

*Ultima ratio*

**Вестник Академии ДНК-генеалогии**

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

**Volume 7, No. 7  
July 2014**

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

ISSN 1942-7484

**Вестник Академии ДНК-генеалогии.**

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии.

Издательство Lulu inc., 2014.

*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, 2014.

При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2014

# СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Гаплотипы осетинских фамилий карачаево-балкарского происхождения гаплогруппы G2a2b из асских преданий <i>А.А. Клёсов</i> . . . . .	1059
The “Cohen Modal Haplotype” and failure of its creators regarding its origin, dating, and use as a “diagnostic tool”. <i>Anatole A. Klyosov</i> . . . . .	1064
Предисловие редактора. . . . .	1080
Иседоны, бурджаны и их потомки. <i>Б.А. Мурашов</i> . . . . .	1081
Информация о недавно завершённом Проекте "Great Duchy of Brabant" (Antwerp – Belgium). <i>Jean-Pierre Boey</i> . . . . .	1099
О «кластере псевдорюриковичей», или «парарюрикидов» субклада N1c1-Y4338. <i>А. А. Клёсов</i> . . . . .	1101
<b>СТОЛ РАСЧЕТОВ</b>	
Предисловие редактора. . . . .	1106
<i>Славянски</i> Украины и России до прихода <i>руси</i> . Варяги из <i>руси</i> между «перереформатом» и норманизмом. <i>К.В. Шилинговский</i> . . . . .	1107
Послесловие. Письмо редактора автору . . . . .	1112
<b>У НАС В ГОСТЯХ САЙТ ПЕРЕФОРМАТ</b>	
-- Действительно ли «генетики нашли разных русских»? . . . . .	1114
-- Ископаемые гаплогруппы и гаплотипы . . . . .	1135
<b>ОБРАЩЕНИЯ</b> читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии.	
Часть 65, письма 229-231. . . . .	1185

# Гаплотипы осетинских фамилий карачаево-балкарского происхождения гаплогруппы G2a2b из асских преданий

Анатолий А. Клёсов

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

В ходе дискуссии на сайте Переформат

(<http://pereformat.ru/2014/07/polovcy-alany-itogi-diskussii/>

поступило предложение рассмотреть гаплотипы осетинских фамилий из «асских» преданий, поскольку предания ведут к возможному происхождению ряда этих фамилий из Карачаево-Балкарии. Было предложено для начала рассмотреть пять фамилий из Осетинского проекта FNDNA (Nafiev, Zuraev, Koloity, Chikhtisov, Tsaliev):

<https://www.familytreedna.com/public/Ossetian/default.aspx?section=ycolorized>

Действительно, рассмотрение Осетинского и Карачаево-Балкарского Проектов показало, что предположение оказалось верным, и что указанные фамилии - потомки тех, кто 675±270 лет назад (передвинулись из Малкарского ущелья, или той территории, которую тогда занимали нынешние малкарцы. Их потомки - также 10 человек, кто помечены как Malkar в списке гаплотипов Карачаево-Балкарского Проекта FTDNA

<https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=ycolorized>

Все они относятся к гаплогруппе G2a2b, что резко отличается от гаплогруппы G1a1a, характерной для осетин и от остальных карачаево-балкарцев. Эти две ветви гаплогруппы G2a расходятся на тысячелетия. Сами же малкарцы гаплогруппы G2a2b ведут свой род от общего предка, который жил примерно 4400 лет назад, и основатель которого, как показывает ДНК-генеалогический анализ, примерно в то же время пришел из Европы. Об этом свидетельствуют ископаемые гаплотипы гаплогруппы G2a, найденные в северной Испании, Франции, Германии с датировками 5000 и 7000 лет назад. Уход носителей гаплогруппы G2a из Европы был вызван определенными трагическими событиями, при которых из Европы примерно 4500 лет назад исчезли почти полностью гаплогруппы E1b, G2a, I1, I2, R1a, которые позже оказались и продолжили свои рода (после прохождения бутылочных горлышек

популяции) на периферийных частях Европы – на Балканах, в Передней Азии и на Кавказе, в Скандинавии, на Британских островах. Такова история появления носителей гаплогруппы G2a на Кавказе, с датировками, намного моложе датировок древней гаплогруппы G2a в Европе.

При переходе на Кавказ гаплогруппа G2a разделилась на ветви-субклады, что разделило к настоящему времени столь значительно группы балкарцев и осетин. Разделение не является полным, и представители обоих субкладов, G2a1a-P16 и G2a2b-L30 (и их нижестоящих ветвей) разошлись по всему Кавказу, в основном его северо-западной и центральной частей). Вот как выглядит в настоящее время дерево субкладов (в сокращенном виде) гаплогруппы G, на котором красным цветом выделены основная осетинская (верхняя) и балкаро-малкарская ветви (см. диаграмму ниже).

