалогия отличается от популяционной генетики.

Литература

Клёсов, А.А. (2012a) О статье венгерских авторов «Краткое сообщение: Новые бинарные маркеры Y-хромосомы улучшают филогенетическое разрешение внутри гаплогруппы R1a» (Pamjav et al, Am. J. Phys. Anthropol., 2012). Вестник Академии ДНК-генеалогии, 5, № 12, 1552-1564.

Клёсов, А.А. (2012b) Динарская (восточно-европейская) и «островные» ветви гаплогруппы I2a. Вестник Академии ДНК-генеалогии, 5, № 11, 1304-1317.

Pamjav, H., Feher, T., Nemeth, E., Padar, Z. (2012) Brief communication: New Y-chromosome binary markers improve phylogenetic resolution within haplogroup R1a1. Am. J. Phys. Anthropol., DOI 10.1002/ajpa.22167

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9,000 years. Advances in Anthropology, Vol. 2, No. 3, 80-86.

Zaharova, B., Andronova, S., Gilissen, A., Cassiman, J.-J., Decorte, R., Kremensky, I. (2001) Y-chromosomal STR haplotypes in three major population groups in Bulgaria. Forensic Science International, 124, 182-186/

Осторожно, популяционные генетики

Предисловие редактора

Уже не в первый раз Вестник помещает раздел с таким названием. На этот раз в нем производится разбор двух статей популяционных генетиков. Первая представлена коллективом авторов под руководством известного популяционного генетика R.J. Herrera, которые, изучая две популяции дравидов юго-западной Индии, в который раз применили печально известные «популяционные скорости Животовского», которые нанесли академической литературе в области популяционной генетики такой вред на протяжении десяти лет, что он с трудом поддается осмыслению. Десять лет академическая литература с подачи Л. Животовского производит откровенный мусор в том, что касается исторических датировок и их интерпретаций с переносом на историю народов. Все это в корне искажено. В целом датировки завышаются примерно в три раза, но и это нельзя стандартно корректировать, поскольку завышение в каждом случае зависит от конкретного набора гаплотипов, числа ветвей гаплотипов в выборке, их возраста и так далее.

Можно, например, вспомнить публикации, согласно которым вместо датировки популяционного (то есть физического) расхождения христиан и мусульман примерно 1300-1400 лет назад, то есть в 7-8 веке нашей эры в Ливане горе-попгенетики во главе с Spencer Wells и Tyler-Smith (2010) насчитали, что это расхождение произошло 3400 лет назад, то есть за полторы тысячи лет до христианства, не говоря о мусульманстве. Или как эстонские популяционные генетики Кивисилд и Виллемс активно доказывают, что ариев вообще не было, что гаплогруппа R1a появилась в Индии и оттуда ушла в Европу, потому что авторы опять завышают датировки и получают времена общих предков «индоевропейской» гаплогруппы R1a в Индии 12 тысяч лет назад, вместо нормальных 4 тыс лет назад. Или отправление попгенетиками гаплогруппы R1b в Европе во времена вместо 4800-4500 лет назад в 10-15 тысяч лет назад, а то и 30 тыс лет назад – но это уже без расчетов, а «по понятиям».

Эти примеры можно умножать почти бесконечно, ими набита академическая литература за последние десять лет. И вот перед нами еще две статьи, уже 2013 года. В одной, уже упомянутой выше, все датировки завышены в 2.5 – 3 раза, из-за чего все исторические рассуждения авторов не имеют никакого смысла. Они отправляют арийский субклад R1a-Z93 (на самом деле там дочерние субклады L342.2 и L657, как уже давно установлено) вместо датировки 4100 лет назад в 10-12 тысяч лет назад, из чего, естественно, следует, что никаких ариев в Индии не было. Я даже не обсуждаю в статье ниже их, авторов,

безумные интерпретации о том, откуда в обсуждаемых популяциях появилась эта гаплогруппа. Раз датировки принципиально неверные, чего там обсуждать...

Другая статья не менее показательная, и опять там в главных авторах Tyler-Smith. Они для трех десятков мужчин определили снипы, тем самым распределив их по восьми основным гаплогруппам (A, D, E, G, I1, N, Q, R1a, R1b, R2 - с некоторыми субкладами), для каждого определили нестандартный 23-маркерный гаплотип со странным набором быстрых и медленных маркеров, показали, что по снипам общий предок всех 33 человек жил 100 тысяч лет назад, и попытались посчитать, а как получится по гаплотипам. Константы скоростей мутаций взяли из пар отец-сын, и поправку на возвратные мутации, разумеется, не вводили, хотя в статье не раз обсуждают вопрос о «насыщении» мутаций в гаплотипах со временем. Разумеется, получили намного более недавние времена, примерно 18-20 тысяч лет назад, вместо предполагаемых 100 тысяч лет. Потом взяли печально известные «популяционные скорости Животовского», то есть фактически умножили все на 3, и получили, разумеется, предсказуемые 60 тысяч лет до общего предка. При этом написали, что это совпадает со временем выхода предков современного человека из Африки.

Вывод? По мнению авторов, «скорости Животовского» описывают систему лучше всех, и они match, то есть согласуются с расчетами по SNP. Каково? Если это не профанация, то что такое профанация?

В заключение авторы пишут, что они теперь имеют инструмент для оценки времен жизни древних общих предков на основе комбинированного использования Y-SNP и Y-STR, поскольку использование «эволюционных скоростей мутаций» коррелирует лучше всего с данными по снип-мутациям.

Действительно, берегитесь популяционных генетиков.

Субклад R1a-Z93 среди дравидов Индии (по данным работы Chennakrishnaiah et al “Indigenous and foreign Y-chromosomes characterize the Lingayat and Vokkaliga populations of Southwest India” (*Gene*, 2013)

А.А. Клёсов

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

Уже стало общим местом в очередной раз сообщать, что основная и единственная ценность в статьях популяционных генетиков – это приводимые ими гаплотипы и гаплогруппы. Все остальное можно не читать.

Так и на этот раз. Авторы могли бы опубликовать просто одну таблицу с 203-мя 17-маркерными гаплотипами двух дравидских популяций, Лингаят и Воккалига, с разбивкой их по гаплотипам и субкладам, и это было бы хорошо. К сожалению, они стали обсуждать полученные данные, и из этого получился форменный кошмар. Достаточно упомянуть то, что датировки они провели «по Животовскому», и получили, например, возраст гаплотипов R1a-Z93 в тех двух популяциях - 13 тысяч лет, точнее, $13,060 \pm 2,600$ лет. На этом нашу статью уже можно было бы заканчивать, но тогда ценные данные по самим гаплотипам просто пропали бы. Маленький штрих – меня всегда забавляет, когда датировку указывают с точностью до 10 лет (см. выше) при погрешности в тысячелетия, но это следствие того же – полного отсутствия нормальной научной школы. Среди популяционных генетиков это обычное дело.

Еще примечательно, что авторы указывают во введении про разногласия среди популяционных генетиков - ряд авторов связывают миграции индоевропейцев в Индию примерно 3500 лет назад и создание ими высших каст, но другие авторы (Kivisild, 2003) считают, что это было в плейстоцене. Авторы ссылаются и на другие работы, согласно которым общий предок индийских R1a жил более 10 тысяч лет назад (Sahoo, 2006; Sengupta, 2006), но мы-то знаем, откуда у них получились такие датировки – они все считали «по Животовскому», и тем самым превратили свои работы в фактический мусор – опять, не считая таблиц гаплотипов. В итоге авторы обсуждаемой работы объявляют, что данные противоречивы, и нужны новые, независимые данные, и что эта работа их представит... и считают опять «по Животовскому». Беда с этими популяционными генетиками.

Еще характерный штрих. Абстракт завершает фраза, которая завершает дискуссию по статье и затем завершает и статью, что показывает, какое важное значение придают ей авторы. Фраза следующая – «обнаружение древних субкладов F*-M213, H*-M69 и C*-M216 свидетельствует о древних миграциях людей на индийский субконтинент после их выхода из Африки». В одной из этих фраз добавлено «60-75 тыс лет назад». Это вызывает недоумение – причем здесь Африка? Никаких данных про Африку в статье нет. Датировки авторов, даже с заданными «по Животовскому» величинам для указанных трех гаплогрупп составляют F* и H* – 24 и 26 тыс лет, C – не определяли, это единичный гаплотип. Какие там 60-75 тысяч лет? Опять совершенно надуманная фраза авторов, ни на чем не основанная. Беда с этими популяционными генетиками.

Начнем их работу сначала. Это – единственный выход – отбросить то, что они насчитали и наинтерпретировали, и все переделать заново.

Итак, гаплотипы собирали в юго-западном индийском штате Карнатака



Из 203 гаплотипов обеих популяций, Лингаят и Воккалига, гаплогруппы и/или субклады, содержащие в списке в статье более 10 гаплотипов, следующие:

L1-M76	47 гаплотипов
H1a*-M82	30
R2-M124	30
R1a-Z93	28
F*-M213	19

Они в сумме составляют 154 гаплотипа, или три четверти от всех.

Общее дерево гаплотипов приведено на следующей диаграмме.

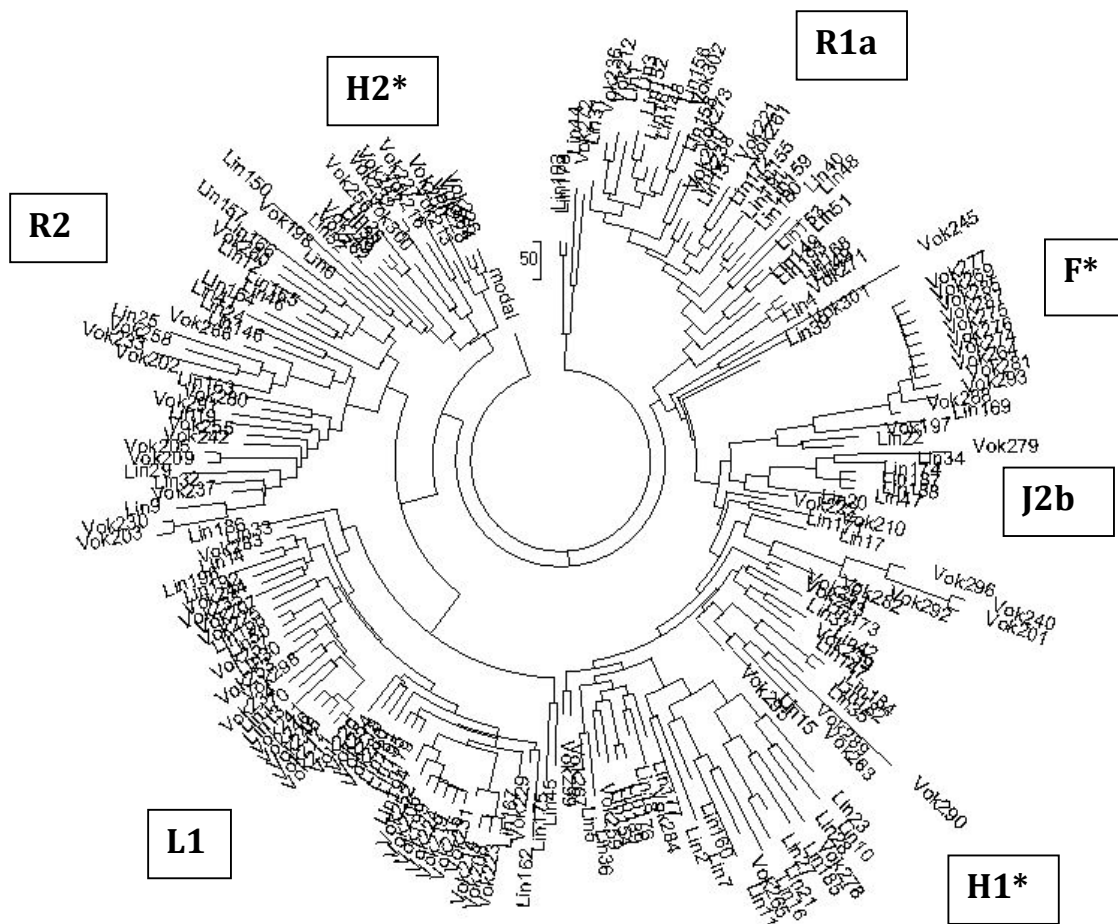


Рис. 1. Дерево из 203 17-маркерных гаплотипов двух дравидских популяций индийского штата Карнатака.

В ряде случаев 17-маркерные гаплотипы на удивление чисто разделяются по ветвям. Видимо, гаплотипы настолько различные, что ветви просто несовместимы друг с другом по структуре гаплотипов. Например, ветвь субклада R1a-Z93 выглядит следующим образом:

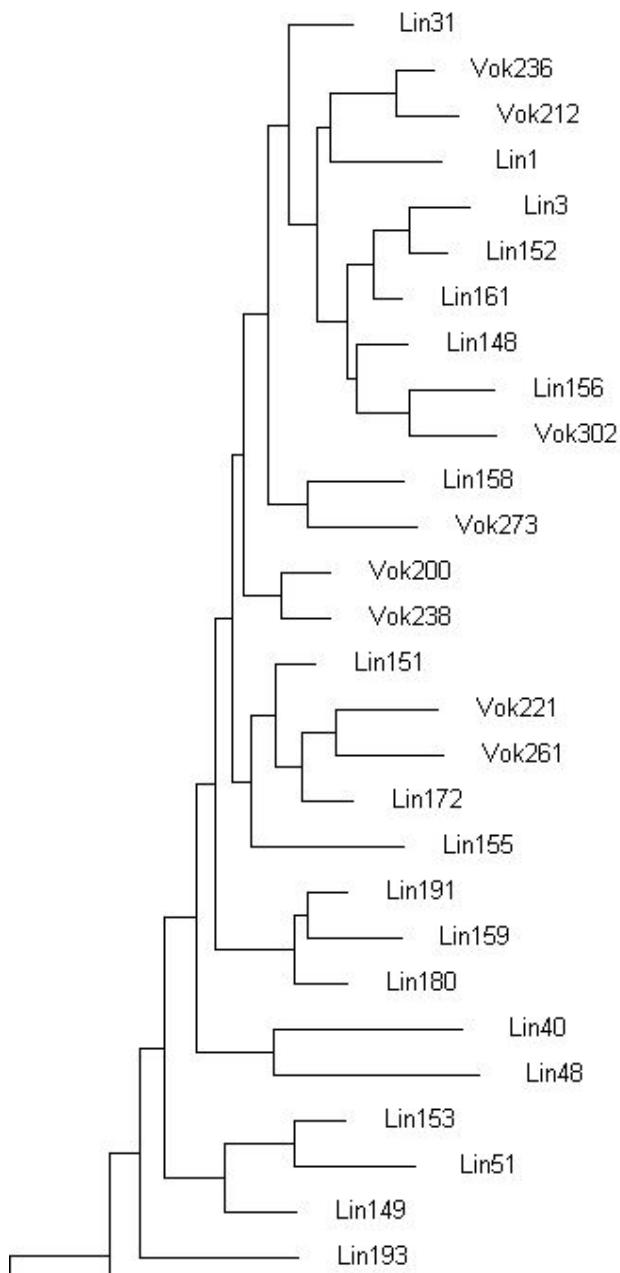


Рис. 2. Фрагмент дерева гаплотипов, приведенного на рис. 1. Показана ветвь субклада R1a-Z93, в которой находятся все 28 гаплотипов субклада, и никакие другие гаплотипы. Видно, что в ветви перемешаны гаплотипы из обеих дравидских популяций, Lin (Лингягт) и Vok (Воккалига).

Здесь – ровно 28 гаплотипов субклада, ни одного лишнего гаплотипа, и ни один гаплотип Z93 не ушел в другие ветви. Все 28 гаплотипов имеют базовый гаплотип (в формате Y-файлера – в левой части пропущены маркеры DYS 426 и 388 по сравнению со стандартом FTDNA, в правой находятся DYS 458, 437, 448, GATA H4, 456, 438, 635):

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

На все 28 гаплотипов имеется 134 мутации, что дает $134/28/0.034 = 141 \rightarrow 164$ поколения, или 4100 ± 540 лет до общего предка. Это – совершенно разумное время для Индии, и показывает, что носители субклада Z93 принесли свои Y-хромосомы с севера, а не «обрубали» их при приходе в Индию примерно 3500 лет назад. Иначе говоря, приход ариев в Индию не сопровождался бутылочным горлышком их популяции, и был относительно массовым. Иначе древнее время общего предка давностью примерно 600 лет до прихода в Индию не сохранилось бы.

Как и следовало ожидать, базовый гаплотип R1a-Z93 несколько отличается от базового гаплотипа L342.2 на западе Русской равнины (на 2.85 аллели, которых на вид четыре, но они все дробные), показанном в том же 17-маркерном формате:

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

Это разводит общих предков на $2.85/0.034 = 84 \rightarrow 92$ поколения, или 2300 лет, и помещает ИХ общего предка (который и должен быть Z93) на $(2300+4100+4900)/2 = 5650$ лет назад. Это практически совпадает с независимой датировкой R1a-Z93 в Европе 5700 лет назад (Rozhanskii and Klyosov, 2012).

Из рис. 2 видно, что в одной ветви перемешаны гаплотипы R1a-Z93 обеих популяций, Лингаят и Воккалига. Так что датировать их отдельно, как делали авторы обсуждаемой статьи, особого смысла не имело. Это – фактически одна популяция.

Коротко остановимся на некоторых других субкладах.

Гаплогруппа F*-M213 (общий предок жил ~ 10100 лет назад, см. ниже)

Гаплогруппа F*, о древности которой сообщали авторы обсуждаемой статьи, на самом деле состоит из нескольких молодых ветвей, но весьма удаленных друг от друга. Самая большая и самая молодая ветвь, которая состоит только из популяции Воккалига (11 гаплотипов), имеет базовый гаплотип (здесь DYS389-2 варьируется в ветвях, поэтому она обозначена как разность DYS 389-II и 389-I)

14 21 17 11 15 20 12 13 11 17 – 18 15 19 12 15 10 23

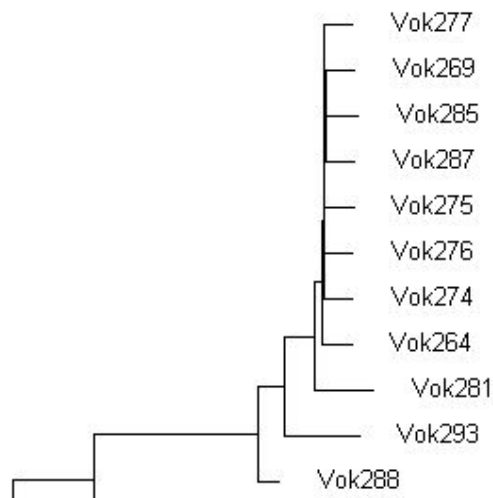


Рис. 3. Фрагмент дерева гаплотипов, приведенного на рис. 1. Показана ветвь субклада F*, в которой находятся 11 гаплотипов субклада, все популяции Vok (Воккалига).

На все 11 гаплотипов – всего 4 мутации, что дает $4/11/0.034 = 11$ поколений, или 275 ± 140 лет до общего предка. Далее, есть один одиночный гаплотип популяции Лингяят

12 22 16 9 15 18 12 14 11 16 – 18 15 18 12 16 10 22

Между ними (показанным выше базовым гаплотипом) – 12 мутаций, то есть $12/0.034 = 353 \rightarrow 535$ поколений, или 13375 лет. Их общий предок жил $(13375+275)/2 = 6825$ лет назад.

Еще два идентичных гаплотипа из популяции Воккалига

13 21 17 10 18 18 13 13 11 17 – 16 15 20 11 15 10 20

Они удалены на 15 мутаций от молодой серии, и на 17 мутаций от одиночного гаплотипа Лингяят. Это – 18825 и 23125 лет между общими предками, соответственно. Их общие предки жили примерно 9600 и 11600 лет назад. Наконец, еще одна смешанная серия обеих популяций имеет базовый гаплотип

13 22 15/16 10 14 17 13 14 11 16 – 15 14 18 13 15 10 23

с общим предком 6450 лет назад.

Если записать полученные базовые гаплотипы в виде матрицы

14 21 17 11 15 20 12 13 11 17 - 18 15 19 12 15 10 23	275 лет
12 22 16 9 15 18 12 14 11 16 - 18 15 18 12 16 10 22	0
13 21 17 10 18 18 13 13 11 17 - 16 15 20 11 15 10 20	0
13 22 15/16 10 14 17 13 14 11 16 - 15 14 18 13 15 10 23	6450 лет

то она содержит 34.5 мутаций, и общий предок жил $34.5/4/0.034 = 254 \rightarrow 338$ поколений, или 8450 лет плюс 1680 лет (средняя величина в крайней правой колонке), то есть примерно 10100 лет назад. Это примерно соответствует попарным расчетам выше. Как видно, это далеко от 24 тысяч лет, как рассчитали авторы «по Животовскому».

Гаплогруппа R2-M124 (общий предок жил ~ 10100 лет назад, см. ниже)

Гаплотипы гаплогруппы R2, как и R1a-Z93, образуют совершенно отдельную тройную ветвь, в которой нет никаких примесей гаплотипов других гаплогрупп (рис. 4). При такой структуре общей ветви считать по всем гаплотипам подряд не совсем корректно, когда размеры подветвей разные. Тогда одна ветвь «подавляет» другие, базовый гаплотип доминирующей подветви «тянет одеяло» на себя, и часто время до общего предка оказывается несколько заниженным. В нашем случае, как показано ниже, оно оказывается заниженным на треть, что немало.

Если действительно считать «чохом», по всем 30 гаплотипам подряд, игнорируя наличие подветвей, то базовый гаплотип оказывается следующим:

14 23 14 10 13 18 10 13 10 16 - 18 16 19 12 15 11 24

На все 30 гаплотипов имеется 241 мутация, поэтому $241/30/0.034 = 236 \rightarrow 308$ поколений, то есть примерно 7700 лет до общего предка. Мы ожидаем, что эта величина занижена. Это и показано ниже.

Проведем рассмотрение отдельных ветвей. Базовый гаплотип первой (снизу на рис. 4) ветви из 8 гаплотипов (отличающиеся аллели отмечены):

14 23 **15** 10 13 **19** 10 **14** 10/**11** 16 - 18 16 19 **11** 15 11 **25**

На все 8 гаплотипов имеется 62 мутации, что дает $62/8/0.034 = 228 \rightarrow 294$ поколений, или 7350 ± 1200 лет до общего предка.

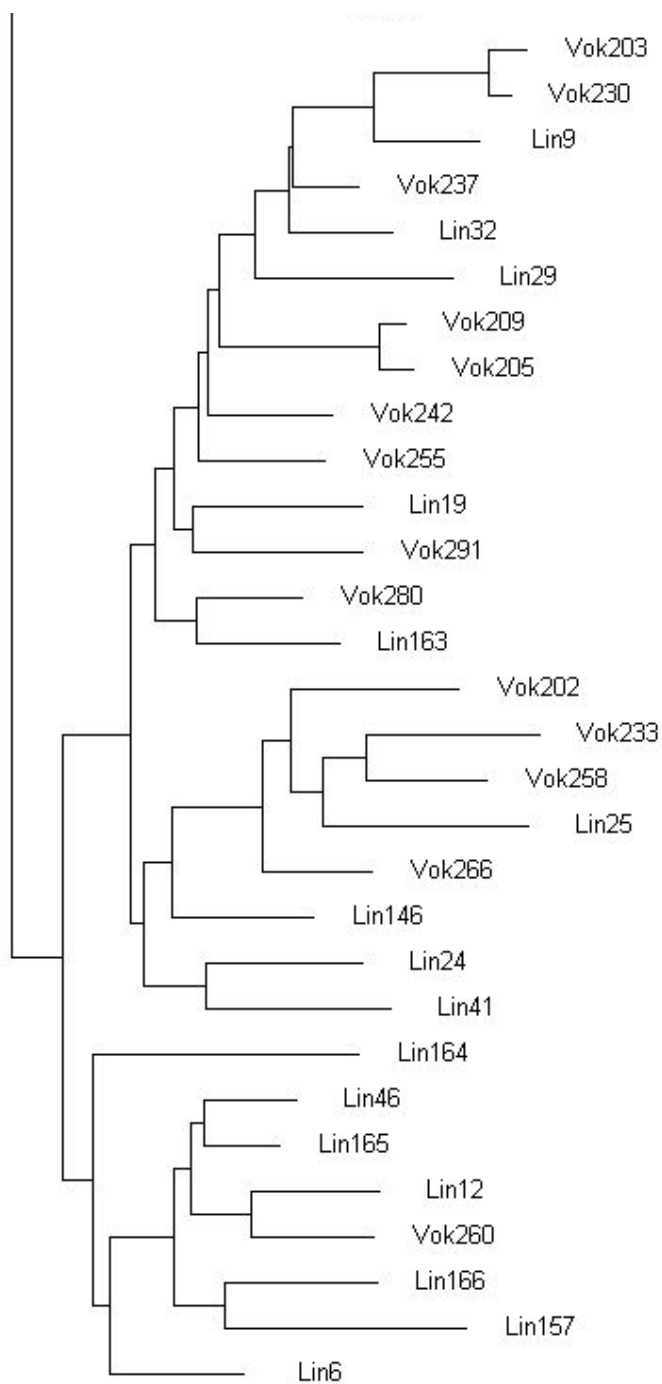


Рис. 4. Фрагмент дерева гаплотипов, приведенного на рис. 1. Показана ветвь субклада R2, в которой находятся все 30 гаплотипов субклада. Видно, что в ветви перемешаны гаплотипы из обеих дравидских популяций, Lin (Лингаят) и Vok (Воккалига).

Базовый гаплотип второй (средней) ветви тоже из 8 гаплотипов:

14 23 14 10 13 **19 12** 13/**14** 10 16 – **19** 16 **18** 12 **14** 11 24

На все 8 гаплотипов имеются 64 мутации, что дает $64/8/0.034 = 235 \rightarrow 306$ поколений, или 7650 ± 1200 лет до общего предка.

Мы видим, что обе ветви имеют практически одинаковый возраст, как они, собственно, и выглядят на диаграмме (рис. 4).

Базовый гаплотип третьей (верхней) ветви из 14 гаплотипов:

14 23 14 10 13 18 10 13 10 16 – **17** 16 19 12 15 11 24

Как мы видим, базовый гаплотип этой самой большой ветви действительно «диктует» базовый гаплотип всей тройной ветви. Единственное отличие в DYS458 (отмечено) на самом деле минимальное, всего в треть мутации. В данной ветви аллель равна 17.43, в усредненной тройной ветви – 17.77. Поэтому округления дали целые числа в 17 и 18, соответственно. Иначе говоря, при подсчетах мутаций в тройной ветви по умолчанию принимают, что эта, третья и самая большая ветвь – предковая, что неверно, как мы сейчас увидим.

На все 14 гаплотипов имеются 82 мутации, что дает $82/14/0.034 = 173 \rightarrow 210$ поколений, или 5250 ± 780 лет до общего предка. Как видим, эта ветвь имеет наименьший возраст.

Теперь применим два более приемлемых метода расчета. В одном сравним гаплотипы по парам, такой метод проще в исполнении, чем считать по общей матрице (см. пример расчета выше). Вторая и третья подветви принадлежат к одной ветви, поэтому их и надо сравнивать. Между ними 4.89 мутаций (хотя на вид – 8 мутаций, но многие из них дробные), получаем $4.89/0.034 = 144 \rightarrow 168$ поколений, или примерно 4200 лет между общими предками обеих ветвей. Их общий предок жил $(4200+7650+5250)/2 = 8550$ лет назад.

Первая ветвь отличается от суммарной второй и третьей ветви на пять мутаций, то есть на $5/0.034 = 147 \rightarrow 172$ поколения, или на 4300 лет. Таким образом, общий предок всей тройной ветви жил $(4300+7350+8550)/2 = 10,100$ лет назад.

Если расписать все три базовых гаплотипа в виде матрицы, то между ними имеются 12.16 мутаций, что дает $12.16/3/0.034 = 119 \rightarrow 135$ поколений, или 3375 лет. К этому следует прибавить усредненный возраст всех трех ветвей (поскольку расчет велся по БАЗОВЫМ гаплотипам, получаем $3375+6750 = 10,125$ до общего предка тройной

ветви. Это практически совпадает с полученной выше величиной 10,100 лет до общего предка. В обсуждаемой статье, разумеется, намного выше – более 20 тысяч лет.

Гаплогруппа L1-M176 (общий предок жил ~ 3575 лет назад, см. ниже)

Гаплотипы гаплогруппы L1, как и R2 и R1a-Z93, образуют совершенно отдельную ветвь (рис. 5), в которой нет никаких примесей гаплотипов других гаплогрупп. Ветвь состоит из двух подветвей примерно одинакового размера (не считая мелких образований), и в таком случае можно считать по всем гаплотипам подряд.

Базовый гаплотип всей двойной ветви оказывается следующим:

11 22 14 10 13 17 13 12 14 28 – 15 15 19 12 15 10 24

Здесь по 12 маркерам обе ветви совпадают, поэтому мутаций по ним мало. Ветви расходятся по пяти маркерам, именно в них основное число мутаций, разделяющих ветви.

На все 47 гаплотипов имеются 200 мутаций, поэтому $200/47/0.034 = 125 \rightarrow 143$ поколения, то есть 3575 ± 440 лет до общего предка. В обсуждаемой статье, естественно, намного выше – более 10 тысяч лет.

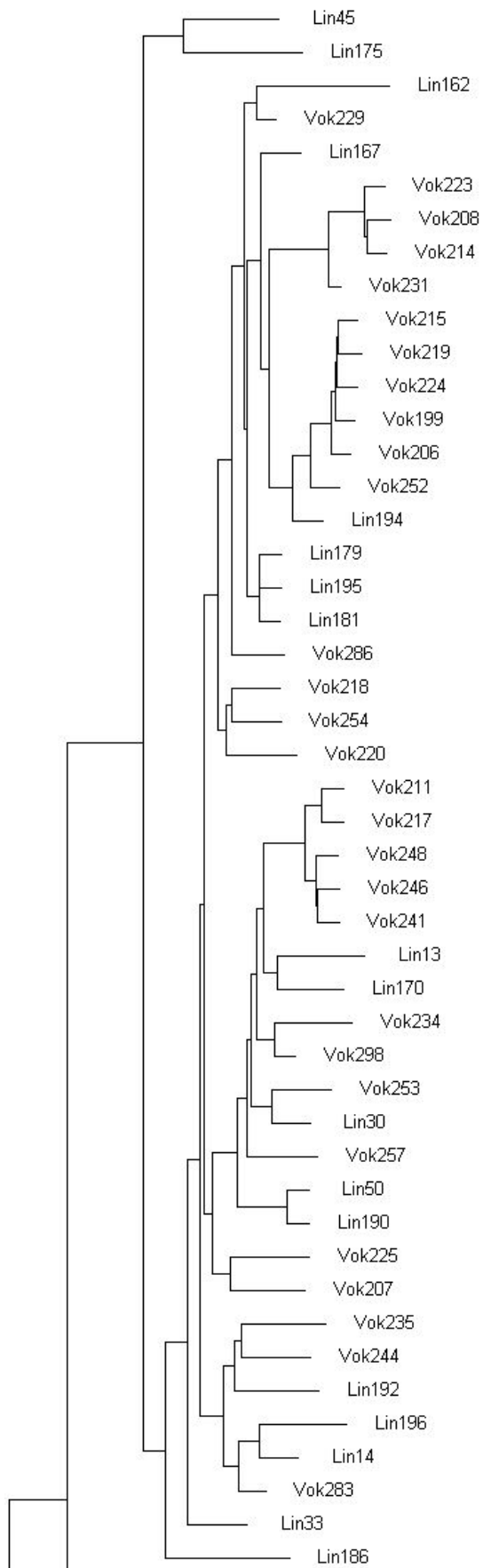


Рис. 5. Фрагмент дерева гаплотипов, приведенного на рис. 1. Показана ветвь субклада L1, в которой находятся все 47 гаплотипов субклада. Видно, что в ветви перемешаны гаплотипы из обеих дравидских популяций, Lin (Лингяг) и Vok (Воккалига).

Гаплогруппы H и J2 с субкладами

Субклады H*-M69 (6 гаплотипов), H1*-M52 (3 гаплотипа), H1a1-M197 (2 гаплотипа) и H2* (8 гаплотипов) разорваны и рассеяны по всему дереву, что указывает на их неоднородность.

То же относится и к субкладам гаплогруппы J2- J2a*-M410 (4 гаплотипа), J2a13-P279 (один гаплотип), J2a3-M68 (3 гаплотипа), J2b*-M12 (один гаплотип), J2b2*-M421 (7 гаплотипов). Возраст, например, субклада J2a*-M410 - 5900 ± 1300 лет, J2b2*-M241 - 4300 ± 800 лет.

* * *

Возвращаемся к гаплогруппе R1a-Z93. То, что все 28 тестированных гаплотипов гаплогруппы R1a показали однородную ветвь и относятся к одному субкладу, на первый взгляд несколько обескураживает, поскольку в Южной Индии определенно должны быть более древние линии R1a, как показано во многих наших работах, опубликованных в Вестнике и академических изданиях. Правда, у тех гаплотипов не определяли субклады глубже самого основного - M17, M198, или подобных уровней. Но они явно не принадлежали субкладу Z93, во всяком случае многие из них.

Приведем в качестве примера серию гаплотипов R1a из штата Тамил Наду в Индии (анализ гаплотипов проведен в работе [Клёсов, 2013]). 196 гаплотипов R1a в выборке расходятся на четыре подветви, четко разделяемые на дереве гаплотипов, в которых находятся соответственно 71, 68, 15 и 23 гаплотипов, в сумме 177 гаплотипов. Эти гаплотипы - все варианты R1a-Z93, но не столь однородные, как среди популяций Лингяг и Воккалига. Остальные 19 гаплотипов группы R1a имели необычные мутации, и не принадлежали к описанным выше ветвям. Они были рассеяны по всему дереву гаплотипов, зачастую не попадая в ветви Z93. У некоторых были столь необычные мутации, как DYS392 = 7, 13 или 14 вместо обычных 11, DYS390 = 22, DYS439 = 13 и так далее. Если это не ошибки в типировании, то совершенно архаичные гаплотипы. Расчет времени до общего предка дал примерно 16,400 лет (Клёсов, 2013). Эта датировка не противоречит датировке серии северо-китайских гаплотипов группы R1a с возрастом общего предка около 20 тысяч лет (Klyosov, 2009).

Литература

Клёсов, А.А. (2013) «Автохтонные» и «индоевропейские» гаплотипы группы R1a на юге Индии: очередная проблема с популярными генетиками. Комментарии к статье R. Spencer Wells, Colin Renfrew, Chris Tyler Smith et al "Population differentiation of Southern Indian male lineages correlates with agricultural expansions predating the caste system" (PLOS one, November 2012). Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 6, № 1, 2-17.

Chennakrishnaiah, S., Perez, D., Gayden, T., Rivera, L., Regueiro, M., Herrera, R.J. (2013) Indigenous and foreign Y-chromosomes characterize the Lingayat and Vokkaliga populations of Southwest India. *Gene*, in the press, 11 pages.

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.

**Очередной провал популяционных генетиков
(во главе с Chris Tyler-Smith) по
сопоставлению констант скоростей мутаций
по снипам и гаплотипам (по данным работы
Wei, Ayub, Xue and Tyler-Smith "A comparison
of Y-chromosomal lineage dating using either
resequencing or Y-SNP plus Y-STR genotyping"
(Forensic Science International: Genetics, 2013)**

А.А. Клёсов

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

EXTENDED ABSTRACT

The cited paper, unfortunately, presents one more striking example in the area of mismanagement of mutation rate constants by population geneticists. Chris Tyler-Smith and his team have made at least five errors in their work on different levels of significance.

First, their selection of the SNP lineages was greatly distorted. It might be acceptable for their SNP analysis, which gave 101-115 kya for a common ancestor of the selection of A-DT lineages; however, the A and DT nodes are shown in the paper at equal level position in time. This tells us that something is wrong in their assumptions/calculations. An earlier STR-based analysis (Klyosov and Rozhanskii, 2012) gave 160,000 ya for the split, and showed a very different level for the A, BT and DT split from the main evolution Y-DNA tree.

Nonetheless, let it be 100,000 ya in this particular case. The Tyler-Smith' STR analysis does not fit, and it is strikingly incorrect. When one "averages" the STR lineages being calculated and aims at the TMRCA, they should be balanced; the dataset should be examined for different branches descending from different common ancestors. If they are mixed in the dataset, they should be separated and analyzed separately. If this is not done, the largest haplotype branch would "pull the blanket" on itself, and instead of a balanced combined haplotype dataset we would have obtained the system totally shifted to the largest branch and its common ancestor. In other words, the largest branch would play the "ancestral" (base) role, and the TMRCA would be phantom one. We cannot compare a flock of sheep and a horse, however, we can compare a sheep and a horse for a meaningful study.

In addition, the 33 haplotype dataset in the cited study contained four identical haplotypes, of a father and his three sons. All of it added to the distortion of the dataset, as described above.

Now, let us examine their STR selection for the study. Out of 33 individuals, 13 were R1b, 11 were E, three I, and the rest were singular haplogroups (their particular subclades, in fact). The dataset was greatly distorted. In fact, the paper has calculated the phantom TMRCA shifted towards R1b/E1b, which should give the TMRCA somewhere around 20-40 kya and not anything close to 100 kya. This was the greatest principal error in his study.

Secondly, they did not introduce a proper correction for back mutations, though in the paper, they talked much about "saturation" of allele values. This is still terra incognita in population genetics, but developed well in DNA genealogy. A quick look at paper's sample of haplotypes and a number of their mutations (removing the haplotypes of the three sons, see above) reveals that there are around 1000 mutations altogether in 30 haplotypes. It gives $1000/30/23 = 1.45$ mutations per marker in the dataset. This is an impermissibly high degree of mutations in any dataset for any meaningful calculation. The reason is simple - the haplotypes contained many "fast" markers that should have been eliminated. It is recommended for calculations of TMRCA for ancient common ancestors to calculate the "slow" 22 marker panel, or even the slower panels (Rozhanskii and Klyosov, 2011). "Fast" markers "saturate" the system, indeed, and the TMRCA is always underestimated. That is why the Tyler-Smith' paper obtained much lower STR-based TMRCA (around 20 kya) compared to the SNP-based TMRCA (around 100 kya). The underestimation was dual - the distorted, unbalanced dataset, plus the lack of proper corrections for back mutations.

Thirdly, the authors made an improper selection of markers for their haplotype (STR) study, and it is partly explained above. They should have focused on the slow markers only. There are a sufficient number of them to choose from; and they should have calibrated them (see below).

Fourth, they choose mutation rate constants uncritically. They blindly picked some markers with poorly determined mutation rate constant (in the father-son study), since there were too few mutations in them to be statistically sound. Here are examples from their choice: (a) 1 mutation in 1213 father-son pairs (it is not statistics). How one can calculate reliably the mutation rate constant from just one mutation? Well, the authors did: 8.244×10^{-4} [!]. Notice the given accuracy). (b) 3 mutations in 403 pairs; (c) 1 mutation in 555 pairs; (d) 2 mutations in 555 pairs; (e) 2 mutations in 4565 pairs; (f) 0 mutation in 555 pairs - why choose such a marker? It was useless; (g) 5 mutations... (h) 6 mutations... (i) 6 mutations. In fact, half of the markers picked were statistically mute. What can be said on the accuracy of their calculations? In

their particular case it is not really important, they killed their study anyway, and the sloppiness of the study is shocking.

Fifth, they employed the "evolution mutation rate" by Zhivotovsky, which was a grave mistake. This "rate" was (and continues to be) a disaster for practically all population genetic studies which includes calculations for TMRCA in the last decade. The damage it brought to population genetics is beyond comprehension. The "evolution mutation rate" assigns the same rate - 0.00069 mutation per marker per 25 years - to each marker equally. We have seen above how different the markers are in terms of their mutation rate, but 0.00069 - always? No matter which markers are chosen.

Let us reexamine to see what happened. The summary mutation rate (per haplotype) in those 23 markers (actually, 21, since two markers were eliminated by the authors) is 0.09369 (my calculation, it is not in the paper); that is divided by 21 and yields 0.00446 mutation per marker per generation. The "evolution/Zhivotovsky" rate is 0.00069 mutation/marker/25 years, and that is 6.5 times slower. Naturally, when they used the "evolution" rate they obtained the TMRCA much higher. That is an explanation why they obtained a "fit" between the SNP- and STR- based TMRCA when the "evolution" rate was used. They just automatically increased the TMRCA. The "recalibrated evolutionary mutation rate" was the same thing, in just one marker (out of 21) instead of the "evolution" rate of 0.00069; they changed it to 0.000351. The rest was the same 0.00069. Clearly, nothing has changed overall.

As a result, the paper is a total embarrassment. Other minor things: I could not find in the paper the mutation rate constant they employed for SNPs (1×10^{-9} per nucleotide per year? Any other figure?). I also could not find how they converted generations (from father-son studies) into years.

	Number of father-son pairs	Number of mutations	Mutation rate constant $k \times 10^5$ per marker per generation	Chandler' constants (2006) $k \times 10^5$ per marker generation	Zhivotovsky' "Population", or "evolution" mutation rate constant (2004) $k \times 10^5$ per marker generation
DYS576	555	9	1622	1022	69
DYS389 I	7,864	20	254	226	69
DYS448	1,213	1	82	135	69

DYS389 b	7,842	28	357*	242	69
DYS19	9,840	23	234	151	69
DYS391	9,279	25	269	265	69
DYS481	403	3	744		69
DYS549	555	1	180		69
DYS533	555	2	360		69
DYS438	4,565	2	44	55	69
DYS437	4,381	6	137	99	69
DYS570	555	7	1261	790	69
DYS635	1,920	12	625		69
DYS390	9,340	22	236	311	69
DYS439	4,542	28	616	477	69
DYS392	9,264	5	54	52	69
DYS643	555	0	0		69
DYS393	7,835	6	77	76	69
DYS458	1,243	13	1046	814	69
DYS456	1,243	8	643	735	69
Y-GATA-H4	2,083	11	528	208	69

Английские популяционные генетики во главе с Tyler-Smith (точнее, китайские популяционные генетики во главе с Тайлер-Смитом) продолжают творить чудеса. То, что они на этот раз сделали, это просто поэма.