Если посмотреть на сами гаплотипы, то, действительно, балкарские малкарцы и их осетинские родственники по гаплогруппе G2a2b по гаплотипам очень похожи. Всех вместе в 12-маркерном формате 16 человек – 11 малкарцев (хотя Vachiev формально из Холама, но по гаплотипу он малкарец) и 5 осетин, из Северной Осетии и Дигора (западная часть Северной Осетии). При этом пятеро осетин группы G2a2b имеют почти идентичные друг другу гаплотипы, с базовым гаплотипом

14 22 15 10 14 15 11 12 12 12 11 29

Все их мутации – только в паре DYS385, и единичная мутация в DYS389-2, в сумме всего 4 мутации на пятерых. При такой малой статистике считать время до общего предка почти бесполезно, тем более что в наличии есть 37-маркерные гаплотипы. Но для всех 16 гаплотипов статистика уже лучше, хотя малкарцы с их 11 гаплотипами и базовым гаплотипом

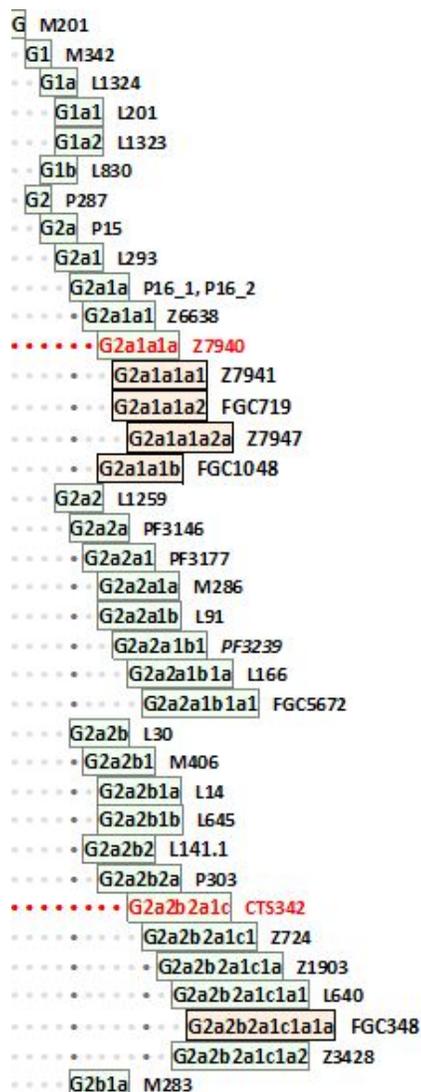
14 22 15 10 15 17 11 12 12 12 10 29

несколько перетягивают с предпоследним маркером (но сохраняют свой DYS385), и общий базовый гаплотип получается такой:

14 22 15 10 14 15 11 12 12 12 10 29

Все 16 человек имеют от него ровно 50 мутаций, что дает время жизни общего предка для всех  $50/16/0.02 = 156 \rightarrow 184$  условных поколений (по 25 лет каждое), то есть  $4600 \pm 800$  лет. Мы понимаем, что всего 16 коротких, 12-маркерных гаплотипов это немного, но полученный диапазон

расчетного времени согласуется с ожидаемым временем ухода из Европы и прибытия на Кавказ.



Надо сказать, что осетинские «малкарцы» значительно более детально протестированы на глубокие субклады, и в Проекте отмечено, что они относятся к субкладам Z1903, Z724, Z3428. Действительно, все они есть на диаграмме выше, в самой нижней, самой «молодой» части. Балкарские глубоко не снисовались, у них вообще в основном стоит G-201, то есть просто гаплогруппа G, без всяких субкладов.

Посмотрим на 37-маркерные гаплотипы (67-маркерных там совсем мало, к сожалению). Базовый гаплотип у восьми балкарцев-малкарцев (все, кто имеют 37-маркерные гаплотипы) следующий

14 22 15 10 15 17 11 12 12 12 10 29 - 18 9 9 11 11 25 16 21 28 13 13 14 14 - 11 10  
20 21 15 15 16 18 36 38 11 10

и все восемь имеют от него 104 мутации. Это дает  $104/8/0.09 = 144 \rightarrow 168$  поколений, то есть  $4200 \pm 590$  лет до общего предка.

Трое осетин той же гаплогруппы имеют базовый гаплотип

14 22 15 10 14 15 11 12 12 12 11 29 - 16 9 9 11 11 23 16 21 28 13 13 13 14 - 11 10  
20 21 15 15 16 18 34 37 11 10

Между всеми тремя гаплотипами - всего 7 мутаций, что дает  $7/3/0.09 = 26 \rightarrow 27$  поколений, или  $675 \pm 270$  лет до общего предка. Теперь понятно, чем вызваны отклонения от базовых гаплотипов малкарцев и их явных родственников осетин - предок последних относительно недавно покинул малкарцев, и к тому времени его гаплотип уже претерпел мутационные изменения. Разница в мутациях между малкарским и осетинским базовыми (предковыми) гаплотипами составляет 12 мутаций, что дает  $12/0.09 = 133 \rightarrow 154$  поколения, то есть примерно 3850 лет, и их общий предок жил  $(4200+675+3850)/2 = 4400$  лет назад. Это в пределах погрешности совпадает со временем  $4600 \pm 800$  лет, полученных из 12-маркерных гаплотипов.

Вот и проявилась общая картина. Носители гаплогруппы G2a2b пришли на Кавказ из Европы примерно 4400 лет назад, заложили основы балкарской этничности, в которую впоследствии влились носители гаплогрупп J2, R1b, R1a и других более минорных групп. Примерно 675 лет назад от них отпочковался один (или несколько) человек, потомки которых расселились в Северной Осетии, часть из них стали дигорцами. Их сейчас должно быть тысячи человек, поскольку дигорцев по некоторым данным около 100 тысяч человек, и большинство имеют гаплогруппу G.

В любом случае, субклад G2a2b древне-европейский, и явно не от алан, и вообще не от скифов. Это же относится и к осетинам группы G2a1a.

Более детальное дерево субклада G2a2b1-406, в который входит малкарская группа, приведено ниже.

- ..... G2a2b1 M406
- ..... G2a2b1a L14
- ..... G2a2b1b I645
- ..... G2a2b2 L141.1
- ..... G2a2b2a P303
- ..... G2a2b2a1 L140
- ..... G2a2b2a1a U1
- ..... G2a2b2a1a1 L13
- ..... G2a2b2a1a1a CT59909
- ..... G2a2b2a1a1a1 Z2003
- ..... G2a2b2a1a1a1a L1263
- ..... G2a2b2a1a2 L1266
- ..... G2a2b2a1a2a L1264
- ..... G2a2b2a1b L497
- ..... G2a2b2a1b1 Z1815
- ..... G2a2b2a1b1a Z725
- ..... G2a2b2a1b1a1 L43
- ..... G2a2b2a1b1a1a L42
- ..... G2a2b2a1b1a2 Z726
- ..... G2a2b2a1b1a2a CT54803
- ..... G2a2b2a1b1a2a1 S2808
- ..... G2a2b2a1b1a2a1a S23438
- ..... G2a2b2a1c CT5342
- ..... G2a2b2a1c1 Z724
- ..... G2a2b2a1c1a Z1903
- ..... G2a2b2a1c1a1 I640
- ..... G2a2b2a1c1a1a FGC348
- ..... G2a2b2a1c1a2 Z3428
- ..... G2a2b2a1c2 FGC12126
- ..... G2a2b2a1c2a I660
- ..... G2a2b2a2 I694
- ..... G2a2b2a3 M278
- ..... G2a2b2b PF3359
- ..... G2a2b2b1 F1193
- ..... G2a2b2b1a F872
- ..... G2a2b2b1a1 PF3378
- ..... G2b M3115
- ..... G2b1 M377
- ..... G2b1a M283

# **The “Cohen Modal Haplotype” and failure of its creators regarding its origin, dating, and use as a “diagnostic tool”**

**Anatole A. Klyosov**

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

The literature describes a number of attempts to identify some motifs in Y chromosomal DNA to trace Jewish ancestries. Those attempts have been continuing since the end of 1990s. The most known among them was so-called “Cohen Modal Haplotype”, the ground of which was laid in 1997 (Skorecki et al.) and continued in 1998 (Thomas et al.), and further on, until at least 2009 (Hammer et al.). After it was rebutted in the same 2009 (Klyosov, Comments in Human Genetics) the CMH faded away, however, even before that surfaced in an image of the LMH, that is now Levite Modal Haplotype (Zoosmann-Diskin, 2006).

What has happened with the CMH, and what might happen with the LMH? There was (and still is) a serious problem with the “CMH” approach. A rather minor, but conceptually important is a problem with the term “modal”. “Modal” is a rather uncertain term in population genetics. In this particular context it is “an ancestral” haplotype. In other cases it is “the most frequent haplotype in the dataset”. The two are not necessarily the same. See below for a brief discussion regarding the term.