Для начала они взяли произвольную выборку (что нормально) 33 человек, частично секвенировали их Y-хромосомы по 9 миллионов нуклеотидов в каждой (из 58 миллионов нуклеотидов в Y-хромосоме, что есть хорошее покрытие по современным понятиям), и выявили в них 26 снипов из классификационного списка. Это тоже нормально, хотя выборка получилась не очень произвольной, в ней:

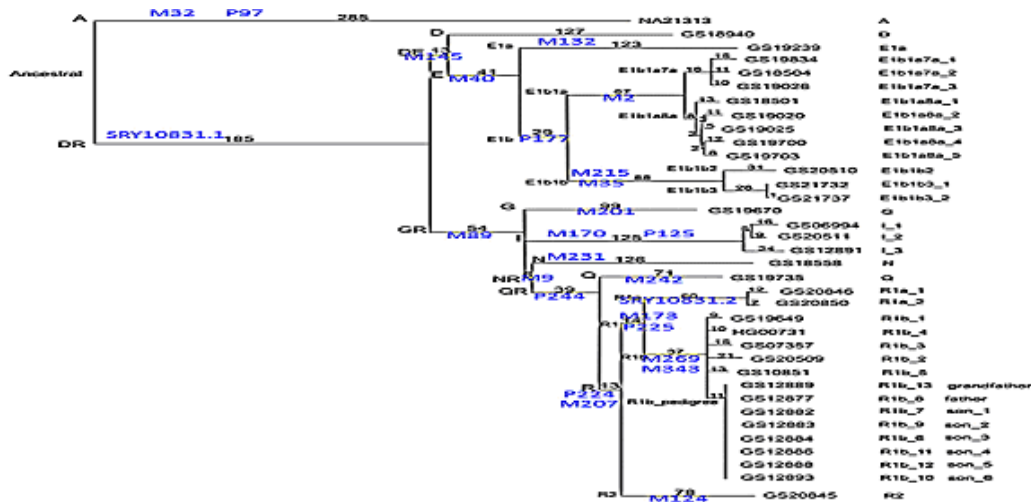
- по одному представителю гаплогрупп А (A3b2), D (D2a), G (G2a), N (субклад не определяли), Q (Q1a3a),
- трое I (субклад не определяли),

- одиннадцать E (шести субкладов), и
- тринадцать R (двое R1a-SRY10831.2, десять R1b-M269, и один R2).

Так что выборка оказалась с сильным перекосом к гаплогруппам E и R, и это нам еще понадобится.

Не обошлось без путаницы с наименованиями субкладов. Субклад, типированный как R1b-M269 назван R1b1b, когда он уже много лет как R1b1a2. То, что в статье названо R1b1b2h, это вообще какая-то древняя номенклатура, ранее 2003 года, поскольку уже в той R1b1b идет как субклад M73, а R1b1b2h вообще ни в какой доступной номенклатуре нет. Но это мелочи, дальше будет серьезнее.

Затем построили общую схему дерева снипов для всех 33 человек, и рассчитали по снипам время жизни их общего предка. Получилось 101-115 тысяч лет назад.



Здесь длина ветвей пропорциональна годам до общего предка снипа. Очень сомнительно, мягко говоря, что расхождение предкового эволюционного ствола приходится на одно и то же время для гаплогруппы A и сводной гаплогруппы DR. Гаплогруппа C здесь выпала, потому что в выборку не попала. По нашим расчетам эти датировки приходятся на 120-160 тыс лет и на 64 тыс лет назад, соответственно (Klyosov and Rozhanskii, 2012).

Как это авторы схемы выше рассчитывали, какую константу скорости снип-мутаций использовали - авторы не пишут. Хотя сейчас в литературе активно дискутируются две величины - 10^{-9} мутаций на снип в год, и величина в два раза меньше (Mendez et al, 2013).

Впрочем, авторы пишут, что построение схемы выше усложнялось рядом факторов, были введены разнообразные допущения по группировке

субкладов, но все равно «древняя структура здесь некорректно реконструирована». Мы это видим (см. абзац под схемой). О том, что разные построения авторов may be unreliable (могут быть недостоверными) повторяется не раз в статье.

Ну ладно, пусть будет 101-115 тысяч лет назад, это не самое главное здесь.

Дальше авторы перешли к гаплотипам и расчетам по ним. Авторы использовали довольно странный набор маркеров (DYS385a и DYS385b из таблицы сняли), но это опять же не столь важно, они в любом случае получили неверные результаты.

	Число пар отец-сын	Число мутаций	Константа скорости мутаций по парам отец-сын, $k \times 10^5$ на маркер на поколение	Константы по Чандлеру (2006) $k \times 10^5$ на маркер на поколение	Константы по Животовскому $k \times 10^5$ на маркер на поколение
DYS576	555	9	1622	1022	69
DYS389 I	7,864	20	254	226	69
DYS448	1,213	1	82	135	69
DYS389 b	7,842	28	357*	242	69
DYS19	9,840	23	234	151	69
DYS391	9,279	25	269	265	69
DYS481	403	3	744		69
DYS549	555	1	180		69
DYS533	555	2	360		69
DYS438	4,565	2	44	55	69
DYS437	4,381	6	137	99	69
DYS570	555	7	1261	790	69
DYS635	1,920	12	625		69
DYS390	9,340	22	236	311	69

DYS439	4,542	28	616	477	69
DYS392	9,264	5	54	52	69
DYS643	555	0	0		69
DYS393	7,835	6	77	76	69
DYS458	1,243	13	1046	814	69
DYS456	1,243	8	643	735	69
Y-GATA-H4	2,083	11	528	208	69

* Здесь у авторов ошибка, они написали 254

Суммарная константа скорости мутации для данного 21-маркерного гаплотипа равна 0.09369 мутаций на поколение. Иначе говоря, она занимает промежуточное положение между константой скорости для 37- и 67-маркерных гаплотипов (0.09 и 0.12, соответственно). Но последние две константы калиброваны на поколение в 25 лет. А как перевести величину 0.09369 в годы? Она же ведь определялась на поколение в парах отец-сын. Здесь – уже фундаментальная проблема, с которой постоянно сталкиваются популяционисты, и решить ее не могут. Они берут разные продолжительности лет на поколение, обычно от 20 до 35 лет, и в итоге расчетные значения плавают в двухкратном диапазоне. Весь смысл расчетов теряется.

Но в данном случае и это не само главное, хотя ошибки у авторов продолжают накапливаться.

Еще нерешенная проблема. Справа в таблице приведены достаточно выверенные константы скоростей мутаций «по Чандлеру». Как видно, они для большинства маркеров отличаются, причем в ряде случаев значительно. Причина довольно проста – обратите внимание на число мутаций в средней колонке. Их мало, и они не могут считаться статистически достоверными для большинства случаев. Где-то они по чистой случайности совпадают, в большинстве случаев нет. Даже там, где число мутаций было 25 или 28, расхождение составляет 48% (DYS389b), 29% (DYS439), 55% (DYS19). А ведь скорости Чандлера вычислялись по тысячам реальных гаплотипов, и в целом согласуются с экспериментальными данными.

Видимо, понимая это, авторы обсуждаемой статьи перебирали разные варианты поправок, но это, как мы увидим, к положительному результату не привело. После этого авторы обратились к печально известной «популяционной скорости» Л. Животовского, и в каждой

строке таблицы выше поставили 69 (см. выше). Это вообще в здравый смысл не укладывается. Они видели, что все маркеры различаются по скорости мутаций, но решили все усреднить, причем не усреднить по имеющимся данным (получили бы 446 в сотых долях, что намного быстрее «скорости Животовского»), но вера в «популяционную скорость» при всей ее абсурдности оказалась сильнее. Была взята константа в $446/69 = 6.46$ раз медленнее. Ее назвали «эволюционной скоростью мутации» (EMR).

Казалось бы, должно быть ясно, что такая константа значительно удревет времена до общего предка, как и получилось. Но авторы-попгенетики такой вариант «искусственного удревления» даже не упоминали. Более того, еще в одной модификации констант скоростей мутаций они взяли практически то же самое, что «популяционная скорость», но в единственном маркере, DYS481, скорость мутации которого (744 в данном формате, то есть в сотых долях), и подправили эту скорость на 351. Всё. Это они назвали «перекалиброванной популяционной скоростью» (rEMR). Можно подумать, что от этой замены хоть что-то изменится.

Вооружившись пятью наборами «констант скоростей мутаций» - тремя вариантами по парам отец-сын и двумя «популяционными», или «эволюционными» скоростями, авторы перешли к гаплотипам. Мутации между ними считали по парам, на это использовали еще одну компьютерную программу. Попробуем без программы посмотреть, что у них получилось, поскольку весь набор из 33 гаплотипов в статье дан.

Естественно, расчеты будут приблизительными, потому что считать по такому неоднородному набору гаплотипов, как автор делали, вообще нельзя. У них критерий один - diversity, то есть разнообразие, но сам набор гаплотипов перекошен.

Я снял из общего списка гаплотипы троих детей одного отца, поскольку у всех четверых гаплотипы были идентичные, и еще более искажали бы набор гаплотипов. Осталось 30 гаплотипов, в них во всех от гаплогруппы А было 924 мутации. Получаем $924/30/0.09369 = 329$ поколений до фантомного общего предка, или 8225 лет. Это вообще смехотворная величина. Поскольку средняя величина мутации равна $924/30/23 = 1.339$ мутаций на маркер, то поправка на возвратные мутации (по формуле ниже)

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

составит

$$\frac{1}{2}(1 + \exp(1.339)),$$

то есть 2.41. Иначе говоря, с таким набором гаплотипов получается, что общий предок жил всего 20 тысяч лет назад. Так, собственно, у авторов и получилось. А если бы мы взяли «популяционную константу», то получили бы $924/30/0.00069/23 = 1941$ поколение по 25 лет, то есть около 50 тысяч лет. Так у авторов примерно и получилось.

Не менее забавно и то, что авторы, получив неверную величину в 60 тыс лет от общего предка, стали рассуждать, что это и есть время «выхода из Африки», и что величина 100 тысяч лет, полученная по снипам в их системе, может оказаться не совсем верной, в пределах погрешности измерений, а вот «популяционная скорость» могла дать правильную величину.

Вот такая очередная история с константами скорости погнетиков. На самом деле по таким смешанным наборам гаплотипов считать вообще нельзя, там никакие учеты возвратных мутаций не помогут, поскольку не только гаплотипы смешанные, но и маркеры быстрые. Поправка при степени мутации выше, чем 1.3 мутаций на маркер, выводит систему в нестабильный диапазон. Оба фактора, складываясь, приводят к полностью ошибочной системе.

Литература

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.

Mendez, F.L., Krahn, T., Schrack, B., Krahn, A.-M., Veeramah, K. R., Woerner, A. E., Fomine, F. L. M., Bradman, N., Thomas, M.G., Karafet, T., Hammer, M.F. (2013) An African American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human Y chromosome phylogenetic tree. *The American Journal of Human Genetics*, 92, 454-459.

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

Wei, W., Ayub, Q., Xue, Y., Tyler-Smith, C. (2013) A comparison of Y-chromosomal lineage dating using either resequencing or Y-SNP plus Y-STR genotyping. *Forensic Science International: Genetics*, in press, doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.03.014

ДНА-ГЕНЕАЛОГИЯ БАШКОРТОСТАНА

A Note by the Editor-in-Chief

The following article has not been edited; the author has employed a Google translation

Two branches of the Kipchaks: Quns-Toksoba and Cumans-Polovtsians

В.А.Муратов

bulat-m@ya.ru

Kipchaks are heterogeneous and composed at least of two major sub-branches: Cumans-Kipchaks (polovtsians) and Quns-Kipchaks (toksoba)¹. Cumans-Kipchaks (their other name is Polovtsians), the Bashkirs are named Qaraghay-Qipsaq², in Hungary this clan is Palócok. Their subclade is R1b+M73³. This is an eastern subclade R1b1a1, at the end of I millennium AD the ancestors of Dnieper Cossacks (Cherkas) and Palócok of Hungary still lived in the Altai region.

Subclade R1b+M73 is widely circulated among Kumandins of Altai, Kazakhs tribe of Qara-Qipshaq, the Karakalpaks clan of Irgakli-Kipchak, the Dnieper Cherkas, and Bashkir clan of Qaraghay-Qipsaq. Bashkir clan of Girey-Qipsaq is not yet DNA tested. Presumably, Girey-Qipsaq will also be R1b+M73.

15031503150315031503—————

¹ Расовский Д.А. Половцы. Расовский Д.А. Половцы. Чёрные клобуки: печенеги, торки и берендеи на Руси и в Венгрии (работы разных лет). М., ЦИВОИ, 2012, 240 с., ЭИП «Суюн», Серия МИ, Том. I, С.122; Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. М., Урал, 2013, 267 с., ЭИП «Суюн», Серия ЭИД, Том. I, 2-е издание, исправленное и дополненное, ISBN 9785990458314, С.120.

² Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. М., Урал, 2013, 267 с., ЭИП «Суюн», Серия ЭИД, Том. I, 2-е издание, исправленное и дополненное, ISBN 9785990458314, С.104.

³ "Soraman" project of FTDNA/ BASHKIRS * R1b+M73 * CUMANS-POLOVTSIAN LINE

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

Kumandins are those Cumans-Kipchaks, who did not migrate to the West, and remained in the Altai. Kazakh Qara-Qipshaq, Karakalpak Irgakli-Kipchak and Bashkir Qaraghay-Qipsaq perhaps are those Cumans-Kipchaks who did not migrate to the west and remained in their places, the Kazakh – in the steppes of Kazakhstan, Karakalpakstan in the Aral Sea, Bashkir – in the Ural. But it is possible also that the Qaraghay-Qipsaqs, Irgakli-Kipchaks and the Qara-Qipshaqs came to the Ural, the Aral Sea, in Kazakhstan, respectively, after the defeat of the Kipchaks in Eastern Europe, after defeating them by the troops of Jochi Khan. Cossacks of the Dnieper – Cherkasy and Palócok of Hungary – are the direct descendants of the Polovtsian (the western branch of the Kipchaks-Cumans), which eventually reached the Danube.

The second branch of Kipchaks, which are the descendants of Quns, are the eastern Kipchak, another their name was Toksoba. From the eastern branch of Kipchaks, only one tribe of the Quns reached Danube, in Hungary they are called Kunok. Quns have a completely different haplogroup with subclade R1a+Z2123. Their descendants are Bashkirs of the following clans: Qariy-Qipsaq, Boshman-Qipsaq, Hiun-Qipsaq, Sankem-Qipsaq. The descendants of Quns-Kipchaks composed also the other clans of Bashkirs – Sura-Teleu, Bure-Teleu and clan of Hungarians – Kunok.

R1a+Z2123 is characteristic for Kipchak, who are descendants of Quns – their other name was Toksoba that mean «nine clans» ('tokus' – nine, 'oba' – clans).

Kuzeev R.G. in his book «The Origin of the Bashkir people» noted that the Elan tribe Bashkirs is also descendants of Kipchak. He writes: «In the XIII-XIV centuries, Elans were part of the (genus) Kipchak ("we elans are kipchaks», – said some old-timers). ... Elans are the descendants of one of the ancient Turkic tribes that were included in the Kipchak still at an early stage of their history of migration to the West»⁴.

Judging by the DNA testing that opinion of Kuzeev RG is a mistake, because his hypothesis was based on the fact that the ethnonym «elan/yilan» coincides with the ethnonym «*qai*» in the sense of 'snake'⁵. But a DNA testing of Elans has shown that they do not have anything to do with Qun-Kipchak or Cuman-Kipchak⁶.

15031503150315031503—————

⁴ Кузеев Р.Г. Происхождение башкирского народа. Этнический состав, история расселения. Уфа, ГНУ АН РБ, 2010, С.341.

⁵ Башкирско-русский словарь онлайн.
<http://huzlek.bashqort.com/index.php?id=home>

⁶ "Peoples" project of FTDNA/ Кыпсак, Елан
<http://www.familytreedna.com/public/peoples/default.aspx?section=yresults>

Only a few haplotypes have been determined for Elans up to date. Most of them belong to R1a+Z280, for example the family clan Kandri-Elan is R1a+Z2123 (with Alanian haplotype).

The Bashkir kipchaks are R1b+M73 (Cuman-Kipchak) and R1a+Z2123 (Qun-Kipchak).

And although Qun-Kipchaks SNP – Z2123 – like Elan, but their common ancestor lived more than 4 thousand years ago (A.A.Klyosov and I.L.Rozhanskii, private communications), the same range also of issues⁷ and sub-branches of the NetWork program⁸.

Some may object and say that not many Elans are DNA tested, in order to make any conclusions. Yes, it is possible that some part of the Elans may be Kipchaks, but I note that only a part of Elans – R1a+Z280 and R1a+Z2123 (with Alanian STR). May be some other Elans – will coincide with the Kipchaks.

In the last year, we have finally did a translate from the Chinese «The Biography of Tutuk» – he was a Qun-Kipchak general who served in the Yuan Dynasty. Therefore, this new information is that the ethnonym 'qun' is found in the East and in general the origin come from there.

Here are excerpts from the «Lives of Tutuk, the Chronicle» (Yuan Shi):

«The Tutuk. His ancestors came from the tribe, [lived in] Altangan mountains and rivers Dzherem in the north of Upin. Kun-Yan moved his forces to the north-west, towards the mountains Yuyli-boli, so [he] is for [independent] clans, and the name of his country – Kipchak. Its lands are separated from China by more than 30,000 to the summer nights [there] is extremely short and the sun barely fallen, once there. In Kun-Yan was born [son] Somonak have Somonak born Inasi. [They] were hereditary rulers of the state of Kipchak»⁹.

Kun-Yan – the literal translation of 'role model of quns', the Turkic language his name literally 'soul-qun, spirit of qun'¹⁰.

15031503150315031503—————

⁷ Клёсов А.А., Муратов Б.А., Суюнов Р.Р. ДНК-генеалогия башкирских родов//Proceedings of the Academy of DNA Genealogy. Vol.6, №6, June 2013, Boston-Moscow-Tsukuba, ISSN 1942-7484. P.1083, 1087.

⁸ Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. М., Урал, 2013, 267 с., ЭИП «Суюн», Серия ЭИД, Том. I, 2-е издание, исправленное и дополненное, ISBN 9785990458314, С.169.

⁹ Yuan Shi, P.3131.

¹⁰ Храпачевский Р.П. Половцы-куны в Волго-Уральском междуречье (по данным китайских источников). М., ЦИВОИ, 2013, 128 с., ЭИП «Суюн», Серия МИ, Том. II, С.20.

Dobrodomov I.G. in a special study reliably showed that the ancient Russian 'Hinove' is through the medium of Bulgar, a reflection of the names of Kipchak-Qun, were heard in the XII century as «Huun»¹¹.

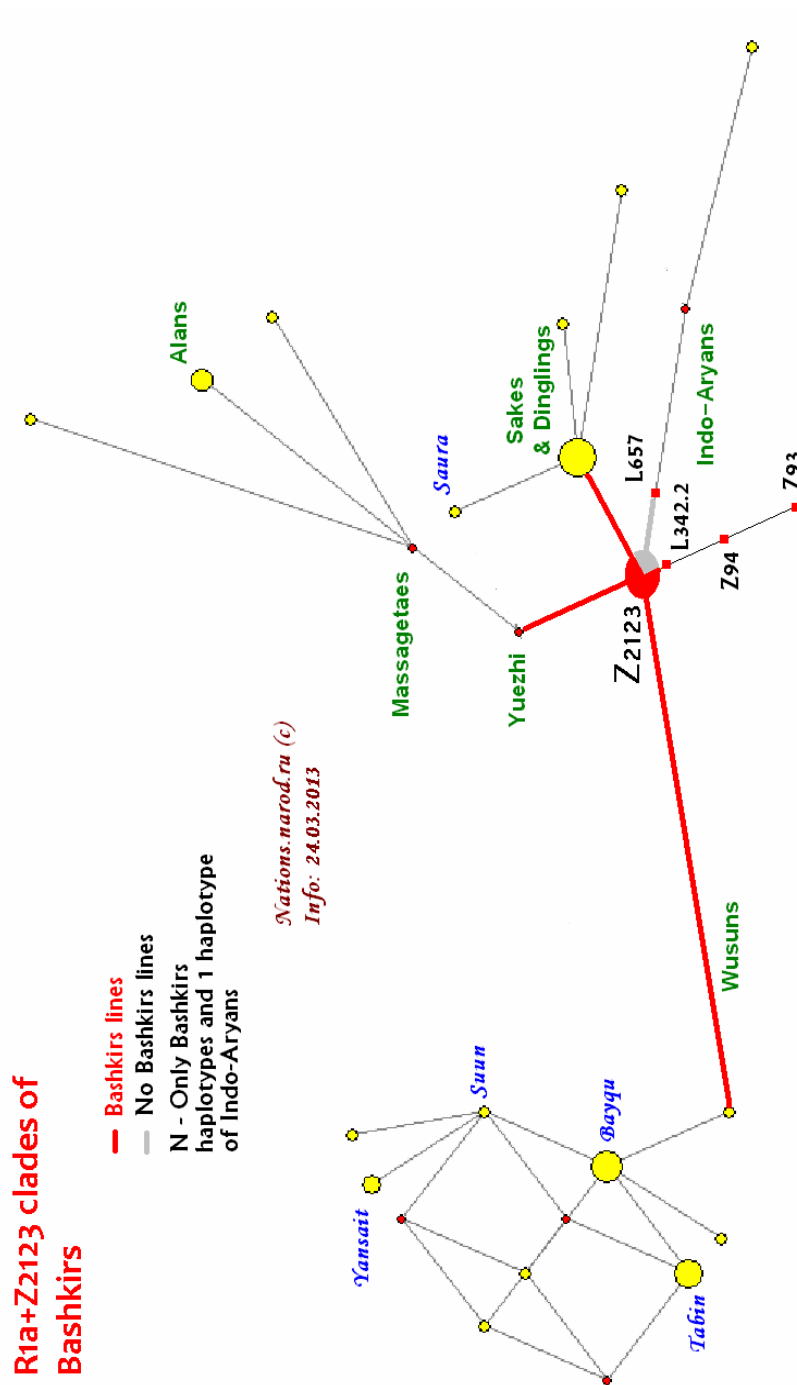


Table 1. The R1a+Z2123 subclade of Bashkirs (NetWork ©)

15031503150315031503

¹¹ Добродомов И.Г. О половецких этнонимах в древнерусской литературе// Тюркологический сборник 1975, С.125.

The table contains only Bashkir haplotypes with subclades Z2123 and one Indo-Aryan haplotype L657. Sub-branch L657 included in the table to show the difference with the other sub-branches subclades Z2123. The red lines indicate the present sub-branches in Bashkir subclades Z2123, prior to the first separating them SNIp. Green names are approximate sub-branches. Massagetaes indicated in the table only R1a-group, there is also R1b + L150 Massagetaes, in the table, they are not specified. Blue given local names in the branches and the names of ancestors. Gray line represents the sub-branch L657 - that is not found in Bashkir people.

And here is what Sinologist R.P.Khrapachevskiy said: «Another proof of the inclusion of the Bashkirs of Kipchak-Quns is the presence of cry (uranium) toksoba they have – as we know, it is kind of Toksoba well-known among the pre-Mongolian Kipchak». And in Russian chronicles «toksobichi» and «kaepichi» (the members of the genus – *Qai*) are often mentioned together, which correlates with the message about the connection of Marvazi about Kipchak hordes Quns and *Qai*¹².



13

And then he's R.P.Khrapachevskiy writes: «One can assume that part of the defeated former Kipchak hordes Inasi Khan fled to the Bashkirs – the reason

15031503150315031503_____

¹² Клёсов А.А., Муратов Б.А., Суюнов Р.Р. ДНК-генеалогия башкирских родов//Proceedings of the Academy of DNA Genealogy. Vol.6, №6, June 2013, Boston-Moscow-Tsukuba, ISSN 1942-7484. P.1083, 1098.

¹³ Kipchaks. 3D-animations of kipchaks (cumans and quns). <http://internetwars.ru>

for this is their neighborhood, and the availability of Bashkir descent unit whose name is directly related to the Kipchak-Qun – Suun-Kipchak. The fact that Suun-Kipchaks is accepted in writing of Russian literature, but the actual pronunciation of the ethnonym else, and now it sounds like – Hiun-Qipsaq (*Һуун-кыпсаҡ/Һиун-ҡипсаҡ* – in Bashkirian)»¹⁴.

Kimeks, they also are Cumans, the ancestors of Polovtsian Kipchak. This was written more Marquart: «From the middle of the tenth century. disappears tribal name Kimeks and Marquart explains this by saying that they were conquered by another, by a new horde ... – Quns. These Quns and brought Polovtsians-Kimeks in Europe»¹⁵.

Stands apart from other Bashkirian Kipchaks – clan Turkmen-Qipsaq, other name is Aq-Qipsaq. In our project of FTDNA (National clans), there are two Turkmen-qipsaqs – and both have matches of their haplotypes with Turkmen-Oghuz. No accident that the Bashkirs aq-qipsaqs called Turkmens, and the DNA they were relatives Oghuz-Turkmen clans¹⁶.

The DNA origin of the Kipchak fits with the ancient Bashkir shejere (genealogies). This fit is much more accurate than the opinions of many venerable scholars and historians of the past. Sometimes shejere present truly factual materials, but historians interpret them not correctly, however, it happens that later they recognize that it was the right shejere.

Bashkir shejere directly fits to the data on DNA genealogy of Bashkirs. Here's an example. In a Joint Shejere of Bashkir Tribes the Kyrgyz are not mentioned. There are Bikatin, Sart, and others, but not Kyrgyz. DNA genealogy shows that suggestions of some historians that the Bashkirs spun off from the so-called Kyrgyz branch, were wrong.

Deep DNA clade testing of Kyrgyz clans showed that the common ancestor of Kyrgyz R1a and Bashkirs clans of Sakes-Dinlings, Massagetaes-Alans and Wusuns sub-branches lived more than 4,300 years ago. Neither the Kyrgyz, and even neither Sakes, Wusuns and Massagetaes-Alans existed such a long time ago, as well as their language.

15031503150315031503—————

¹⁴ Храпачевский Р.П. Половцы-куны в Волго-Уральском междуречье (по данным китайских источников). М., ЦИВОИ, 2013, 128 с., ЭИП «Суюн», Серия МИ, Том. II, С.36-37.

¹⁵ Marquart J. Uber das Volkstum der Komanen. Berlin, 1914, P.56-57, 111.

¹⁶ “National clans” project of FTDNA/ H

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

Kyrgyz are mentioned in the same Bashkir shejere, and their genealogy points at the western Bashkirs. This implies that perhaps some clans and the Bashkirs relatives Kyrgyzes Tien Shan, might form a clan called 'Kyrgyz' of the Bashkir people.

DNA testing proved the negative SNP Z2123 in Kyrgyz. It seems that the Bashkirs (at least three of their sub-branches of subclades Z2123): Wusuns, Sakes-Dinlings and Massagetaes-Alans – are not related by birth to the Kyrgyz. But we cannot exclude a possibility, that some Baskirs in the future will be found to be relativesw with the Kyrgyz, for example, with negative SNP Z2123¹⁷.

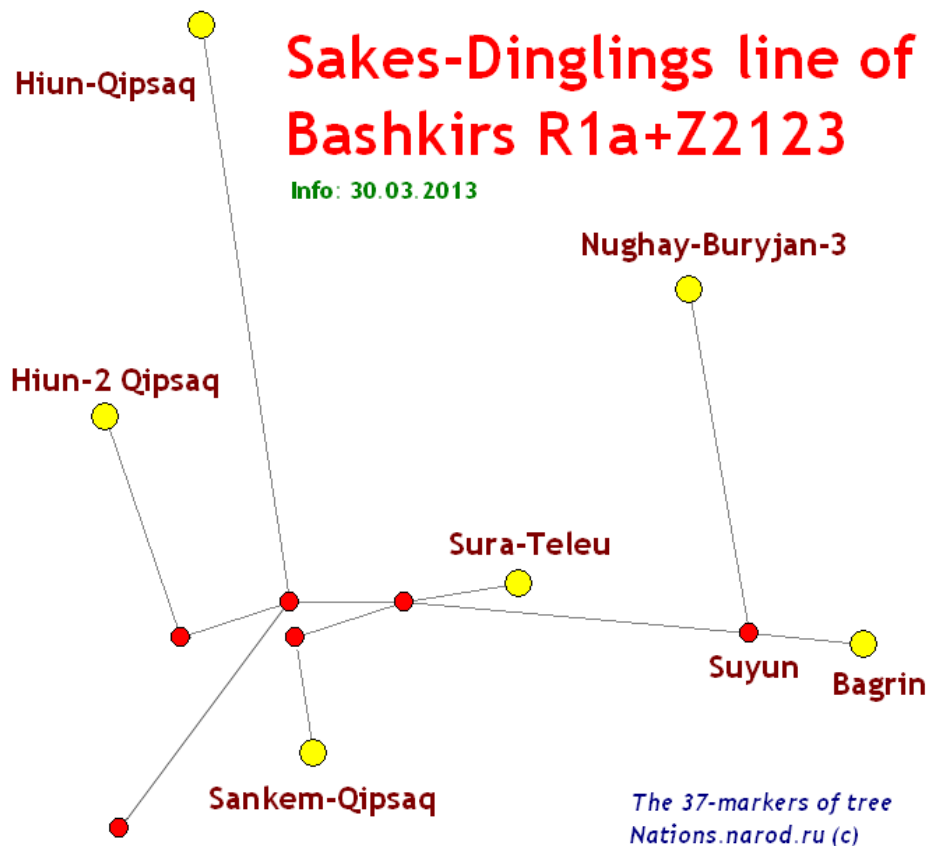


Table II. Sakes-Dinlings line of Bashkirs (NetWork ©)

15031503150315031503—————

¹⁷ “Kirgiz DNA-project” of FTDNA/ fe. 220512 Toktogulov and etc.
<http://www.familytreedna.com/public/kirgiz/default.aspx?section=ysnp>

История Башкирского ДНК-проекта (Y-DNA)

Р.Р.Суюнов

suyunche@gmail.com

История Башкирского ДНК-проекта началась сравнительно недавно. Первые исследования по этногеномике Y-DNA башкир провели Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра Российской Академии наук.

В 2009 году экспедициями, организованными отделом геномики ИБГ УНЦ РАН во главе с Э.К.Хуснутдиновой по изучению генома башкир, были исследованы башкиры Стерлибашевского, Абзелиловского, Баймакского, Бурзянского, Абзелиловского районов Республики Башкортостан, а также башкиры Пермской, Саратовской, Оренбургской и Самарской областей. Выборка составила 471 человек, результаты экспедиций были отражены в кандидатской диссертации по биологическим наукам у А.С.Лобова¹⁸. Согласно этим исследованиям Y-DNA пул башкир составил: R1b=48%, R1a=27%, N1=17%, J=3%. Остальные гаплогруппы не набрали и 1%¹⁸.

В 2011 году коллективом ИБГ УНЦ РАН были опубликованы исследования по этногеномике башкир, где выборка уже составила 586 человек¹⁹.

Позже публикациями по Y-DNA башкир были отмечены работы Б.Б.Юнусбаева, И.А.Кутуева²⁰, Ж.М.Сабитова²¹ и других.

15031503150315031503—————

¹⁸ Лобов А.С. Структура генофонда субпопуляций башкир//Автореферат диссертации на соискание учёной степени кандидата биологических наук. Уфа, ИБГ УНЦ РАН, 2009, С.15. http://ftp.anrb.ru/molgen/Lobov_AS.PDF

¹⁹ Myres N., Rootsi S., Lin A., Järve M., King R., Kutuev I., Cabrera V., Khusnutdinova E., Pshenichnov A., Yunusbayev B., Balanovsky O., Balanovska E., Rudan P., Baldovic M., Herrera R., Chiaroni J., Cristofaro J., Villems R., Kivisild T., Underhill P. «A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe»//European Journal of Human Genetics (2011) 19, 95–101; doi:10.1038/ejhg.2010.146; published online 25 August 2010.

²⁰ Kutuev I., Khusainova R., Karunas A., Yunusbayev B., Fedorova S., Lebedev Y., Hunsman G., Khusnutdinova E. From East to West: patterns of genetic diversity of populations living in four introduction Eurasian regions//Human Heredity. 2006, 61: 1-9.

²¹ Сабитов Ж.М. Этногенез башкир с точки зрения популяционной генетики. The Russian Journal of Genetic Genealogy (Русская версия): Том 3, №2, 2011, ISSN: 1920-2997, С.35-41.

К 2007 г. появились исследования по геному башкир Y-DNA, выполненные коммерческими ДНК-генеалогическими компаниями, где первым башкирским ДНК-проектом стал проект Б. Гусманова Bashkortostan на FTDNA. Б. Гусмановым для подветви башкир из гаплогруппы G2a был впервые сделан 67-маркерный тест и заказано детальное снипование в FTDNA.

Заметный вклад по исследованию генома башкир Y-DNA внесли А.А. Каримов и Р.Р. Кидрасов. А.А. Каримовым был протестирован первый 111 маркерный тест в FTDNA среди башкир и оплачено на Y-DNA более 20 башкирских ДНК-наборов.

К 2011 г., А.А. Каримовым, Х.М. Ахметовым, А.Х. Ахметовым была подробно исследована усуньская подветвь башкир²², была установлена принадлежность этой подветви к потомкам населения андроновской археологической культуры²³, её близости к производным от неё – кыргызской и литовско-татарской подветвей. Из усуньской подветви башкир также был выделен род байковичей, или род потомков Майкыбия²⁴. Результатами исследований А.А. Каримова стало создание дополнительного проекта в FTDNA под названием Bashkortostan clans.

2012-й год оказался успешным для Башкирского ДНК-проекта. В этот год организовались 4 проекта, занимающиеся геномом башкир Y-DNA, это:

1. Проект ИБГ УНЦ РАН и Б.Гусманова Bashkortostan.
2. Проект Bashkortostan clans А.А.Каримова.
3. Проект Genographic Ю.М.Юсупова и Р.Р.Асылгужина.
4. Проект Suyun (National clans, Peoples и Soraman) Р.Р. Суюнова и Б.А. Муратова²⁵.

Было организовано несколько экспедиций проектами Bashkortostan clans, Genographic и Suyun.

Выборка оказалась приличной. Так, проектом Genographic было исследовано более тысячи башкир практически со всех регионов

²² Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. М., Урал, 2013, 267 с., ЭИП «Суюн», Серия ЭИД, Том. I, 2-е издание, исправленное и дополненное, ISBN 9785990458314, С.124-129.

²³ Волков В.Г., Харьков В.Н., Степанов В.А. Андроновская и тагарская культуры в свете генетических данных//Труды Томского областного краеведческого музея им. М.Б.Шатилова. Томск, 2012, Т.XVII, С.159.

²⁴ Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. М., Урал, 2013, 267 с., ЭИП «Суюн», Серия ЭИД, Том. I, 2-е издание, исправленное и дополненное, ISBN 9785990458314, С.49-52.

²⁵ Bashkir DNA-project. Shejere.narod.ru

Башкортостана, куда частично также были включены и исследования башкир Татарстана и Челябинской области.

Проектом Bashkortostan clans была организована экспедиция по изучению башкир Гафурийского, Учалинского, Давлекановского и других районов Башкортостана.

Проектом Сууип были организованы экспедиции как по Башкортостану (Куюргазинский, Баймакский, Учалинский, Мелеузовский, Кугарчинский, Стерлитамакский и др. районы), так и в Оренбургскую, Челябинскую области РФ, а также в Узбекистан (Зеравшанская и Каракалпакская экспедиции).

В настоящее время согласно базе FTDNA, на основе 100 имеющихся башкирских гаплотипов, процентное соотношение гаплогрупп у башкир следующее:

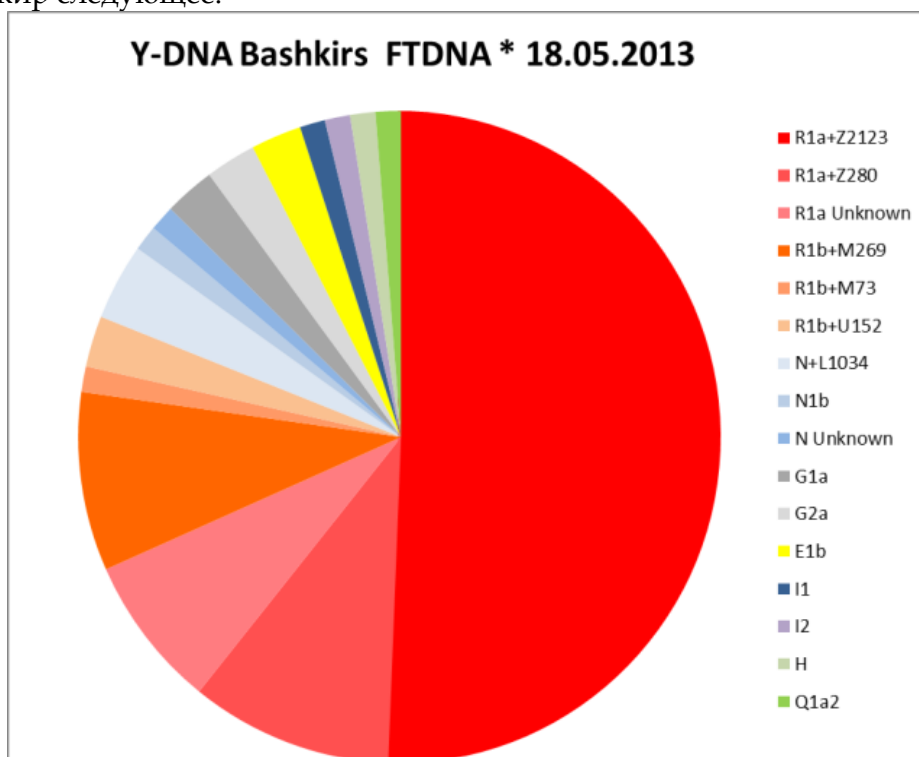


Рис.1. Y-DNA гаплогруппы у башкир согласно FTDNA на 18 мая 2013 г. Нужно учитывать, что приведенная схема это только FTDNA, с выборкой (n) = 100 человек.²⁶

15031503150315031503—————

²⁶ Суюнов Р.Р. История древних родов: Кыпсак, Телеу, Бурзян, Табын, Барын, Елан, Юрматы, Менг и других по данным Y-DNA, Mt-DNA. М., Урал, 2013, ЭИП «Суюн», Серия ЭИД, Том. II, ISBN 9785990458338.

В.А.Думшебаевым, соадминистратором Казахского ДНК-проекта, была детально исследована угорская подветвь башкир, присутствующая в башкирских кланах сураш-усерган, кошсо и других.

В 2012-м году сделано первое детальное снипование для гаплогруппы R1a Б.А. Муратовым. Позднее Р.Р. Суюновым было впервые организовано снипование башкир из сако-динлинской, западно-сарматской и др. подветвей R1a и ДНК-тестирование башкирских кипчаков. Дополнительно, проектом Суюн были организованы исследования по изучению таджикских, каракалпакских, татарских, узбекских кланов. Результатами исследований стали научные публикации и книги, выпущенные проектом Суюн.

В 2013 году к исследованиям по Башкирскому ДНК-проекту присоединился А.А. Клёсов, им был рассмотрен субклад по гаплогруппе I1 у башкир²⁷ и опубликована совместная с Р.Р. Суюновым и Б.А. Муратовым статья по ДНК-генеалогии некоторых башкирских родов²⁸. В этом выпуске Вестника опубликовано совместное исследование с М.Ю. Ночевным (соадминистратором проекта «Cossacks» на FTDNA²⁹) по истории степного субклада G2a, который встречается и у башкир.

Р.Р. Суюновым для своего клана заказан в National Geographic детальный ДНК-тест Geno 2.0. и начата научная серия «Этногеномика и ДНК-генеалогия» с публикациями книг по теме этногеномики и ДНК-генеалогии народов мира.

На 23 марта 2013 года распределение Y-DNA-гаплогрупп у башкир согласно базам ИБГ УНЦ РАН и FTDNA было следующее:³⁰

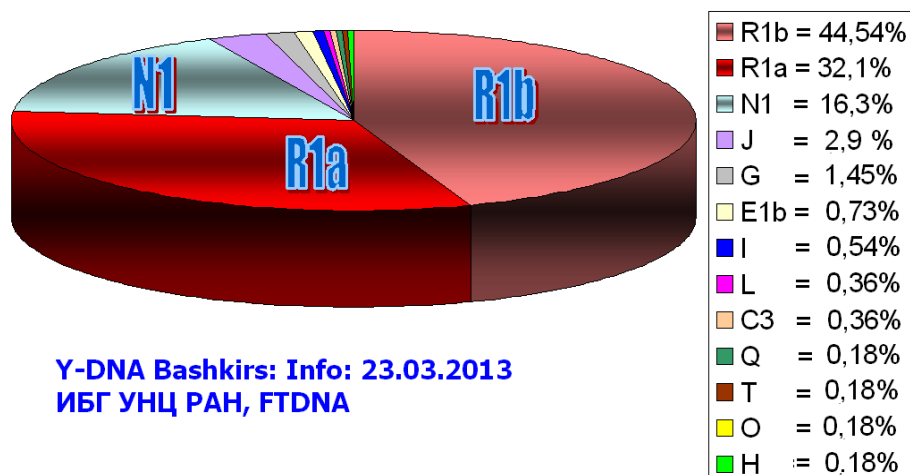
15031503150315031503—————

²⁷ Клёсов А.А. Необычные гаплотипы группы I1 в Башкирии и Киргизии//Вестник Академии ДНК-генеалогии. №3, 2013, ISSN 1942-7484,С.531.

²⁸ Клёсов А.А., Муратов Б.А., Суюнов Р.Р. ДНК-генеалогия башкирских родов//Proceedings of the Academy of DNA Genealogy. Vol.6, №6, June 2013, Boston-Moscow-Tsukuba. P.1083-1102,ISSN 1942-7484.

²⁹ “Cossacks” project of FTDNA/
<http://www.familytreedna.com/public/cossacks/default.aspx?section=yresults>

³⁰ Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. М., Урал, 2013, 267 с., ЭИП «Суюн», Серия ЭИД, Том. I, 2-е издание, исправленное и дополненное, ISBN 9785990458314, С.162.