More serious, I should say, fatal problems are as follows. Briefly, the authors (1) failed to sort out the haplotype datasets into distinctly different groups, each having their own common ancestor, each with the TMRCA (time to the most recent common ancestor) often differing by thousands of years, hence, they concocted a phantom common ancestor having phantom TMRCA, (2) employed wrong mutation rates which resulted in grossly inflated TMRCA, (3) did not pay enough attention at haplotypes, which typically provide a useful information (i.e., when all or most of them are identical to each other), and that resulted in incorrect conclusions. Examples are given below.

## **On “Cohen Modal Haplotype” and other “Jewish signatures” in haplogroups J1 and J2**

It would be appropriate to begin this section with a quotation of the introductory part of the paper “Origins of Old Testament priests” (Thomas et al, 1998):

*“According to Jewish tradition, following the Exodus from Egypt, males of the tribe of Levi, of which Moses was a member, were assigned special religious responsibilities, and male descendants of Aaron, his brother, were selected to serve as Priests (Cohanim). To the extent that patrilineal inheritance has been followed since sometime around the Temple period (roughly 3,000–2,000 years before present), Y chromosomes of present-day Cohanim and Levites should not only be distinguishable from those of other Jews, but – given the dispersion of the priesthood following the Temple’s destruction – they should derive from a common ancestral type no more recently than the Temple period. Here we show that although Levite Y chromosomes are diverse, Cohen chromosomes are homogeneous. We trace the origin of Cohen chromosomes to about 3,000 years before present, early during the Temple period.”*

In fact, all the principal predictions at the end of this quotations have failed, as far as the actual data are concerned. Y chromosomes of present-day Cohanim and Levites form a multitude of variants, particularly when short segments of haplotypes are considered, generally not distinguishable “from those of other Jews”, as well as from the Arabs and many other ethnic groups. In many cases they are derived from many common ancestors who lived more recently than the Temple period, and Cohen chromosomes are not homogeneous at all (in terms of their origin). Hammer et al. (2009) report:

*“...we have genotyped 75 binary markers and 12 Y-STRs in a sample of 215 Cohanim from diverse Jewish communities...Cohanim from diverse backgrounds carry a total of 21 Y chromosome haplogroups...5 haplogroups account for 79.5% of Cohanim Y chromosomes.”*

Then, Levites belong mostly to R1a haplogroup, to which few Cohanim belong. Rootsi et al. (2013) reported that R1a-M582 SNP (also known as CTS2253 and Z2474) was present in all sampled R1a Ashkenazi Levites, as well as 34% of other R1a Ashkenazi Jewish males and 5.9% of sampled R1a Near Eastern males.

It does not mean, of course, that Cohanim and Levites did not belong to one DNA lineage some 3600-3300 years before present, which might have been an one haplogroup of J1, J2, R1a, R1b, E1b, G, Q (as they were actually identified by Hammer et al., 2009, as some Cohanim haplogroups) or whatever, but it means that nowadays we can hardly see any “Y chromosome haplotype motifs as diagnostic markers of Jewish ancestry” based on the published data.

Furthermore, practically all (or rather just all) dating of TMRCA, or coalescence times for a common ancestor of Cohanim, or the “Cohen Modal Haplotype”, or Ashkenazic and Separdic communities, such as 2,650 years (assuming a generation time of 25 years) or 3180 years (assuming a generation time of 30 years), or 2100-3250 years (with a 95% confidence) (Thomas et al, 1998), or 3,190±1090 years (Hammer et al. 2009), or 4,200±1,300 years (ibid.) are grossly incorrect, as well as are conclusions by the authors such as “These results support the hypothesis of a common origin of the CMH in the Near

East well before the dispersion of the Jewish people into separate communities”.

In other words, we see that misguided “definition” of the “Cohen Modal Haplotype” along with wrong calculations of the TMRCA led to a mess in the academic literature on the subject. In fact, wrong calculations of TMRCA in general has haunted the population genetics community for many years. Let us see how and why did it happen.

(1) The authors failed to sort out the haplotype datasets into distinctly different groups, each having their own common ancestor, with their TMRCA (time to the most recent common ancestor) often differing by thousands of years, hence, they concocted a phantom common ancestor with phantom TMRCA

Let us consider a paper by Behar et al (2003) as an example. The authors have listed 194 Jewish 6 marker haplotypes of haplogroup J\* (their notation). The prevailing haplotype is as follows (DYS 19, 388, 390, 391, 392, 393), so-called the “Cohen Modal Haplotype”, or CMH:

14 16 23 10 11 12

It should be noted that in population genetics “modal” haplotype is typically the most frequent one in a haplotype dataset under consideration. With such a broad definition it does not have any particular sense besides it is the most frequent one. Say, New York or Rome (their male population) can have a modal haplotype as well, however, what does it mean, except what it is said above? FTDNA Projects typically list modal haplotypes (in fact, a set of “modal values” of each allele), and what does it mean?). In this particular case the CMH means that that it is the most frequent one in the set of 194 Jewish haplotypes. However, it does not mean at all that it is the ancestral haplotype. As it is show below, it is the more recent one, but prevailing in its quantity in the dataset. It amounts to 91 haplotypes among 194, that is 47% of all. Can it be the “Cohen” haplotype indeed, if the selection was random? Hardly, since on some estimates (Behar et al., 2003, citing Bradman et al, 1999), “Cohanim and Levites each comprise ~4% of the Jewish people”. Maybe the authors have inadvertently collected mainly Cohanim haplotypes? Could be, since they reported: “The Jewish samples comprised 236 Ashkenazi Jews and 163 Sephardi Jews, who were further divided into 100 Ashkenazi Israelites, 76 Ashkenazi Cohanim, 60 Ashkenazi Levites, 63 Sephardi Israelites, 69 Sephardi Cohanim, and 31 Sephardi Levites”. Granted, 145 Cohanim out of 399 Jewish samples total, that is 36%, is many more than ~4%, so the selection was apparently biased, but let it be, for the sake of this consideration. Since the CMH in this selection is a prevailing haplotype, and should commonly considered to be an ancestral one, mutations in the dataset are counted from it (of course, it would be correct only if the dataset is

derived from one common ancestor; however, this is typically considered as given, otherwise to determine the TMRCA does not make sense). The total number of mutations in the dataset of 194 haplotypes is 263, so the TMRCA equals to 263 divided by 194 divided by the mutation rate constant.

That is how population geneticists commonly work, and that is how the TMRCA for a common ancestor for Cohanim, or Jews in general, was commonly obtained. That is how all the TMRCA figures, cited above, were obtained. This is incorrect, as it will be shown shortly. Let us look at the haplotype tree for those 194 haplotypes (Fig. 1).

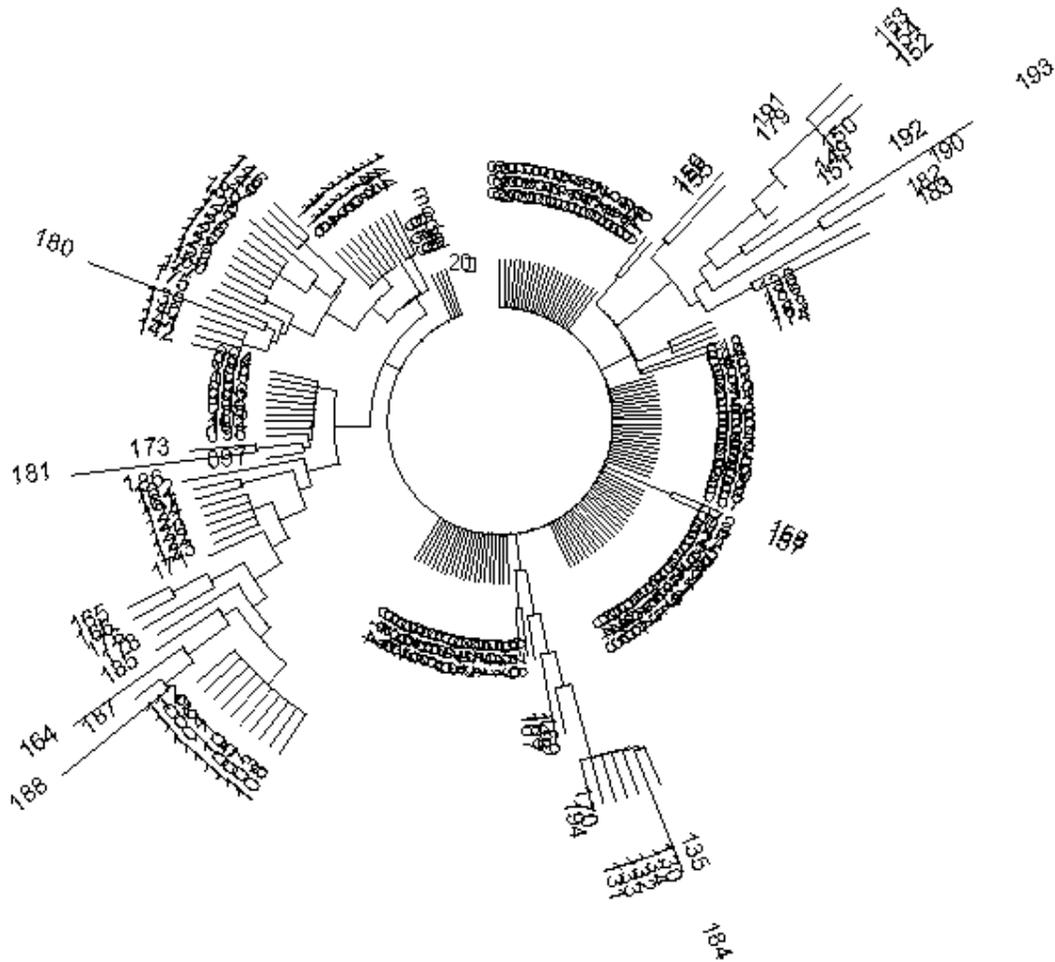


Fig. 1. The 6 marker haplotype tree for 194 Jewish haplotypes of haplogroup J\*, composed based on haplotypes reported in Behar et al. (2003).