Y-DNA Bashkirs: Info: 23.03.2013
ИБГ УНЦ РАН, FTDNA

Рис.2. Y-DNA гаплогруппы у башкир согласно базам ИБГ УНЦ РАН и FTDNA на 23 марта 2013 г. Этот график отличается от Рис.№1, т.к. в нём выборка (n) = 686 чел., и включает в себя базы и ИБГ УНЦ РАН, и FTDNA. Тогда как в Рис.№1 – отражены только гаплотипы FTDNA, с выборкой (n) = 100 чел.

Дополнительно в 2013 г. соадминистраторами Венгерского и Казахского ДНК-проектов Тибором Фехер (Tibor Feher), Г.М. Баимбетовым и Ж.М. Сабитовым были протестированы гаплотипы башкир из кланов Байлар и Тангаур. Результаты ДНК-тестирования байларских и тангаурских башкир выявили у них субклады R1b+U152, R1b+M269 и N1c1+L1034³¹.

В перспективе проектом «Суюн» будут продолжены этногеномические экспедиции по исследованию различных народов мира, а также намечен цикл познавательных передач на телевидении, касающихся исследований в области генома человека.

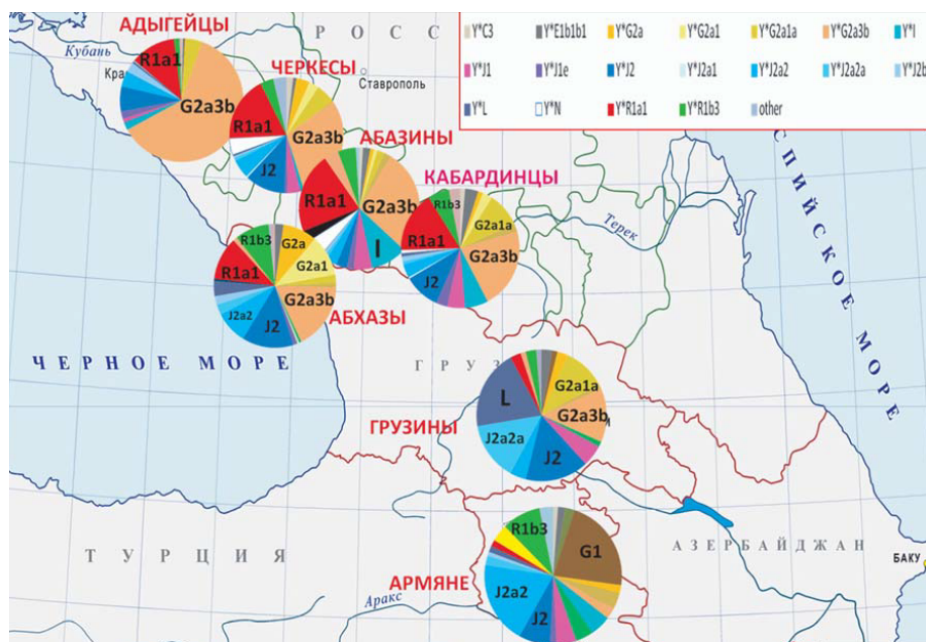
15031503150315031503—————

³¹ “Peoples” project of FTDNA/ Байлар, Тангаур
<http://www.familyreedna.com/public/peoples/default.aspx?section=yresults>

G2a3b у карачаевцев (все со снипом U1+) и 10,3% у балкарцев (со снипом U1+ 6,6%)⁴⁰.

Широкое распространение определенной части гаплотипов подветви G2a3b1a1b1 среди различных народов мира, и особенно значительное его присутствие помимо адыгов у русских и башкир, позволяет связывать этот субклад с неким древним степным народом.

Карта 1. Распределение гаплогрупп среди кавказских народов⁴¹



Модальный 12-маркерный гаплотип подветви G2a3b1a1b1 – следующий: dys393 dys390 dys19 dys19b dys391 dys385a dys385b dys426 dys388 dys439 dys389i dys392 dys389ii = 14 (13) 23 15 10 13 14 11 12 11 12 11 29 (31), нами сопоставляется с прото-касожско-яскими племенами, расселение которых было вплоть до Урала на востоке. Его происхождение у башкир связано либо с сарматской эпохой, либо, что

³⁹ Схаляхо Р.А. и др. Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме // Вестник Московского университета. Серия XXIII АНТРОПОЛОГИЯ № 2/2013: 34–48.

⁴⁰ Siiri Roots. Distinguishing the co-ancestries of haplogroup G Y-chromosomes in the populations of Europe and the Caucasus // European Journal of Human Genetics (2012) 20, 1275–1282; doi:10.1038/ejhg.2012.86; published online 16 May 2012.

⁴¹ Теучеж И.Э. и др. Генофонды абхазо-адыгских народов, грузин и армян в евразийском контексте. Вестник Московского университета. Серия XXIII АНТРОПОЛОГИЯ № 2/2013: 49–62.

более вероятно объясняется миграцией части яских и куно-кипчакских племён в XIII в. не только в Венгрию, но и на Урал к башкирам. О значительной миграции кипчаков, после разгрома их ханами Джучи и Бату на Урал, упоминают и средневековые авторы. Так Абу-л-Гази пишет, что: «те из них [кипчаков] которые спаслись, ушли к иштекам [башкирам]»⁴².

Среди кипчаков ушедших к башкирам, могли быть и союзники⁴³ кипчаков – ясы.

В настоящее время М.Ю.Ночевным подветвь G2a+L1264 из имеющихся 17-ти гаплотипов в FTDNA – разделена на два крупных кластера, и несколько анкластеров.

В первый кластер им отнесены гаплотипы 265918 Remejkov, 124854 Semenov, 196480 Muratov, 193256 Sonmez, 246812 Khasanov, N97848 Elgin, 243083 Akoev, 276877 Batsazov, 274391 Surikov, 276901 Khokhоеv, 172686 Ruslan. Наиболее близким к предковому гаплотипу по мнению М.Ю.Ночевского является гаплотип 265918 Remejkov, чуть дальше от него на древе этого кластера находится гаплотип 124854 Semenov, и самый дальний – гаплотип 243083 Akoev.

Во второй кластер подветви G2a3b1a1b1 М.Ю.Ночевным выделены гаплотипы – 117713 Eldek, 274914 Qasau-Qipsaq Bashkir, 249572 Kudoyarov, 222806 Zhuk, 163132 Akgun. Наиболее близким к предковому гаплотипу во втором кластере является 117713 Eldek, затем следует гаплотип 222806 Zhuk, и закрывает этот кластер гаплотип 163132 Akgun.

В анкластеры М.Ю.Ночевным отнесены гаплотипы 235493 Turlov gar Melordoy, 193256 Sonmez, 246812 Khasanov, 222813 Nochevnoy.

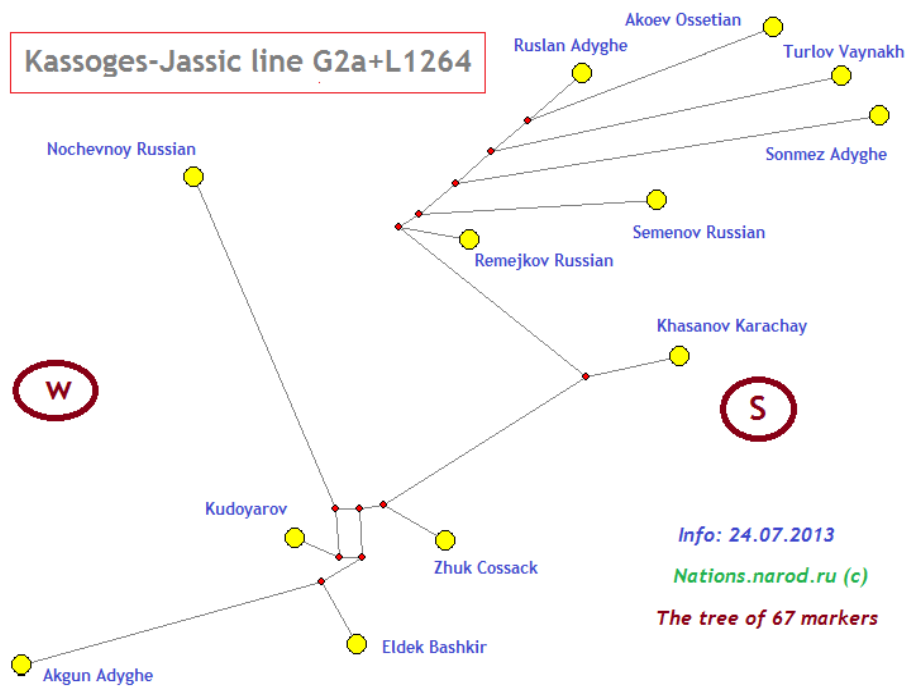
Несколько другую классификацию предложил Б.А.Муратов. По его мнению, подветвь G2a3b1a1b1 действительно распадается на два кластера, условно названные им касожский (Σ) и яским (ϑ), но анкластеры выделенным М.Ю.Ночевным – он по филогении отнес к касожскому кластеру.

15031503150315031503—————

⁴² Кононов А.Н. Родословная туркмен. Сочинение Абу-л-Гази, хана хивинского. М.-Л., 1958, С.44.

⁴³ Контлер, Л. История Венгрии. Тысячелетие в центре Европы. М., 2002.

Рис. 1. Часть древа касожско-ясской подветви G2a+L1264 (Network ©)



На приведенной схеме мы видим как 67-маркерные гаплотипы распадаются на два крупных кластера, и несколько отдельно отстоят от них гаплотипы 222813 Nochevnoy, 246812 Khasanov.

На 12 маркерах несколько иначе распадаются на кластеры гаплотипы субклада G2a+L1264.

Таблица № 1. Касожско-ясская подветвь G2a3b1a1b1 (Распределение на кластеры Σ и δ – по 12 маркерам)

№ kit	Name	3	3	0	3	3	3	4	3	4	3	3	3
		9	9	1	9	8	8	2	8	3	8	9	9
		3	0	9	1	5	5	6	8	9	i	2	i
1. чеченец Σ	235 Caucas Turlov gar 493 Melordoy	1 3	2 3	1 4	1 0	1 3	1 4	1 1	1 2	1 1	1 2	1 1	2 9
2. русский "	265 South Russia Remejkov 918 Remejkov	1 3	2 3	1 5	1 0	1 3	1 4	1 1	1 2	1 1	1 2	1 1	2 9
3. русский A	124 South Russia Semenov 854 Semenov	1 3	2 3	1 5	1 1	1 4	1 5	1 1	1 2	1 1	1 3	1 1	2 9
4. башкир C	196 Ural Muratov 480 Muratov	1 3	2 3	1 5	1 0	1 3	1 4	1 1	1 2	1 1	1 2	1 1	2 9
5. русский O	222 Central Russia Nochevnoy 813 Nochevnoy	1 3	2 4	1 5	1 0	1 3	1 3	1 1	1 2	1 1	1 3	1 1	3 0
6. адыг Г	193 Caucas Sonmez 256 Sonmez	1 4	2 2	1 5	1 0	1 3	1 4	1 1	1 2	1 1	1 2	1 1	2 9
7. карачаевец И "	246 Karachay Khasanov 812 Khasanov	1 4	2 3	1 5	1 0	1 3	1 4	1 1	1 2	1 1	1 2	1 1	2 9
7. адыг	N9 784 8 Caucas Elgin ubikh	1 4	2 3	1 5	1 0	1 4	1 5	1 1	1 2	1 1	1 2	1 1	2 9

8. осетин	д)	243	Causac	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2
		083	Akoev	3	3	5	0	3	4	1	2	1	2	1
9. осетин	"Я	276	Caucas	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2
		877	Batsazov	4	3	5	0	3	3	1	2	1	2	1
10. русский		274	Lipetsk	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2
		391	Surikov	4	3	5	0	3	4	1	2	1	2	1
11. осетин	С	276	Caucas	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2
		901	Khokhoev	4	3	5	0	3	4	1	2	1	2	1
12. адыг		172	Caucas	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3
		686	Ruslan	4	3	5	0	3	4	1	2	1	2	1
13. башкир	Ы "	117	Ural	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3
		713	Eldek	4	3	5	0	3	4	1	2	2	3	1
14. башкир		274	Ural Qipsaq	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3
		914		4	3	5	0	3	4	1	2	2	3	1
15. башкир		249	Ural	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3
		572	Kudoyarov	4	3	6	0	3	4	1	2	1	3	1
16. русский		222	Ukraine	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3
		806	Zhuk	4	3	5	0	3	4	1	2	1	3	1
17. адыг		163	Caucas	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3
		132	Akgu^ ⁿ shapsug	4	3	5	0	3	4	1	2	1	3	1
18. адыг		N9	Turhal kabardinec	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3
		314		4	3	5	0	3	4	1	2	1	3	1

В касожский кластер попадают гаплотипы адыгов, русских, чеченцев, карачаевцев и башкир. В яском же кластере в основном гаплотипы осетин, башкир, но также встречаются гаплотипы адыгов и русских. Примечательно что в обоих кластерах оказались адыгские и башкирские гаплотипы, а в яском кластере оказались все осетинские гаплотипы.

Названия кластеров даны неслучайно. По поводу названия – касожский для кластера Σ , в основном было взято то обстоятельство что

этот кластер преимущественно встречается среди адыгов и русских. Адыгское происхождение от касогов у исследователей не вызывает сомнений⁴⁴, в качестве доказательств приводится тот факт, что этноним 'касoг' являлся названием адыгов-кабардинцев⁴⁵.

На Руси происхождение касожского кластера видимо связано с эпохой Мстислава Храброго (XI в.). В 1023 г. Мстислав собрал подвластных ему касогов и хазар и пошел на Киев⁴⁶, потомки этих касогов впоследствии вошли в состав формирующегося казачьего сословия⁴⁷.

Если касожское происхождение у адыгов и русских ещё можно проследить по историческим событиям прошлого, то довольно трудно объяснить его происхождение у чеченцев, карачаевцев и у башкир. По мнению Б.А.Муратова у карачаевцев и башкир происхождение касожского кластера восходит ко времени Дешт-и-Кипчака (XI-XIII вв.), когда касоги активно взаимодействовали с аланами⁴⁸, ясами⁴⁹ и кипчаками⁵⁰.

Теперь что касается названия — ясский, для кластера *d*. Дело в том что у 274914 Qipsaq Bashkir, (тестирование которого стало возможно благодаря соадмину Башкирского ДНК-проекта Р.Р.Суюнову) — была установлена его родовая принадлежность. 274914 Qipsaq является представителем рода *касау*, входящим в клан Карый-Кыпсак у башкир.

15031503150315031503—————

⁴⁴ Пьянков А.В. Касоги (касахи) кашаки письменных источников и археологические реалии Северо-Западного Кавказа // Северный Кавказ и кочевой мир Евразии: V «Минаевские чтения» по археологии, этнографии и краеведению Северного Кавказа (тезисы докладов). Ставрополь, 2001.

⁴⁵ Гарданов В.К. Адыги, балкарцы и карачаевцы в известиях европейских авторов XIII — XIX вв. Нальчик, 1974; Кажаров В.Х. Адыгская Хаса. Из истории сословно-представительных учреждений феодальной Черкесии. Нальчик, 1992, 160 с., С.155.

⁴⁶ Энциклопедический словарь Брокгауза и Ефрона//Мстислав Владимирович Храбрый. В 86 томах (82 т. и 4 доп.). СПб., 1890-1907.

⁴⁷ Губарев Г. Донские черкасы//Общеказачий Журнал. Ростов на Дону, ИЦ Дон-Принт, № 1, 2000. 40 с., С.5-11.

⁴⁸ Энциклопедический словарь Ф.А. Брокгауза и И.А. Ефрона//Касоги. С.-Пб., 1890-1907.

⁴⁹ Пьянков А.В. Касоги-касахи-кашаки письменных источников и археологические реалии Северо-Западного Кавказа//Материалы и исследования по археологии Кубани. Вып. 1. Краснодар, 2001.

⁵⁰ Гумилёв. Л.Н. Древняя Русь и Великая степь. М., Мысль, 1989.

Народная этимология объясняет термин 'касау' дословно с башкирского яз. в значении — 'долото'. Возможна также взаимосвязь термина 'касау' с этнонимом 'касог', а народная этимология в значении 'долото' наложилась позднее, когда было забыто истинное происхождение этнонима *касау*.

Рис.2. Поединок касожского богатыря Редеди с князем Мстиславом Храбрым (художник Н.К.Рерих)

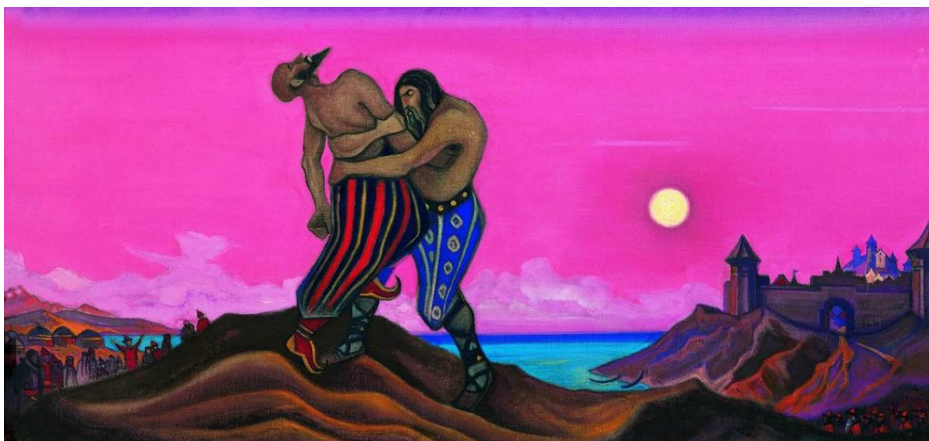


Фото.1. Реконструкция внешнего облика половца-кипчака и фото тестируемого из башкирского клана Касау-Карый-Кытсак (Кипчак) касожско-ясской подветви G2a



То что у башкир представитель касожской-ясской подветви G2a+L1264 входит в клан кипчаков — не случайно. Ясы и куны-кипчаки были союзниками⁵¹, выступившие совместно⁵² против монголов. После нашествия хана Бату — ясы и куны-кипчаки покинули Дешт-и-Кипчак, переселившись в 1239-1246 гг. на территорию современной Венгрии⁵³. Сейчас потомки ясов проживают в области Ясшаг⁵⁴, тогда как потомки кунов-кипчаков в области Куншаг⁵⁵.

Фото 2. Яские гусары на конных состязаниях под Ясфенсару⁵⁶



У башкир клан *касау* входит в род башкирских карый-кипчаков⁵⁷. Происхождение карый-кипчаков связано именно с куно-кипчакскими племенами⁵⁸. Вероятно часть ясов совместно с кунами-кипчаками переселилась в XIII в. не только в Венгрию, но и на Урал.

15031503150315031503—————

⁵¹ Контлер, Л. История Венгрии. Тысячелетие в центре Европы. М., 2002.

⁵² История Венгрии. М., 1971.

⁵³ Autonomies in Hungary and Europe. A comparative study By Józsa Hévízi. Corvinus society 2004.

⁵⁴ Fodor Ferenc. A Jászság életrajza. Budapest, 1991. ISBN 963-04-1487-2.

⁵⁵ Autonomies in Hungary and Europe. A comparative study By Józsa Hévízi. Corvinus society 2004.

⁵⁶ Бзаров Р.С. Аланы и венгры. Уроки истории//Горец, №3. 13.08.2011. <http://gorets-media.ru/page/alany-i-venгры-roman-s-prodolzheniem-ili-uroki-istorii>

⁵⁷ Башкирско-русский словарь//Башкирские рода и племена. М., ДИГОРА, 2001.

⁵⁸ Клёсов А.А., Муратов Б.А., Суюнов Р.Р. ДНК-генеалогия башкирских

Косвенно о яском происхождении кластера δ свидетельствует и тот факт, что в этот кластер попали все осетинские гаплотипы подветви G2a3b1a1b1, а ведь именно с осетинами часть исследователей связывает народ ясов⁵⁹. Язык ясов Венгрии как известно являлся диалектом древнеосетинского языка⁶⁰, следовательно среди потомков ясов Венгрии вполне допустимо что может быть обнаружена и эта подветвь, которая встречается ныне среди адыгов, осетин, русских, башкир и др. народов.

И хотя основной субклад осетин - из кластера G2a1⁶¹, М.Ю.Ночевой допускает что кластер δ подветви G2a3b1a1b1 может быть связан с ясами ещё и потому что субклады гаплогруппы G2a1 незначительно также представлены и у башкир, к примеру: 239988 Kubalek Bashkir⁶², что свидетельствует о том, что некоторые племена гаплогруппы G2a расселялись достаточно далеко в историческое время, что позволяет их соотнести в частности и с некоторыми древними степными народами, в т.ч. — с ясами.

Несколько затрудняет задачу то обстоятельство, что среди потомков ясов Венгрии до сих пор не был найден субклад G2a3b1a1b1⁶³, который мы связываем с касожско-яской подветвью. По всей видимости это связано с тем, что недостаточно была протестирована этническая группа ясы — у венгров. ДНК-тестирование жителей Ясшага в Венгрии показало, что в основном они оказались потомками местного европейского населения, но ясы были пришлыми в Венгрии⁶⁴ — значит у них должны быть субклады, связующие их не с местными европейцами, а с древними степными ясами.

родов//Proceedings of the Academy of DNA Genealogy. Vol.6, №6, June 2013, Boston-Moscow-Tsukuba. P.1083-1102,ISSN 1942-7484, С.1086, 1094; Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. М., Урал, 2013, 267 с., ЭИП «Суюн», Серия ЭИД, Том. I, 2-е издание, исправленное и дополненное, ISBN 9785990458314, С.117, 120.

⁵⁹ Kim, Ronald. On the Historical Phonology of Ossetic. Journal of the American Oriental Society, Vol. 123, №1. (Jan.-Mar., 2003), pp. 43–72.

⁶⁰ Yassic dialect. http://en.wikipedia.org/wiki/Yassic_dialect

⁶¹ Ossetian project of FTDNA

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

⁶² "Peoples" project of FTDNA/ Кубалек

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

⁶³ Jaszag project of FTDNA

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

⁶⁴ Бзаров Р.С. Аланы и венгры. Уроки истории//Горец, №3. 13.08.2011.

Дополнительным подтверждением ясского происхождения служит также то обстоятельство, что один из тестируемых из кластера δ 117713 Eldek — является представителем клана *ельдек* у башкир⁶⁵. Происхождение башкирских ельдеков тесно связано с историей Дешт-и-Кипчака. Древним районом расселения племени ельдек у башкир было левобережье реки Белой, которая являлась территорией наиболее активной кипчакской экспансии на Урал⁶⁶.

В связи с тем, что среди современных ясов Венгрии до сих пор не было найдено гаплотипов подветви G2a+L1264, Б.А. Муратов допускает, что кластер δ может быть также касожским по происхождению, и с гаплотипами кластера Σ общий предок у представителей этих двух кластеров жил 2768±260 лет назад. В таком случае присутствие осетинских и башкирских гаплотипов в кластере δ — следует объяснять либо участием некоторых протоадыгских племён в этногенезе древних скифов, либо поздними этническими контактами касогов со степными ясами и кипчаками.

В настоящее время существует также гипотеза о происхождении касожско-ясского субклада в более отдаленные исторические времена от сарматского племени языгов. Гипотеза эта очень интересна, но недостаточно аргументирована и опирается в основном на сравнительном лингвистическом сопоставлении этнонимов *зихи-языги-адыги-ясы*⁶⁷.

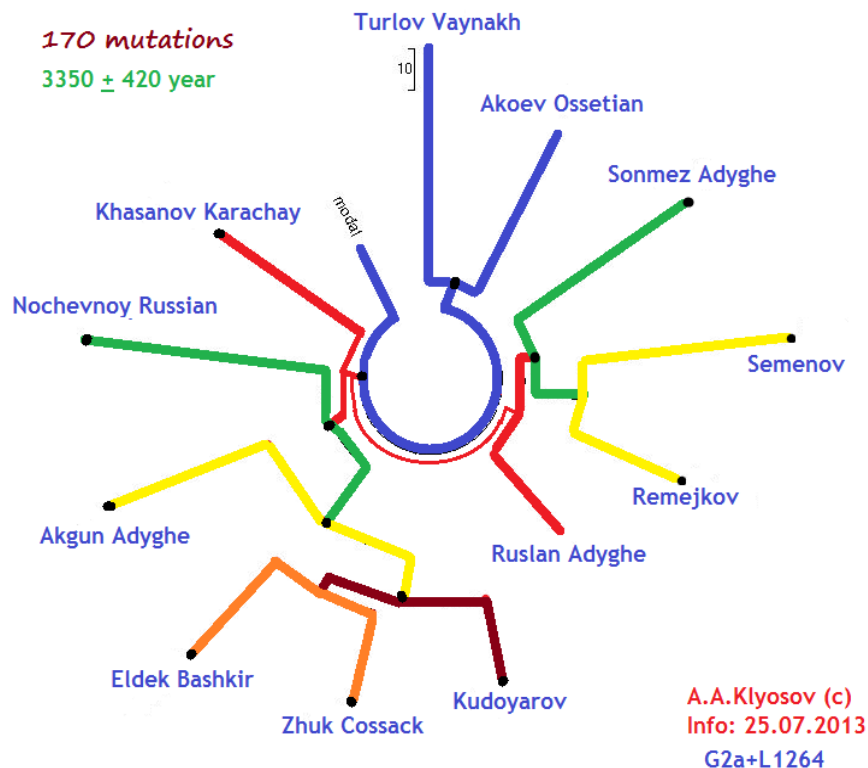
15031503150315031503—————

⁶⁵ Генеалогия и архивы. Админ сайта Ufagen.ru Б.Гусманов.

⁶⁶ Кузеев Р.Г. Происхождение башкирского народа. Этнический состав, история расселения. Уфа, ГНУ АН РБ, 2010, С.341-342.

⁶⁷ Адыгея. <http://circas.ru/index.php?newsid=2224>

Таблица № 2. Часть древа G-гаплогруппы с гаплотипами подветви G2a3b1a1b1 (Phylip ©)



В исследовании весьма интересным являются и данные о родовой принадлежности других тестируемых из подветви G2a+L1264.

Так, большая часть гаплотипов из касожско-ясской подветви у русских — родом с Южной России и Украины, исключение составляет лишь тестируемый 222813 Nochevnoy, предки которого оказались родом с Ивановской области РФ. Как мы знаем из истории, князь Мстислав Храбрый вместе с касогами совершил поход на Киев⁶⁸, и возможно 222813 Nochevnoy является прямым потомком тех самых касогов.

15031503150315031503—————

⁶⁸ Энциклопедический словарь Брокгауза и Ефрона//Мстислав Владимирович Храбрый. В 86 томах (82 т. и 4 доп.). СПб., 1890-1907.

Фото 3. Тестируемый 222813 Nochevnoy, русский



Принадлежащий по 12-маркерному гаплотипу к подветви G2a+L1264 тестируемый 274391 Surikov оказался родом из Липецкой области РФ, о своем роде он сообщил что: «самый ранний из известных мне предков по линии Суриковых – Елисей Григорьев сын, до 1614 года рождения. Впервые он упоминается в вотчине патриаршего Николаевского Венева монастыря, в селе Хавкове (Хавки) в Тульском уезде в переписной книге Тульского уезда 1646 г. До начала 18 в. его потомки упоминаются без фамилий, а с начала 18 в. – под двумя фамилиями: Суриковы и Елисеевы. Большинство ветвей его потомков носят фамилию Суриковы, но одна ветвь сохранила фамилию Елисеевы. В период между 1678 г. и 1710 г. из села Хавки часть Суриковых переселилась в патриаршие вотчины в Елецком уезде (село Истобное), а между 1710 и 1716 гг. из села Истобного в расположенное неподалеку село Лубны, в то время относившиеся к Лебедянскому уезду».

Тестируемый 163132 Turlov оказался представителем чеченского клана *гар-мелордой*, вкратце тестируемый рассказал о своем роде, что его тейп происходит: «от одной из трех линий аварских Ханов-Каракиши Бин Турурав, которые поочередно правили аварским ханством. Резиденция у них была в Мехельте, Гумбет, Дагестан. С 1626 или 1628

года было создано Чеченское феодальное общество, в котором они княжили — князья Турловы, но в начале XVIII в результате кавказских войн века потеряли власть. По архивам удалось проследить, что князья Турловы видели свое происхождение в убыхо-черкесской среде...». Как видим, данные ДНК-тестирования подтвердили предположение о происхождении этого чеченского тейпа от адыгских кланов.

У карачаевцев тестируемый 246812 Khasanov родом из Хурзук (это один из аулов Большого Карачая). Тестируемый 246812 Khasanov с его слов: «коренной карачаевец, уже 10-11 поколений как минимум... Всего известны три аула Большого Карачая, все карачаевцы выходцы из этих аулов, для справки ко времени присоединения к России — карачаевцев было 8 тысяч, это 1828 год. В работе Генриха Юлиуса Клапрота упоминаются предки нашего рода». Тестируемый 246812 Khasanov также знает генеалогию своего рода почти до 14 колен.

Фото 4. Дед тестируемого 246812 Khasanov, карачаевец

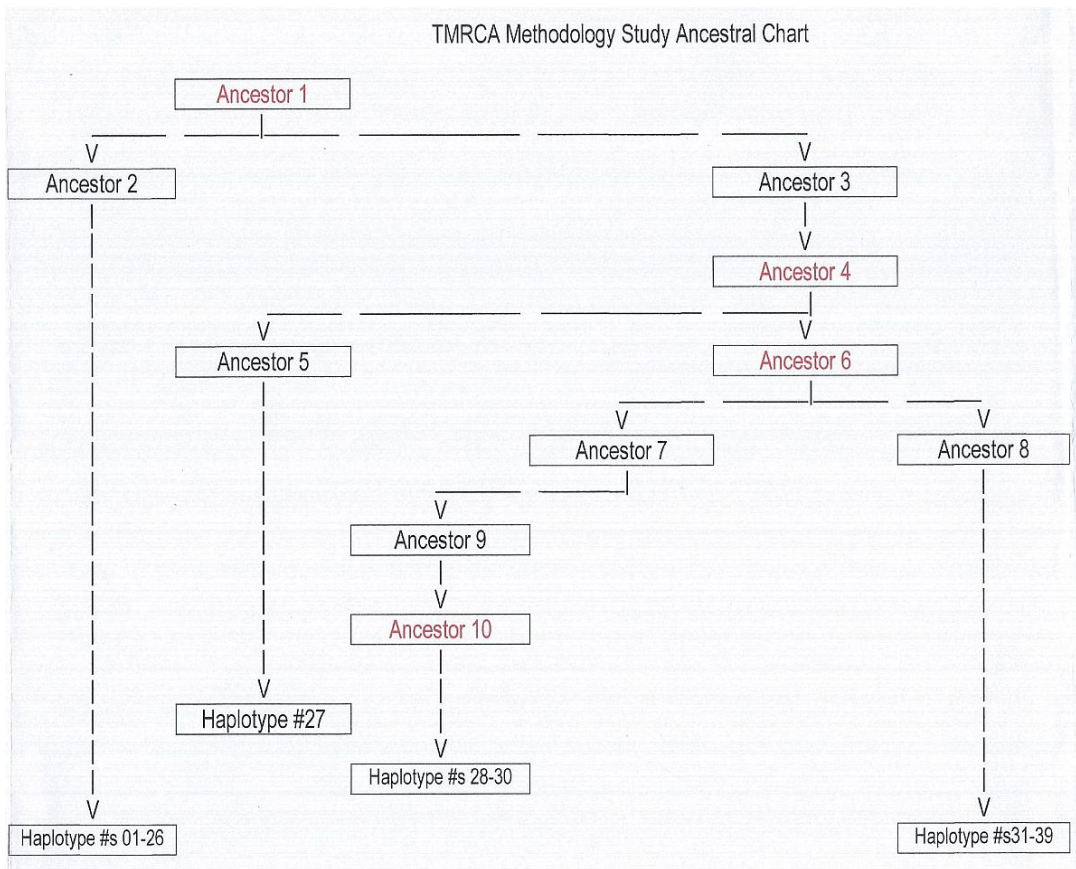


В заключении отметим, что выдвинутая авторами гипотеза о касожско-яссском названии для части гаплотипов подветви G2a3b1a1b1 является предположением, которое нуждается как в более тщательной проверке и в углубленном изучении гаплотипов субклада G2a+L1264 – на снипы, так и в исследовании архивных документов по истории тестируемых из этой подветви. Авторы исследования также надеются, что тестируемые из подветви G2a+L1264 смогут более тщательно предоставить данные о своей родовой принадлежности, что позволило бы лучше выяснить происхождение этого субклада.

SUSAN'S CORNER

TMRCAs Methods Study The Case for DNA Genealogy

Susan M. Hedeem
(Virginia, USA)



The Challenge: "...The TMRCA for Ancestor 1, 4, 6 and 10 calculated with the relevant haplotype (from) set(s) containing 37 marker results, 67 marker result and 111 marker results where applicable..."

Several members of the "Genetic Genealogy" community were asked to participate in a blind TMRCA Method's case study. We were furnished the

above ancestry outline and a set of haplotypes on a word document: In the FTDNA format - 39 haplotypes of which 21 were in the 67 marker panel, 5 in the 111 marker panel, and all 39 in the 37 marker panel. The purpose of the challenge was to assess the various methods currently in use within the community. Each participant was allowed to choose a method. I am representing DNA Genealogy developed by Anatole A. Klyosov.

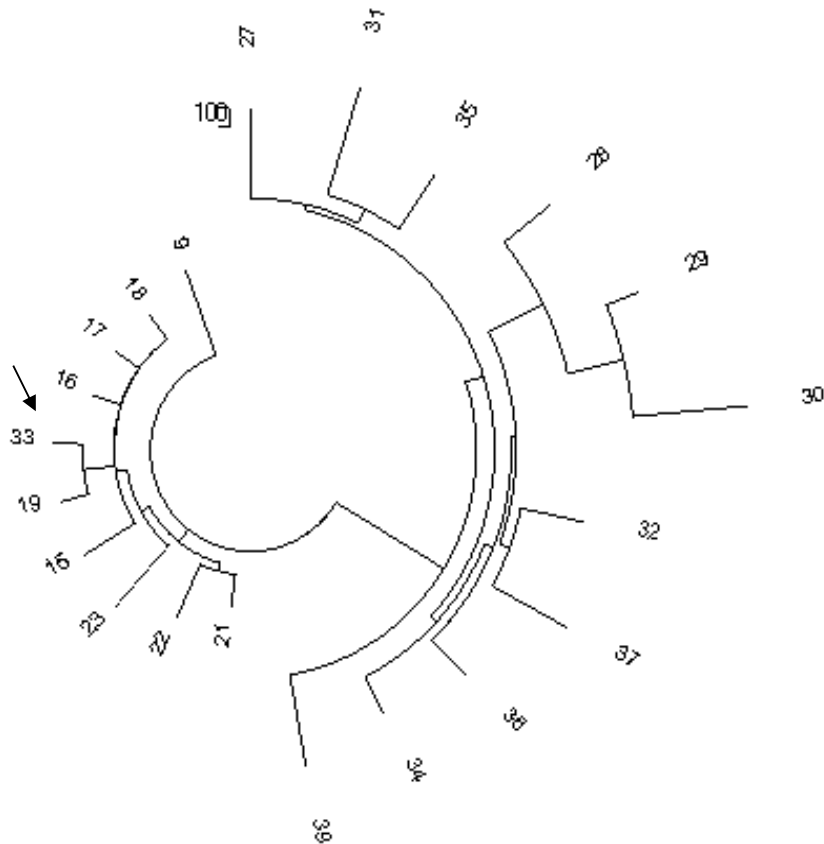


Fig. 1: Phylogenetic tree of 21 haplotypes in the 67 marker format

The tree in Fig. 1 has two primary branches, one which is sub-divided as is the ancestry chart. To the left we see a well defined branch representing **Ancestor 2** with one exception; haplotype #33 which is assumed to be descended from Ancestor 8. At 67 markers, #33 is identical in haplotype to # 19, and you will notice in the Fig. 1 he is paired with #19.

In the Left branch, haplotypes 15, 19, 21, 22, 23, 33 show 8 mutations: $8/6/0.12$ equates to 11 conditional generations for 275 ± 100 ybp. (19, 33 are identical; 16, 17, 18 are identical). The inferred dating would be 100 years on either side of about 1735 CE.

#9 carries two additional mutations. Considering him as part of the branch, there would be 12 generations and a TMRCA of 300 ± 100 ybp (1710).

The assumption is that 9 is a member of this particular branch. Normally DNA Genealogy would calculate # 9 as an outlier; however because of the duplicates (identical haplotypes) represented by 19, 33 and 16, 17, 18 (identical to each other), there may be a skew in the tree build.

The identical 16, 17, 18 assumed TMRCA would be about 100–200 years. If calculating #9 as an outlier, the branch age would be $2/0.12=17G=475$ yrs between their ancestors: $(475+275)/2 = 350\pm 100$ ybp to a common ancestor for all of them. That would translate into a common ancestor for the entire group at about 1660 CE. According to the chart, this would be Ancestor 2.

The base haplotype: 9, 15, 19, 21, 22, 23, 33

13 22 14 10 13 14 11 14 13 12 11 28–15 8 10 8 11 23 16 20 29 12 13 15 16
11 10 19 21 16 15 16 20 35 37 12 10–11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 23 23 15 10
12 12 16 8 13 25 20 11 13 11 12 11 11 12 11

The entire right side of the tree in Fig. 1 consists of the remaining eleven of the 67 marker haplotypes in a super branch which is subdivided. Haplotypes 28, 29, 30 fall neatly into their own branch and mirror the Ancestry chart for **Ancestor 10**. Haplotypes 31 and 35 are reassigned to join #27 (under Ancestor 5 leading to another between 6 & 4); the rest of them branch up as predicted by the chart with #39 showing as an outlier (under Ancestor 8).

Haplotypes 28, 29, 30 (Ancestor 10) have 6 mutations among them for the 425 ± 180 ybp.

27, 31, 35 have 6 mutations among them which corresponds to 425 ± 180 ybp (1585 CE). Outlier #39 is compared to them for the resulting TMRCA of 640 ± 180 ybp (1370 CE).

The four haplotypes, 32, 37, 34, 36, have 6 mutations for 13 conditional generations to a common ancestor, and a TMRCA of 325 ± 135 ybp (1685 CE). 28, 29, 30 and 32, 37, 34, 36 have a common ancestor 700 ± 185 ybp (1310 CE).

There is 1 mutation between the sub-branch base haplotypes and the base haplotype for the entire super branch of 11 haplotypes. $1/0.12=8G$ or 200 years between their ancestors: $(200+640+700)/2$ for a TMRCA of 770 ± 185 ybp (1240 CE).

Below are the base haplotypes for the tree.

The base haplotype: 27, 31, 35, 28, 29, 30, 32, 37, 34, 36, 39

13 22 14 10 13 14 11 14 13 12 11 28-15 8 **8** 8 11 23 16 20 29 12 **14** 15 16
 11 10 19 21 16 **14** **17** **19** 35 **39** 12 10-11 8 15 15 8 11 **11** 8 **8** 9 12 23 23 15 10
 12 12 16 8 13 25 20 11 13 11 12 11 11 12 11

The base haplotype: 9, 15, 19, 21, 22, 23, 33

13 22 14 10 13 14 11 14 13 12 11 28-15 8 **10** 8 11 23 16 20 29 12 **13** 15 16
 11 10 19 21 16 **15** **16** **20** 35 **37** 12 10-11 8 15 15 8 11 **10** 8 9 9 12 23 23 15 10
 12 12 16 8 13 25 20 11 13 11 12 11 11 12 11

The base haplotype: all 21 of 67 marker results

13 22 14 10 13 14 11 14 13 12 11 28-15 8 **10** 8 11 23 16 20 29 12 **13** 15 16
 11 10 19 21 16 **14** **17** **19** 35 **37** 12 10-11 8 15 15 8 11 **10** 8 9 9 12 23 23 15 10
 12 12 16 8 13 25 20 11 13 11 12 11 11 12 11

There are 8 mutations between the 2 branch base haplotypes and the set base haplotype. This suggests that this lineage split long ago. Additionally, there are 100 mutations among the 21 haplotypes and the set base haplotype. A suggested TMRCA for the lot of them is 1050 ± 200 ybp: $100/21/0.12=40 \rightarrow 42$ conditional generations. A lineage founder date may be inferred for 960 CE with a margin of error of 200 years. This would be **Ancestor 1**.

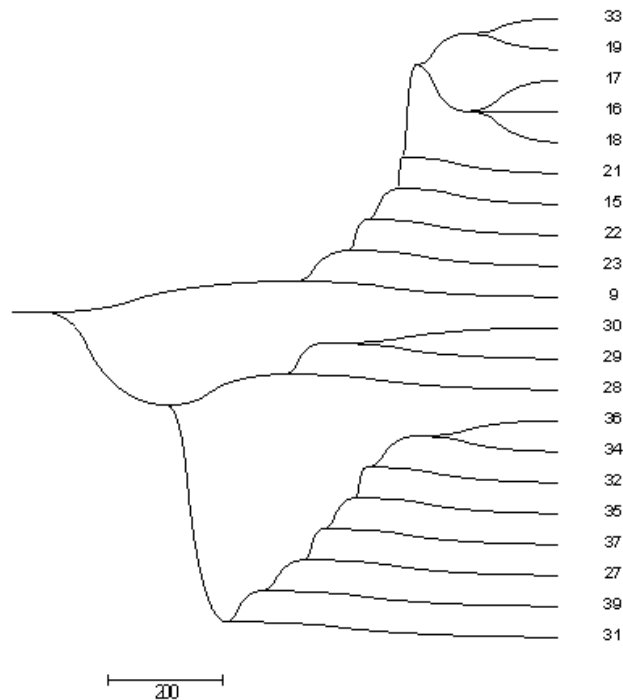


Fig. 2: Phylogenetic haplotype tree of 21 haplotypes in the 67 marker format

The tree above is a rooted phylogenetic tree. Where this tree differs from the previous tree is in its inference. Without getting into a detailed discussion of phylogenetic trees I will simply quote Phylip: *"Neighbor (the first tree): An implementation by Mary Kuhner and John Yamato of Saitou and Nei's "Neighbor Joining Method," and of the UPGMA (Average Linkage clustering) method. Neighbor Joining is a distance matrix method producing an unrooted tree without the assumption of a clock (UPGMA does assume a clock)." The Rooted Kitsch trees: "Estimates phylogenies from distance matrix data under the "ultrametric" model which is the same as the additive tree model except that an evolutionary clock is assumed. The Fitch-Margoliash criterion and other least squares criteria, or the Minimum Evolution criterion are possible."*

(<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/progs.data.dist.html>)

The greatest majority of the haplotypes in both the upper and lower branch of the rooted tree take straight off the branch line and the haplotypes represent each a distinct lineage. 19 & 33 being identical are closely related. Haplotypes 16, 17, 18 in the upper branch also appear related. The lower branch is subdivided as the right side of the circular tree. Haplotypes 28, 29, 30 are of the same lineage. Haplotypes 34, 35 appear of the same lineage.

Now let us look at the rooted phylogenetic tree for the 39 haplotypes in 37 marker panel below in Fig. 3. The split of the lineage is obvious and basically the same as the example for the 21 haplotypes of the 67 marker panel.

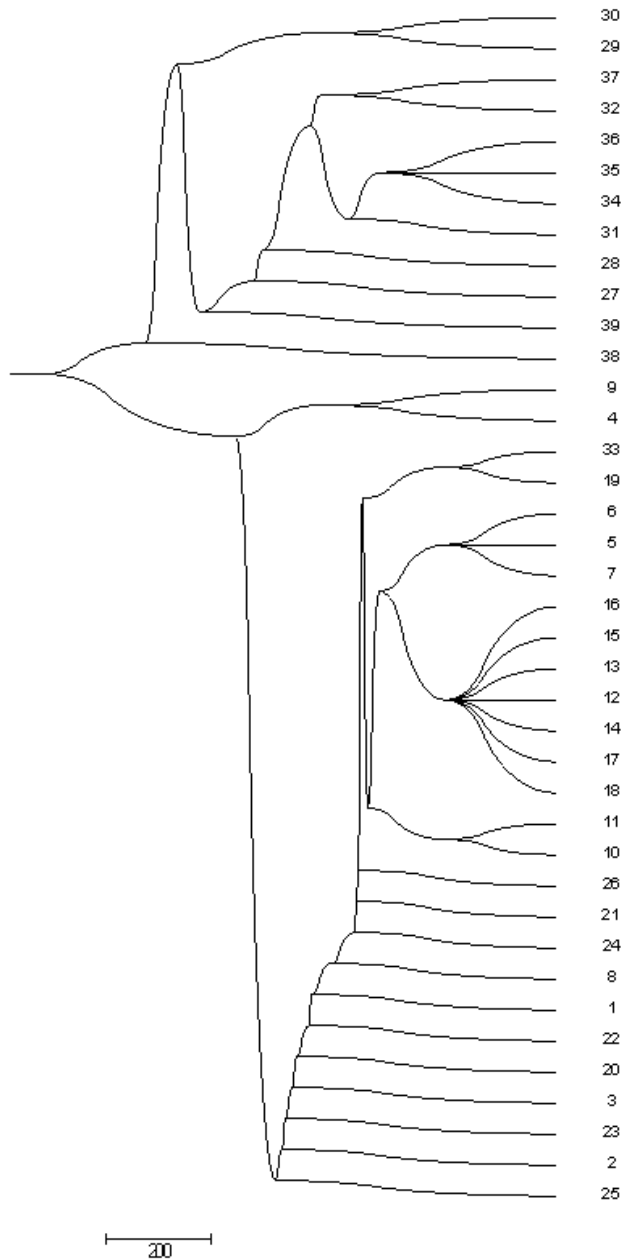


Fig. 3: Phylogenetic haplotype tree of 39 haplotypes in the 37 marker format

Below is the Neighbor (un-rooted) 37 marker format phylogenetic tree. Ordinarily I would not calculate a 37 marker set as the resolution is not optimal for the best estimate; however the instruction of this TMRCA challenge was precise, and all three marker panels were to be calculated.

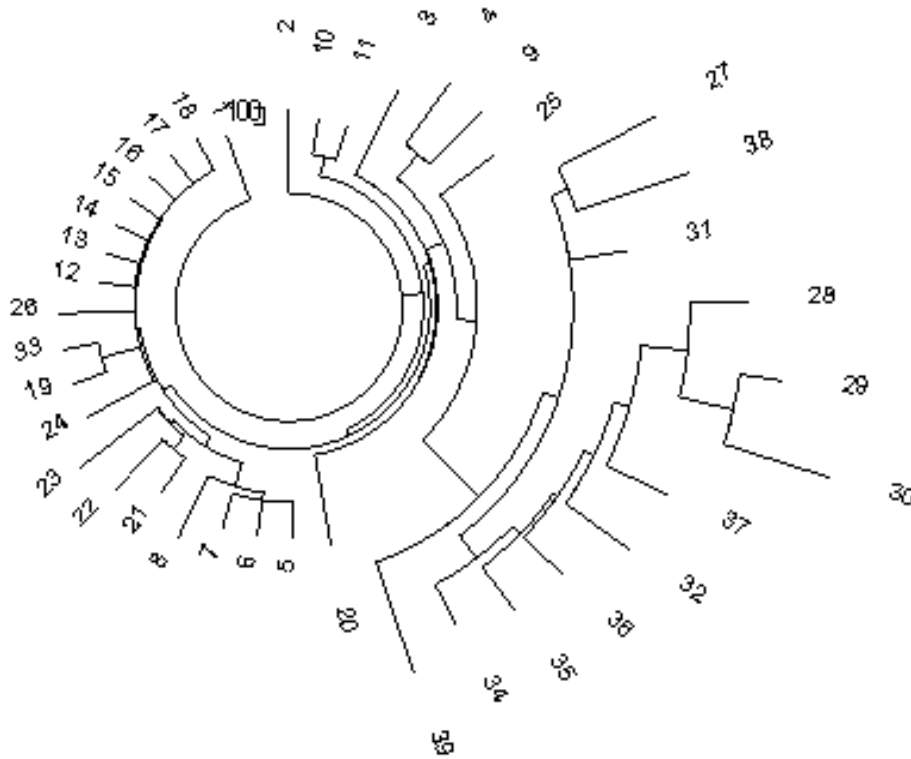


Fig. 4: Phylogenetic haplotype tree of 39 haplotypes in the 37 marker format

The base haplotype for the set of all 39 haplotypes

13 22 14 10 13 14 11 14 13 12 11 28–15 8 10 8 11 23 16 20 29 12 13 15 16
11 10 19 21 16 15 16 20 35 37 12 10

There are many duplicate (identical) haplotypes in this set. Additionally the 37 marker format does not have the resolution of the 67 marker format. None the less, the tree build is quite similar to that of the 67 marker format with the super branch right and the well defined tidy branch left.

The 37 marker format set age is 1020 ± 165 ybp and is very close to the result from the 21 haplotypes of the 67 marker format (1050 ± 200). This would be Ancestor One. The TMRCA of the two branches are 610 ± 165 ybp (Ancestor Three) right and 575 ± 140 ybp left (Ancestor Two) and are within margin of one another.

The descendants 1–26 supposedly of Ancestor Two, however, with their 32 mutations among them are about 350 ± 70 ybp, and this likely is not the time frame in which Ancestor Two lived, and Ancestor two should have lived previous to 1660 if the rest of the Ancestral chart is correct. The 67 marker panel for the haplotypes representing this group was 350 ± 100 ybp. So the calculations are consistent, but this group does not fit the Ancestral Chart.

To arrive at a potential TMRCA for haplotype 27, he was compared with the group that he sits with, namely 31, 38, 39. Haplotypes 27, 31, 38 have a TMRCA of 375 ± 200 ; add 39 and the TMRCA goes up to 475 ± 185 ybp. He doesn't actually belong to this group. By comparing his haplotype to the base haplotype for 31–39, and the TMRCA is 550 ± 160 ybp (1460), perhaps Ancestor 4.

28–30, descending from Ancestor 10, have a TMRCA of 275 ± 160 ybp (1735).

The 31–39 mutation counts suggests a TMRCA of 675 ± 160 ybp, and although within the margin of the proposed TMRCA of Ancestors 2 & 3 deduced from the branch ages, clearly, this would **not** be Ancestor 6 or 4. [From above, speculatively, Ancestor 4 may have lived 550 ± 160 ybp (1460)]. I suspect that this group needs sub-dividing. 32, 34–37 has a TMRCA of 325 ± 140 ; as mentioned above 27, 31, 38 is within the margin of that with a TMRCA of 375 ± 200 ; adding 39 bumps it up to 475 ± 185 ybp. In view of the potential TMRCA for Ancestors 2 & 3 being 575 ± 140 ybp and 610 ± 165 ybp respectively, I suggest that Ancestors 4 & 6 may be at 475 ± 185 ybp and 375 ± 200 ybp respectively (in the margin of 550 ± 160). This would then fall in line with Ancestor 10 having a TMRCA of 275 ± 160 . These TMRCA call into question 1–26 relationship to Ancestor 2. There must be unknown ancestors in between.

In summary:

Ancestor 1	37 markers	1020 ± 165	67 markers	1050 ± 200	within margin
Ancestor 4	37 markers	475 ± 180	67 markers	640 ± 180	within margin
Ancestor 6	37 markers	375 ± 200	67 markers	425 ± 180	within margin
Ancestor 10	37 markers	275 ± 160	67 markers	425 ± 180	within margin

There are 5 only haplotypes sampled in the 111 marker format; they are 15, 18, 21, 27, 30. Haplotypes 15, 18, 21 have 3/111 mutations among them; in other words they closely match at 108/111. Their TMRCA would be $3/3/0.198=5G$ or 125 ± 70 ybp (1885 CE). This is no surprise as they are identical at 37 markers and sit in the same tidy branch at 67 markers.

Haplotypes 27 and 30 on the other hand show great disparity. They may be of the same extended lineage; however surname alone (if they are in the same surname) will not solve the chasm between their Y DNA results. Although 2 haplotypes statistically are inadequate for TMRCA calculations, these two men with their 17 mutations in 111 markers could not have shared a common ancestor later than about 885 CE with a 300 year margin of error. $17/2/0.198=43\rightarrow 45G$ or 1125 ± 300 , and that is within the margin for the set age of both the 67 and 37 marker formats of this exercise. This should be of

no surprise either since the two men are from completely different lineages and removed from one another. The 111 marker set age for the 5 of them is 1325 ± 230 ybp which again is within the margin of the 67 & 37 marker estimates of 1050 ± 200 and 1020 ± 165 respectively. There are insufficient results in the 111 marker panel to meet the requirement for determining anything beyond the above which is the set age and the TMRCA between the men as separated for calculation.

This lineage appears to be of the I1 haplogroup.

The above information was shared with the challenge maker.

* * *

Upon receipt, the response included information regarding the data set.

- * The haplogroup of the data set is indeed I1.
- * Haplotypes 1–26 are of a closely related and completely different lineage speculated because of haplotype to be related to haplotypes 27–39; however no genealogical links have been found. The assessment that this panel of results did not fit with the challenge chart was then confirmed.
- * #33 indeed was a duplicate of #19 inadvertently left in that part of the data set (the third confirmation).
- * A previous estimate of the entire set had been completed during 2011 using a variance method of estimating with a TMRCA dating of 900–1100 CE; the estimate of 1050 ± 200 ybp for the 67 marker format and 1020 ± 165 ybp for the 37 marker format would be about 960–1000 CE (plus or minus their respective margins of error of 200 and 165 years if using 2011 as a start date), and is consistent with the previous estimate by another using an entirely different estimating method.

Now let us review all the estimates (participant names remove except Hedeem):

Ancestor	Markers	Estimator	Yrs. Bef. Present	Marg. of Error in years
1. unknown	111		1126–1432	437–384
1. unknown	111	Hedeem	1325	230
1. unknown	111		992	not stated
1. unknown	111		918–1209	not stated
1. unknown	67		1155–1331	605–481
1. unknown	67	Hedeem	1050	200
1. unknown	67		868	not stated
1. unknown	67		626–1020	not stated

1. unknown	37		1285–1417	775–567
1. unknown	37	Hedeen	1020	165
1. unknown	37		682	not stated
1. unknown	37		not stated	not stated
1. unknown	**	Nordvedt	911–1111	(2011 estimate)
4. unknown	111		insufficient data	insufficient data
4. unknown	111	Hedeen	insufficient data	insufficient data
4. unknown	111		899	not stated
4. unknown	111		682–961	not stated
4. unknown	67		602---679	437---343
4. unknown	67	Hedeen	640	180
4. unknown	67		651	not stated
4. unknown	67		344–542	not stated
4. unknown	37		506---680	486---393
4. unknown	37	Hedeen	475	185
4. unknown	37		682	not stated
4. unknown	37		not stated	not stated
6. 1640 CE (375)	111		insufficient data	insufficient data
6. 1640 CE “	111	Hedeen	insufficient data	insufficient data
6. 1640 CE “	111		insufficient data	insufficient data
6. 1640 CE “	111		insufficient data	insufficient data
6. 1640 CE “	67		684---855	441---385
6. 1640 CE “	67	Hedeen	425	180
6. 1640 CE “	67		651	not stated
6. 1640 CE “	67		409–691	not stated
6. 1640 CE “	37		584---869	522---444
6. 1640 CE “	37	Hedeen	375	200
6. 1640 CE “	37		651	not stated
6. 1640 CE “	37		not stated	not stated
10. 1842 CE (175)	111		insufficient data	insufficient data
10. 1842 CE “	111	Hedeen	insufficient data	insufficient data
10. 1842 CE “	111		insufficient data	insufficient data
10. 1842 CE “	111		insufficient data	insufficient data
10. 1842 CE “	67		347---450	246---349
10. 1842 CE “	67	Hedeen	425	180
10. 1842 CE “	67		403	not stated
10. 1842 CE “	67		267–434	not stated
10. 1842 CE “	37	Hedeen	275	160

The other participants used their preferred estimating systems.

DNA Genealogy seemed to verify in consideration of the margin of error the genealogy with the exception of one group: haplotypes 28, 29, 30 which represent the results of three men, verified 2nd cousins; and as seen from the above results from all, the same three men of Ancestor 10 posed the same difficulty.

Below is the Challenger's Adjusted Ancestral Chart

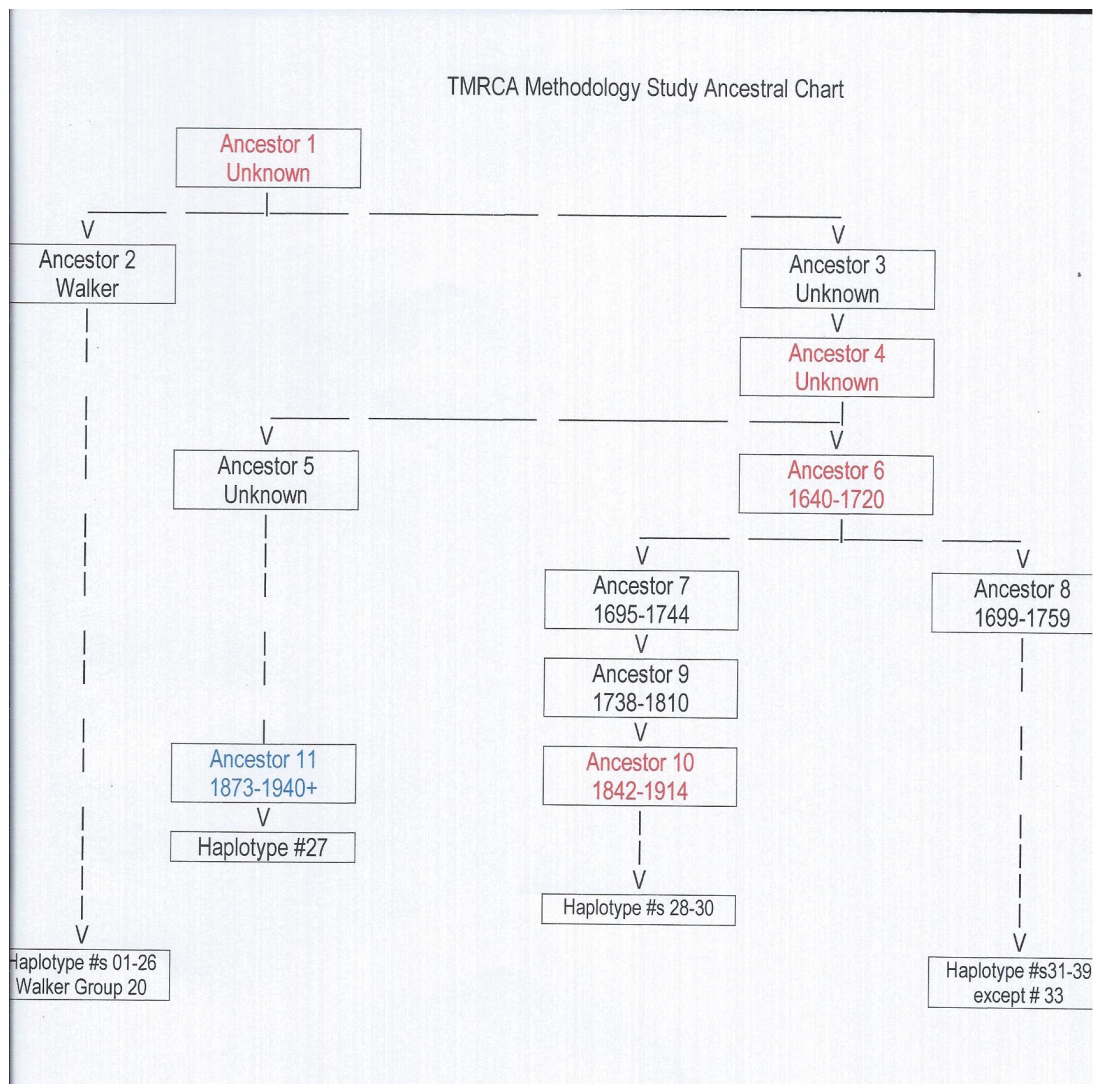


Fig. 5: Adjusted Ancestral Chart furnished by the Challenger post initial estimate receipt.

In attempt to bring clarity to the TMRCA Study, haplotypes 1–26 and 33 of a different surname were eliminated. The elimination of 1–26 (33 an unintended duplicate of #19) negates the need to recalculate Ancestors 1 & 2. The TMRCA of 1050±200 ybp for Ancestor 1 of this study is within the margin of error for the same obtained previously. The 37 and 111 marker formats are also eliminated. There are 2 only 111 marker format haplotypes among

haplotypes 27–39; the 67 marker format is better resolution than the 37 marker format, and should yield over all a better estimate.

The 67 marker haplotypes were assembled and re-treed through phylogeny. The rooted linear tree left (below) shows the split lineage as before (minus the 1–26 haplotypes) with the exception of the random rotation of the tree build program. The branched groups remain the same as those in the 67 marker linear tree exemplified in the challenge report (above). The pairings of the haplotypes featured in the circular tree right (below) are basically the same as the 67 marker circular tree also in the report. Removing haplotypes 1–26 had no affect upon the pairings of the remaining haplotypes as they were re-treed; hence we may confirm no skew as a result of the presence of another surname lineage, and the branches (based on haplotype) are stable.

This set's base haplotype

13 22 14 10 13 14 11 14 13 12 11 28–15 8 8 8 11 23 16 20 29 12 14 15 16
11 10 19 21 16 14 17 19 35 39 12 10–11 8 15 15 8 11 11 8 8 9 12 23 23 15 10
12 12 16 8 13 25 20 11 13 11 12 11 11 12 11

The Base Haplotype in the 67 marker panel

The I1 set is a young lineage, and the size of the set with the elimination of haplotypes for this consideration is fewer. Because of this the step mutation count is employed only for the entire set of haplotypes as a block; for the branches and branch comparisons, an infinite allele mutation count with an adjustment for the multi-copy markers (MCMs) is employed. The difference in approach is simple. Each mutation evidenced among the haplotypes as branched using the trees for a guide is counted as 1 regardless of distance, and the multi-copies are treated fractionally. The difference in approach does not affect the TMRCA by much, particularly in view of the calculated margin of error; however it does reduce the TMRCA median value which is still subject to the SD (margin of error). The SD calculation generally would encompass the slight differences.

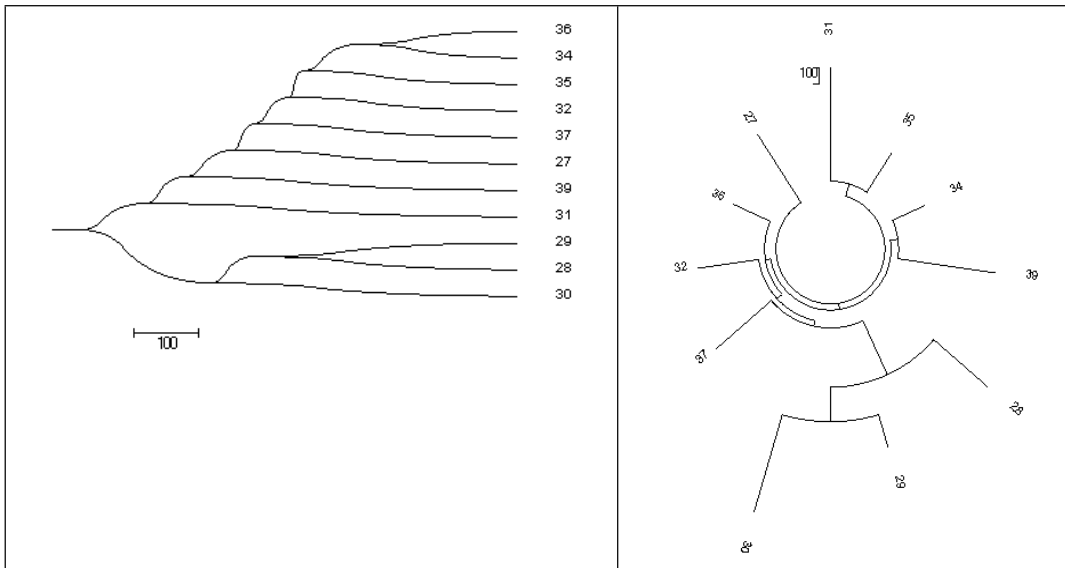


Fig. 6: Phylogenetic Haplotype trees in the 67 marker format: L Linear is rooted; R Circular tree is un-rooted.

This set has a TMRCA of **635±130** years before present (ybp) which infers with the margin a window of time in which a common ancestor for the entire group may have lived. This timing is about 1380 CE and this would be Ancestor 3 (probably) of the ancestral chart above (675±160 ybp using a step count rather than an infinite allele count for the 37 marker format).

Regarding the circular tree as a clock, beginning at 12 o'clock around the tree: Haplotypes 31, 34, 35, 39 have a TMRCA of 365±150 ybp. When # 27 is compared to this group, the 5 of them could have shared a common ancestor at 390±150.

This would be the common ancestor of 27, 31, 34, 35, 39 with a date window of as early as 1620 (or as late as 1925) with 1770 being the median date. The common ancestor by the chart is suggested to be between Ancestor 4 & 6. From the genealogist, *"Haplotype 27 and I have gone over the information for our two families and can find no points of connection since 1663. He has since identified the parents of his grandfather,, pushing his line back to 1830 in Denmark."*

Both dates fall within the margins of error even though the latter date and the most recent extension of the margin likely are not pertinent.

28, 29, 30 are 3 second cousins with the adjusted mutation count equal to 5.5 among them from their base haplotype, a calculated TMRCA of 375±165 ybp inferring an approximate dating of 1640 for Ancestor 10. *"Ancestor 10 (1842-1914) is a direct descendant of a man who lived '1695-1744' and is ' Ancestor 7, by his son' who lived '1738-1810. Haplotypes 28, 29 and 30 are second*

cousins, and the great-grandsons of Ancestor 10. 'There are 8 generations from' the immigrant founder of this lineage' to these men."

These TMRCA assessed dates fall within the margin for Ancestor 7 but outside the margin of Ancestor 10 by 37 years and that is over 1 statistical generation.

[Original estimate: 28, 29, 30 also have 6 mutations among them for the... 425±180 ybp.]

Haplotypes 32, 36, 37 have a TMRCA of 243±185 and a date about 1770.

Haplotypes 31, 32, 24, 35, 36, 37, 39 represent Ancestor 8, and their TMRCA is 375±100 ybp with a dating window of about 1640 and with the margin of error as late as 1740. *"Haplotypes 31-39, except 33, are the descendants of Ancestor 8, 1699-1759, the younger son of' of the founding immigrant. 'They are all either 7 or 8 generations from' him."*

The calculated TMRCA is consistent with the genealogy.

The common ancestor for 31–39 (Ancestor 8) and 28, 29, 30 (Ancestor 10), both discussed above, is at about 770±125 ybp which is in the margin of error and consistent with the earlier estimate of **"28, 29, 30 and 32, 37, 34, 36 have a common ancestor 700±185 ybp (1125-1310-1495 CE)."**

This is not consistent with the following for Ancestor 6 which I assume would be the common ancestor for the two groups; furthermore, although the two estimates are within the margins of one another, the calculated median value exceeds the estimate for the **entire set**: *"The immigrant ancestor for the family in the test pedigree is Ancestor 6. He first appears in the records of New Netherland in 1687, in Brooklyn, when he and the rest of the male population swore an oath of allegiance to the British crown... According to the oath' he' was not native born, and he had been in the Province of New York for 24 years. That places his year of immigration in 1663... Assuming he was an adult when he immigrated in 1663 and died before 1720, I estimated he was born about 1640, probably in one of two small towns in Jutland, Denmark, named Horne. No documentation exists for these places, in Denmark, due to the ravages of the Thirty Year's War."*

What could cause such a disparity? The genealogist makes note of this situation with the genealogical information shared with the various members estimating for the challenge: *"Haplotypes 28, 29 and 30, if I am not mistaken, have the most mutations of the eleven actual descendants of Ancestor 6."*

(author note, these men all are verified 2nd cousins and their haplotypes should be nearly identical; however, they have according to the step count 6 mutations among them, and with the infinite allele with adjustment for the MCMs 5.5 mutations among them. Even with the adjustment, they barely fall

close to the margin of error for the date window which would be expected for the 3 of them. *Their great-grandfather, Ancestor 10, fought in the Civil War, before he married and had children. At the Battle of Vicksburg, he was in the rear echelon, sick with typhoid fever. His son served in the Spanish American War and was hospitalized with measles, on Angel Island, in San Francisco Bay. His grandson, in this line, participated in the atomic testing in the South Pacific in the 1940s. This man's only son, HT30, was conceived when he was fifty years old. HT 30 has the most mutations of any descendant of Ancestor 6. If I am not mistake all of the conditions listed in this paragraph could cause mutations in the y chromosome."*

Since the genealogy is well searched, documented and verified, the only explanation for these mutations may be evidence that the age and health of the father at the time of conception may cause greater mutations within the male issue. One of the more recent articles addressing the issue of father/offspring mutations in "[Nature | News Fathers bequeath more mutations as they age: Genome study may explain links between paternal age and conditions such as autism](#). By [Ewen Callaway](#) 22 August 2012", does not address Y chromosome mutations, rather genome wide mutations. A review of the literature regarding this particular phenomena attributed to father age did not reveal any published research which I could find on the applicability of the research to date for the Y Chromosome; however, absence of published research does not mean that the Y is immune to the phenomena as seen with the rest of the genome in regard to inheritance.

Certainly the DNA Genealogy Method cannot be deemed as inaccurate as the method is dependent on the properly counted mutations for the calculations. Since the rest of the estimate as revisited is consistent with the known genealogy, the only two options available to explain the disparity is that either the genealogy is incorrect which is disputed or the number of mutations among this particular group of men is inordinately high for some reason.

The Phylogenetic trees do suggest based on inference of the haplotypes that this lineage indeed split, and suggests that it split perhaps longer ago than what may be considered. Could there be records for more than one or two individuals who may have "gone" by the same or similar name as the ascribed ancestors of the genealogy? *"In the 1600s there were three immigrants to New Netherland, whose descendants took some version of the surname."*

As an estimator unfamiliar with the genealogy documentation and considering that the mutation counts in determining a potential TMRCA, I have to present the evidence without bias. In this estimate, the observation suggests that the accumulation of mutations is not consistent for what ever reason with part of the genealogy record. This should not be construed as an opinion. The three haplotypes in comparison to the larger set simply calculate out as having a higher TMRCA than what would constitute

verification for Ancestor 6 being the common ancestor for them all, and further investigation is warranted.

A review of the 37 marker panel indicates that # 38 shows the most mutations against the base haplotype. Accumulation of mutations is generally considered a signal for lineage age oppose to the concept that the base haplotype (often referred to as a modal) is considered to represent the ancestral haplotype. Of the 3 haplotypes 28, 29, 30, number 28 and 30 show 1 step mutations in 3 loci each against their base haplotype. One of 28's is in a multi-copy marker, CDYb; the other 2 mutations in loci DYS 460 and DYS 641; and in both cases are either a down mutation or possibly a back mutation. #30 shows mutations at loci DYS 449 DYS 578, both up mutations and DYS 456 either a down mutation or possibly a back mutation. #29 shows no mutations when compared to their base haplotype.

In comparison to the set base haplotype (above), all 3 of them show a mutation at DYS G4H and DYS 537; collectively they show additional mutations against the base set base haplotype: 1 at DYS 449, 2 at DYS 460, 1 at DYS 456, 1 at DYS CDYb, 1 at DYS 578 and 1 at DYS 641. In terms of statistics, the 13 mutations would constitute 108→121 generations at 25 years each or 3025 years between them and the base haplotype which represents the entire set (including them).

The difference between TMRCA calculations and Klyosov's DNA Genealogy Method is that DNA Genealogy considers both the aspect of calculating TMRCA and the Genealogies; the opportunity to investigate a lineage well documented as this lineage reveals information about mutations that often go unnoticed by utilities and methods strictly interested in Genetic Distance.

CONCLUSION

DNA Genealogy as applied to the data set presented by the Challenger successfully determined the genealogical dates within the margins of error for the majority of the set as well as discovered in advance of the confirmations aspects of the data set and the genealogy which did not fit with the description from the Challenger going into the challenge.

The original estimate included a separate lineage which is not recently related to the lineage which was the main focus of the exercise (haplotypes numbered 27–39 minus #33).

The focus group is a young lineage that appears in TMRCA terms older than it is due to one branch of the lineage. Haplotypes 28, 29, 30 show an inordinate number of mutations among 3 closely related men; in most lineages, 2nd cousins generally exhibit 0–few mutations among them. These three share mutations in 6 alleles and show considerably more mutations

away from the base haplotype of their extended lineage than most lineages do. The DNA Genealogy calculated TMRCA of the majority of this lineage fall very neatly within the boundary dates of the genealogy; these 3 do not because of their excessive mutations among them and away from the extended lineage base haplotype.

Mutations are random and unpredictable. There has been recent research observationally at the molecular level; however to the best of my knowledge for the Y, the research hasn't progressed past the observations. There may indeed be a link unknown (or un-published) between age and health of men and mutations passed along the Y chromosome, but as yet the available information has drawn no definitive conclusions that I have been able to find in the published literature. In this lineage analysis, we have established that these three have an inordinate number of mutations which may indeed be the result of the age and health of direct line ancestors who were known to be older (in their 50s), had suffered considerable disease and stress (war), and in the case of one possible exposure to nuclear material during atomic testing all previous to conception of their off spring. Any mutation which occurs in the Y for any reason is inheritable.

Acknowledgements

Gail Riddell, phylo-tree production

Mark Jost, converting the haplotypes in word doc to Microsoft excel

References

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

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

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

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

MEGA Tamura K, Peterson D., Peterson N., Stecher G, Nei M., Kumar S (2011) MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods.

Dean McGee's Y-DNA Utility option for FTDNA mode

http://home.earthlink.net/~odoniv/HamCountry/HAM_DNA_Project/HAM_DNA_Tools.html

Susan M. Hedeem, Fellow

Academy of DNA Genealogy Boston-Moscow-Tsukuba

<http://dna-genealogy.ru/vestnik.html>

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

История рода Романовых

1. История рода князя Видевута.

1.1. Новые технологии ДНК-генеалогии.

Г.В. Трутнев

Волгоград

В начале 21 века усилиями генетиков и подвижников ДНК-генеалогии во главе с профессором А. Клёсовым создана новая технология исторических исследований, которая позволяет обосновывать новые гипотезы по древней истории человечества. Особые перспективы ДНК-генеалогия предоставляет для исследования отдельных родов и семей. Общая история государств и народов складывается из родословных конкретных людей и каждому человеку интересна история его рода. До настоящего времени было технически невозможно записать историю отдельного рода или семьи, благодаря развитию компьютерных технологий всё меняется. Возможности древних летописцев были ограничены, они оставили нам только последовательность самых важных событий связанных главами племенных союзов и государств. Через историю царских династий каждый может представить историю своих предков.

История происхождения царских династий является очень важным источником для понимания истории племени, народа, государства. Благодаря развитию ДНК-генеалогии некоторые царские династии можно восстановить на тысячи лет. В Московской России было три царские династии: Рюриковичи, Годуновы, Романовы. В интернете опубликована гаплогруппа императора Николая II очень редкая, R1b1-M335, мне захотелось исследовать происхождение и историю рода Романовых. Я использовал сведения из интернета и некоторые результаты исследований, проведённых по заказу главы знаменитого банкирского дома, который очень гордился своим происхождением от древних царей и активно собирал сведения по истории своих предков. Процесс этот начался в 21 веке с исследования мумии египетского фараона Тутанхамона. Становление ДНК-генеалогии заставило значительно пересмотреть родословные многих династий, которые продолжают играть значительную роль в мировых финансах и политике.

Эту статью я отношу к жанру публицистических исследований, главной целью которых является популяризация результатов научных исследований в ДНК-генеалогии и исторических науках. Благодаря личным знакомствам мне стала известна некоторая любопытная информация о происхождении рода Романовых.

В истории династии Романовых есть историческая загадка, связанная с родителем Павла I. С помощью ДНК-генеалогии можно совершенно точно определить, кто был реальным отцом Павла I. Для этого необходимо сравнить гаплогруппы современных Романовых с гаплогруппами потомков герцогов Шлезвиг-Гольштейн, Ольденбургами и русскими потомками боярина Андрея Кобылы, сразу станет всё ясно!

В России по первому каналу 20 апреля 2013г. показали документальный фильм «Романовы. Мистика царской династии». В этом фильме есть эпизод, где рассказывается об эксгумации могил бояр Романовых, о нахождении у останков признаков наследственных болезней. При этом ничего не сказано об Y хромосоме из останков бояр Романовых. Я никогда не поверю, что такого анализа не было сделано. *(Примечание редактора: не сделано. В России такие анализы не проводятся, это очень ювелирная работа, требующая не только уникального оборудования, но и научной школы. Наконец, такие исследования очень дороги).*

Возникает вопрос, почему не опубликовали? Если не получился анализ, то зачем умалчивать об этом? Зачем скрывать гаплогруппу бояр Романовых? За 400 лет могло возникнуть 2-3 мутации и можно совершенно точно определить являются современные Романовы прямыми потомками по мужской линии бояр Романовых, или нет. В наше время живёт много потомков боярина Андрея Кобылы с документированными родословными, они бы могли опубликовать свои гаплогруппы и прояснить вопрос. У Рюриковичей опубликовали результаты ДНК исследований, появилась тема для исторических исследований.

Если гаплогруппа современных Романовых совпадает с родственниками герцогов Шлезвиг-Гольштейн – значит Петр III отец Павла I. Если гаплогруппа современных Романовых совпадают с гаплогруппой останков бояр Романовых, **значит отцом Павла I был внебрачный сын Петра I.** У Петра I было много внебрачных сыновей, самый известный - фельдмаршал Румянцев. Вопрос, который 200 лет мучает историков и который методами исторического анализа документов не может быть решен, с помощью технологии ДНК-генеалогии решается абсолютно точно.

Определение фактического отца императора Павла I - только один пример возможного решения исторической тайны. ДНК-генеалогия предоставляет уникальные возможности исторического исследования отдельных родов, племен, народов. Настоящее исследование стало возможным только благодаря достижениям ДНК-генеалогии. Те историки, которые пренебрегают достижениями ДНК-генеалогии, в недалёком будущем станут аутсайдерами исторической науки.

У каждого современника 5 тысяч лет назад и много ранее на десятки и сотни тысяч лет, вплоть до обезьян был какой-то предок. У каждого мужчины линия отцовских предков зафиксирована в Y хромосоме на миллионы лет. В III тысячелетии до н.э. всё население Европы составляло от нескольких сотен тысяч до нескольких миллионов человек. Из исследований ДНК-генеалогии следует, что по Y хромосоме всё русское население является потомками нескольких десятков мужчин живших 3 тысячи лет назад (*Примечание редактора: это неверно. Три тысячи лет назад, в начале 1-го тыс до н.э., на Русской равнине было много племен, к тому же нескольких разных гаплогрупп, предков современных этнических русских. В те времена уже началась миграция многих этих племен на запад, в Европу, и некоторые племена были довольно многочисленными. Наконец, в начале 1-го тыс до н.э. по Евразии кочевали скифы гаплогруппы R1a, многие из которых стали нашими предками*).

Как так получилось? Насколько это достоверно? Каждый человек по генетическому наследованию получает миллионы генов, которые определяют нашу биологическую «конструкцию». По генетическому наследованию мужчина отличается от женщины одной Y хромосомой, которая передаётся от отца к сыну. Все остальные гены перемешиваются с женскими по неизвестным современной науке законам.

В общем генетическом наследстве у каждого современного человека есть какие-то гены от миллионов предков живших 5 тысяч лет назад. Но по Y хромосоме сто лет назад, тысячу лет назад, 5 тысяч лет назад и так далее, в жизни одного поколения был только один мужчина, который был прямым предком. У каждого гражданина России есть своя генеалогическая линия предков, которая уже через 3 тысячи лет сводится к нескольким десяткам отцов для всех жителей России (*Примечание редактора: это неверно, см. выше*). В Y хромосоме есть участок (*Примечание редактора – таких участков много*), в котором по вероятностным законам сохраняются случайные мутации за миллионы лет эволюции. Сопоставляя накопленные мутации у разных мужчин можно определить их родственные отношения на тысячи лет истории. Исследованием закономерностей мутаций в участке Y хромосомы занимается ДНК-генеалогия. Наиболее обоснованно и доступно основы ДНК-генеалогии изложены в исследованиях профессора А. Клёсова.

ДНК-генеалогия как наука находится в периоде становления, исследованиям меньше 10 лет. Даже на этом этапе накоплено много сведений, на основе которых можно производить исторические реконструкции. В Интернете мне попалось сообщение о том, что Y хромосома рок музыканта Оззи Осборна оказалась родственной:

1. Римлянину, похороненному около Везувия в 79 году.
2. Николаю II.
3. Королю Гергу 1 (1724 г.).

(Примечание редактора: это не стоит принимать за чистую монету. Моя мтДНК, например, родственна Марии Антуанетте, у нас с ней одна гаплогруппа H, как и у миллионов других людей. А что касается анализа хромосомы римлянина, то такие данные мне неизвестны. Возможно, это из той же категории ОБС. Но это не отменяет обций принцип анализа ДНК и возможности неожиданных находок).

Английский король Георг был представителем ганноверской династии по линии Эсте – потомков каролингских наместников. По легендам герцог Эстэ был потомком Карла Великого и троянских царей из династии дарданидов. Точное происхождение предков Карла Великого неизвестно. Возможно, Карл Великий был потомком правившего в Кёльне короля рипуанских франков Сигиберта Хромого, которого убил собственный сын Хлодерих. У Хлодериха был сын Мундерих, который, вероятно, был предком Карла Великого. Сигиберт Хромой был родственником короля франков Меровея. По историческим преданиям родоначальник династии Меровингов король Меровея и король Карл Великий были потомками троянского царя Энея из династии дарданидов.

Около вулкана Везувий в г. Геркуланум была вилла тестя Юлия Цезаря, которая у историков называется «виллой папирусов». Вилла принадлежала Луцию Кальпурнию Пизону Цезонию (консул 58 до н.э.) – отцу Кальпурнии Пизонис супруги Юлия Цезаря. Луций Кальпурний происходил из рода Цезониев, был усыновлён родом Кальпурниев. Весьма вероятно, что кто-то из родственников Юлия Цезаря, или других потомков троянского царя Энея был похоронен около Везувия. Юлий Цезарь вел свою родословную от троянского царя Энея.

Можно сделать вывод о том, что Николай II и рок музыкант Оззи Осборн тоже были потомками троянского царя Энея. По императору Николаю II есть много других сведений подтверждающих, что Y хромосому Романовы получили от их предка троянского царя Энея.

Некоторые результаты неопубликованных ДНК исследований стали мне известны и дали основу настоящего исследования. ДНК исследования потомков Европейских королевских династий со временем будут опубликованы и появится доказательная база родословной Романовых. В настоящее время в Интернете я не нашел полных сведений по гаплогруппам Романовых и других династий. По многим признакам у меня сложилось мнение о достоверности сообщенной мне информации.

На мой взгляд, история рода Романовых является исключительным историческим приключением, для читателя с развитой исторической фантазией мое исследование будет любопытным. Лыщу себя надеждой, что моё исследование подвигнет студентов и молодых историков

изучить ДНК-генеалогию и сделать своё исследование рода Романовых по научной методологии.

На основании неопубликованных исследований и информации из Интернета предками по Y хромосоме у Николая II были:

1. Тутмосиды из 18 династии Египетских фараонов 16-14 век до н.э.
2. Эней Троянский 13 век до н.э.
3. Цари Гетов в Палестине. 12 век до н.э.
4. Римские патриции Юлии 6-1 век до н.э.
5. Князья Фризии, Померании и Пруссии 6-13 век.
6. Старомосковские бояре потомки Андрея Кобылы 14-17 век.
7. Династия Романовых 17-19 век.