One can see that the tree is highly irregular, and shows many branches, each one, as it was shown earlier (Klyosov, 2008) with its own common ancestor, having TMRCA from 11,000 years before present (ybp) for the tallest branch on the upper right-hand side, to about 1,000 years before present, for the “CMH”, which form the wheel at the “core” of the tree. So a “phantom”

TMRCA, combining all the haplotypes on the tree, is placed somewhere “in between” of those figures of 11,000 and 1,000 years, depending of a relative “weight” of those branches. That is how those dates are obtained, such as “between the Exodus and the destruction of the first Temple in 586 BC (Thomas et al, 1998).

So, one of the systemic problems in TMRCA calculations is illustrated above, that is considering a haplotype dataset as having one common ancestor, for which the phantom TMRCA is calculated. There is another systemic problem:

(2) The authors employed wrong mutation rates which resulted in grossly inflated (or distorted otherwise) TMRCAs

To calculate the TMRCA, the mutation rate (more correctly, the mutation rate constant) is needed. Which one population geneticists typically employ? There are several, and none of them is good. One mutations rate constant, the most traditional one, is 0.002 mutations per marker per generation. The generation is uncertain, and varies - among different researchers - between 20 and 35 years, more often 25 or 30 years. Many report two TMRCA values, for 25 and 30 years per generation. In reality, there is no “mutation rate constant” independent on a numerical age of a generation, since results always come out as a product “kt”, which is the mutation rate constant (k) multiplied by the number of years (t) in generation. Here is a simplest formula:  $n/N = kt$ , where N is a number of haplotypes, n is a number of mutations in them (counted from the base haplotype, that is the deduced ancestral haplotype), k is the mutation rate constant for the haplotype as a whole. If k is the average mutation rate constant for an average marker, then  $n/N/m = kt$ , where m is a number of markers in the haplotype. Again, it works only if the dataset is derived from one and only one common ancestors from all haplotypes in the dataset.

By itself, the number of years in generation is a floating value, it depends on culture, habits, religion views (at which age of mother or father the first boy is born), nutrition and other conditions of life on a given territory at a given time, era, etc. One cannot even hope to have a universal number of years in generation. One reasonable approach is to take a “conditional generation” with a fixed number of years, such as 25 years, and adjust the mutation rate constant accordingly, to have the “kt” value calibrated using documented genealogies and known historical events. Once we know both t and kt, we know k (the mutation rate constant). This is essentially a calibration. Hence, the “classical” value of 0.00200 mutation per marker per generation is also a floating value, however, for 25 years per generation it can be considered a reasonable approximation. It can be compared with the recent, refined values of 0.00147 for the 6 marker haplotype (0.0088/6), 0.00167 for the 12 marker haplotype (0.020/12), 0.00184 for the 25 marker haplotype (0.046/25), 0.00243

for the 37 marker haplotype (0.090/37), 0.00179 for the 67 marker haplotype (0.12/67), 0.00178 for the 111 marker haplotype (0.198/111).

Another approach, which is, unfortunately, almost universally widespread in population genetics, is the mutation rate constant of 0.00069 mutation per marker per 25 years, so-called “evolutionary”, or “population” mutation rate (Zhivotovsky et al, 2004). It was obtained under unrealistic and naïve assumptions of averaging all haplogroups and haplotypes (Y chromosomal) around the world during all the time of existing of the humankind. In other words, the value was obtained under assumption of infinite branching of the infinite human (male) haplotype tree. However, such conditions never exist. In fact, for a relatively symmetrical haplotype tree, stemming from a one common ancestor, the “evolutionary” rate inflates the TMRCA by  $k/0.00069$ , where  $k$  is the mutation rate constants listed above for different haplotypes, that is from 210% to 350% increase in the TMRCA. For some distorted haplotype trees it can artificially (and wrongly) increase the TMRCA by 400% and more, leaving aside that it would be not only phantom common ancestor, but inflated phantom common ancestor. Unfortunately, Zhivotovsky has never set any criteria when and at which conditions his “evolutionary” rate should be replaced by the “pedigree” rate (that is based on  $\sim 0.002$  constant), and population geneticists still believe that it can be employed with any haplotype datasets of any “age”. Damage, which the “evolutionary” rate brought to academic publications in population genetics over the last 10 years, is beyond comprehension. As a rule, their TMRCA estimates, hence, historical interpretations, based on that “evolutionary” mutation rate, are grossly distorted and do not make sense.