По опубликованным в Интернете сведениям гаплогруппа Николая II определена как R1b1-M335. Мутация M335 является очень редкой и очень древней, возможно, она найдена в мумиях Тутмосидов. – египетских фараонов 18 династии. По сочетанию мутации M335 и гаплогруппе ныне здравствующих Романовых можно достоверно определять древних родственников.

Среди здравствующих потомков участника троянской войны царя Энея мне известно о европейской и кавказской линии потомков Авимэлекса - царя Гетов из Палестины жившего в 12 - 11 веках до н.э. К европейской линии потомков Энея относятся римские Юлии, французские Меровинги и Каролинги, Гриффины из Балтийской Померании, русские Романовы и другие потомки боярина Андрея Кобылы. Потомки царя Авимэлекса из Месопотамии были приглашены в Хазарию в начале 9 века во главе с Обадием. Обадий погиб в междоусобной войне, его брат основал династию каган беков Хазарии.

Современные потомки каган беков Хазарии сохранили полную письменную родословную с 11 века до н.э. и комплект царских регалий. Каменная печать полностью совпала с оттиском этой печати найденной археологами в слоях, относящихся к 7 веку до нашей эры. Насколько мне известно, потомки европейской и кавказской линий имели общих предков до середины 9 века до н.э. При наличии нескольких десятков гаплотипов, можно достаточно точно определить время жизни общего предка.

Сохранились письменные свидетельства, из которых следует, что Юлий Цезарь признавал в качестве своих предков Юла Аскания из города с современным названием Ашкелон в Израиле, царя Гетов Авимэлекса и прочих предков с 12 по 9 век до н.э. В останках потомков французских королей династий Меровингов и Каролингов выявлены родственные Романовым гаплогруппы R1b1. Потомки Померанских

князей из рода Гриффинов сохранили семейные предания о своих древних предках Юлии Цезаре и Константине Великом.

Многие исследования происходили с 2008 по 2012 годы. Учитывая финансовые возможности указанного выше главы банкирского дома и его личную заинтересованность, я пришел к выводу о достоверности сообщенных мне результатов исследований. Более подробно о древнем периоде истории предков Романовых я опишу в следующих главах. Насколько достоверно моё исследование, покажет время. Надеюсь, предлагаемая статья будет увлекательным и познавательным чтением.

1.2. Почему царём России избрали Михаила Романова?

Мотивы избрания Михаила Феодоровича Романова русским царём мы никогда не узнаем. Переговоры происходили в узком кругу без протокола. Внешние обстоятельства избрания хорошо известны, после нескольких месяцев ожидания решения боярской Думы, Михаила Романова выкрикнули казаки и практически силой заставили принять решение. В борьбе на новую царскую династию участвовали представители княжеских фамилий Рюриковичей, Гедеминовичей, Чингизидов, но выбрали молодого представителя старомосковского боярского рода Романовых, которые не имели княжеского титула, хотя признавались потомками прусских королей, почему? Главная причина была во внутреннем объединении старомосковских бояр, которые фактически создали Московское княжество.

Социально политический смысл термина «старомосковские бояре» мне раньше был не совсем понятен. Феномен превращения небольшого Московского княжества в центр объединения Руси произошел благодаря уникальному объединению усилий московских князей и старого московского боярства. Бояре 12-14 веков по социальному статусу соответствовали западноевропейским рыцарям, на Руси только князья и бояре обладали личными наследственными правами на землю, у крестьян до 20 века землёй владела община. *(Примечание редактора: ипомещение земель, то есть государственная выдача земельных наделов производилась потомственному служилому сословию с древних времен, и во всяком случае упорядоченно с 1566 года, когда Иван Грозный определил три разряда служилых людей, два первых из которых были дворяне и дети боярские, служившие «по отечеству», то есть наследственно).* Начиная с 15 века звание боярина присваивалось члену Боярской Думы, которая была правительством Московского княжества, таким образом, звание боярина соответствовало современному министру. В 12-14 веках бояре и их отряды составляли основу вооруженных сил Московского княжества, благодаря их усилиям и самоотверженности, несмотря на периодические жестокие поражения, с каждым десятилетием Московское княжество увеличивало территорию, военную и

экономическую мощь. Основатель второй московской династии, царь Борис Годунов был из рода старомосковских бояр.

Потомки рюриковичей, гедиминовичей, чингизидов были главами покорённых Москвой княжеств, чужаками, хотевшими вернуть своё удельное княжение. Старомосковское боярство было за объединение Руси вокруг Москвы и через систему местничества не допускало к власти чужаков. Суть местничества заключалась в том, что продвижение по службе зависело от достижений всего рода, главным было не знаменитость происхождения, а достижения рода по служению Москве. На этапе формирования государственности местничество стало «политическими скрепами», благодаря которым состоялось Московское царство.

В конце 16 века Московское царство было на пике своего могущества, царь Борис Годунов был эффективным жестким руководителем, который все нити управления государством держал в своих руках. Но за три года всё рухнуло! В 1600 году в Южной Америке на территории современного государства Перу произошло катастрофическое извержение вулкана с неприличным звучанием названия в русской транскрипции. Из-за выброса вулканических газов и пыли произошло резкое понижение температуры на всей планете, наступил эффект «ядерной зимы». В результате в России несколько лет подряд было очень холодное лето, иногда в июне выпадал снег. Из-за холодов три года хлеб не вызревал, в стране начался голод. Народ был доведён до отчаяния, значительная часть населения умерла от голода, началось людоедство и духовное разложение. Похолодание народ воспринял как «божью кару», потерял веру в богоизбранность династии Годуновых, вспомнили о сомнительной истории с гибелью царевича Дмитрия, последнего потомка династии московских Рюриковичей.

Царь Иван IV Грозный отличался крайним распутством, за свою недолгую жизнь он несколько тысяч раз использовал «право первой ночи», многие девушки родили. Своих внебрачных детей Иван Грозный лично душил, чтобы они в будущем не создали смуту в государстве. В небольшой Москве скрыть результаты царского распутства было невозможно, поэтому народ верил в существование большого числа внебрачных детей Ивана Грозного. Вероятно, в чудесное выживание царевича Дмитрия мало кто верил, потому что возраст не совпадал, но во внебрачного «царевича Дмитрия» могли легко поверить. История жизни Лжедмитрия говорит о том, что он был внебрачным сыном самого Ивана Грозного, или его детей. Когда в Московском царстве начался голод и «политическое брожение», будущего Лжедмитрия должны были найти и убить, поэтому он сбежал за границу. После триумфального возвращения, коронации и убийства Лжедмитрия в Московском царстве началась гражданская война.

В 1613 году Московское государство лежало в руинах, по всей стране хозяйничали шайки казаков-разбойников. При избрании нового царя в 1613 году никто не верил, что новый царь долго удержится на троне. Род Романовых как главных конкурентов в борьбе за царскую власть, полностью разгромил царь Борис Годунов, глава рода Романовых был в польском плену. Молодой Михаил Романов чудом выжил в Кремле с поляками во время осады войсками Минина и Пожарского. Во время выборов нового царя Михаил Романов лечился в своём вологодском имении. При всём своём политическом цинизме московские бояре, как и весь народ, были людьми глубоко религиозными, они верили, что только богоизбранный царь мог спасти Московское царство от полного краха.

По средневековым религиозным представлениям богоизбранность династии определялась происхождением от знаменитых царей древности. Для православных самым знаменитым царем древности был император Константин Великий, который сделал христианство государственной религией Римской Империи. Потомков боярина Андрея Кобылы было много, многие хвастались, что ведут свой род от Константина Великого, в политической пропаганде распространённость предания важнее его достоверности. Зимой 1613 года политическая ситуация была отчаянной, поэтому Московским царём избрали юношу с самой знаменитой легендарной родословной. Московскому царству нужен был политический символ, вокруг которого можно было бы восстановить государство. Как показала история в феврале 1613 года казаки и московские бояре угадали с новой династией.

Идеологической концепцией Москвы с 15 века была: «Москва – III Рим, и четвертому не бывать». Исходя из этой концепции, новая московская династия должна иметь происхождение от римских императоров. Вероятно, Романовы сумели доказать, обоснованность их семейного предания, о том, что они потомки Юлия Цезаря и Константина Великого. Рюриковичи и Гедеминовичи тоже вели свои рода от брата Августа, но борьбу проиграли. Как такое могло произойти? Нотариально заверенных письменных свидетельств в те времена ни у кого не было. Что могли предъявить Романовы? Только признание от европейских династий, которые подтвердили родство с Романовыми. В политике распространённость предания важнее его обоснованности.

Насколько достоверна информация, я не знаю, но от вышеупомянутых банкиров мне сообщали, что у потомков Померанской династии Гриффинов и Прусских Гогенцоллеронов гаплогруппы R1b1-M335 - близкородственные к Николаю II; у потомков Гриффинов сохранились семейные предания о том, что они ведут свой род от Юлия

Цезаря и Константина Великого. В последующем Петр I последовательно проводил политику укрепления династийных связей через браки с правящими семьями из Померании и Восточной Пруссии, вероятно, именно Петр I помог Бранденбургским курфюрстам Гогенцоллернам получить титул королей Пруссии.

Для меня главным основанием изложенных доводов было Великое посольство Петра I и последующее подражание римским традициям. Царь Алексей Михайлович умер, когда Петру было 3 года, никаких семейных преданий об истории своего рода он передать не мог. У Петра произошло прерывание семейной традиции, ему жизненно важно было самоутвердиться в истории своего рода и, соответственно, законности его прав на престол. Мне рассказывали, что в Пруссии и Померании Пётр I встречался с Гриффинами, которые рассказали семейные предания о Юлии Цезаре и Константине Великом.

Вероятно, в период избрания новой династии с целью устранения политических конкурентов появилась скандинавская теория происхождения Рюрика. Великий князь Иван III очень бы сильно удивился, если бы ему заявили, что его род происходит от скандинавских морских разбойников.

1. 3. Происхождение боярина Андрея Кобылы.

В средневековый период существовала легенда о происхождении Романовых от потомков Юлия Цезаря, а также предание о происхождении Романовых от вождя прусского племени – Видевута. Для установления возможных генетических связей, необходимо определить страну, из которой мигрировали прусские племена, и обстоятельства, при которых потомки римских патрициев Юлиев смогли бы стать вождями прусского племени. Далее через ДНК анализ останков из погребений можно будет доказать одну из возможных версий.

Происхождение Романовых несколько столетий исследовались различными историками. Документально подтвержденной признана родословная Романовых от московского боярина Андрея Кобылы. Самым древним легендарным предком Романовых признан князь пруссов Ведевут (Вейдевут). В книге В.И. Карпец "Благословения и проклятие. От Андрея Кобылы к Ведевуту родословие и баснословие" [1] приводятся сведения о происхождении Романовых по «родословию инока Ювеналия»:

«Известные Родословные книги о происхождении Знатнейших Родов Российских Дворян, с древнейших времен сочиненные, и прочих некоторых от одного праотца происшедшими, коего въезд в Россию то из Варяг, то и Прус, то и Немец (что в старину значило единое отродье)

поставляю со времен владения Великого Князя ИОАННА ДАНИЛОВИЧА КАЛИТЫ, или при сыне его СИМЕОНЕ ИОАННОВИЧЕ ГОРДОМ. Пишут, что когда приехал к Москве служить ВЕЛИКОМУ КНЯЗЮ муж Честен (Знатен) АНДРЕЙ ИОАННОВИЧ, прозванный КОБЫЛА [...]А иные писатели повествуют, что РОД РОМАНОВЫХ происходит от первого Короля Пруссаго ВЕДЕВАТА или ВЕЙДЕВУТА, бывшего с 305 по 378 год по Рождестве ХРИСТОВЕ, и продолжался через девять степеней до Князя ГЛАНДАЛА, почитаемого братом Пруссаго Князя, пришедшаго в Россию в исходе XIII столетия и принявшего Святое Крещение в 1287 году, в коем дано ему имя ИОАНН, а у него был сын АНДРЕЙ ИВАНОВИЧ, прозванный КОБЫЛА и так далее».

Инок Ювеналий не одинок: ему вторят и авторы гораздо более ранние. Прежде всего (мы к этому еще вернемся) следует отметить, что от *Андрея Ивановича Кобылы*, помимо *Романовых*, пошли несколько знатнейших и знаменитейших русских родов, в том числе *Шереметевы*, *Шевлягины*, *Колычевы*, *Мотовиловы*, и потому именно из родовых архивов этих семейств черпали историографы сведения как о самом Андрее Ивановиче (у некоторых авторов – Михайловиче) Кобыле, так и о его прапредках – *Вейдевута* и его наследниках.

Неизданная рукопись архива графов Шереметевых (№ 597) в том виде, в каком ее упоминает уже цитированный нами Сборник Костромской губернской ученой архивной комиссии 1901г., имеет следующее надписание:

«Сия книга глаголемая, собранная из разных летописцев и подлинных разрядных родословцев о потомках Прусского и Оленского (sic?! – В.К.) короля Веведита от четвертого сына его Недрона, от потомственного его наследника Андрея Ивановича Камбилы, глаголемаго Гляндуса, происшедших от него нижеобъявленных в сей истории влекущихся родов, которую тщанием конфирмовал Геролтмейстер, ближний стольник Степан Андреевич Колычев, как был в управлении указом Его Императорского Величества у Геролтмейстерских дел, в 1722 году. А сия книга дому капитана Ивана Иванова сына Колычева».

Далее, по рассказу Колычева, Вейдевут, в свою очередь, перед концом жизни разделил Прусскую землю между двенадцатью сыновьями – между прочим, по древнему троянскому (если судить по Младшей Эдде) праву. Из этих сыновей четвертый, Недрон, получил удел на берегу реки Прегеля. В XII веке, при князе Димвоне, потомке Недрона в девятом колене (разумеется, по общепринятой хронологии) «крыжаки (т.е. орден меченосцев) край земель Недровских мечом и огнем лютее паче прочих разорили и города Недровских князей, потомков ныне писанного Недрона, до основания истоцили и

разрушили. В 1280 г. старший сын Дивона, князь Руссинген (sic!), «не имея силы отечества своего край от крыжаков боронити», принимает Римо-католическое крещение «с младшим братом своим Камбилюю, нареченным Гландою или Гландусом. А какое им в крещении дано имя, того в летописцах не написано, разве в их крыжацких метриках обретаются. Этот, по Колычеву, «Гландос Камбилы Дивонов сын, из дому Недрона Ведевитовича» вскоре после католического крещения бежал во Псков и был «перекрещен из Веры Римской в Греческую»".

Исторические технологии 20 века пока не позволили «углубить» родословную Романовых. Семейные предания Романовых и Померанских Гриффинов о предках Юлии Цезаре и Константине Великом в 20 веке остались за границами исторической науки, поскольку не имели достоверных письменных подтверждений. В 21 веке появилась новая технология ДНК-генеалогии, продвигаемая профессором Анатолием Клёсовым и его соратниками из Академии ДНК-генеалогии, которая позволяет точно определить существование родственных связей.

По Y хромосоме невозможно определить степень родства, можно определить наличие общего предка в 6-8 поколениях, а в рамках 8 поколений могут быть какие угодно родственники с одинаковой гаплогруппой в Y хромосоме. Можно представить упрощенную схему, по которой количество мутаций в Y хромосоме зависит от количества рождений, для появления новой мутации не имеет значения, были эти рождения последовательными от отца к одному сыну на 8 поколений, или у одного отца родилось десять сыновей, из которых восемь сыновей дали потомство, выжившее до современности. В обоих вариантах вероятность возникновения мутации одинакова.

При значительном увеличении численности потомков возникают многочисленные единичные мутации типа: L265, M269, M520, S3, S10, S13, S17 на основе которых формируют субклады. По лестнице субкладов можно определять направление, время миграции народов по различным территориям. При сопоставлении с историческими сведениями и археологическими исследованиями можно сформировать достоверную модель исторического процесса. Надо всегда помнить о разнице между реально происшедшими историческими событиями и нашими представлениями об этих событиях. Даже современные политические события исторического значения каждый человек понимает по своему, а то что было в древности, так это наши догадки почти всегда далекие от той реальности.

В древности было распространено многоженство, поэтому большое число сыновей было обычным делом. По моему мнению, многоженство плюс периоды сокращения численности по причине войн, эпидемий, климатических катаклизмов являлись главными причинами

«бутылочных горлышек», вследствие которых, в древности за 1-2 тысячи лет у племени оставался только один предок – родоначальник Y хромосомы. Модели механизмов появления «бутылочных горлышек» еще не разработаны (*Примечание редактора: механизмов много, в разных ситуациях разные, ничего в них загадочного нет. В любом случае бутылочное горлышко популяции происходит при значительном уменьшении численности рода, в результате войн, эпидемий, экологических или климатических катастроф и т.д. Типичный вариант – ситуация «последнего из могикан»*), это сильно мешает правильному пониманию миграций племен с родственными гаплогруппами. При комплексном подходе генеалогическая нить Y хромосомы плюс историческая и легендарная информации, позволяют достаточно точно определить историю рода.

Для людей, в молодости не изучавших математику, теории вероятностей технология ДНК-генеалогии выглядит как шаманское колдовство. Хотя мои познания по теории вероятности ограничились сданным зачетом, уважение к этой части математической науки сохранилось. Для людей, не знакомых с существованием теории вероятности, глупо объяснять её полезность и основные методологические принципы. Отсюда вывод: для действительного понимания ДНК-генеалогии надо изучать теорию вероятности и желательно в молодости, «обходные варианты» не пройдут. В теории вероятности нет ничего хитрого, она разработана на анализе игры в рулетку. Для любого человека увлекающегося в различные игры в казино очень полезно знать основные принципы теории вероятности.

1. 4. Легенда о Брутене и Видевуте.

Реконструкция происхождения бояр Романовых мною проведена по легенде о переселении племени пруссов во главе с Брутеном и Видевутом. В Интернете под ником Ulmerug были приведены следующие сведения на основании текста из книги В.И. Кулакова «Восточная Пруссия с древнейших времен до конца второй мировой войны» [2]:

«Письменные источники дают нам ценные данные о периоде образования прусского общества и культуры. «Прусская хроника», составленная в начале XVI в. монахом Симоном Грунау, опиравшимся на несохранившиеся рукописи первого прусского епископа Христиана (начало XIII в.), записавшего, в свою очередь, прусские исторические предания, сообщает нам следующее:

В начале VI в.н.э. готы, пришедшие из Испании в северную Италию и потерпевшие поражение в Ломбардии от войск империи, перебравшись оттуда в Вестфалию и затем в Данию. Датский король предложил им для проживания остров, находившийся «в его стране» и называвшийся

Кимбрия. Готы вынудили проживавший в Кимбрии род во главе с королями Брутенем и Видевутом покинуть свои земли. «Брутен и его брат Видевут с их родней сели на плоты и поплыли по Хроне, воде Хайлибо ... и нашли в Ульмигании неведомый народ. У него сделали они остановку и строили там на свой лад замки и деревни, используя иногда силу, иногда - хитрость, а иногда - дружелюбие, с ними спознались, и прибывшие из Кимбрии скандиане стали править в Ульмигании и пользоваться их (местных жителей) услугами.

Брутен и его брат Видевут построили (замки) Хонеду, Пайлпайлло, Нангаст, Вустоппос и Галлонс и нашли они мед и делали из него напиток, ибо ранее они пили лишь молоко, и те, кто ранее находились в Ульмигании, стали вести жизнь по образу кимбров...

В 521 г. Брутен и Видевут созвали мудрых и спросили их, кому быть властителем. Все указали на старшего из братьев - на Брутена. Последний отказался от власти в пользу брата, желая служить богам. После коронации Видевут объявил Брутена высшим владыкой («второй после богов повелитель») - верховным жрецом с культовым именем Криве-Кривайто, которого все должны были слушаться как бога. В честь него страна была названа Брутенией и богам принесены благодарственные жертвоприношения. Брутен соорудил богам Патолло, Патримпо и Перкуно особое строение.» Изваяния упомянутых богов, согласно хронике, Брутен и Видевут привезли с собой. Далее, в 523 году «брутены со своим королем Видевутом и Брутенем, своим Криве-Кривайто, пришли в Хонедо (некоторые исследователи считают Хонеду древним наименованием замка Бальга), и там огласил Брутен волю своих богов, призывая жить (пруссков) единым образом, первое: никто, кроме Криве-Кривайто, не может обращаться к богам или приносить с чужбины на родину (инога) бога. Верховными богами являются Патолло, Патримпо, Перкуно, давшие нам землю и людей и дарующие еще (иное достояние). Второе: по их воле наш Криве-Кривайто назван перед нами верховным правителем, и его последователи, когда они появятся, будут нашими любимыми богами и их вайделоты (младшие жрецы) в Рикойто (центральном святилище) будут находиться... Четвертое: все страны и люди, которые нашим богам принесут жертвы, должны быть нами любимы и почитаемы. Противящиеся этому должны быть убиты нами огнем и дубиной и мы обретем друзей. Пятое:... верховные владыки передают (свои звания) по наследству,... остальные должны находиться при них...».

По моему мнению, "Брутен" это фамилия братьев, а "Видевут" это должность соответствующая русскому званию "воевода". Можно предположить, что фамилия Брутен происходит от римского патриция Брута, который участвовал в убийстве Юлия Цезаря. Есть легенды о происхождении названия острова Британия и племён бриттов от Брута

– сына римского царя, который нечаянно на охоте убил своего отца. По древним легендам отделить вымысел от исторических событий невозможно, но вполне реально на основе ДНК-генеалогии, археологии и исторических исследований сделать достоверную историческую реконструкцию.

Прежде всего, попробуем разобраться в прусской легенде о Брутене и Видевуте. Для исторической реконструкции родословной Романовых ключевое значение имеет страна, откуда племя пруссов переселилось в «янтарный край». Следует отметить, что до начала миграции Брутен и Видевут уже были потомственными королями. В современных исторических исследованиях нет убедительной версии страны исхода племен Видевута и Брутена. У историков никак не стыкуется остров с землёй Кимбрия, рекой Хрона, по которой можно на плотках спускаться, датским королём и нашествием завоевателей готов, потерпевших поражение в Итальянской Ломбардии.

В качестве оснований для поиска исторических соответствий в легендах, археологических материалах и исторических сведений за основу я использовал три исторических документа:

1. "Прусская хроника" Симона Грунау.
2. Исторические исследования М.Ломоносова.
3. Историю Бриттов.

При исследовании легенды о пруссах я многократно возвращался к основным тезисам легенды и многократно подбирал и отбрасывал возможные варианты. Для публицистики описание реального поиска будет слишком длинным и нудным. В результате длительного исследования я пришел к следующим выводам, которые попытаюсь обосновать:

1. Остров из прусской легенды - это Британия. Сейчас и в древности Британию называют просто островом, в противоположность "континенту" и в знак того, что в Европе Британия - самый большой и значительный остров.

2. В древности юг Британского острова без полуострова Корнуэлл назывался Кимбрией.

3. Допустимо предположить, что название реки Темза происходит от слова [таймс] - время, и ранее имела название Хрона. У латинских авторов река Темза упоминается как "Тамесис". В верховьях современной Темзы есть приток - река Тейм.

4. При англо-саксонском завоевании принимало участие много племён, включая готов. Исход племени Видевута и Брутена, вероятно, связан со вторым нашествием англо-саксов и конкретно войной, в результате которой в 571 году Король Эссекса Члеуда захватил бриттское королевство Калх-Венед, город Каэр-Лундин, который переименовал в Лондинбург - современный Лондон.

Очень важно понимать многовековые исторические связи между различными племенами. История города Лондона хорошо вписывается в нашу реконструкцию. По легендам потомки троянцев пришли в Камбрию - Бриттанию и основали город Новая Троя - Тринованте или Троя-новая-вентов, или Троя-новая-антов. Далее из Тринованте троянцы расселились по побережью Северного и Балтийского морей. Вероятно, эти исторические события связаны с распространением археологической культуры лицевых урн и племенами венетов. По археологическим материалам культура лицевых урн (венеты) распространились по берегам Балтийского моря в 6 веке до нашей эры. Основным районом распространения венетов стала Померания - южный берег Балтийского моря.

Венеты из Померании (поморская археологическая культура) в 6 - 4 веках до н.э. покорили племена на землях современной Польши и распространили своё племенное название на местные племена. Затем пришельцы венеты полностью ассимилировались и в средние века под именем венетов стали понимать западных славян. Вероятно, венеты стали организующим началом для германских и прото-западно-славянских племён. В 1-2 веке нашей эры на землях современных Германии, Польши, Украины было создано государство князя Вилькина, история которого описана в «Саге о Тидреке Бернском».

В британских легендах, видимо, произошло смешение истории и миграций двух племен Венетов и Брутенгов. Первыми, вероятно, были венеты с их столицей Триновантом. Вторыми пришли брутенги и изменили название города на Лондиниум. Определить когда брутенги пришли на остров сложно. Единственной зацепкой является появление название полуострова Брутия в современной Итальянской Калабрии. Название Калабрия происходит от древних греков, вероятно, обозначает «колония бруттиев». В Википедии сообщается, что италийское племя бруттиев является ветвью племени луканов. Племена луканов - луканцев относятся к древнеиталийским самнитским племенам, которые говорили на языке оскско-умбрской группы и которые к концу V века до н.э. расселились в южной Италии. Первое упоминание племени бруттиев связано с войной царя Пирра с римлянами. В 272 г. до н.э. племена бруттиев были покорены римлянами и после этого часто восставали (на стороне Ганнибала в 216-215 гг.).

Можно много фантазировать на тему бруттиев, взаимосвязи Дардании на Балканах, реки Дордонь в Аквитании и британских преданий, к истории рода Романовых это не относится. В Википедии название племен бриттов производят от неизвестного древнего рода по аналогии с самоназванием пиктов - «Пруден». Из приведённых сведений следует,

что имя прусского князя Брутена может происходить от островных британцев.

В качестве британских «местных» предков племени Видевута и Брутена представляет особый интерес 2 кельтских королевства Кайр-Вент (Норфолк) и Вента-Иденорум, государство Вентов и Иценов. По историческим сведениям, после завоевания Британии римлянами в 1 веке, венты покинули остров. С 3 века на землях вентов и иценов римская администрация поселяла семьи наемников англов и саксов.

Вероятно, «пришлыми» предками племени Видевута и Брутена были племена британских виллов. По моей гипотезе, племена виллов происходят из племен венедов союза племён **князя Вилькина**. Союз племён **Вилькиналанда** описанный в «Саге о Тидреке Бернском», вероятно, во 2 веке разделился на несколько частей. По моему мнению, князья острова Рюген были прямыми потомками князя Вилькина, поэтому в раннем средневековье их называли королями. Столица князя Вилькина находилась в районе современного города Вольгаст, была крупнейшим городом на севере Европы, сохранилась в легендарной памяти с названием Винета.

В истории становления Руси князь Вилькин и его потомки сыграли большое значение. По моему мнению, Романовы прямые потомки князя Вилькина по линии римского императора Константина Великого. В свою очередь, князь Вилькин был потомком римского патриция Брута - внебрачного сына Юлия Цезаря. В последующих главах я изложу обоснования указанного родства и более подробно раскрою тему союза племён Вилькиналанда и потомков князя Вилькина.

В районе современного города Винница образовался восточный союз племен вилькина - виллов. Вероятно, прямые потомки князя Вилькина возглавляли виллов в районе современной Винницы. Племена Вилькиналанда участвовали в переселении с женами и детьми на Балканы во время «Скифской войны» III века. По мнению некоторых историков, после поражения от императора Клавдия II (дарданца по происхождению) в 259 году, военнопленные виллы с семьями были переселены римлянами на остров в центральную Британию, на земли покинувших Британию вентов.

Возможно, появление вильцев в Британии произошло после Дунайских войн в конце 2 века, когда часть варваров была зачислена в римскую армию и отправлена служить в Британию. Часть виллов вступили в римскую армию и поселились южнее Дуная в Мёзии. Римский император Максимиан Фракиец был потомком варваров переселившихся за Дунай после 180 года. **Таким образом, потомки князя Вилькина могли оказаться в Британии и Мёзии, в период с 180**

по 260 год. В 6 веке из Британии виллы переселились во Фризию, создали Фризскую Славонию. Из Фризии вильцы переселились в Померанию, построили город Волин, в 9 веке стали назваться лютичами. Значительная часть населения древнего Новгорода происходила от переселенцев из Померании, включая вильцев.

Союз племен князя Вилькина состоял из союза племён свевов и вандалов, включал племена потомков троянцев, племена ругов и западных славян - венедов. В настоящее время на западе Украины есть Волынская область, в которой проживают потомки племени волынцев. Название племени созвучно названию средневекового города Волин в балтийской Померании, вероятно, часть вильцев из Померании переселилось на землю современной Украины. В Померании, в союз племён вильцев - велетов - лютичей входило племя укров, по мнению некоторых историков, современное название Украины происходит от названия племени укров из Померании.

Исследователи люди увлекающиеся идеями, рожденными в их головах, вследствие этого часто попадающие в плен заблуждений и ошибок. Без здорового скептицизма невозможно создать реалистичную гипотезу. Необходимо объективно представлять, кто и зачем записывал легенды, составлял хроники, описывал исторические события. Искусство манипулирования общественным мнением возникло много тысяч лет назад с появлением общественной организации.

Единственным источником легенды об исходе Брутена и Видевута является «Прусская хроника» составленная в XVI веке на основе несохранившейся рукописи первого прусского епископа Христиана, жившего в начале XIII века, записавшего прусские исторические предания. Епископ Христиан был «генералом идеологического фронта». Он был фанатически предан идее искоренения язычества и крещения пруссов. Надеяться на объективность такого человека нельзя.

В «Прусской хронике» очень подробно и обоснованно изложен исход Брутена и Видевута, а о самом переходе никакой информации нет. По датам самая откровенная дезинформация. Нет информации о родословных князей и знатных людей. Указанная в одном из вариантов родословной Романовых дата избрания вождя – Видевута в начале IV века, совпадает с началом миграции на Дунай из района современной Западной Украины. В других вариантах указывается дата избрания вождя Видевута в середине VI века это, вероятно, связано с событиями в Британии, принятием решения об отделении части племён для миграции на континент и выбором вождя для переселения.

Прусский языческий центр имел важное значение для всех балтийских стран. В 13 веке язычество «ушло в подполье», но

продолжало влиять на умы простых людей, идеологическая война между язычеством и христианством была в самом разгаре. Епископ не мог допустить исторически достоверной информации о формировании прусского языческого центра, поэтому вторая часть легенды о переселении в Самбию не записана. У Епископа получилось, что пруссы потерпели поражение от готов и переселились в Самбию, затем потерпели поражение от крестоносцев и переселились на восток в Литву и Русь, короче, «этим «перекати-поле» туда и дорога!» Попробуем отделить враждебную пропаганду от реальных исторических процессов.

1. 5. Обоснование страны исхода племени Брутена и Видевута.

В качестве источников информации для формирования гипотезы об истории пруссов остаётся археология и общая Европейская история. Реконструкцию следует начать с проверки исторических сведений о готских пленах, потерпевших поражение в Италии.

Война готов и византийцев в Италии достаточно полно описана в древних текстах. В 540 году королём итальянских остготовов был избран Ильдебат, племянник Теудиса – короля испанских вестготов. В преданиях говорится, что они имели очень знатное происхождение, но не были из рода Балтов. Имя Ильдебад можно представить как Иль-де-Бад в переводе Ил сын Бада. Следует отметить имя Ил происходящее от Троянских Илов или римских Юлов. В древности, чтобы сократить число претендентов на пост главы государства применяли метод выбора вождя только из потомков древних царских родов. В принципе: чем меньше претендентов – тем меньше смуты, есть рациональное зерно.

Ильдебад привел с собой в Италию армию готов из Испании, и начал активные военные действия против Византии. В 541 году Ильдебад умер, власть захватил вождь племени ругиев с «говорящим именем» Эрарих, которое можно представить как Ариа – Рекс или Король Ариев. Напомню, по моей гипотезе, вождь племени ругиев был потомком князя Вилькина, а через него Юлия Цезаря. Через 5 месяцев Эрарих был убит готами. Королём остготовов стал Тотила сын брата Ильдебада. Тотила добился больших успехов в войне с Византией, но в 552 году погиб. **В 554 году готы проиграли войну.** Все даты войны готов и византийцев сверены по византийским документам и имеют высокую достоверность. **Для моего исследования 554 год служит точкой отсчета для реконструкции миграции племени Видевута и Брутена.** В Интернете мне встречалась информация о переселении части племён вестготов в Вестфалию после поражения в Италии.

Основным признаком страны исхода пруссов является её название. Кимбрия из легенды о Видевуте и Брутене по современным историческим представлениям могла находиться в трёх местах:

1. Полуострове Ютландия.

2. Континентальной Белгике.
3. Острове Британия.

В легенде о Видевуте и Брутене говорится, что датский король дал согласие на переселение вестготов из Вестфалии в Кимерию. В исторической литературе никаких датских королей 6 века я не нашел. Нет никаких следов Датского государства в 6 веке. По современным историческим представлениям, датское государство начало формироваться в 9 веке. С другой стороны в 5-6 веках на севере Европы было очень много вождей отдельных племён и каждый считал себя королём. В хрониках отмечено, что при короле франков Теодорихе, произошло нападение данов (датчан), их король Хохлайх (соответствует королю гётов-гаутов Хигелану) разорил округ хаттуариев. Франки разгромили данов (515-521г.).

В этот период на полуострове Ютландия племена ютов и англов готовились ко второму этапу завоевания Британии. Впоследствии, земли в Ютландии с востока поэтапно завоёвывали племена данов. Нет никаких исторических свидетельств о переселении вестготов на полуостров Ютландия. Очень сомнительно, чтобы король данов позволил поселиться вестготам в Ютландии. Кроме этого нет никаких свидетельств о племенах пруссов в Ютландии, да и подходящих рек для исхода на плотах нет. Все реки Ютландии текут с востока на запад и впадают в Северное Море, в противоположном направлении от Самбии.

Вторая Кимбрия находилась в Белгике. В этом варианте есть очень много совпадений с легендой, археологией, историческими материалами. Не хватает острова, нет свидетельств переселения вестготов на земли франков. Король Дании никакой власти над землями франков не имел. Франки относились к вестготам враждебно и невозможно представить, чтобы франки допустили переселение ненадежных временных союзников в центр своих земель, в 100 километрах от своих главных городов Турне, Камбре.

Кимбрия на Британском острове имеет полное соответствие тексту легенды о Видевуте и Брутене. Существует несколько регионов в Англии связанных с названием созвучным слову Кимбрия:

Во-первых, Уэльс до настоящего времени сохранил самоназвание кельтов – валлийцев – кимров. Британские кельты – валлийцы свою землю называли *Сумру*, а свой язык *Сумпаег*. Южную часть современной Бельгии населяют валлоны, которые говорят на валлонском языке – латинской группы. Современные валлоны являются потомками романизированных во время Римской империи кельтов из Белгики. Вероятно, в древности кельты-кимры из Белгики и кельты – кимры – валлийцы из Английского Уэльса образовывали этно-

культурную общность, в которую входили племена кимвров разгромленных римлянами в конце 2 века до нашей эры. Жители Уэльса называют себя валлийцами Welsh people, такое самоназвание очень близко у померанских вильцев.

Во-вторых в Восточной Англии в которой жили племена вентов, после ухода римлян было создано кельтское королевство Кайер-Вент. Рядом находится древний город Кембридж, название которого можно представить как кимбрийский мост или в другом виде с корнем «кимбр». С 3 века в Восточной Англии стали поселяться англ и саксы, к началу 6 века бриты были полностью вытеснены, около 575 основана Восточная Англия.

В-третьих, западнее Лондона находится небольшой город Камберли, в 50 километрах находится город Винчестер, ранее он назывался Вента Белгорум и был столицей кельтского королевства Кайр Гвинтгуин в котором жили белги.

В-четвертых, на север от Кемберли в 60 километрах находится река Тейм, которая впадает в Темзу. Название реки созвучно со словом Тайм – время, по-гречески хронос. В легенде после поражения племя Видевута и Брутена на плотках по реке Хронос ушли от победителей вестготов. Имя вождя Видевуд или Вайдевуд, включает корень «вайда», который соответствует названию синей растительной краски, которой раскрашивали себя бритты перед боем. Само слово бритт имеет значение раскрашенный. Слово венед имеет значение синий.

В-пятых, философ Эммануил Кант из столицы королевства Пруссии - Кёнигсберга вел своё происхождение от племен древних пруссов. В Географии Птолемея (The Geography Claudius Ptolemy), книга 3, глава 2 «Местонахождение Альбиона, острова Британия» [3] сообщается:

«... Далее на юг и возле устья Темзы находятся Тринованты (Trinovantes), и город Камелотунум (Camulodunum).

... Рядом с ними находятся Добуни (Dobuni), с их городом Камелотунум (Camulodunum), Затем Атребаты и их город Калева. Рядом с ними, но далее на восток, проживают **Канты**, на чьей территории такие города Лондинум, (Londinum), Даруернум, Рутупье.

... На восток от триновантовского района находятся два острова Толяпис, Ковнус».

Есть все основания считать, что философ Эммануил Кант являлся потомком из племени Кант находившегося в 1 веке в районе города Лондон.

По историческим материалам именно в период со второй половины 6 века происходило активное вытеснение племён бриттов из острова

Британия. Известно о переселении бриттов на полуостров Бретань в современной Франции.

Англо - саксы представляли собой смесь самых разных этносов. Допустимо предположить, что племена саксов наняли в союзники племена вестготов недавно переселившихся в Южную Вестфалию. Возможно, в составе вестготов были племена, изначально вышедшие из Дании, Саксонии, Ютландии. В глазах летописцев король ютов (король гётов-гаутов Хигелану) мог восприниматься как король Дании, который призвал в союзники вестготов. С племенным составом союза саксов у историков нет никакой ясности, по всем признакам «сборная солянка» в которой могли ассимилироваться потомки вестготов.

Таким образом, по времени, названиям, историческим событиям и легендам мы имеем полное совпадение легенды об исходе племени Брутена и Видевута и событий происходящих в Британии в середине 6 века. Вероятно, племя Брутена и Видевута входило в союз племён Виллов. Томас Уильям Шор в книге «Происхождение английской расы», главе VI [4] сообщает:

«В Англии существовали племена по имени восточные Вилла и западные Вилла; а такие англосаксонские названия, как Willanesham и Wilburgeham, в Кембриджшире; Wilburgegemsero и Wilburge в Уилтшире; Wilburgewel в Кенте; Willa-byg в Линкольншире; Wilmanford, Wilmanleahtun, видимо, получены из личных имен, связанных с этим народом. Я не смог обнаружить ни одного другого континентального племени англосаксонского периода под таким именем, кроме этого венедского племени, названного Королем Альфредом людьми из Хавела, название, которого очевидно сохранилось в Книге страшного суда - Hauelingas в Эссексе. Племенное имя Wilte (Уилт, Уолт) или Willa (Вилла), сохранившееся в Англии как личное имя, также как и национальное имя Скот, обнаруживается в тринадцатом столетии в Hundred Rolls (Сотне Рулонов) (Hundred Rolls (Сотня рулонов, свитков) - это перепись населения Англии и части того, что сегодня называется Уэльсом, проведенная в конце тринадцатого века.)»

Племя Видевута и Брутена оставалось языческим, вероятно, своих покойников кремировали, а пепел высыпали в реку как в современной Индии. В Южной Британии в основном распространилось христианство. Логично предположить, что племя Видевута и Брутена было этнически и религиозно чужды окружающим кельтско - британским племенам. По каким-то причинам племя Брутена и Видевута не вошло в союз англо саксов. Причин для переселения было много, восстановить мотивы переселения нереально. Вероятно, целью переселения было занять пустующие в 6 веке земли в районе современного Берлина, фактически

вернуться на древнюю родину. Видимо, переселение происходило в течение нескольких десятилетий.

Обоснование исхода Пруссов из Британии является темой для объёмного исторического исследования, которое выходит за рамки обоснования родословной Романовых. На мой взгляд, достаточно оснований для принятия гипотезы об исходе пруссов из Британии. Обосновать древнюю родословную Романовых можно только с помощью ДНК-генеалогии, для настоящего исследования, существенным является только то, что подсказывает нам, где и в какое время можно найти разветвления рода Романовых.

1.6. Маршрут переселения племени Брутена и Видевута.

Рассмотрим особенности легендарного маршрута переселения пруссов. До устья реки Темзы пруссы на плотках могли сплавиться. А дальше куда? Процесс сплава на плотках, вероятно, имел ритуальное значение окончательного исхода, подобно ритуалу высыпания пепла кремированных покойников в реку Инд в Индии. По легенде племя Видевута и Брутена переселилось в Ульмиганию – страну островов. Где это и как они могли реально переплыть море? В 6 веке происходило массовое переселение бриттов с острова на полуостров Бретань в государстве Альморика. Согласно легендам об исходе пруссов, вероятно, был заключен договор об освобождении земель. Вероятно, по договору предусматривалось предоставление кораблей для переселения в Ульмиганию.

В конце 5 века салические франки под командованием Хлодвига завоевали всю Францию. Логично предположить, что салические франки с низовий и дельты Рейна переселились на всей территории Франции. Возможно, острова дельты пустовали и франки разрешили (или не могли помешать) поселиться переселенцам из острова Британия.

Видевут и Брутен сумели закрепиться на островах дельты Рейна, договориться с соседями, затем построить свои ладьи и по Эльбе и её притокам переселиться на пустующие земли в западной Померании.

У нас есть следующие основания считать, что Ульмигания находилась в дельте Рейна:

1. Вильцев называли "голанью" – выходцами из голландии.
2. Грифоны на гербах городов из устья Рейна.
3. Историческая ситуация с салическими франками. У франков в 6 веке происходила сильная междоусобица, на контроль за островами Рейна не хватало военных сил.
5. Острова дельты экономически малопривлекательные труднодоступные места. Подходящее место «залить раны».

Очень интересное свидетельство о миграции племени вильцев приведено в книге Томаса Шора «Происхождение английской расы» [4]. Томас Шор не мог знать результатов археологических исследований 20 века в Германии, в соответствии с которыми племена Вильцев связывают с фельдбергской археологической культурой, племена которой пришли на земли к востоку от Эльбы в конце VI начале VII века, поэтому он неправильно определил направление миграции, на самом деле средневековая миграция была с запада на восток, из Голландии в Померанию. В книге Томаса Шора [4] написано:

«Исторически достоверной является миграция вильцев с берегов Балтии и основание колонии на территории вокруг Утрехта (Город в Нидерландах). Беда упоминает это в связи с миссией Wilbrord (WILLIBRORD (or [[Wilbrord), St]] (d. 738), английский миссионер «фризский апостол» родился в 657г. Его отец, Wilgils, Энгл или, как его называет Alcuin, сак из Нортумбрии, оставил мир и создал небольшую ораторию, посвященную Св.Андрею.) Он писал: «Почтенный Wilbrord пошел от Фризии до Рима, где Папа Римский дал ему имя Клемент, и послал его назад в его епархии. Пипин отвел ему место для епархии в его знаменитом замке, который, на древнем языке тех людей, называют **Wiltaburg** то есть, город вильцев, но во французском языке Utrecht (**Утрехт**). Venantius (Venantius Honorius Clementianus Fortunatus (с.530–с.600/609) был латинским поэтом создателем гимнов при дворе Меровингов, и епископом ранней католической церкви.) также говорит нам, что Wileti или Wiltzi, между 560-600 н.э., остановились возле города Утрехта, который от них получил название Wiltaburg, а окружающая местность Wiltenia. Такая миграция, возможно, осуществилась путем высадки на берег, некоторые же из этих вильцев, видимо, пошли дальше».

По моему мнению, сообщение Беда является свидетельством миграции племени Брутена и Видевута на кораблях из Британии и последующего перехода части племени вильцев в Померанию.

В интернете я нашел следующие упоминания о вильцах во Фризии:
«По сообщению анонимного Утрехтского летописца (XV в.), франкский король Дагоберт в начале VII в. покорил **фризов и славян-вильтов** (велетов-вильцев-лютичей), разрушил город **Вильтенбург** («град велетов») и основал на его месте **Утрехт**. Мажордом франкских королей Пипин Геристальский (679 – 714) полностью подчинил себе **фризскую «Славонию»**, то есть славянские поселения во Фризии. Для закрепления военных успехов к тамошним славянам была отправлена миссия святого Бонифация с тридцатью священниками и дьяконами, которые, однако, все погибли мученической смертью от рук язычников».

«Средневековый Утрехтский летописец сообщает, что лютичи-вильты поддерживали тесный союз с фризами и саксами, имели колонии в голландских землях - города Вильтбург и Славенбург. В окрестностях этих городов до XIX века сохранялось немало славянских названий - Воденице, Бела, Камнь, Свята и т.д. Больше того, Утрехтский летописец сообщает, что лютичи вместе с саксами ходили на Британию еще со времен Хенгиста и Хорсы, с V века, и основали там город Вильтон и графство Вильтшир. Про те времена что-либо сказать трудно, но в VIII-XI веках лютичи не раз тревожили Англию набегами».

В Географии Клавдия Птолемея упоминается племя Vuillerozzi, где это упоминание и о ком говорится, я не нашел. Видимо, это связано с западной Европой, для которой нет перевода на русский язык. Интересно то, что район города Утрехт связан с Рёриком и голландской «Славонией». Вильцы пришли в Померанию из Британии, во Фризии они объединились с племенами фруссов - руссов - пруссов. Археологических следов фельдбергской культуры или племён вильцев в восточной Германии, Польше, Чехии, Венгрии ранее конца 6 века не обнаружено. Архитектура культовых сооружений племён вильцев говорит о кельтских религиозных связях, следовательно, вильцы могли прийти из Саксонии или Британии.

Сообщение о том, что лютичи вместе с саксами ходили на Британию еще со времен Хенгиста и Хорсы не соответствует современным историческим представлениям, по которым племенное название лютичей появилось в 9 веке, племена ободритов и других славян появились в Померании с 6 века. Вероятно, в набегах участвовали племена руссов (роусков), которых из-за родственного языка и обычаев перепутали с вильцами и ободритами. Город Вильтон и графство Вильтшир в Голландии, вероятно, образовались от племён вильцев, переселившихся из Британии.

Благодаря войнам историков «антинорманистов» против «норманистов» вокруг Рёрика Ютландского, доступно достаточно много исторической информации. При внимательном рассмотрении действий Рёрика Ютландского с позиций исследования миграции пруссов, то мы обнаружим ряд совпадений, которые можно рассматривать как доказательства предлагаемого маршрута миграции. Есть гипотеза, по которой Рёрик Ютландский являлся потомком славянских князей из района реки Эльбы - Лабы. Все западно - славянские князья вели свою родословную от князя Вилькина. Потомки князя Вилькина могли оставаться в Померании с 1-2 века, могли в 6 веке прийти с племенами славян из восточных регионов, также могли прийти с племенами виллов из Британии, через Голландию.

За что воевал Рёрик Ютландский? Он упоминается во франкских хрониках как правитель Дорестада и ряда фризских земель в 841-873 годы. Пределы его владений установить сложно. Из источников следует, что Рёрик господствовал в Кеннемерланде, в Генте на Ваале, на Зеландских островах, в г. Денвентер. Посмотрим на современную карту Нидерландов, мы увидим провинцию Зеландия, рядом на реке Маас город Дордрехт на гербе которого есть два желтых грифона и корона.

Грифон, был, вероятно, гербом потомков троянской династии и венецов. Наиболее широкое распространение гербов с грифоном в Померании. Гербы с Грифонами есть в современной Англии, на веб-странице (<http://home.kpn.nl/artrako/Historie/Grijpvogels-EN.html>) © Ян Griep на Katwijk-ан-Зее, Нидерланды [5], приводится карта с геральдическими грифонами в Европе. Каждая красная точка обозначает город с грифоном на гербе. Розовый цвет обозначает страну или регион с грифоном на гербе. По тексту [5] в разделе Англия сообщается: «Есть только два английских города из агломерации Манчестер с грифоном на их гербе: Солихалл, недалеко от Бирмингема и Трафффорд. Рядом с Манчестером в 5 веке находилось королевство Gwynedd. **Грифоны на обоих гербах взяты из благородных семей, проживающих в регионе.** Один из Solihull исходит от графа Эйлсфорд и один из Трафффорд из семьи с таким же названием. Кроме этих двух, Есть в Англии несколько гербов с грифоном: Олдерли Edge, Барнсли, Бродленд, Камден, Доркинг и Hogley, Элмбридж, Холборн, Ноусли, Malton, Олдхэм, Rotherham, Сток Ньюингтон, Swamsea , Тандридж и Уайтхейвен».

Двойные грифоны известны в минойские время на острове Крит и в Греции. Двойной грифон изображен на грудном панцире у царей Эпира и у римского консула Помпея. Вероятно, у римских патрициев Юлиев Цезарей был герб с грифоном. Грифон с двумя львиными головами был на гербе бояр Романовых.



Карта с указанием мест с использованием грифона в гербе является самым объективным источником информации о роде предков Романовых. Использование грифона в качестве герба устойчиво связано родом Гриффинов – князей, затем герцогов Померании. Исследование происхождения гербов с грифоном показало, что посторонние рода и племена образ грифона в гербе не использовали. Распространение индивидуальных гербов связано с периодом средневековья. Первоначально, герб использовался для различения воинов в бою. Каждый рыцарь имел свой герб, который использовали дружинники его отряда. На войне, особенно в бою, очень важно определять, где свой, а где чужой, использование герба было удобно и практично. Затем герб стали использовать города и страны.

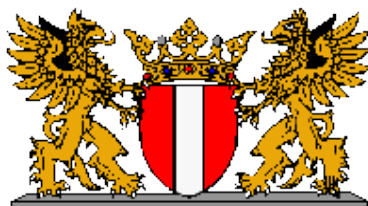
На карте хорошо определяются несколько групп с распространением символа грифона. Самое массовое использование грифона связано с Померанией, где легко прослеживается взаимосвязь с семьёй герцогов Гриффинов. Большой район в центре Европы и Польше, по моему мнению, связан с потомками князя Вилькина из древнегерманской саги о Тидреке Бернском, которые по примеру Гриффинов использовали образ грифона. Район распространения грифона связан с племенами свевов и вандалов. Гриффины были потомками князя Вилькина, можно предположить, что князь Вилькин использовал символ грифона. Грифоны в Голландии и Англии связаны с потомками предков прусских вождей Брутена и Видевута, которые остались жить в Англии и Голландии.

Гербы с грифонами в Латвии находятся на землях занимаемых племенами вenedов, происхождение гербов с грифонами неизвестно, сохранение грифонов связано с орденом крестоносцев. По моему мнению, латышские грифоны связаны с потомками князя Вилькина. По легенде во время Ливонской войны боярин Романов «срисовал» своего грифона с герба на одном из домов города Риги. Думаю, Романовы помнили о своём родовом гербе на основе грифона, а изображение срисовали с рижского образца.

Гербы с грифонами в Италии имеют самую древнюю историю, они находятся в городах этрусков и связаны с потомками участника троянской войны - царя Энея. Один из центральных районов Рима, использует грифона в гербе. Род Юлия Цезаря был не единственным потомком царя Энея. В каждом городе Этрурии были свои потомки Энея, а в древнем республиканском Риме до 1 века до н.э. около 50 семей патрициев вели свой род от царя Энея. Видимо не всех перебили в гражданских войнах и нашествиях варваров, кто-то дожил до средневековья.

С помощью ДНК-генеалогии можно проверить насколько обоснованно использовали герб с грифоном. Если у современных потомков древних родов вероятность наследования Y хромосомы от царя Энея и князя Вилькина явно «стремится к нулю», то в захоронениях предков обязательно должны остаться следы R1b1-M335, ведь Романовы и рок музыкант Оззи Осборн сохранили Y хромосому от царя Энея, значит и другие потомки могут быть.

Герб города Дордрехт известен с 13 века, считается, что он произошел от герба графа Яна ванн Veieren (Бирон). Фамилия Бирона - фаворита царицы Анны Иоановны хорошо известна в русской истории, кем он приходился графу Бирону мне не известно. У части германских племен словом бирон (бурий) называли медведя, название города Берн происходит от названия медведя. Интересно, а какая гаплогруппа у Бирона и его предков? Места захоронений найти будет несложно, будет очень интересно у Биронов обнаружить R1b1-M 335!



Дордрехт

В Нидерландах два грифона изображены на гербах муниципалитетов Heemstede и Влардинген. На гербе Heilo - грифон и лев. Грифоны есть

на гербах Ooststellingwerf и Weststellingwerf, а так-же Grijskerk и Wolphaansdijk.



*Grijskerk
Wolphaansdijk*



Ooststellingwerf



Weststellingwerf

Город Дорестаdt был крупным торгово-ремесленным центром раннего средневековья, располагался в междуречье Рейна и Лека, южнее Утрехта, около современного города Вейн-бей-Дюрстаде. Город был перевалочным пунктом речных и морских судов, имелся монетный двор. Заиление Старого Рейна привело к переселению купцов в города Деневер и Тил с середины IX века.

Самоназвание фризов звучит как [фрузо], если убрать англо-саксонское «фырканье» в русской транскрипции самоназвание будет звучать как [прусо]. Ряд историков подробно обосновывают такую транскрипцию. Некоторые историки считают, что слово прус обозначает побережных руссов.

Из Фризии - Голландии, часть племён Брутена и Видевута, переселилось в Померанию. Согласно историческим данным в Померании постоянно находилось какое-то население. Можно предположить, что в Померании оставались племена ругов происходивших из союза племён борусков и потомки первых венетов прибывших из Британии - Тринованте в 6 веке до н.э. (культура лицевых урн). На основании истории фризов можно предположить, что племена ругов пришли в Померанию в 3 веке до н.э. По троянской традиции, вождями венетских племён могли быть только потомки Энея Троянского. Роль потомков Энея хорошо описана в истории Рима и истории этрусков. С 50 г. население Западной Померании становится более плотным, это было связано с приходом племён готов, гепидов, бургунов. С 3 века многие населённые пункты были заброшены. Предполагается, что Померанию покинули часть племен венедов-ругов, бургунды, готы, гепиды.

По археологическим материалам, на землях к востоку от Эльбы в конце 6, начале 7 века стали селиться носители фельдбергской археологической культуры (вильцы). В отдельных случаях они вытесняли славян суковско-дзедзитской культуры (ободриты), но чаще

сосуществовали с ними и постепенно ассимилировали. Для племен фельдбергской культуры характерно сооружение сравнительно крупных городищ. Такие поселения состояли из нескольких десятков дворохозяйств. В одном таком граде могло проживать от 600 до 1000 человек. Переселение фельдбергского населения осуществлялось большими, хорошо сплоченными коллективами. Погребальные памятники не выяснены. Фельдбергскую культуру связывают с велетами - вильцами. В 8-9 веках по археологическим и историческим исследованиям происходила консолидация полабских, поморских и лужицких славян в более крупные племенные объединения.

1.7. Приход в Пруссию Брутена и Видевута.

До прихода крестоносцев в 13 веке не существовало прусской письменной истории, поэтому многочисленные археологические материалы невозможно сопоставить с текстовым описанием. Главным сокровищем пруссов было месторождение янтаря, которое находится в западной части полуострова Самбия. В книге В.И. Кулакова «История Пруссии до 1283 года» [6] приводится схема месторождений янтаря.

Можно предположить, что на полуострове Самбия находился древний религиозный центр посвященный культуре янтаря. В древности янтарь ценился на вес золота, поэтому за обладание полуостровом Самбия с глубокой древности велась ожесточенная борьба. Торговля янтарем началась много тысяч лет до нашей эры, вследствие миграций происходила многократная смена населения полуострова. Можно предположить, что полуостров Самбия заселяли племена древних европейцев, затем племена прибалтов, венеков, кельтов и каждого племени был свой Видевуд. Из сопоставления двух легенд об аланском Вейдеуде и прусских братьях Видевуте и Брутене, следует отметить, что аланский Вейдеуд и прусский Видевут это не личное имя, а название титула или должности воеводы (князя) балтских племён. Из исторического анализа легенд следует, что аланский Видевут был перед приходом прусских братьев Брутена и Видевута. Для предотвращения возможной путаницы, рассмотрим историю, связанную с предшественниками пруссов.

Предания пруссов сохранили память о Видевуте племён готов, Видевуте аланских племён и прусских братьях Видевуте и Брутене. Вероятно, названия прусских земель Самбия и Натангия происходят от имён аланских вождей и племен. Можно предположить, что название полуострова Самбия происходит от имени аланского вождя Самбида, который, вероятно, был избран королем местных племен в период от 5 до 7 века. В истории Западной Европы упоминается аланский вождь по имени Самбид, который согласился поселиться в пойме Роны на земле современной Франции.

Название земли Натангия, возможно, происходит от названия племени Танги готского или аланского происхождения. В восточной части Северного Кавказа на современной карте есть название посёлка Танги и реки в Ингушетии – явно аланского происхождения. В книге С. В. Алексеева «Славянская Европа V–VIII веков» [7] приводятся следующие сведения о племенах тангов – танаитов:

«По Аммиану Марцеллину, королевство гревтунгов (остроготов Иордана), управляемое Эрменрихом, было уничтожено гуннами при содействии покоренных ими силой аланов-танаитов (то есть донских), соседних с гревтунгами. Королем гревтунгов был избран Витимир, который, подкупив часть гуннов, вступил в войну, прежде всего, с аланами, и эта война сперва была для него довольно успешна. Однако, в конце концов, потерпев ряд поражений от гуннов и аланов, он пал в бою. Власть получил его малолетний сын Витерих при регентстве Алафея и Сафрака. Последние увели гревтунгов в пределы Империи, вслед за тервингами короля Атанариха. Здесь очевидным становится тождество «аланов» (танаитов?), с которыми воевал Витимир, с антами, против которых в первую очередь обратился желающий свергнуть готское иго Винитарий. Само по себе это не свидетельствует об этнической принадлежности. Сам Аммиан Марцеллин отмечает, что в период своей гегемонии аланы распространили свое имя на множество союзных племен разного происхождения».

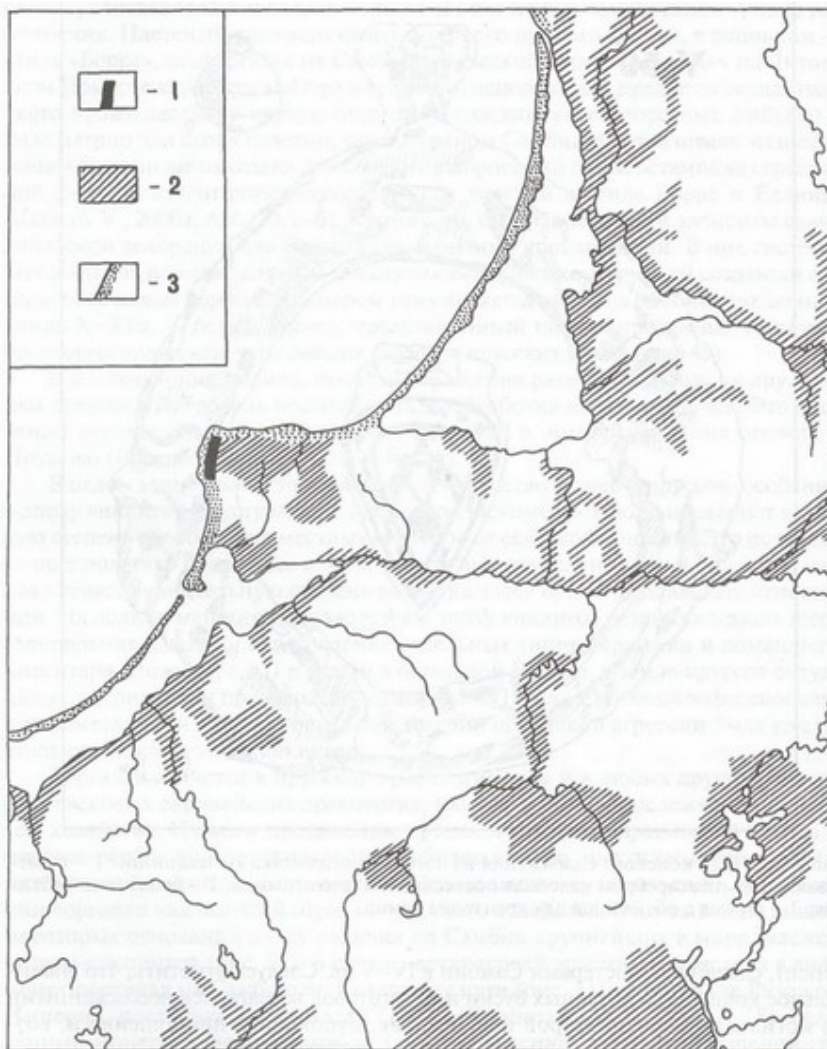


Рис. 50. Янтароносные месторождения в Юго-Восточной Балтии: 1 – выходы на поверхность пластов янтароносного глауконита; 2 – месторождения янтаря; 3 – янтарный брос на береговом урезе.

«Судя по известию Аммиана о соседстве танаитов с готами, в политическом смысле эта обширная территория должна была делиться между теми и другими. С другой стороны, часть аланов-танаитов и могла составить основу черняховской культуры. Антов IV в. надо тогда рассматривать как западную «внешнюю» часть танаитского объединения, включавшую разноплеменные компоненты».

В 406 году рипуанские франки разгромили союз вандалов и алан, Существует предание о том, что после поражения от франков часть алан пришла в район Восточной Пруссии. В книге В.И. Карпец книга «Русь Мироеева» [1] приводится версия о Вейдевуте, излагаемая бароном Кампенгаузенем:

«Аланы, говорят, жили прежде в соседстве с землею Пруссов. В союзе с Вандалами и Свевами ходили они к Рейну и за Рейн в Галлию, вторглись

потом в Испанию, но здесь вытеснили их Вестготы. Также и на Рейне, против них восстали Сикамбры и почти их уничтожили. Остатки их, под предводительством их военачальника Литталана (вероятно, от него литовцы) бежали в соседние земли их родины – в земли Пруссов и там осели. Одно время они жили в мире и согласии с местными хозяевами, но затем пошли с ними на разоры. И вот, богатый Алан Вейдевуд, или Войдевод, посоветовал обоим племенам избрать себе общего предводителя или князя. Совет был принят, и выбор в 305 г. пал на самого Вейдевода. **Он сделался самым первым князем, или королем Литовско-Прусской земли или по крайней мере первым главой из Аланской династии...** Далее особо рассказывается о введении Вейдевудом медоварения в Прусско-Литовской земле. Вспомним об особой символике пчелы и меда у древних сакральных династий Царского рода, а также в Старшей и Младшей Эддах – В.К.). Постоянное среди мира владычество его продолжалось 74 года, законченное в 379 году на 116 году от рождения, вследствие отречения от престола, причем он сделался верховным жрецом своего народа – Криво-Кривейте – вследствие чего и водворился в дубовой роще близ Романова».

В предании об аланском Вейдевуде ничего не сказано о брате Брутене и миграции с острова Кимбрия. Дата избрания Вейдевуда в 305 году не соответствует историческим и археологическим материалам. Если принять дату избрания аланского Вейдевуда в середине 5 – начале 6 веков, то мы получим полное соответствие предания и исторических и археологическим материалам.

Археология показывает, что в 435-455 годах на берегу Висленского залива появляются представители гуннской державы. По археологическим материалам полуостров Самбия с 5 века населялся людьми отличными от прочих пруссов (эстиев), их похоронный обряд был связан с лошадьми и соответствовал степным обычаям.

В начале 8 века произошла смена похоронного обряда, что свидетельствует о приходе новых племён, вероятно донских «натангов». Новый обряд захоронения соответствует восточным «тюркским» традициям, поэтому можно предположить приход донских алан – «натангов», которые восприняли на востоке новый похоронный обряд. Пруссы Брутен и Видевут не могли быть связаны со степными восточными похоронными обрядами, следовательно, пруссы пришли значительно позже. В книге В.И. Кулакова «История Пруссии до 1283 года»[6] сообщается:

«На основе данных, собранных при анализе 60 грунтовых могильников пруссов I тысячелетия н. э. (прежде всего - Суворове, Ирзекапинис, «Гора Великанов», Светлый) (Кулаков В. И., 1990а, с. 20, 22), с уверенностью можно утверждать о новых переменах,

произошедших в погребальном обряде пруссов на рубеже VII-VIII вв. ... Основные черты прусских трупосожжений VIII-XI вв. можно охарактеризовать следующим образом. Покойный сжигался на костре за пределами могильника, кальцинированные кости собирались в небольшой сосуд («временная урна» - рис. 4,2) и переносились в могилу, где ранее уже было совершено захоронение не целого коня, что практиковалось во II - конце VII в., а черепа данного животного. Учитывая большое количество органики, находимое в нижних ярусах погребений, можно утверждать о помещении здесь конской шкуры с головой и нижними частями. Подобный обряд в Европе встречается довольно редко и связывается с влияниями кочевого мира (Klindt-Jensen O., 1957, S. 57)».

Логично предположить, что братья Брутен и Видевут прибыли в Пруссию после алан. Для моего исследования предполагаемая дата прихода в Самбию Брутена и Видевута имеет принципиальное значение. На основании даты прихода можно определить происхождение пруссов и династические взаимосвязи. Никаких археологических доказательств, которые можно было бы связать с прибытием Брутена и Видевута я не нашел. По легендам Брутен и Видевут прибыли на трёх кораблях:

«Брутен и его брат Видевут построили (замки) Хонеду, Пайлшайлло, Нангаст, Вустопшос и Галлонс и нашли они мед и делали из него напиток, ибо ранее они пили лишь молоко, и те, кто ранее находились в Ульмигании, стали вести жизнь по образу кимбров...

Далее, в 523 году «брутенны со своим королем Видевутом и Брутенном, своим Криве-Кривайто, пришли в Хонедо (некоторые исследователи считают Хонеду древним наименованием замка Бальга), и там огласил Брутен волю своих богов, призывая жить (пруссков) единым образом, первое: никто, кроме Криве-Кривайто, не может обращаться к богам или приносить с чужбины на родину (инога) бога».

Из описания легенды не понятно, к какой территории следует относить данную часть легенды. Современные историки относят эту часть легенды к дельте реки Висла в Польше (Ульмигании - островной стране). Можно предположить, что «Хонедо» находился в Восточной Пруссии, в районе Вармия.

По легенде миграция Брутена и Видевута произошла в течение 100 лет. Если исход был около 580 года, то приход в Пруссию мог быть около 680 года. В источниках есть несколько дат обращение в православие под именем Иоанна прусского военачальника Гландо Камбило, сына Дивона, предка Романовых, в 1241 году, в 1287 году и по «Бархатной книге» в последней четверти 13 века. На мой взгляд. Самой

достоверной является дата из «Бархатной книги», поэтому для расчетов возьмем 1287г. Князь Гланда Камбило по легендам был потомок Недрона в 9 поколении, Недрон был четвертым сыном Видевута. Отец Недрона мог иметь титул Видевута и быть потомком первого прусского Видевута.

Попробуем рассчитать по поколениям время жизни Недрона сына Видевута. Для примера расчёта поколений можно сравнить с династией Романовых. Император Николай II в династии Романовых был царём в 9 поколении. Династия Романовых правила Россией 304 года, получаем одно поколение 33 года. В средние века была высокая смертность, власть могла переходить от отца к старшему сыну, в этом варианте одно поколение было около 20 лет. Могла быть ситуация, при которой старшие сыновья погибали, тогда власть могла переходить младшему сыну или внуку, при этом одно поколение могло быть более 50 лет. Поколение как период взросления и рождения детей значительно отличается от поколений властвования в племени. Существовали разные системы передачи власти, например, у племен тюрков было принято передавать власть самому младшему сыну, при этом происходило «растягивание» поколения. Если от 1287г. отнять 9 поколений – 304 года, то мы получим время жизни Недрона сына Видевута около 983 года.

Отец Недрона, вероятно, создал прусский союз из 12 племён. Сколько поколений прошло между приходом в Пруссию Брутена и Видевута и отцом Недрона неизвестно. Пока запомним, что по расчёту поколений избрание отца Недрона князем Пруссии (Видевутом) могло произойти в 10 веке.

Родословные сведения о предках Романовых составлены на основе исследований Степана Андреевича Кольчева. Таким образом, все записанные тексты основываются на семейных преданиях в рамках понимания истории в начале 18 века. Поэтому все даты и число поколений имеют условное значение, а зафиксированные события нуждаются в историческом исследовании и сопоставлении с современными представлениями по истории Пруссии и Померании.

По археологическим материалам с начала 6 века начинается переход археологической культуры кимвров в культуру северогерманских воинов. Около 700 года появляется торгово-ремесленный центр Трусо, который находился в дельте реки Висла далеко за пределами Самбии и Натангии. По археологическим исследованиям до 10 века поселения «древних пруссов» были на полуострове Самбия и в северной части прибрежной полосы лагуны реки Висла и Прегеля.



Прусские племена в XIII веке.

Указанные города и замки были построены Тевтонским орденом в ходе колонизации территории пруссов.

В Википедии сообщается что: «имя «пруссы» — не самоназвание. Так пруссы себя никогда не называли. Самоназвания относились к дружественным племенным союзам, идентифицируемым по территориям, — сембы из Самбии (прусс. «земля»), натанги из Натангии и т. д., а также по именам прусских родов. И это свидетельствует об отсутствии государственной самоорганизации, которая обязательно дала бы пруссам общее самоназвание. Пруссы были только родственным племенным союзом. Пруссы называли свою землю «Островное царство» («Ульмигания», «Ульмигерия», «Ульмеригия» в готском варианте) — полуостров Самбия считался до XII века островом, ограниченным водами Балтийского моря и реками Преголя и Дейма».

Существует датская сага в которой описано нападение датского викинга Рагнара Лодброка на Самбию и создание торгового центра Кауп. В саге описано генеральное сражение в начале 9 века в ходе которого было истреблено всё мужское население Самбии. Археологические материалы подтверждают создание торгового центра Кауп и прекращение деятельности торгового центра Трусо в начале 9 века. Вероятно, после сражения в Самбии произошло прекращение династии аланских Видевутов.

Приход части племени Брутена и Видевута на землю будущей Пруссии и избрание Видевута князем Пруссов - это два разных события, между которыми могло пройти больше ста лет. Если принять, что имя Видевут происходит от названия должности главы союза племен или

ополчения племён, у славян это воевода, у германских племён – герцог, то противоречия в содержании мифов нет. Название главы племени Видевут характерно для племён восточной Балтики. У разных племён, в разное время были разные знаменитые вожди с именем Видевут.

У племён, живших на земле Пруссии, вероятно, были Видевуты от племени готов или ругов, потом Видевут от алан, затем Видевут от руссов из Фризии. **Из проведенного расследования получается, что племя Брутена и Видевута в конце 6 века покинуло остров Британию во главе племён виллов, а на «янтарный берег» Брутен и Видевут пришли во главе племени пруссов.** Вероятно, приход Брутена и Видевута в Вармию и создание языческого центра Ромове произошли в 9 веке, после датского опустошения.

По свидетельству польского хрониста французского происхождения Галла Анонима (XI–XII в.), во времена Карла Великого, «когда Саксония была по отношению к нему мятежна и не принимала ярма его власти», часть населения Саксонии переправилась на кораблях в будущую Пруссию и, заняв эту область, дала ей имя «Пруссия».

В конце 8 века франки начали активную христианизацию фризов, что послужило причиной переселения фризов - язычников на восток в Померанию, Пруссию, Моонзундские острова. Есть косвенное свидетельство, подтверждающее сообщение Галла анонима. Английский хронист Матфей Парижский (ум. 1259) сообщает о войнах, которые датский король Вальдемар II (1202–1241) вел «во Фризии и Русции» ради обращения тех и других в христианство. Войны с теми и другими составляют важную тему датских хроник и эпоса, причем обычно речь идет о язычниках, каковые к XIII веку сохранялись лишь на островах и восточном побережье Балтики. Другой английский автор XIII века, Рожер Бэкон, упоминает о «великой Русции», которая опоясывает Левковию – Литву «с обеих сторон» Балтийского моря. Из истории войн Вальдемара II следует, что английский хронист под Русцией понимал Моонзундский архипелаг, под Фризией понимал Пруссию.

Создание датского центра Кауп и закрепление скандинавов на севере Самбии не было одномоментным. В 810 году умер король Дании, в стране началась длительная племенная междоусобица. В 812-814 гг. и 819-27гг. королём Дании был Харальд Хальфдансон из династии Скъльдунгов. Вероятно, в этот период произошло переселение будущих пруссов из Фризии. Создание прусского религиозного центра и прусской народности, прусской княжеской династии обоснованно считать с 9 века. Логично признать, что история Самбии с 5 по 9 век была связана с аланами и вандалами – видиариями, с 9 по 13 век с фрусами – прусами и племенами руссов и славян.

Для формирования моей гипотезы ключевым свидетельством о том, что в родословной Шереметьевых написано о предках из немецкой земли с роду князей Решских, которые были избраны в 8 веке. Шереметьевы, также как и Романовы, ведут свой род от Андрея Кобылы. На английском языке Россия звучит как [раша], возможно, от этого звучания произошли князья Решские или Русские, по многим признакам получается, что предок Романовых первоначально был избран русским (решским) князем в саксонской (немецкой) земле. Информация из родословной Шереметьевых хорошо согласуется с сообщением Галла анонима и исследованиями древней истории Фризов. С этим событием связана смена названий племени британских вилов на прусов.

Даже на современной карте, если посмотреть внимательно на названия городов, можно определить места расселения фризов, вендов, саксов, ободритов, вильцев. Фризы находились на территории современных Нидерландов вокруг города Гронинген. Венды занимали междуречье реки Эмс и Везер вокруг города Ольдербург – Старгород, на северо-западе современной земли Нижняя Саксония ФРГ. Саксы занимали земли на востоке и юге современной земли Нижняя Саксония и Западный Шлезвиг-Гольштейн ФРГ.

Область Ольденбурга по картам в раннем средневековье являлась Восточной Фрисландией. Вся Фрисландия вошла в состав Франкской империи в 804 году. В Книге Дитера Хэгерманна "Карл Великий" [6], стр. 196 сообщается: «В округе Фрисландия кремация и предание праха земле происходили вне поселения до 12 века». В произведении Анатолия Абрашкина «Скифская Русь от Трои до Киева», в главе 17 «Русский варяг Рюрик» сообщается:

«Во всяком случае, в 826 г. Рорик, согласно «Вертинским анналам», принял крещение от франкского императора Людовика Благочестивого (сына Карла Великого) и получил в лен область «Рустринген во Фрисланде»...Рустринген (буквально «ринг рустов» или «область руссов»).

Уместно вспомнить, что старшего сына князя Дивона звали Руссинген. Между русским произношением имени Русинген и немецким названием области Рустринген просматривается очевидное совпадение. Можно предположить, что 8 веке предок Романовых был избран князем Решским в области «Рустринген во Фрисланде». После завоевания франками Карла Великого в 804 году, часть населения Растрингена, не пожелавшая принять христианство, переселилась на восток в будущую прусскую Вармию и Моонзундские острова. Освободившийся феодальный лен «Рустринген во Фрисланде» был передан Рёрику в 826 году.

В этой истории есть очень любопытный момент, повторим цитату: в «родословной Шереметьевых написано о предках из немецкой земли с роду князей Решских, которые были избраны в 8 веке». В статье Александра А. Кур «К 400-летию династии Романовых» от 2 марта 2012г. [7] сообщается: «Древний ученый и писатель XVI века, кн. Андрей Курбский в своих сказаниях отметил очень ценные сведения о происхождении и древности Дома бояр Романовых, давших Царей и Императоров Российских:

«...муж светлый и знаменитый от пруския земли выехал, ему же имя было Михаил; глаголят его быти с роду княжат Рашских...» так записал князь Андрей об одном из предков наших Государей».

Возникает вопрос: а что это за повторное избрание, да еще князем решским? По прусской легенде еще до начала исхода Видевут и Брутен были потомственными князьями. Зачем еще раз избираться князем? Видевут и Брутен были вождями племен вилов, а племя решсков, точнее руссков – роуссков это совсем другое племя. Завоевание франками племён фризов происходило поэтапно в течение 79 лет с 747 по 826 год. С юга-запада на северо-восток происходило последовательное завоевание племен фризов.



На схеме Фрисландии область Рустринген вторая с востока. Судя по современным историческим картам в 811 годы область «Рустринген во Фрисланде» еще сохраняла независимость. Логично предположить, что в середине 8 века для борьбы с наступающими франками у племен фризов и вилов возникла необходимость избрать общего вождя – князя, которым стал предок Романовых. После победы франков в начале 9 века непримиримые язычники во главе с предком Романовых переселились

прусскую Вармию. В родословной Шереметьевых и в сообщении князя Андрея Курбского ничего не сказано о происхождении вновь выбранного князя рашского. Князь мог быть избран из племен вилов, из племен фризов которые состояли из потомков руссов и гуннов.

По сведениям из Википедии в статье «Список правителей Фризии» сообщается, что: *«последняя королевская династия королей, установленная современными хрониками, была Меровинги»*, и приводится следующий список королей Фризии:

Финн Фолквалдский (полулегендарный)
Аудульф, ок. 600
Олджисел I, ?-680
Радбод I, 680-719
Поппо, 719-734
Олджисел II, 734-748
Гундеболд, 748-760
Радбод II, 760-786 или 734-754 или 749-775.

Возможно, князь Рашский был избран из родственников королей Фризии, в связи с пресечением династии после смерти короля Радбода II. Если следовать легенде о пруссах, то князь пруссов происходит из Британии. Вероятно в будущем, с помощью ДНК-генеалогии после определения гаплогрупп из останков, можно будет точно определить из какой ветви рода потомков троянского Энея был избран князь Рашский – предок Романовых. При наличии достаточного количества гаплогрупп одного рода, можно достоверно разделять их по ветвям рода и определять время жизни общего предка по каждой ветви рода. Через сопоставление исторических сведений с предполагаемыми датами общего предка по каждой ветви можно весьма достоверно определять родственные связи.

Часть территории Рустрингена вошла в состав современных Нидерландов, часть территории Рустрингена вошла в состав графства а затем герцогства Ольденбург в современной земле Нижняя Саксония в ФРГ (на древней карте отмечена розовым цветом в верхней левой части, см. ниже), поэтому в преданиях сохранилось упоминание немецкой земли.

На левой схеме карты земель ФРГ отмечен красным цветом район немецкой Фрисландии (см. ниже). На центральной схеме представлена карта земли Нижняя Саксония. С правой стороны находится современный герб Фрисландии.



Продолжим исследование. В Книге В.И. Кулакова «Забытая история пруссов» [8] сообщается о войне с Мазовецким князем:

«Согласно легенде, пруссы, платившие дань мазонам, в 550 г. отказались повиноваться. Мазовецкий князь Антонес в союзе с королем Роксолании (Подунавье) выступили против прусского князя Видевута. Прусское войско было разбито. Тогда братья Брутен (верховный жрец) и

Видевут (князь) созвали в святилище Ромове представителей высших сословий. Разразившаяся во время жертвоприношения гроза была истолкована как воля бога Перкуно, обещавшего помощь пруссам. И действительно, мазоны были разбиты пруссами, и князь Антонес послал к Видевуту своего сына Чанвига с предложением мира. Чанвиг в знак мира принес богам в жертву белую кобылицу. С тех пор белые лошади были объявлены священными».

«Хронист Симон Грунау пишет об этом следующее: «Выше я уже говорил по записям Христиана 37 (почерпнутым) из книжек Дивониса, о том, как Мазо, князь, в Ульмиганию, также называемую Пруссией, ежегодно приходил и брал дань детьми, уподобляясь глупцам, не знающим других занятий, нежели как воровать детей. Однако, когда Скандиане пришли из Кимбрии и создали в Ульмигании королевство, владея этой землей, по имени своего вождя назвали ее Брутения, они отказали наследнику Мазо в выдаче дани, убеждая других считать это справедливым. Мазоны (жители Мазурского Поозерья) их ежегодно обирали, по их (пруссов) словам, ибо Брутены, имея вместо денег рыбу, не могли ею выплачивать дань. Вождь, звавшийся Антонес, послал сказать Видевуту, королю Брутении, и его криве-кривайтису: они много раз не уплачивали вышеупомянутую дань и более не желают (этого делать), они поэтому должны знать: он их покарает, как ранее предупреждал, и подобных слов (было сказано) много. И Видевут, король, и его Брутены это приняли и стали на границе, которая была у них обозначена священным столбом, ожидать, думается, когда владыка их богов будет помогать своим слугам. Антонес был неустрашим, располагая мощной поддержкой из Роксолании, называемой иначе Ройсландтом, и сошлись (воины), и бились, и Антонес одержал верх, и ушел с богатой добычей. Однако множество плененных (ранее прусских) юношей, научившихся (с детства) воинскому искусству, бежало (на родину), и научили они своих братьев сражаться. Будучи упрощен этими воинами, король Видевут остановился со своими (приближенными) стал держать совет, тогда приказал Брутен, криве-кривайто, собрать всех благородных на празднике их богов в Рикойто, и они пришли все. Тут случилось так, что произошла могучая буря с громами и молниями, в которой они увидели помощь Перкуна с небес. Брутен посчитал это знамением для них и сказал, что воля богов такова: все они, снарядившись, должны выступить против Антонеса и его народа, и нарек священной кровью служителей их богов, которые будут их сопровождать. И закончились возлияния меда, и выступил (вождь), и взял своих, и разбит был Антонес, и низвергнут с Чинбехом, королем из Роксолании, и с людьми своими убиты, и после сожжения и разграбления (страны врагов) пруссы вернулись домой. Сын Антонеса Чанвиг спасся и прибыл к Брутену и Видевуту, и поклонился их богам, и просил мира, и после своей просьбы пожелал принести богам жертвы, и они ему вняли. Тогда загнал он в чистом поле белую лошадь до смерти и сжег ее. Отсюда пошел обычай: никто в стране

(пруссов) не мог ездить на белой лошади, но держали ее только для богов. **И настал мир между Брутенами и Мазонами, лучше которого нет и по сей день»».**

Из этого отрывка следует, что князь Мазо брал дань с «янтарного края» до прихода Брутена и Видевута. Затем прибывшие из Фризии пруссы с вождем Брутенем и Видевутом организовали войну против Мазонов. Князь Мазонов пригласил в союзники роксолан и в пограничном сражении победил пруссов Брутена и Видевута. Затем через некоторое время пруссы собрали новое войско, с которым победили мазонов. Логично предположить, что победитель мазонов был отец или дед Недрона. Почему Симон Грунау называл пруссов Брутена и Видевута скандианами, мне определить не удалось, возможно, алане Самбии и Натангии так называли викингов – данов и варягов – руссов, фризов. Легенда о войне пруссов и мазонов вместе с сообщением Галла Анонима при сопоставлении с археологией позволяет достоверно определить время прихода пруссов Брутена и Видевута.

В книге С. В. Алексеева «Славянская Европа V–VIII веков» [9] сообщается:

«Аваро-славянский» этап в истории мазурской культурной группы наступил в начале VII в. В это время в западномазурский район, до этого населенный балтским племенем галиндов и управлявшийся германской (гепидско-лангобардской) знатью, вторглись новые пришельцы. Верхушку и ударную силу их составляли авары и увлеченные ими на север анты (выходцы с низовий Дуная?). Наряду с ними в Мазурах расселились и другие славяне. Позднее на востоке Европы (как и на Балканах) известны смоляне и выходцы из Силезии лупоглавы. Как будет показано ниже, присутствовали и выселенные аварами дулебы. Прежнюю германскую дружинную знать не истребили, но существенно потеснили. В Мазурах возникло новое племенное объединение во главе с выходцами из Аварского каганата, среди которых имелись и славяне».

Далее В.И. Кулаков предполагает, что: «Видевут разгромил противника. Оба вражеских вождя погибли. Пруссy разорили Мазуры, истребив или поработив тамошних жителей. На этом история Мазурской культурной группы завершилась. Славянский, аварский или германский элемент в Галиндии более не прослеживается. С другой стороны, началось усиление Пруссии – одного из крупнейших племенных княжеств Балтии. Набеги пруссов и других балтских племен привели к оттеснению за Вислу славянских общин, начавших было расселяться в Мазовии. **В VIII в. мазовецкие земли оставались необитаемыми.»**

По гипотезе В.И. Кулакова описанная Симоном Грунау война между пруссами и мазонами произошла около 700 года. Археологических доказательств для этой даты нет. Письменных текстов у пруссов не было, по устным преданиям исторические даты определять можно через сопоставление известных исторических событий.