Yet another approach in contemporary population genetics is based on father-son pairs – derived mutation rates, where the mostly cited publications are of Ballantyne et al., 2010, and Burgarella et al., 2011. While those publications and data therewith are useful from a conceptual viewpoint, and show an order of magnitude of the mutation rates, they (or most of them) cannot be used in quantitative estimates of the TMRCA due to very poor statistics. Many of markers did not show ANY mutations in about 1700 father-son pairs, nevertheless, Ballantyne et al. assigned them some "mutation rate constants", which were fictional, of course. Most of the Ballantyne et al "mutation rate constants" were based on 0, 1 or 2 mutations from father to son, and typically less than 10 mutations, which cannot be used for any calculations due to very poor statistics, or no statistics at all.

Here is an example. The following two sets of figures (2<sup>nd</sup> and 3<sup>rd</sup> column) show the respective mutation rate “constants” for the same “classical” 6 markers mentioned above, according to the data by Ballantyne et al. (2010) and Burgarella et al. (2011), all figures are of  $\times 10^{-5}$  mutations per marker per (actual) generation:

A number of mutations  
in ~ 1700 father-son pairs (Ballantyne et al.)

DYS 393	210	103	3
DYS390	150	212	2
DYS19	440	219	7
DYS391	320	272	5
DYS388	43	42	0
DYS392	97	43	1

As one can see, the second marker above (DYS390) is “slower” than the first one (DYS393) according to Ballantyne et al., but “faster” than that according to Burgarella et al. (everyone who works with mutation rates in the markers knows that DYS393 is much “slower” than DYS390, hence, the Ballantyne data here cannot be correct). DYS 19 is much faster than DYS390 according to Ballantyne et al, but about the same value with that according to Burgarella et al. DYS 388 did not show any mutation (zero), however, its “mutation rate constant” is presented in the Ballantyne et al list. DYS 392 are much faster than DYS388 according to Ballantyne, while they are practically equal according to Burgarella. The list in their publication goes on and on, with many markers missing, particularly in the Burgarella list, in which zeroes and n/a are observed in 71 markers from 111, starting with three markers from the first 12 of them. In the Ballantyne list zeroes and n/a are observed in 38 markers, with two markers in the first 12 of them. How they can responsibly employed for any TMRCA calculations? The lists are full of holes.

A set of calibrated mutation rate constants obtained for different panels of haplotypes, such as 6, 12, 17, 25, 37, 67, 111 marker haplotypes, and others in use, was published in (Rozhanskii and Klyosov, 2011). All the values are different for different panels of haplotypes, as it should be, since every marker has its own mutation rate constant. A table of the mutation rate constant for every one of 111 markers was published (Kilin and Klyosov, 2014), from which the mutation rate constant for every set of markers can be obtained by a simple adding the constants for individual markers, as chemical kinetics prescribes. For the 6 marker panel (DYS 19, 388, 390, 391, 392, 393) it is equal to 0.0817 mutation per haplotype per 25 years (a conditional generation). The earlier value, reported in (Klyosov, 2009a) was 0.0088, which is differed by 7.7%, within a typical margin of error in TMRCA calculations. However, population genetics traditionally employs the “evolutionary” mutation rates, which lately is gradually replaced by “father-son pairs” mutation rates.

Now let us see how those “Biblical” TMRCA were obtained by the authors who have studied the “Cohen”/Cohanim, or other Jewish haplotype datasets. As it was mentioned above, the total number of mutations in the dataset of 194 haplotypes (see Fig. 1, haplotypes from Behar et al., 2003) is 263, so the TMRCA equals to 263 divided by 194 divided by the mutation rate constant.

If we take the latter as “classical” 0.002 per marker per generation, we obtain  $263/194/6/0.002 = 113$  generations, or 2825-3390 years (for 25-30 years per generation) for Jewish males of haplogroup J. Essentially, this is how the all above-mentioned figures were obtained, whether it was for the “lay Jews” or Cohanim. If one employs the “evolutionary” mutation rates, the TMRCA would be  $263/194/6/0.00069 = 327$  generations, that is 8175 years to their common ancestor. Fortunately, in 2003 the “evolutionary mutation rate” was not introduced as yet, otherwise the data would be quite embarrassing for Biblical interpreters.