По материалам Википедии славянские племена стали заселять Мазовию и Мазурию в 9-11 веках. По легенде сообщается: «**И настал мир между Брутенами и Мазонами, лучше которого нет и по сей день**». По археологическим материалам в 8 веке мазовецкие земли оставались необитаемы, мирная жизнь и опустошение земли до полной необитаемости состояния несовместимые. Следовательно, описанную войну между брутенами и мазонами логичнее отнести к периоду 9-10 веков, после начала заселения славянскими племенами. Куда мигрировал аварский и германский элемент в Галиндии неизвестно. Мнение историков о вытеснении мазонов пруссами прямо противоречит мирному окончанию легенды и появлению района **Помезания** в Прусском союзе. Война между брутенами и мазонами не отражена в Польской хронике Галла Анонима, следовательно, это было достаточно древнее событие не позднее середины 10 века.

По совокупности источников можно предположить, что предки Романовых появились в Пруссии в 9 веке. Для меня главным основанием является аналогия с племенами руссов. В Византии, Франции и Германии племена руссов получили широкую известность после набега на Константинополь в 860 году, до этого на руссов никто внимания не обращал, это было одно из многих небольших племен. Ранние Византийские упоминания о руссах, возможно, связаны с одним из сарматских племён. По моему мнению, племена руссов имеют сарматское происхождение от союза племен борусков долгое время живших в районе современной Воронежской области. В раннем средневековье историческую известность получили племена руссов из районов Балтийского и Северного морей.

В результате анализа прусской легенды о переселении в «янтарный край» можно предположить, что предки Гланды Камбилы проживали во Фризии в период с конца 6 века по начало 9 века, в Восточной Пруссии и Померании в период с начала 9 века по 1280 год. По истории рода во Фризии я не нашел ни одного упоминания, которое можно было бы связать с Видевутом, ни имени, ни названия племени, ни упоминания об историческом событии. Единственной «зацепкой» является имя Русинген брата Гланды Камбилы. В будущем, с помощью ДНК-генеалогии есть реальные шансы восстановить этот период. В Голландии могут быть найдены захоронения с R1b1-M335, или потомки проведут ДНК анализ и по их родословным и историческим документам удастся выяснить о жизни предков Романовых во Фризии.

В Восточной Пруссии и Померании остались некоторые следы предков Камбилы, это имя его отца Дивон, название района Бартия и имена предков Брутен, Видевут, Недрон. По этим скудным основаниям очень многое можно восстановить. Любой княжеский род имел неразрывную связь с возглавляемым племенем, в этом суть системы наследственной власти. По истории племени можно представить историю княжеского рода. Название района Бартия, вероятно, связано с названием племени Бартов, в следующей главе эту нить подробно рассмотрим.

Предки Романовых с гаплогруппой R1b1-M335 оставили исторический след в легендах и преданиях, начиная с IV тысячелетия до нашей эры. В последующих главах я опишу свою гипотезу истории рода Романовых, начиная с происхождения Дардана - принца из Фив, который жил в конце IV тысячелетия до н.э. и стал основателем династии троянских дарданидов.

Приложения:

1. В.И. Карпец книга «Русь Мироеева», «Благословения и проклятие. От Андрея Кобылы к Вейдеуту родословие и баснословие».
2. Simon Grunau's Preussische Chronik. В.4. S.63-64. Цит. по: В.И.Кулаков. «Восточная Пруссия с древнейших времен до конца второй мировой войны». Калининград, 1996, с. 62-63.
3. География Птолемея (The Geography Claudius Ptolemy), книга 2, глава 2 «Местонахождение Альбиона, острова Британия».
4. Томас Уильям Шор (англ. Thomas William Shore; 1840-1905) «Происхождение английской расы».
5. Веб-страница © Ян Griep на Katwijk-ан-Зее, Нидерланды (<http://home.kpn.nl/artrako/Historie/Grijpvogels-EN.html>).
6. Дитер Хэгерманн «Карл Великий», изд. Ермак, Москва 2003.
7. Статья А.А. Кур «К 400-летию династии Романовых» от 2 марта 2012г.
8. В.И. Кулаков «Забытая история прусов».
9. Сергей Викторович Алексеев «Славянская Европа V-VIII веков».

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

АНАТОЛИЙ А. КЛЁСОВ

СУЕТА ПОПГЕНЕТИКОВ ВОКРУГ ГЕНОМА

Эти размышления призваны дать читателям представления, по каким ухабам и загогулинам идет **продвижение геномных исследований**, особенно перевод их на коммерческие рельсы, для потребления заинтересованной общественностью. Как грибы плодятся коммерческие «сервисы» с продажей «сертификатов» о том, сколько в каждом из нас доли неандертальцев, или американских индейцев, или «средиземноморцев», «угро-финнов», «юго-восточных азиатов» и прочих. Сейчас на подходе расчеты доли «снежного человека» в каждом из нас. Я – совершенно серьезно, ажиотаж уже раскручивается. А поскольку эти подходы совершенно ненаучны, то параллельно с этим валом идут попытки дискредитировать научные подходы, чтобы не мешали обольщать «население». А то ведь выбивают почву из-под ног у шарлатанов, показывают, что их, шарлатанов, акробатика никуда не годится, клиентуру отпугивают. И в основе этой акробатики – опять, увы, «популяционная генетика человека» в своем наихудшем виде. Попробуем разобраться.

Для начала – несколько вводных положений. Первое – изучение генома человека чрезвычайно важно как для развития биомедицины, главным образом – «персонализированной медицины», так и для изучения происхождения человека, его эволюции, для ДНК-генеалогических исследований как популяций, так и конкретных семей, их генеалогических линий.

Второе – изучение генома в значительной степени базируется на мутациях в хромосомах ДНК (а также в митохондриальных ДНК, которые тоже часть общего генома). Третье – изучение генома по мутациям в ДНК может проводиться на разных уровнях приближений, а именно на разных фрагментах ДНК – от малых (например, фрагментах Y-хромосомы или любых других хромосом), так и по всему полному геному человека как индивидуально, так и популяций человека, вплоть до всего (в далекой перспективе) населения Земли.

Это все важные положения, и не о них мое ироническое, если не сказать саркастическое название этого постановочного полемического рассказа. Любое грандиозное по важности исследование, любой передовой подход

можно свести на уровень профанации, если не следовать вполне общепринятым научным принципам. К сожалению, эта профанация наблюдается, причем широким фронтом, в «популяционной генетике» человека. Почему именно в этом направлении, вполне, казалось бы, безобидном и ориентированном на конкретные исследования современных популяций? Что плохого в том, что популяционные генетики изучают определенные популяции, этносы, наследственные линии, и выявляют в них генетические aberrации, свойственные одним популяциям и совсем несвойственные другим?

Ничего плохого в этом нет – это, напротив, замечательно. Правда, плохое там может появиться, когда имеет место утечка информации персонального характера, и страховые компании отказывают в страховке, или поднимают цену для конкретных людей, потому что они находятся в группе «повышенного риска». Хотя и в этом некоторые находят правильную позицию страховщиков – повышенный риск должен повышенно оплачиваться, тем более когда рискующие знали, на что идут, выходя замуж или женись на человеке из той же группы повышенного риска, возводя риск в квадрат. Ведь страховка профессиональных спортсменов намного выше, чем «обычных» людей, и страховка гоночных автомобилей намного выше, чем обычных. Как бы там ни было, а **популяционные генетики делают хорошее и важное дело, выявляя связь генотипа и фенотипа, в общей формулировке.** Собственно, это и есть главная задача популяционной генетики.

Проблема начинается тогда, когда популяционные генетики берутся не за свое дело, и выходят за пределы своей профессиональной компетентности. Например, когда берутся за ДНК-генеалогию с ее количественным математическим аппаратом, по сложности превышающем обычный уровень популяционных генетиков. Они, конечно, могут попытаться научиться, но не хотят. Не хотят принципиально. В итоге получают не только сплошные конфузы, но и полная дискредитация своей науки. Критический уровень этой дискредитации уже давно зашкаливает.

Сначала, в конце 1990-х – начале 2000-х, это были «датировки», которые брались «по понятиям», а на самом деле совершенно «с потолка», без всяких обоснований. Соответствующие цитаты я уже давал предостаточно в академических статьях, где это обсуждал. Могу только напомнить про «R1b в Европе 30 тысяч лет назад», про «украинскую гаплогруппу R1a, которая спасалась в украинском же убежище в ходе ледникового периода», про «выход современного человека из Африки 70 тысяч лет назад», и так далее. Никаких расчетов на самом деле не проводилось, да их и быть не могло. Это – стиль популяционной генетики. Потом, в середине 2000-х, взял свое начало «метод Животовского» с его «популяционными скоростями», которые

совершенно некритично принимались в любом случае, для любых гаплотипов, для любых маркеров, в любом временном интервале.

Самое прискорбное – никто из «популяционных генетиков» и вопросов не задавал, применяли совершенно не думая и не осознавая. В итоге обычное завышение результатов расчетов на 200-400% (!). Откуда это, в чем причины? Причины – в полном отсутствии нормальной научной школы, в которой эти несуразицы вскрываются на первом же научном семинаре. Причины – в полном контроле «популяционными генетиками» профильных научных журналов. В подборе рецензентов, которые тоже полностью контролируются, а потом привыкают. Или привыкли с самого начала.

Шокирующих примеров слишком много, чтобы все публиковать. Один из краеугольных камней «попгенетиков», которые устремляются в «исторические науки» – это исходить из статической картины гаплогрупп: то, что наблюдается в настоящее время – то же якобы было всегда. Оттуда и возникли те самые R1b давностью в Европе 30 тысяч лет – они же есть в Европе сейчас, значит, были всегда. Ну а 30 тысяч лет – из вежливости, сверху уже неандертальцы подпирают. Так и сейчас, уже в 2013 году, нашли R1b-L51 в центре Европы – значит, там и образовались. Нашли R1b в Анатолии – значит, там и образовались, оттуда и пришли. О том, что они и в Сибири есть – авторы во внимание не принимают, хотя карты R1b известны. Популяционная генетика.

Нашли стоянки в Турции давностью 10 тысяч лет назад – значит R1b, как будто других гаплогрупп нет, например, G, E, J, R1a, F, K и так далее. Разделились христиане и мусульмане на Ближнем Востоке и на юге Европы в 7-м веке, 1300 лет назад, а попгенетики применили «популяционную скорость Животовского», и «нашли», что христиане и мусульмане уже разделились 3900 лет назад, за 2000 лет до начала христианства и еще больше – до мусульманства, и не моргнув глазом опубликовали столь замечательный вывод в ведущем «академическом журнале» European J. Human Genetics. Вот такая популяционная генетика.

Еще один показательный пример – некто **Диенекес Понтикос**, ведущий свой собственный «блог по антропологии», решил, что констант скоростей мутаций ДНК нет, точнее, что они невоспроизводимы и меняются от системы к системе. Почему он так решил? Да потому что в них не разбирается. И объявил о запрете рассмотрения их на своем блоге. Так и объявил – ввожу «бан» на скорости мутаций. История забавная.

И вот тот же Д. Понтикос сейчас занялся геномом, точнее, сериями мутаций в нем. И в соответствии с ментальностью многих попгенетиков,

стал применять принцип – «что вижу, то и пою». То есть беру картину мутаций в Польше – назваю ее «польской картиной». Неважно, что она такая же, как в Беларуси или в Литве – пусть будет «польской». Вижу картину у американских индейцев, неважно, что они пришли из Сибири со своей сибирской гаплогруппой Q, пусть будет каноническая картина «американских индейцев». Причем американских индейцев в Сибири. Или американских индейцев во Франции. Или в Ирландии. Или в России. Отныне они все будут в своей части «американские индейцы». Узнаете «популяционную генетику»? Что вижу, то и пою.

И вот такие люди закладывают основы новой дисциплины, при полном попустительстве остальных. И эти остальные чешут голову и гадают – откуда в Ирландии американские индейцы? Но раз Понтикос сказал, значит, так оно и есть. Доктор сказал в морг – значит в морг.

Возвращаемся к началу нашего повествования.

Уже довольно давно я с определенным подозрением слежу за упражнениями Д. Понтикоса по мутациям – сначала в Y-хромосоме, а потом и по всему геному. Понтикос, по своему незнанию, сначала объявлял, что огромные погрешности в расчетах времен до общих предков делают расчеты по мутациям в ДНК бессмысленными. Но оказалось, что он в этих расчетах ничего не понимает. Мне препираться с ним надоело, и я задал ему **конкретный вопрос – есть сто 67-маркерных гаплотипов, в которых суммарно 2000 мутаций. Когда жил общий предок этих ста гаплотипов, и с какой погрешностью определяется эта величина? Понтикос не ответил и предпочел ретироваться. Больше со мной он этот вопрос не поднимал.**

Ответ на самом деле очень прост – 5000 лет назад с погрешностью плюс-минус 510 лет. При этом нужно оговорить два условия – что все эти гаплотипы происходят от одного общего предка, и константа скорости мутации определена с точностью плюс-минус 10%. Если первое условие не выполняется, гаплотипы делятся на ветви с помощью дерева гаплотипов, нет проблем. Второе условие обычно завышено, и погрешность на самом деле часто оказывается меньшей, ну да ладно, пусть будет для страховки. Лучше погрешность завышать, чем уменьшать.

Но Понтикос не успокоился, и вскоре объявил о том, что расчеты времен до общего предка не имеют смысла, потому что зависят от того, какие маркеры используют для расчетов. Его в этом отношении окрылила статья Busby et al (2011), которая оказалась предельно безграмотной (или запредельно безграмотной), хотя и опубликована в журнале Английского Королевского общества. Busby и соавторы взяли несколько «скоростей мутации» для отдельных маркеров, и нашли, что для разных

маркеров получают разные времена для общих предков. Эти «скорости мутаций» они взяли из сопоставления величин аллелей в примерно 1750 парах отец-сын. При этом английские авторы оказались настолько далекими от понимания простых вещей, что не поняли, что эти «скорости мутации» просто нельзя рассматривать для подобных расчетов. Например, в 1750 парах DYS393 мутировал три раза, а DYS390 – два раза. То есть DYS393 оказался более «быстрым», чем DYS390 (!). И авторы английской статьи, а вслед за ними и Понтикос, так и посчитали, что скорость 393-го была более высокая, чем 390-го. И это использовали в расчетах! Между тем, любой, кто хоть однажды видел серии гаплотипов, видел, что 393-й мутирует крайне редко, а 390-й строчит как из пулемета. То есть и английские авторы, и Понтикос не имеют о таких вещах ни малейшего представления. Они не имеют понятия и о том, что 2 и 3 мутации в 1750 парах отец-сын – это никакая не статистика, там могла легко быть и 1 мутация, и 4-5 мутаций. Нельзя на таком уровне частоты событий вообще что-то рассчитывать. Это все равно, что бросить монету три раза, и на этом основании рассчитывать вероятность выпадения орла или решки. Но точно так же и английские авторы, и Понтикос делают выводы, что по мутациям ничего считать нельзя! Более того, Понтикос объявил на своем сайте, как я уже упомянул выше, что отныне он делает «бан» на расчеты ДНК-генеалогии и больше ничего на эту тему не помещает.

Между нами прошла объемная дискуссия, которую я целиком, на 60 страницах, опубликовал на английском языке в Вестнике Академии ДНК-генеалогии (сентябрь 2011 года, том 4, № 9, стр. 1831-1892). Статья называлась – в переводе на русский – «Недавняя провалившаяся попытка дискредитировать константы скорости мутаций в антропологическом блоге Диенекеса Понтикоса». Понтикос после этого еще немного позлобствовал в своем блоге, но ни одного конкретного примера расчетов не привел. Популяционная генетика.

Следующим действием было его увлечение расчетами возраста гаплогрупп на основании числа снп-мутаций (SNP) в гаплогруппах и субкладах по данным проекта «1000 геномов». Как он считал – он поначалу не показал, и просто опубликовал список «возрастов» по гаплогруппам. Три четверти из них совпадали с нашими датировками, опубликованными совместно с И.Л. Рожанским в нашей статье про Африку в *Advances in Anthropology* за полгода до того. Ссылки на нас он, понятное дело, не дал, но отметил, что считать по гаплотипам – это неправильно, надо считать по снпам. Я выступил на англоязычном форуме RootsWeb, и задал ему вопрос – если он получает такие же цифры, как у нас, более того, подозрительно такие же, как он может говорить, что по снпам считать – правильно, а по гаплотипам – неправильно? Он начал скандалить, что это у нас неправильно, и стал приводить цифры по той четверти случаев, в чем у нас разница. Там, где

совпадало, он умолчал. Но это было неудивительно, его натуру я уже знал.

Но произошла неожиданность – выступил другой человек, и сказал, что он использовал те же снипы из проекта «1000 геномов», и тот же в принципе метод расчета, и получил совершенно другие данные, чем у Понтикоса. В частности, как видно, Понтикос не делил полученные датировки на 2, то есть он получал не возрасты гаплогрупп, а *расстояния* между ними. Понтикос опять ретировался и замолчал. Тут уже вышел я и потребовал объяснений. Он же до того объявил, что мы считаем неправильно, а он – правильно. Мое требование пришлось повторять трижды, Понтикос молчал. Потом он вышел и повiniлся, что на 2 он действительно не делил, но во всем виноват проект «1000 геномов», потому что они выдают неправильные данные, и вообще данных недостаточно для подобных замечательных расчетов, какие делает Понтикос. Короче, он дезавуирует, то есть снимает свои данные как действительно неправильные, потому что по снипам получается что угодно. Извинения мне он, конечно, не принес.

К чему я это все описываю? А для того, чтобы показать, что объявления и расчеты Понтикоса гроша ломаного не стоят. И это уже переходит в новое увлечение Понтикоса, под названием ADMIXTURE. По-русски – примерно «расшифровка природы примесей в геноме». Это очередной бум по части одурачивания населения, в котором рекламным агентом выступает Понтикос.

И вот началась эта следующая эпопея – популяционные генетики добрались до данных генома, и стали сравнивать сотни тысяч снипов по популяциям. И Понтикос там занял одну из ведущих ролей. Но как истый популяционный генетик по духу, он не понял всей сложности картины. Дело в том, что считают по геномам как мужчин, так и женщин, совместно, не разделяя. Все это образует, естественно, облака снипов, которые только условно могут быть приписаны конкретным регионам, и там они пересекаются, накладываются поперек регионов. Но Понтикос сразу же стал приписывать этим облакам этнические названия, чисто в попгенетическом духе. Более того, даже там, где он приписывал этим облакам (которые он усредняет до якобы точек) названия континентов, или популяциям континентов, эти названия настолько упрощены, что стали ошибочными. На форуме «Родство» польский визитер уже сообщал, что у него 95.6% «польских снипов». То, что польские, литовские, белорусские, да и русские дают примерно такую же картину, он не знал. Иначе говоря, это почти все равно, что назвать «польской» гаплогруппу R1a, и продолжать писать, что у уйгуров, например, 30% польского генома. Что из этого получается – можно сказать коротко. Профанация.

Вот – конкретный пример, который имел место совсем недавно. Мой знакомый-соавтор ирландец выставил сообщение на RootsWeb с недоуменным вопросом. Он скачал программу, которую составил Понтикос на своем сайте, вставил свои (и родителей) данные по геному, и с удивлением обнаружил, что он и его родители почти на 10% – американские индейцы. Он выставил свои данные и с удивлением заметил, что его родители и он сам – «коренные ирландцы» из Ирландии, и никаких индейцев у них в роду отродясь не было. Вот что он выставил:

«Здесь мои родители и я – все ирландцы, никаких предков среди американских индейцев.

Я:

92.02% Европейцы
0.00% Азиаты
0.11% Африканцы
7.87% Американские индейцы

Отец:

91.95% Европейцы
0.00% Азиаты
0.07% Африканцы
7.98% Американские индейцы

Мать:

92.13% Европейцы
0.00% Азиаты
0.00% Африканцы
7.87% Американские индейцы

Есть здесь еще с предками от американских индейцев?

Paul»

Поднялась дискуссия, в которой обнаружилось, что у всех заметное присутствие доли американских индейцев, если рассчитывать «по Понтикосу».

Кстати, никто не обратил внимания, что в геноме матери африканцев вообще нет, а у самого Поля почему-то их больше, чем у отца. На самом деле это все на уровне «шума». Нет в нас мутаций африканцев, не выходили наши предки из Африки. Из общего предка с шимпанзе – масса мутаций, а от африканцев – нет.

Некоторые подняли вопрос, что в программе с американскими

индейцами что-то не так. Другие защищали, что раз Понтикос сказал, то так тому и быть (напоминаю – доктор сказал в морг, значит в морг), и стали придумывать гипотезы одни фантастичнее других, и абсурднее третьих. А ларчик на самом деле просто открывался. Понтикос в своем популяционно-генетическом рвении, вместо того, чтобы обозначить определенные закономерности цифрами или индексами, назвал их так, просто с потолка:

Перевод: *четыре предковых популяции появились на этом уровне разрешения, которые я назвал: европейская, азиатская, африканская, америндская. Имена не важны, и вы можете заменить их какими хотите.*

Мой комментарий: если имена не важны, то какого дьявола их вообще называть так? Три дня эти чудачки на RootsWeb спорили о том, откуда у них в предках американские индейцы, а это вообще, судя по всему, сводная гаплогруппа R. Она дала гаплогруппы Q, R → R1 → R1a + R1b, а ирландцы – это и есть гаплогруппа R1b на 90+%, и наш Paul – R1b-M222. Q ушла в Америку, и ее имеют многие американские индейцы. Вот и вся разгадка. У них общие древние мутации от времен, когда американских индейцев и в проекте не было. Если геном имеет массу сипов от общего предка с шимпанзе 6 миллионов лет назад, то как же ему не иметь сипов от гаплогруппы R, всего 40 тысяч лет назад? Они, эти сипы, и ушли как в Америку, к индейцам, так и в Ирландию, как и ко всем R1b, так и в Восточную Европу (и не только), ко всем R1a.

И действительно, у русских примерно столько же вклада «американских индейцев», о чем Понтикос старательно (и глупо) доложил:

Украинцы – 8.5% америндов
Поляки – 8.2% америндов
Литовцы – 9.1% америндов
Русские – 11.7% америндов
Славяне в целом – 9.1% америндов

Понтикос так и пишет: For example, HGDP Russians have 11.7% of Amerindian component. То есть то, что это понятие «америнды» он ввел число условно – уже не вспоминает. Раз подхватили, зачем менять, не так ли?

Надеюсь, понятнее теперь, что эти цифры и этносы у Понтикоса на самом деле никакой смысловой нагрузки не несут? Цифры есть, а этноса нет. 40-60 тысяч лет назад этносов не было в том виде, как мы этносы сейчас понимаем и называем. Ущербность этого подхода, повторяю, и в том, что все эти облака усредняются до точки в каждом случае, и эти точки и приводятся с точностью до долей процента.

На самом деле эти данные, если их обрабатывать правильно, несут вполне ценную информацию. Обычно рассматривают сотни тысяч снипов у каждого человека, и они, ясное дело, есть объективная реальность. В эти снипы входят снипы и шимпанзе, точнее, общего предка шимпанзе и человека (но их осталось и в шимпанзе и в нас более 90%), и все снипы наших гаплогрупп и субкладов Y-хромосомы (которых у женщин нет, но всё усредняется между полами), и снипы наших отцов и матерей, что отражает причудливую картину их взаимного выбора, а поскольку часто мужчины в этносах выбирают женщин из того же этноса, и наоборот, то картины в целом по этносам расходятся.

Примерно так: если взять группу русских (мужчин и женщин) и группу монголов-монголок, то у них будут – у тех и у других масса снипов шимпанзе, снипы альфа-гаплогруппы, снипы бета-гаплогруппы (пока все примерно одно и то же), но потом пошла разница – у монголов в немалой степени гаплогруппы C, Q, R1a у мужчин (R1a как древние, так и недавние вливания во времена России и СССР), и соответствующие мтДНК от женщин, которых у монголок весь иконостас, и у русских R1a, I1, I2, N1c1, и еще куча более минорных снипов, плюс гаплогруппа H (преимущественно) от женщин, плюс вся палитра других женских гаплогрупп, причем у русских это варьируется по всему горизонту. И вот эта чудовищная каша усредняется «попгенетиками» и «геногеографами» в одну точку! И это называется «русский геном» и «могольский геном», и вот они-то сравниваются с точностью до долей процента.

Все это, конечно, полная чушь. Это я – о точке и о долях процента. На самом деле этот «русский геном» пересекается со всей восточной Европой, и его не в точку нужно стягивать, а найти другой характер представления. А именно, в виде соответствующих облаков, растянутых неравномерно в разные стороны.

Но и в этом случае различия все равно будут между русскими и монголами. Качественно и как-то полуколичественно его можно рассматривать, но не в виде профанации, как это делает Понтикос. Более того, это рассмотрение – если правильно – надо проводить не на выбранных маленьких фрагментах, а действительно по всему геному. На маленьких фрагментах будут вылезать отдельные особенности – то присущие в основном, например, гаплогруппам Y-I2 и мтДНК-H, то кому-то еще. И это еще будет зависеть от разрешения, которые и обозначают индексами K=4, K=8 и другими. То есть берут маленький фрагмент генома, да еще с малым (или большим) разрешением, стягивают в точку, и все равно получают в целом ерунду. Но для коммерции годится. Годятся для коммерции и вот такие, в частности, «открытия» того же Понтикоса:

Перевод: *Интересно то, что европейская популяция показывает присутствие американских индейцев, что показывает и f-статистика, и она же показывает присутствие компонента с Сардинией.*

Как видим, Понтикос уже забыл, что названия им придуманы как попало, и уже придает им абсолютные значения.

Про Сардинию Понтикос уже вошел в состояние экзальтации. Он придает Сардинии некую пра-европейскую значимость, на основании, конечно, этой ерунды с «геномом», который анализирует как хочет. Пример – он трубил по всему свету, что **Отци**, «**ледовый человек**», имел геном «Сардинии». Однако только что опубликована статья о том, что Отци – никакая не Сардиния, а типичная Центральная Европа. Ну, и что делать будем?

Понтикос, с его страстным желанием сенсаций, каждый раз наступает на одни и те же грабли. Впрочем, фарс продолжается. Теперь тем же занялся некто российский Веренич, а именно тоже насчитывает «польскую компоненту», пользуясь подходом своего гуру-Понтикоса.

Я не проводил детальный разбор все этих admixture подходов, но беглое их рассмотрение показывает, что – как ни странно – картина в первую очередь диктуется мужскими гаплогруппами (Y-хромосомы), а женские гаплогруппы (мтДНК) практически не имеют значения. На первый взгляд, это абсурд, так как примерно половина участников в расчете этих admixtures – это женщины. У них мужской хромосомы нет. Но если подумать, то описанный феномен не исключен. Я уже об этом писал в свое время. Женские гаплогруппы хаотичны, они не образуют четкой картины, и они накладываются на значительно более упорядоченные мужские гаплогруппы. Более того, они часто образуют пары с мужскими гаплогруппами. В итоге имеем корреляции между частью мужских и женских гаплогрупп, и хаотичность женских у остальных. Женских гаплогрупп зачастую не видно, они прозрачны в своей размазанности, как прозрачен винт самолета при его вращении. А дело в том, что женщины тысячелетиями приходили в мужские рода, племена из самых разных мест, приходили сами и их привозили, похищали, захватывали, порой из дальних военных походов. Потому и нет никакой более-менее разумной корреляции между видом мужских Y-хромосом (то есть их гаплогруппами и гаплотипами) и женских митохондриальных ДНК (их гаплогруппами и гаплотипами), о чем каждый исследователь ДНК знает. Но там не только корреляции нет, а практически нет и никакого систематического вклада женских мтДНК в общую картину генома при рассматривании закономерностей по этносам.

На эту мысль меня навело беглое рассмотрение картин мутаций в геноме при 50:50 наличии мужчин и женщин. Оказалось, что на вид эти раскрашенные картинки геномов практически совпадают с картиной мужских гаплогрупп. У русских – половина одного цвета (это R), который одинаков с поляками, как и должно быть, и он совпадает с тремя четвертями у французов и 90% англичан и ирландцев, у которых столь и есть R. При том разрешении R1a и R1b не разделяются. Далее, у русских примерно 1/6 другого цвета, которого три четверти у финнов. Это, ясно, гаплогруппа N. Очень мало желтого цвета, который захлестывает монголов. Это – C или Q, надо разбираться. Совсем нет черного цвета, которого полно в Африке. Сейчас мы увидели (см. выше), что у ирландцев, русских и прочих европейцев около 10% чего-то, что доминирует у америндов. Это явно связано с гаплогруппами P, R и Q.

В общем, в этом нужно разбираться, и странно, что никто из тех, кто упражняется в admixture, это не заметил. Я призываю тех, кому это может быть интересно, заняться этими подходами, и посмотреть, насколько это действительно контролируется мужскими гаплогруппами. В принципе, данные по геному – объективные данные, дело в интерпретации.

Ниже – мои слова и призывы, обращенные к молодым специалистам и любителям на сайте «Родство» при обсуждении данных по геному:

Там много в чем надо разбираться, но от этого никуда не деться. Формируется новый и мощный подход в генетике, основанный на объективных данных по набору мутаций в хромосомах и во всем геноме. Вопрос – как эти данные трансформировать в хронологические показатели, причем выявить их отношение к регионам, древним миграциям и провести параллели-корреляции с гаплогруппами-гаплотипами и их хронологией.

При этом либо наши данные нужно будет подправлять на основании полного (или частичного) генома, но в этом надо будет надежно убедиться (наука есть наука, и такая вероятность всегда есть), либо, напротив, геном полностью подтвердит наши подходы и данные. Тогда это будет сильным козырем, против которого не возразить. Если мы этого не сделаем, мы отстанем, чего допустить никак нельзя.

Проблема в том, что в это уже полезли попгенетики, и как им генетически присуще, начинают это дело портить, превращать в обычную для них свалку. Так что опять, к сожалению, прогрессивно формируется новое поле для схватки, для битвы, для борьбы науки с нахрапистым гаданием и жонглированием. Это у попгенетиков системное. Поэтому принцип все тот же – если не мы, то кто же? Мы это

видим в ДНК-генеалогии гаплотипов, придется увидеть и в ДНК-генеалогии генома. Это та же ДНК-генеалогия.

Так что у меня призыв к коллегам, особенно к коллегам молодым (но не только) – засучить рукава и разобраться в новом направлении. Базы данных по геному прогрессивно растут, они доступны, программы по анализу этих данных уже есть и тоже их число нарастает. Надо понять суть работы этих программ и получаемых данных, убрать эту этничность, с которой носятся попопгенетики, забыть про все эти «польские компоненты», которые здесь ни к селу ни к городу и имеют плохой коммерческий привкус (или откровенное шарлатанство, чем сейчас и занимается Веренич, судя по описаниям канадского гостя), и посмотреть, насколько это привязывается к гаплогруппам и субкладам Y-хромосомы.

Дело не в том, входят ли в сотни тысяч снипов в данном подходе конкретные снипы гаплогрупп. Эти конкретные несколько снипов все равно растворятся в сотнях тысяч других. Дело в том, что эти несколько снипов гаплогруппы формируют те самые сотни тысяч анализируемых снипов, или десятки тысяч в них. Все это в целом образует общую картину, в которой корни популяции давностью десятки тысяч лет тащат за собой всё остальное, включая и женскую половину.

А женскую – потому, что мы женимся в основном не на негритянках и не на австралийских аборигенках, и не на монголках, поэтому их мутаций в нашем геноме мало. Иначе говоря, это не статистическая каша, а весьма структурированный набор снипов в геноме. Фон, естественно, есть, и сильный, от тех же предков с шимпанзе, но его либо отфильтровывают при анализе, либо учитывают другим образом. Именно потому должна быть корреляция с гаплогруппами Y-хромосомы, или, если ее нет, то это надо четко показать. Думаю, что она будет. Вопрос, в какой степени.

Классическая задача популяционной генетики – это нахождение связи (корреляции) между генотипом и фенотипом. Это опять не имеет отношения к ДНК-генеалогии. Поэтому я все время и повторяю, что попопгенетики лезут не в свое дело, причем при полном отсутствии знаний и квалификации в этом не своем деле.

Опять же классический вопрос попопгенетики – это выявление набора генов, являющихся причиной наследственных заболеваний. Опять к ДНК-генеалогии это не имеет отношения. Вопрос важный, и любимым объектом у попопгенетиков являются, например, евреи с их букетом характерных наследственных болезней. А у киргизов, например, таких нет. Вот описание этого и есть поле попопгенетики. Оттого и их любимые графики F, в которых все гаплогруппы смешиваются в кучу, и вообще не рассматриваются. Потому что они в генетике (попопгенетике) не нужны.

Похоже, этот же подход сейчас используют при анализе генома. И слава Богу, пусть используют, в медицине это важно. Только это опять же не ДНК-генеалогия.

Но я о другом. Эти данные и коллективный анализ мутаций можно явно рассматривать и применять в ДНК-генеалогии. И это – очень интересное поле науки. Просто нужно по-другому смотреть на те же вещи.

Вот еще пример, в котором ясно проглядываются гаплогруппы. Это – из дискуссии на англоязычном форуме, в которой опять рассматривают мутации в геноме, но гаплогруппы не замечают, и описывают некий «атлантически-средиземноморский типаж» в геноме.

На самом деле этот «типаж», или «компонента» – в значительной степени гаплогруппа R1b. Этот геномный типаж доминирует у басков, сардинцев, французов и англичан, и довольно высок у немцев. Затем значительно падает у поляков и становится совсем малым у литовцев и финнов. Именно так проявляется гаплогруппа R1b. Ну, и где здесь независимый вклад мтДНК, и в чем это выражается?

Далее то, что называют «северно-европейский» геномный типаж – это явно в основном гаплогруппа N (N1c1), возможно, в комбинации с I1. Этот типаж отсутствует в Сардинии, его совсем немного у французских басков, увеличивается при движении от Франции в Британию и Германию, достигает значительных величин у поляков, и доминирует в Литве и Финляндии.

Ясно, что мужские гаплогруппы в целом могут определять картину снип-мутаций в геноме, вопрос только, в какой степени и в каких ситуациях. Непредвзятые исследования это покажут.

А пока – вот что недавно появилось в связи с новой системой тестирования Geno 2.0. Система исключительно маркертирована, и, хочется надеяться, что-то хорошее принесет для идентификации снипов. И вот пошли первые результаты. Оказывается, в проект уже влезли «генеографы» и началось то, о чем я писал выше. Они подразделили ожидаемые данные по регионам, и стали приписывать, кто к какому региону принадлежит, в процентах.

Вот, например, «портрет русского» по их данным:

На 51% «северные европейцы»

На 18% юго-западные азиаты

На 25% средиземноморцы

На 4% северо-восточные азиаты.

Кто-либо что понял?

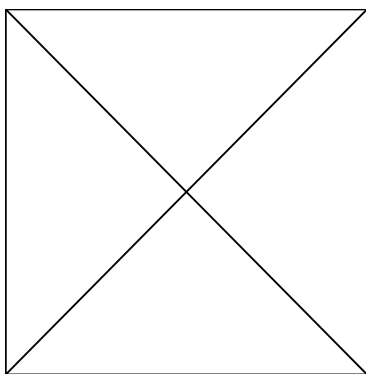
Ну так вот, «портрет финна»:
На 57% «северные европейцы»
На 17% юго-западные азиаты
На 17% средиземноморцы
На 7% северо-восточные азиаты.

Если не все еще поняли, то мы – это финны. Но откуда финны на 17% средиземноморцы – это тоже на трезвую голову не понять.

Немного проясняет вопрос то, что это все вычислялось по «референсной выборке» геномов из русских и финнов. Откуда эти «референсные выборки» геномов брались, например, у русских – тоже надо разбираться, как и с тем, сколько в этой «референсной выборке» было геномов. Не исключено, что было совсем немного, причем с финно-угорской территории где-нибудь севернее Пскова, где N1c1 более 30%.

Примечание: так это и оказалось. Российские популяционные генетики во главе с Балановскими взяли «референсную выборку генома русских» на финно-угорской территории, с долей финно-угров там примерно 50%, в то время как доля их по Европейской части Российской Федерации – 14%. Так по глупости поггенетиков превратили этнических русских в финно-угров. Об этом более подробно будет далее на Переформате.

Вспоминается, что на Форуме еще давно негодовали, что российские поггенетики представили в международный консорциум в качестве «русских» представителей угро-финнов из какого-то карельского региона, и теперь это идет как «стандартная русская выборка». Если это действительно так, то пиши пропало. Никакие Geno 2.0 не помогут. Поггенетика продолжает маршировать... До поры, до времени.



Вопросы и комментарии читателей и ответы на вопросы

Дмитрий говорит:

Анатолий Алексеевич, вопрос немного в офф-топ. Есть граждане, которых сильно будоражат спекуляции вокруг происхождения дорогого нашего Владимира Ильича Ленина. Думаю, страсти сняла бы ДНК-экспертиза. Как по-Вашему, какова могла бы быть стоимость такой экспертизы, чьё разрешение необходимо для её проведения, согласились бы Вы в ней участвовать?

Анатолий А. Клёсов говорит:

А какие там спекуляции? Если анализировать Y-хромосому, то по этой, отцовской линии, дед В.И. Ленина (Николай Васильевич Ульянов) – предположительно русский или чуваш. Да кто бы ни был, ну и что?

ДНК-анализ мумий стоит дорого, специалисты для этого нужны уникальные, а в чем загадка? Ну, окажется он, скажем, N1c2b, и что это даст? Какая историческая загадка будет решена?

Что касается ваших вопросов, то стоимость здесь – дело десятое, потому что в России таких специалистов нет, и анализ проводить негде. А если кто и проведет, то другие «специалисты» заклюют, а то и затопчут. Какие бы результаты ни были получены. Любые будут объявлены антинаучными, недостоверными, отклоняющимися от генеральной линии. Это – любимая игра сторонников «генеральной линии». Просто потому, что не они определили и не они возглавили.

Когда бросают силы на анализ ископаемых ДНК, это каждый раз дает новую, уникальную информацию о древних миграциях, их направлениях, древних передвижениях народов, появляются новые разделы в учебниках. А здесь что?

Некоторых граждан вообще всё сильно будоражит. Страсти снимать у них бесполезно, это только новые страсти вызывать.

Дмитрий говорит:

Спасибо за развёрнутый ответ. Видите ли, и Вы очень хорошо это знаете, в последние лет 25 возродилась мода выискивать признаки некой ущербности России. Причём пример знаменитого предшественника людей не останавливает. То монголы якобы русских испортили (старая песня), то ещё какие «безобразия». Ряд

озабоченных конспирологией граждан придерживается теории, что Ленин потомок – держитесь за стул! – Чингисхана, а поэтому... в общем, наш народ всегда был талантлив по части чего-то придумать.

Мне понравилась та эффективность, с которой ДНК-генеалогия уже опровергла ряд исторических мифов вроде «поскреби любого русского – получишь X» и т.д. И я поэтому подумал, что исследование ДНК Ленина тоже помогло бы развенчанию отдельных навязчивых идей.

Виктор Митрофанов говорит:

По теме изложенного, вспомнил шутку из интернета: человек на 70% состоит из воды, а огурец – на 90%, несложно подсчитать, что человек на 65% огурец)))

Евнат Коловрат говорит:

Думаете, популяционщикам стоит поискать Адама среди огурцов?)))

Анатолий А. Клёсов говорит:

Шутка содержательная. Это, как ни поразительно, часто основная методология «научного» анализа в тех же геномных исследованиях, проводимых «популяционными генетиками», о чем речь была выше.

Иной спросит: а что он на популяционных генетиков так ополчился? Ответ прост – это, на мой взгляд, пример направления, в котором полностью отсутствует научная школа. У нас в журнале «Вестник Академии ДНК-генеалогии» есть рубрика «Осторожно – популяционные генетики», в которой проводится препарирование их «академических статей». Важность таких разборов в том, что они развеивают совершенно безграмотные подходы популяционщиков. Вот – пример из типичных.

Для начала – беглые сведения из древней истории. Примерно 20 тысяч лет назад гаплогруппа J разошлась на J1 и J2, видимо, в Месопотамии. Поэтому много бедуинов, евреев и арабов имеют эти две гаплогруппы. Но не только они. В древние времена, задолго до появления евреев и арабов, что произошло примерно 4 тысячи лет назад, носители тех же гаплогрупп J1 и J2 ушли на Кавказ, и половина кавказцев имеют те же гаплогруппы. Среди них – авары (58% гаплогруппы J1 и 5% J2), чеченцы (58% гаплогруппы J2 и 23% J1), даргинцы (69% J1), ингуши (82% J2 и 7% J1), кайтаки (85% J1), кубачинцы (98% J1), лезгины (44% J1). Они к евреям не имеют никакого отношения, и гаплотипы их совершенно отличны от

евреев. Это еще раз показывает, что этносы к гаплогруппам очень часто не имеют отношения. Гаплогруппа – это древний род, когда никаких этносов не было, и многие тысячелетия спустя они стали расходиться по этносам, причем почти всегда этносы – это комбинации разных гаплогрупп.

Но поскольку многие кавказцы и многие евреи принадлежат к одним и тем же родам, то в их геномах присутствуют одни и те же метки, то есть мутации в ДНК, характерные для рода. Как я уже не раз здесь сообщал, у нас в геномах масса мутаций из ДНК шимпанзе, и это вовсе не значит, что мы – это шимпанзе. Это – отблески нашей древнейшей истории, мутации от общих предков человека и шимпанзе, которые остались в ДНК и нас, и шимпанзе. Если в нас есть мутации древностью в 6 миллионов лет, то, естественно, есть мутации древностью 20 тысяч лет. И много. Но общность мутаций кавказцев и евреев вовсе не означает что евреи – это кавказцы, и наоборот. Более того, и у евреев, и у кавказцев есть и другие гаплогруппы – G2a, R1a, R1b и много других, что опять не делает кавказцев евреями и наоборот. Все это мутации из древнейших времен, когда евреев и в проекте не было.

И вот появляется работа популяционного генетика, который решил доказать, что европейские евреи, ашкенази, происходят от хазар. Замысел у него был нехитрый, и убийственно прямолинейный. В качестве исходного положения он постановил, что хазары – это кавказцы, и что если у европейских евреев есть кавказские мутации в ДНК, то это точно показывает, что европейские евреи – это потомки хазар. Он сделал большую и похвальную работу по анализу геномов ашкенази и кавказцев, и нашел, естественно, общие мутации. Было бы крайне странно, если бы не нашел. Итог – автор провозгласил, что впервые в мире он нашел, что ашкенази – потомки хазар. Эту статью напечатал весьма авторитетный журнал «Genome Biology and Evolution» в декабре 2012 года. Я не знаю, куда смотрели рецензенты, но ясно, что никто из них не понимал сути вопроса. Вот такая популяционная генетика.

Перефразируя вашу шутку, можно сказать, что используя ту же методологию, установлено, что европейский еврей – на 65% огурец? Или кавказец? Что-то я уже с этими попгенетиками запутался.

КТО ДЕЛАЕТ ИЗ УКРАИНЫ ИЗОЛИРОВАННЫЙ ОСТРОВ?

На [сайте](#) Дмитрия Пучкова (Гоблина), где недавно обсуждалась моя статья о Рюриковичах с переформата, прошел следующий комментарий: *Мне очень понравилась эта статья. Благодаря ей я получил аргументы против утверждения «украинцы генетически намного ближе к полякам, чем к русским», которое активно распространяется у нас, и которым меня однажды крыл оппонент. Но таких статей очень мало!*



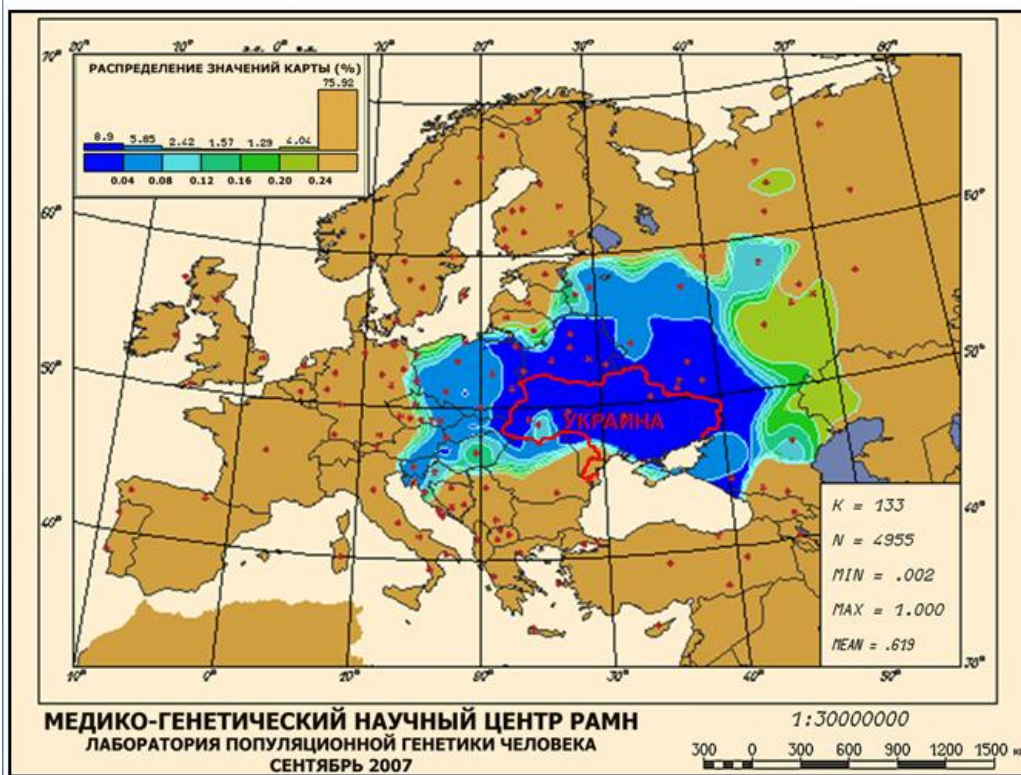
А ведь этот комментарий строился только на одной фразе [из той статьи](#). Но раз есть востребованность, развернем вопрос шире. Во-первых, откуда это утверждение появилось? А оттуда же, от хронического «норманизма» в самых разных проявлениях. И там тоже пытаются «навести науку», причем очень неуклюже, но «авось сойдет».

Я уже писал о том, что «ДНК-генеалог» В. Волков, зав. отделом музея из Томска, который представляется то как «генетик», то как «историк», занял время в телевизионной программе Павла Лобкова, излагая о том, что «в Белоруссии свои славяне», «на Украине живут другие славяне, ближе к полякам», «генетически различаются очень сильно», а «в России славяне появились вообще недавно, до этого их там не было». Подведя таким образом «базу», он объявил о том, что никакого славянского единства, патриотизма быть не может. Вот это и есть **идеологическая база норманизма**.

Откуда такие воззрения появились? Да от тех, кто любой ценой хочет показать, что русский, украинский и белорусский народы – разные, что между ними мало общего. Совершенно не удивительно, что те же люди – норманофилы, сторонники «норманнской теории». Вот пример такого псевдонаучного мусора. Его авторы – сотрудники лаборатории популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра РАМН. Звучит? Не верьте. Ниже – их карта, которая была растиражирована на десятках, если не сотнях вебсайтов.

Y хромосома

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РАССТОЯНИЯ ОТ УКРАИНЦЕВ



Обратите внимание: «генетические расстояния от украинцев». И карта показывает, что Украина – это изолированный остров, практически ничего общего с Россией не имеющий. В общем, то же самое, что излагал якобы «ДНК-генеалог» В. Волков. Неудивительно, что такие идеи сразу подхватили украинские националисты.

А то, что на карте – ложь. Или подтасовки, или некомпетентность – не знаю, что в данном случае хуже. На картах, вброшенных в сеть, фамилий авторов нет, есть только «Лаборатория популяционной генетики человека». Руководители – Е. Балановская, О. Балановский. Между прочим, «Федеральное государственное бюджетное учреждение». Эта

лаборатория подобные «работы» постоянно генерирует. Непосвященному человеку трудно понять, что там смешаны все гаплогруппы (у них у каждой своя картина) – «лаборатория» их не разделяет. Короче, такой картинки в серьезном научном обороте нет.

И вот почему. Давайте обратимся к таблице, которую составил мой коллега и соавтор И.Л. Рожанский в содружестве с белорусскими коллегами. Таблица показывает распределение шести популяций по 13 гаплогруппам и их «дочерним» субкладам. Это – белорусы, украинцы, русские, поляки, хорваты и литовцы. У всех – разные комбинации процентного содержания этих 13 гаплогрупп. Причем здесь показаны данные для украинцев не восточных, а львовских, западных. Восточные от русских вообще практически неотличимы.

Содержание первой гаплогруппы (R1a-Z280), что есть основная евразийская гаплогруппа, более-менее одинаково у всех (например, у русских 28%, у белорусов 24%, у украинцев 25%, у поляков 27%, у хорватов 22%, у литовцев 21.5%).

Так что, как видите, если строить по этой ветви, доминирующей, то у русских и украинцев почти одно и то же, 28% и 25%. Таким образом, основной посыл картинки выше уже пропадает.

Берем следующую, северно-евразийская гаплогруппа (Z92), у русских и белорусов ее примерно одинаково (11% и 12%, у украинцев – не определяли), но у поляков по понятным причинам сброс до 1.7%. Естественно, эти вариации есть у всех народов. Дает это основания говорить об «индивидуальности генофонда»? Да, в какой-то степени, но надо говорить, что по доминирующим показателям – практически одинаково, по примесям – разнятся. Но, согласитесь, что это уже не звучит «выигрышно», «сенсационно», а популяристам нужно именно последнее. Вот и имеем, по сути, псевдонаучный мусор.

Если сложить все составляющие гаплогруппы R1a, то получим, что ее у украинцев в среднем 44%, у русских 48%, у белорусов 51%, у поляков 55%. Индивидуальность? Да, в какой-то степени. Но зачем так вообще ставить вопрос? Видно же, что в главном практически одинаково, но есть локальные вариации. Откуда они берутся, где недостающие проценты? Следующая строка показывает – гаплогруппа N1c1, это южные балты, которых по недоразумению называют угро-финнами. Дело в том, что у финнов тоже N1c1, но гаплотипы другие, и легко отделяются (субклад другой). Южные балты (Новгород, Псков, Архангельск) разошлись с будущими финнами еще в прошлой эре или в начале этой эры, и дали свои ДНК-генеалогические линии. Это – славяне. Так вот, этой южно-балтийской N1c1 у русских 14.3%, у белорусов 10.1%, у украинцев 1.3%. Кто бы сомневался, что различия будут?

Вот и выплывает, откуда эта сенсационная «индивидуальность» украинцев. У них почти нет южных балтов. А вот и еще подтверждения этой тенденции – у хорватов этих южных балтов 0.4%, а у литовцев – в сто раз больше, 46.5%. Вызывает удивление? Совершенно нет.

Поэтому так и надо написать – между украинцами и русскими в большинстве различий нет, кроме того, что у первых почти нет южных балтов N1c1 (что понятно), повышенное содержание I2a1b (это юго-восточно-славянская гаплогруппа, которой особенно много на Балканах) – 25% против 12% у русских, меньше I1 (это общеевропейская гаплогруппа), 4.5% против 9.5% у русских, немного больше R1b (в данном контексте – европейская гаплогруппа), 7.8% против 4.8% у русских.

Различия? Естественно, а как же по-другому? Между Тверью и Рязанью тоже есть различия.

А если двигаться на запад от Украины, то картина начинает значительно меняться, в первую очередь, за счет падения содержания гаплогруппы R1a и увеличения R1b. Вот и получается – от запада Украина отличается основными гаплогруппами, от востока (России) – минорными. Вот это и есть «индивидуальность».

Да, о «близости украинцев к полякам». Как видим, никакой особой близости преобладающей гаплогруппы R1a украинцев (44%) к полякам (55%) нет, поскольку у белорусов – 51%, у русских – 48%. Но это общий срез, а он зависит от регионов. Например, по четырем основным регионам Белоруссии доля R1a варьируется от 47% до 53%. И там везде, по всем цифрам, такие же плюс-минус 2-4%, так что по всем четырем странам доля R1a в среднем одинаковая. В России, правда, в южных регионах доля R1a достигает 63%, а в северных падает до 40%, за счет большого вклада южных балтов (гаплогруппа N1c1). Но, как видим, славяне этого большого рода во всех перечисленных странах представлены примерно одинаково. Времена жизни их общих предков тоже примерно одинаковы – около 5 тысяч лет назад.

Приблизительно половина от всех R1a приходится на так называемую центрально-евразийскую подгруппу (субклад R1a-Z280). Ее у русских в среднем 28%, у украинцев 25%, у белорусов по регионам от 23% до 27%, у поляков 27%. Тоже что-то не видно, чтобы украинцы к полякам тяготели по центрально-евразийской группе. Тоже у всех практически одинаково.

**Распределение основных гаплогрупп и ветвей у некоторых
восточноевропейских популяций (%).**

Этнос	Русские	Белорусы	Украинцы (Львов)	Поляки	Хорваты	Литовцы
R1a-Z280(xNEA2)	27,9	23,6	25,3	26,8	22,0	21,5
R1a-Z92 (NEA2)	10,8	11,8	...	1,7	...	7,2
R1a-M458(xL260)	6,0	12,1	9,1	9,4	...	5,0
R1a-L260	3,2	3,3	9,1	17,2	...	1,4
R1a (все)	47,9	50,8	43,5	55,1	22,0	35,1
N1c1	14,3	10,1	1,3	5,8	0,4	46,5
I2a1b	11,7	17,9	22,1	6,4	37,8	3,5
I2a2	0,2	0,6	2,6	2,2	1,5	1,2
I1	9,5	5,6	4,5	7,5	5,5	5,5
I (все)	21,4	24,1	29,2	16,1	44,8	10,2
R1b1a2	4,8	5,3	7,8	12,6	7,9	3,9
E1b1b1	2,9	3,8	8,4	2,7	10,7	0,8
J2	2,9	2,3	3,2	3,6	6,2	1,6
G2a	1,8	1,4	2,6	1,3	2,7	1,2
J1	0,9	0,7	0	0,2	1,1	0
Прочие	2,9	1,5	3,9	2,4	4,2	0,8

Хорошо, посмотрим на второй по численности род, гаплогруппа I. Поскольку их почти вдвое меньше, то разброс по регионам больше. У русских этого рода 21%, у украинцев 29%, у белорусов по регионам от 15% до 29%, у поляков 16%. Опять украинцы к полякам не тяготеют, вовсе наоборот, максимально различаются.

На третьем месте – южно-балтийский род N1c1. У русских в среднем там 14%, у украинцев по совершенно понятным причинам их меньше всего, только 1%, у белорусов 10% (а по регионам от 7% до 15%), у поляков 6%. Видим понятный градиент от восточной Балтики на юг и юго-запад – от русских к полякам, до белорусов и до украинцев. Совершенно разумное географическое распределение.

Так что и здесь популяционисты дали маху. Или умышленно подтасовали. **Славяне России, Украины, Белоруссии, Польши образуют единое поле, во всяком случае, по происхождению.** Как этносы они имеют

свои особенности, одни в основном православные, другие – католики, есть и другие национальные особенности, но все они появились относительно недавно. А рода – древние.

А что делают попгенетики? Всё смешивают, играют на минорных различиях, увеличивают их на крупной шкале и подают как «различия». А общий читатель уже подхватывает про индивидуальность, про ее причину, потому что «Украина – преемник Киевской Руси» (именно так в дискуссиях), и пошло-поехало.

Вопрос – а зачем подобные карты вообще нужны, если их без комментариев в сеть выбрасывать? Эта карта обсуждалась и обсуждается на десятках сайтов, в том числе и в особенности на украинских, с политическими комментариями, отнюдь не благоприятствующими хорошим отношениям между народами. Но я ни разу не видел встречных комментариев авторов карты, сотрудников той самой лаборатории, которые бы разъяснили, что их карту понимают не так, как хотелось бы авторам.

Подобные карты вообще создают с неким смыслом, для решения определенной задачи. В чем, интересно, была задача этой карты? Продвинуть наше знание? В чем, хотелось бы спросить? Неужели именно в том, чтобы показать, как далеки украинцы от русских? Но если так, то ответ неправильный, см. опять таблицу выше. Или просто махнуть, что получится, получить карту по неверной, формализованной методике, в результате не вдаваться и умыть руки, что нас, мол, больше не касается? А из-за подобных фокусов кровь порой проливается.

Я уже предвижу, что попгенетики начнут протестовать, фамилии из литературы приводить, что эта методика, мол, называется построением по Нею, и это и есть настоящая наука, и что они совсем не имели в виду, что украинцы от русских отличаются, что на карту не так смотрят, там другое показано. На это я им посоветую обратиться к коллеге В. Волкову – он эту карту озвучил именно так, как на ней показано. И к украинским националистам, для которых карта – просто подарок. И еще посоветую посмотреть на таблицу выше, где прямые данные указаны.

Если начнем рассматривать по самой Украине – то пойдет «индивидуальность» уже по северу против юга, западной части против восточной, и так далее. И вся Украина распадется на много «индивидуальностей» как на шуточной карте, приведённой в качестве центральной иллюстрации поста. Вот так и работают популяционные генетики, история их в целом не интересует. А мы выстраиваем вертикаль во времени, и показываем, откуда это различия берутся в исторической перспективе. Есть разница?

Я мог бы привести и таблицу по разным районам Белоруссии, там тоже везде «индивидуальности». Вариации по гаплогруппам и субкладам такие: от 13.6% до 20.2%, от 9.6% до 13.1%, от 3.3% до 9.7%, от 1.6% до 4.5%, от 7.9% до 23.2% (!), от 3.7% до 9.8%, от 1.1% до 4.1%, и так далее. И это в пределах одной Белоруссии. Такую «индивидуальность» можно навести, что будь здоров. Только это всё, по сути, фикция. В химии, например, по примесям не сопоставляют, ведь причина примесей может быть самая разная. Важны основные компоненты, но если важен минорный (бывают такие варианты), то этим специально занимаются. Например, в чем причина повышенной доли R1b в Украине? Но этими вопросами те популяционисты не интересуются. Им надо крикнуть, да по сильнее, авось их заметят.

Вот и получаются такие карты, выраженные в неких «генетических расстояниях», смысл которых не расшифрован. Зато усредняются все мутации во всех гаплотипах во всех гаплогруппах, что смысла вообще не имеет. И на них идет «работа». И на этом они получают гранты. Вот это – уму непостижимо.

Вопросы и комментарии читателей и ответы на вопросы

Антон говорит:

Уже видел эту таблицу у вас в «Вестнике». Можно ли подробнее узнать об источнике этих данных? Если это синтетическая выборка из разных работ, то хотелось бы увидеть их список. Спасибо.

Анатолий А. Клёсов говорит:

В тексте указано, что таблицу составил мой коллега и соавтор И.Л. Рожанский в содружестве с белорусскими коллегами. Белорусские гаплотипы, числом более тысячи – их работа, данные на днях будут опубликованы со всеми деталями в большой статье в белорусском академическом журнале. Данные по гаплогруппе R1a и субкладам – из российской базы данных ИРАКАЗ, в которой сейчас более трех тысяч 67-маркерных гаплотипов. Кстати, название этой базы данных составлено из инициалов трех ее составителей. Данные по польским гаплотипам – из основной польской базы данных FTDNA. Остальные показатели – из академических статей, в том числе опубликованных в последнее время. Давать детальные ссылки на академические издания – это не для

публикаций в данном формате. Любой специалист эти работы знает, если он специалист. А за вопрос – спасибо.

Сергей Олегович говорит:

Вопрос немного не по теме: были ли попытки установить гаплотипы гуанчей – коренного населения Канар? Насколько я знаю, сохранилось достаточно много мумий, при этом гуанчи были по описаниям испанцев голубоглазы и светловолосы, высокого роста.

Анатолий А. Клёсов говорит:

Я не раз сообщал, что мумии тестируют только в совершенно выдающихся случаях. Гуанчи там стоят в бесконечной очереди.

Сергей Олегович говорит:

Анатолий Алексеевич, спасибо за ответ. Жаль, что дело обстоит именно так – археологам и историкам надо бы активнее и шире пользоваться возможностями других наук.

Наталья говорит:

Я думаю, если бы всё зависело от доброй воли археологов и историков, они с удовольствием пользовались бы всеми возможностями других наук, каких только возможно :) Но бюджеты не резиновые, а олигархи не торопятся спонсировать исторические изыскания. Особенно это актуально для российской науки вообще, и археологии в частности. О каких научных открытиях и дорогостоящих исследованиях может идти речь, если археологи радуются как дети, когда им дарят десяток лопат для полевых работ, фигурально выражаясь? Но это совсем другая и очень грустная история...

Анатолий Алексеевич, спасибо Вам за Ваши статьи. Я случайно забрела сюда через «Родство», прочитала почти все Ваши статьи на Переформате и всё поняла (ну, или почти всё), при том, что была вообще «не в теме», настолько всё доступно «разжёвано».

Спасибо, что популяризуете эту науку. Ведь популяризаторы (так же как и псевдо-лингвисты, например) пользуются именно безграмотностью населения в этой области знания. Как говорил

академик А.А. Зализняк (цитирую по памяти), если бы эти люди заявили, что ветер дует, потому что деревья качаются, их подняли бы на смех, потому что все в школе проходили физику, географию и другие соответствующие дисциплины. А в лингвистике (или генетике, или ДНК-генеалогии и т.д.) они пользуются тем, что возразить им могут только специалисты, у которых часто нет ни времени, ни желания опровергать в СМИ чьи-то измышлизмы. Ещё раз спасибо Вам за Вашу работу.

Владимир Беларусь говорит:

Большое спасибо за публикацию, было очень интересно. Недавно на одном либеральном белорусском сайте опубликовали псевдонаучную статью некоего Вадима Ростова, белоруса по национальности, о якобы сенсационных исследованиях российских учёных. Тема статьи о том, что все русские и восточно-украинцы – финно-угры, а западная Украина – сарматы. Единственные славяне – это белорусы и поляки. У белорусских националистов радости не было предела, притом, что даже неспециалисту, а просто думающему человеку, было видно много несуразностей и нестыковок в той статье. Если вы не возражаете, я воспользуюсь вашей публикацией для её размещения на некоторых белорусских и украинских ресурсах, естественно, со ссылкой на ваше имя. И последнее. Анатолий Алексеевич, где можно ознакомиться с работой белорусских учёных, в каком академическом журнале была публикация? С уважением.

Анатолий А. Клёсов говорит:

Что касается «Вадима Ростова», что есть очередной псевдоним некоего белорусского фантаста-графомана, фамилию которого я и приводить не буду, чтобы не создавать ему рекламы (много чести), то наиболее подходящая ему характеристика – это «иррациональный русофоб». После нескольких строк его опуса, который вы упоминаете, я и читать перестал, нет смысла.

Публикацию размещайте, конечно, со ссылкой на Переформат.

Статья белорусских ученых опубликована в минском журнале [«Наука и инновации»](#), в мартовском выпуске. И [здесь](#) – изложение основных положений статьи, только без таблиц и рисунков.

Владимир Беларусь говорит:

Здравствуйте, Анатолий Алексеевич! Просветите меня, пожалуйста, по некоторым вопросам.

Вы говорите: «...гаплогруппа N1c1, это южные балты, которых по недоразумению называют угро-финнами. Дело в том, что у финнов тоже N1c1, но гаплотипы другие, и легко отделяются (субклад другой). Южные балты (Новгород, Псков, Архангельск) разошлись с будущими финнами еще в прошлой эре или в начале этой эры, и дали свои ДНК-генеалогические линии. Это – славяне».

Но в то же время я читаю в статье, в рекомендованном вами к прочтению «Наука и инновации»: «Если сравнить эти данные со статистикой по литовцам (4% I2a1b и 47% N1c1), то очевидно, что такую тенденцию можно объяснить вкладом древних балтских этносов в этногенез белорусов. Дополнительным аргументом в пользу такого отнесения служит то, что в коммерческих базах данных носители гаплогруппы N1c1 как у литовцев, так и у белорусов представлены исключительно южно-балтийской ветвью (L550+), в то время как у русских, в состав которых входят потомки ассимилированных финно-угорских народов, эта ветвь составляет не более 40-50% от всех носителей N1c1. Эти данные также позволяют предположить, что вклад финно-угорских народов Русской равнины в этногенез белорусов был минимальным, если не отсутствовал вообще».

Т.е. группа белорусских авторов не считает балтско-белорусскую гаплогруппу N1c1 (L550+) родственной северорусской N1c1?

Или ваша беседа с господином Рожанским: «Единственное заметное различие набора ветвей у восточных славян – это порядка 7-8% представителей угро-финской ветви N1c1 у русских при почти полном отсутствии ее у белорусов и украинцев».

Т.е. всё ж у северных русских угро-финская ветвь N1c1? Является ли L550 гаплотипом (вопрос дилетанта)? Какие гаплотипы у угро-финнов и северных русских? Как понимать такое расхождение среди коллег-учёных? Как прокомментируете данные [этого сайта](#)? Является ли он, на ваш взгляд, популяционно-генетическим? Я не нашёл, кто такой Алексей Зоррин. Похоже, это творческий псевдоним)))

Анатолий А. Клёсов говорит:

>Т.е. группа белорусских авторов не считает балтско-белорусскую гаплогруппу N1c1 (L550+) родственной северорусской N1c1?

Я не понимаю, откуда следует такой вывод (или вопрос)? Вы же сами написали (точнее, повторили) выше, что у белорусов – южно-балтийская ветвь (L550+), а у северных русских (на самом деле у самых разных северных народов, которые вовсе не обязательно называть русскими) – есть и южно-балтийская ветвь, и финская, как, кстати, есть и угорские

ветви. Поэтому слово «родственная» вы употребили неудачно. На уровне N1 – они все родственники, на уровне N1c1 – финны и южные балты тоже родственники, а на уровне субкладов N1c1 они уже не родственники, расходятся на ветви. Так что понятие «родственники» зависит от того, на каком уровне вы их хотите рассматривать.

Или ваша беседа...: «Единственное заметное различие набора ветвей у восточных славян – это порядка 7-8% представителей угро-финской ветви N1c1 у русских при почти полном отсутствии ее у белорусов и украинцев». Т.е. всё ж у северных русских угро-финская ветвь N1c1?

Естественно. У меня, например, есть немало знакомых в Петрозаводске – русских, но с финскими фамилиями. Есть и финны по происхождению. Гаплотипы – и южно-балтийские, и финские. Как же им не быть? Женятся и выходят замуж через границу, и было так сотни лет. Как же у северных русских не быть финских гаплогрупп, и наоборот, у финнов – русских гаплогрупп? Вы неверно ставите вопрос. Надо не «есть ли?» (ответ – конечно, есть), а «какая доля?» (ответ – доля малая, или большая, конкретно такая-то). Но этот ответ уже процитирован выше вами же.

>Является ли L550 гаплотипом (вопрос дилетанта)?

Нет. L550 – это субклад гаплогруппы, метка в вашей ДНК, относящая вас к определенному племени. Условно говоря, N – это род, N1 – это часть рода, N1c – это часть рода внутри предыдущей части, N1c1 – это племя, а N1c1-L550 – это часть племени, отделившаяся пару тысяч лет назад и давно живущая в целом отдельно. В данном случае – и имеющая, в большинстве, другой язык. У южных балтов – индоевропейский, у финнов – финно-угорский. И эту градацию можно вести по индексам вплоть до отдельных семей – «ячеек общества». Только индексы будут очень длинные. Если совсем упрощенно, L550 – это цвет обложки вашего паспорта, а гаплотип – номер паспорта.

>Какие гаплотипы у угро-финнов и северных русских?

Читайте [статью про Рюриковичей](#) на Переформате.

>Как понимать такое расхождение среди коллег-учёных?

Какое расхождение? О чем вы?

>Как прокомментируете данные этого сайта? Является ли он, на ваш взгляд, популяристическим? Я не нашёл, кто такой Алексей Зоррин.

А чего его комментировать? Обычная компиляция, причем в виде сборной солянки. Местами у меня списано большими кусками, но

ссылка нет. Чистый плагиат. Он и на популяционную генетику не тянет. Местами полная ерунда, или у других списал, не очень разбирающихся, или сам придумал. Человек не очень в курсе. Таких полуграмотных компиляций в сети – тысячи. Зачем их вообще читать? Есть же Переформат, здесь вся основная информация есть.

Владимир Беларусь говорит:

Спасибо, очень интересно. Сейчас общаюсь на интерфаксе.by с молодыми белорусскими «знатоками», нахватавшихся всякой ереси, начиная от пресловутого «Вадима Ростова» и до уважаемого «учёного» Балановского с его Медико-Генетическим медцентром. Всё сильно запущенно, сложно что-то доказать. Лично я ссылаюсь на переформат и исследование учёных АН РБ. Доходит до комичного. В подтверждении слов В. Ростова мне предлагают ознакомиться с журналом, где якобы в последнем номере и есть эта информация, особенно, та её часть, которая гласит, что белорусы и поляки с чехами – единственные славяне. Один из участников спора нашёл эту информацию: *D.A. Verbenko, P.A. Slominsky, V.A. Spitsyn, N.A. Bebyakova, E.K. Khusnutdinova, A.I. Mikulich, L.A. Tarskaia, M.V. Sorensen, V.P. Ivanov, L.V. Bets, & S.A. Limborska. Polymorphisms at locus D1S80 and other hypervariable regions in the analysis of Eastern European ethnic group relationships.*

Annals of Human Biology, Sept-Oct/Nov-Dec 2006, 33(5/6): 570-584.

Results: The Eastern Slavonic populations (Russians, Ukrainians, and Byelorussians) are closely associated, and outermost from populations of Asian origin (Kalmyks and Yakuts). The populations that inhabit the Volga-Ural region (Udmurt, Komi, Mari, and Bashkir ethnic groups) revealed intermediate characteristics.

И смех, и грех))))

Анатолий А. Клёсов говорит:

Как я не раз здесь отмечал, спорить с такими «знатоками» особого смысла не имеет. Впрочем, имеет, но только для тренировки искусства полемики. В таких дискуссиях сходятся несколько различных «устройств мозга», и большинством движут самолюбие, «эго», нежелание понять точку зрения другой стороны, и свои политические настроения. Таким «хоть кол на голове теши», толку не будет. Это как с норманнистами, но об этом я уже не раз писал.

Фраза «белорусы и поляки с чехами – единственные славяне» вообще смысла не имеет без определения понятия «славяне». Если исходить из

лингвистической «парадигмы», то славяне – это популяции, говорящие на языке славянской группы. Тогда выделять три указанные страны – это вообще смешно. Что, русские, словаки, сербы, украинцы – говорят не на славянских языках? Значит – славяне. Если исходить из этнографии, или из древних религиозных представлений, и определять современных славян как потомков древних славян, которые «своих богов славили», то опять же смешно выделять только три указанные популяции. Если исходить из понятий ДНК-генеалогии, и определять славян по набору определенных гаплогрупп и субкладов, то опять придем к тем же славянам, что и по другим критериям, потому что родовые признаки во многом определяют и язык, и этнографию, и древние религии, которые у праславян были общими. Да и вообще подобные дискуссии между дилетантами почти бессмысленны, только вызывают взаимное раздражение и агрессию.

Вы взяли «ученого» Балановского в кавычки. Я бы так не стал делать, хотя в научном отношении в своей области он весьма противоречив. Думаю, это отражает трагедию в современных науках, и не только биологических, в России, что неизбежно приводит к фарсу. Поэтому его и цитируют дилетанты в одном ряду с неким «Ростовым», и смысл цитирования – в неприятии ими русских, славян, их богатой и славной истории. Здесь и эксерсизы Балановского с Украиной (основная статья выше), и помещение «стандартного генома русских» в угро-финский регион, чем немедленно исказились все генетические исследования русских в мире, поскольку мы все автоматически стали угро-финнами, просто по определению, и его безумные упражнения в датировках древних популяций. Я много об этом мог бы продолжать, в этом беда современной популяционной генетики. Нет у нее хорошей научной школы.

В какой-то степени и пример тому со статьей Э.К. Хуснутдиновой и сотрудников, который вы привели. Основной результат статьи: славяне России, Украины и Белоруссии являются родственными популяциями, и отличаются от азиатских популяций калмыков и якутов. А вот популяции, живущие между ними (в Волго-Уральском регионе), удмурты, коми, марийцы, башкиры – они, соответственно, занимают промежуточное положение. Кто удивился? Воздел в изумлении руки?

На самом деле – довольно типичное популяционно-генетическое исследование. Никакого отношения к ДНК-генеалогии оно не имеет, да такая задача и не ставилась. Взяли всего один показатель, так называемый однолокусный полиморфный маркер D1S80, который находится в первой хромосоме и присутствует и у мужчин, и у женщин, маленький, всего 16 нуклеотидов, и промерили в разных популяциях. Ни о каких гаплогруппах и подразделениях на них и речи не было. Все были смешаны в кучу. Маркер тоже «классический», предложен более

четверть века назад в США, в университете штата Юта, и вообще рекомендуется к использованию в странах третьего мира, у которых нет денег на более продвинутые исследования. Вот и применили. Интересно, а что рассчитывали получить? Какие загадки природы намеревались решать? Да так, какие там загадки? Штатное, школярское исследование, результат предсказуемый. Науки как таковой нет, есть «практикум», лаборантская работа. Ни науки, ни практики. Нечто между.

Об этом можно было бы не писать, но здесь – Переформат. Сейчас, кстати, начинается реконструкция Российской Академии наук, по сути переформат, поэтому такие вопросы надо поднимать.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Part 54

Anatole A. Klyosov

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

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

LETTER 184

A year ago I had my Y-DNA analyzed by Oxford Ancestors. The results (15 markers) placed me in what they termed the "Sigurd Clan" or Norse Vikings, who raided and also settled in in the Isles and northern Scotland, where my ancestors lived.

Recently I had 67 loci of my Y-DNA determined by Family Tree DNA. The results are contained in the attached PDF files (not shown here - AK). Exact matches with 11 other individuals are limited to the first 12 markers, with the majority from Norway. However, 11 out of 12 matched the names of McAllister, Donaldson, two MacDonalds and a McConnel. In view of the fact my ancestors came from Scotland I wondered whether there may be a connection with those families.

The USA McDonald and McAllister Clan organizations informed me that my DNA markers contain too many variations from the traditional Somerled/McDonald DNA for there to be a connection. They also indicated that my YCAII 20-21 alleles are inconsistent with 19-21 found in the McDonald DNA and related families or for that matter associated with Norse Viking DNA.

In comparing my YDNA with others sharing R1a1 haplotype (mine is R1a1a), I find that virtually no one has the same 20-21 YCAII as I have and for that matter very few share my 30 DYS389-II.

I confess I am woefully lacking how to interpret Y-DNA markers, particularly what specific and number of allele inconsistencies eliminate a possible relationship with other families. Because my DNA markers, except the first few, do not appear to match anyone and because some of my allele appear somewhat rare, where does my Y-DNA fit in, historically and presently? I have no desire to prove I'm related to any particular family. I just want to determine where my DNA places me.

I would appreciate your help, if you can spare the time and effort.

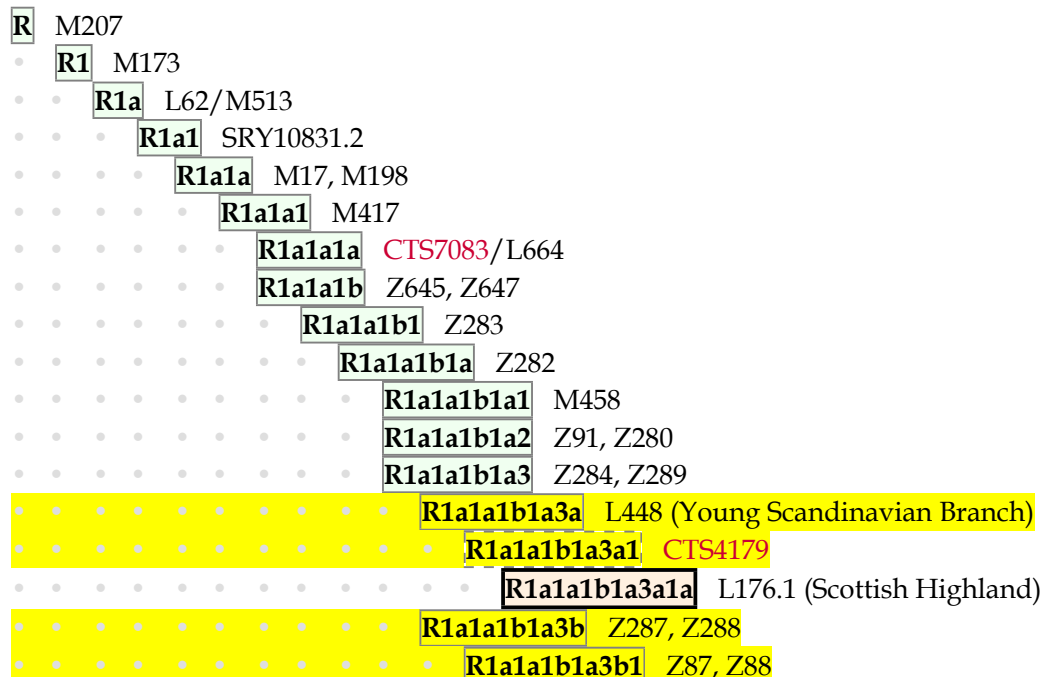
Thanks,

MY RESPONSE:

Please disregard those “Sigurd Clan” or Norse Vikings, which are just catchy phrases for customers. R1a haplotypes in the Isles could be from the Vikings, or from any other invaders or peaceful visitors, or whoever they were when they have arrived to the Isles.

Also, do not pay attention on “matches” with individuals on the first 12 markers. There are just a few hundred combinations of alleles in those, but there are thousands and hundreds of thousands of people who obtained their haplotypes. So, as you see, there are thousands of accidental “matches” between quite unrelated people (well, they might have had a common ancestor thousands of years ago). Only certain “signatures” in haplotypes reveal more close relatives, who still could be hundreds or thousands years apart. The more of those “signatures” match each other, the more close relatives they are, in a sense of more recent common ancestors, who lived on certain territories in certain times. That is how you identify your DNA-lineage and where it belongs.

Below is a subclade tree of haplogroup R1a (the upstream R1 and R haplogroups are also shown).



Your potential clans, or subclades, or tribes are marked in yellow. You apparently belong to the Young Scandinavian Branch R1a-L448 with a common ancestor of 2700±350 years before present. As you see, it was too long before the Vikings. Some Vikings might have belonged to the same branch, though, as well as to many other branches. DNA does not identify the Vikings, or aviators, or iPad makers. Those “Vikings” are all sales pitches.

It might be that your haplotype belong to one of the four “Scandinavian” subclades identified by now - already mentioned L448, its daughter subclade CTS4179, or two parallel subclades Z287 (= Z288) and Z87 (= Z88). In order to clarify your subclade, you need to test for some or all of them, to be sure. There is no other way to resolve such a fine subdivision of the subclades.

However, something can be done without a direct testing for the subclades. Here is the base (= ancestral) haplotype of the R1a-L448 subclade (the Young Scandinavian branch).

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 – 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 – 11
12 19 21 16 16 17 18 34 38 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12 (R1a-Z284-L448, 2700±350 ybp)

Here is your haplotype:

13 25 15 11 11 14 12 12 **11** 14 11 **30** – 15 9 10 11 11 **24** 14 20 **34 15** 15 15 16 – 11
13 20 21 16 **15 18** 18 **33 37** 12 11 – 11 8 **15** 17 8 12 **11** 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12 (your haplotype)

There are 15 mutations between them (shown in red). It means that you are separated from the common ancestor of the L448 subclade by $15/0.12 = 125$ conditional generations (25 years each), that is by 143 conditional generations, corrected for back mutations (I will not explain here those details, you can read about it in the academic literature), or by $143 \times 25 = 3575$ years. Since the L448 common ancestor lived approximately 2700 years ago, yours and the L448 common ancestor lived $(3575+2700)/2 =$ approximately 3100 years ago. It is within the margin of error from those 2700 ybp for the common ancestor of the L448 subclade. It indicates that you are likely from the L448 subclade indeed, the Young Scandinavian branch.

Regarding R1a-L176.1 subclade, which is the Scottish Highland branch, to which Somerled/MacDonalds belong, you are indeed too far from them, mutation-wise.

I would suggest you for further verification of your lineage to test for R1a-L448 subclade, and if positive, to test further for CTS4179 subclade. This might further narrow your clan. If negative (which is less likely, I think), test

for Z287 or Z288 (see the flowchart above). They are still under the Scandinavian branch R1a-Z284, but parallel to L448.

I hope it was helpful.

Best regards,

Anatole Klyosov

LETTER 185

Theoretically yDNA marker sets are a continuum (absent catastrophic conditions). If a member gets a new SNP but the markers similar...(close mutations)... Lots of questions and answers to come with the rebuilt phylogenetic tree.

A lot of these questions have been posed before and answered. However, the method of interpretation will reflect the methods being used. It will also give us a better understanding of how to anticipate the upper and lower range of a dataset under study.

Although 6 mutations between members can be very well inside a base haplotype, if a members FTDNA close matches are on the border of the base haplotype is it not inconsistent that the matched member would be in another haplotype. In this case the FTDNA close matches remain consistent. How the phylogenetic tree interpret the data will be the question to answer.

Question: are the FTDNA close matches also a phylogenetic tree sub-branch? When are they not in the same sub branch?

MY RESPONSE:

First, there is a number of complications/deviations/aberrations in individual haplotypes and SNPs. SNPs can be private, they can be mistakenly typed, haplotypes can contain (statistically) excessive number of mutations and other haplotypes do not have mutations at all (compared with the base haplotype), they all follow the same rule as in a coin tossing. One day I tossed a coin 300 times and counted six heads in a row and also six tails in a row. This is, indeed, within statistics.

Therefore with individual haplotypes anything can happen. They can get into a wrong branch, they can be assigned with a wrong SNP, etc. That is why DNA genealogy works with (preferably) large datasets. With decreasing a number of haplotypes a chance of a mishap increases. With just two

haplotypes being compared always keep in mind a high likelihood of an aberration. It might fit nicely into an expected range, but it might be not. So do not cry "wolf" when it does not.

LETTER 186

What do you do when a base haplotype isn't straight forward?

I'm working on a set of 111 marker haplotypes. On four markers two of them have one value the same, and on the other two of them another value the same (one step difference). A base haplotype for the set isn't possible, correct? Is the solution to use the two branches?

MY RESPONSE:

This is a common problem with just a few haplotypes. Do two calculations, assuming either one of two possible base haplotypes. The TMRCA will be the same, however, a difference between the branches will be dual, with one mutation difference. Calculate the both, and take into account the larger margin of error due to uncertainty of the base haplotype. It is O.K.

LETTER 187

I have 1 match (same surname & in same area of Ireland) @ 111, and several @ 6 & 7, @ 67 (a possible variation of surname, and several with different surnames), all in the same subclade. We have previously "guesstimated", the match @ 111, is ca 1735, as are paper trail disappears before 1765. All the 67 matches have been guesstimated" ca 1500, in sw England, before the ancestor moved from England, to Ireland.

Any help in more accurately, determining the MRCA, would be appreciated.

MY RESPONSE:

The data you have provided are very ambiguous. What is @ 111, @67 and @ 6 & 7 in the same line?

First, in order to obtain an answer, please put your data in order, which means in one haplotype format -- either 111 marker, or 67 marker, or whatever format, but the same for all the haplotypes.

Second, please avoid such terms as "match". It is confusing when you report data. Please report how many haplotypes you have in the same format, and how many mutations the whole dataset have from the base haplotype (some people call it "modal", however, the term "modal" is not defined well and also

very confusing in many situations). The base haplotype is the assumed ancestral haplotype, which should be only one for the whole dataset.

In other words, you should report (1) how many haplotypes in the dataset, (2) the format/length of the haplotypes, (3) a number of mutations from the base haplotype.

There might be some tricks, such as multicopy markers, back mutations (if the common ancestor lived more than 650 years ago), etc., however, for the first try we can neglect them.

Regards,

NOTE: There was no reply from the correspondent.