There is one more way to show that a haplotype dataset as shown in Fig. 1 cannot be considered for single TMRCA calculations. There is a golden rule of DNA genealogy (stemming from chemical kinetics in physical chemistry): the TMRCA should be the same when calculated based on a number of mutations in the haplotype dataset (the “linear” method), on the one hand, which in our case is  $263/194/0.012$  (if to continue to employ the obsolete “classical” mutation rate constant of 0.002 mutation per marker per generation, that is 0.012 mutation per the 6 marker haplotype per generation, and when it is calculated using the logarithmic approach (Klyosov, 2009a), on the other hand:  $\ln(263/91)/0.012$ . Here 91 is the number of the “base” haplotypes, that is identical to each other in the dataset, or the “CMH” in this particular case (see above). The beauty of the logarithmic method is that it does not require mutation count, which for large datasets is quite tedious. If the both methods, linear and logarithmic, give the same (or fairly close) TMRCA (within 10-15% difference), the TMRCA is reasonably correct, and that one is accepted which has a smaller margin of error (or standard deviation).

In our case the linear method gives 113 generations to the presumed common ancestor, the logarithmic method gives 88 generations. Whatever mutation rate constant is employed, we see that the haplotype dataset is seriously distorted, and the TMRCA cannot be calculated without dissecting the dataset to appropriate branches (Klyosov, 2009a,b). In this case neither of the (phantom) TMRCA is correct and acceptable. On the same reason the “coalescent times” calculated by the cited above authors were incorrect and unacceptable. So goes “*between the Exodus and the destruction of the first Temple in 586 BC*” (Thomas et al, 1998) or “*the diversity associated to Cohanim J1-P58 chromosomes could be dated to have originated between 4,280 and 2,100ya*” (Hammer et al., 2009), or “*an extended CMH on the J-P58\* background that predominates in both Ashkenazi and non-Ashkenazi Cohanim and is remarkably absent in non-Jews... The estimated divergence time of this lineage... is 3,190±1,090 years*” (Hammer et al, 2009), or yet another estimate – “*the second most frequent Cohanim lineage (J-M410\*, 14.4%) ... is also limited to Ashkenazi and non-Ashkenazi Cohanim and is estimated to be 4.2±1.3 ky old*”, as well as based on that conclusion – “*These results support the hypothesis of a common origin of the CMH in the Near East well before the dispersion of the Jewish people into separate*

communities, and indicate that the majority of contemporary Jewish priests descend from a limited number of paternal lineages." It does not support anything of that.

The latter figures were seriously criticized in (Klyosov, Human Genetics, 2009c) and showed that "a common ancestor of all 99 Cohanim lived  $1,075 \pm 130$  ybp, and this timing is reproducible for 9-, 12-, 17-, 22- and 67-marker haplotypes. A much higher values of  $3,190 \pm 1,090$  and  $3,000 \pm 1,500$  ybp were obtained in the cited paper (Hammer et al. 2009) using incorrect methods and incorrect mutation rates. A common ancestor of all the 99 J1e\* Cohanim lived around the 10<sup>th</sup> century AD."

(3) Authors who study Jewish DNA genealogy do not pay enough attention at haplotypes, which typically provide a useful information, and that resulted in incorrect conclusions.

A typical example of said problem is presented by a paper by Thomas et al (2000) who have considered a list of 136 South-African Lemba 6 marker haplotypes and suggested that some Lemba belong to the CMH Jewish lineage. They did not attempt to determine any timespans to common ancestors of the Lemba, and just reproduced a Lemba story that their ancestors arrived to South Africa thousands years ago as descendants of Jewish patriarchs. It was shown to be highly unlikely, since a common ancestor of the "CMH Lemba" lived about  $675 \pm 200$  ybp, around the 14<sup>th</sup> century. The majority of the tested Lemba had typical Bantu haplotypes of E3a haplogroup (by the authors' definition) with a common ancestor who lived around  $8300 \pm 1200$  ybp (our calculations), and besides a number of scattered haplotypes of unidentified haplogroups (not J) the Lemba had 57 haplotypes of apparently haplogroup J. The haplotype tree is shown in Fig. 2.

The tree shows three main branches, the first one represents 16 identical haplotypes 14 16 24 10 13 12 (in the upper area in Fig. 2), which are not of the "CMH", and probably of some Arabic origin. Since the haplotypes are identical, their common ancestor was quite recent, and lived no more than a few centuries ago. The second one, being a base haplotype 14 15 24 10 11 12 for a 26-haplotype branch on the left-hand side in Fig. 2, is again a rather common haplotype in the Arabic world, and belongs likely to haplogroups J and/or J2. The branch gives  $2,550 \pm 610$  years to a common ancestor, who most likely lived in the first millennia BC. It is clearly not the "Cohen Modal Haplotype" and differs from the last by two mutations, which in the 6-marker format corresponds to about 7300 years.

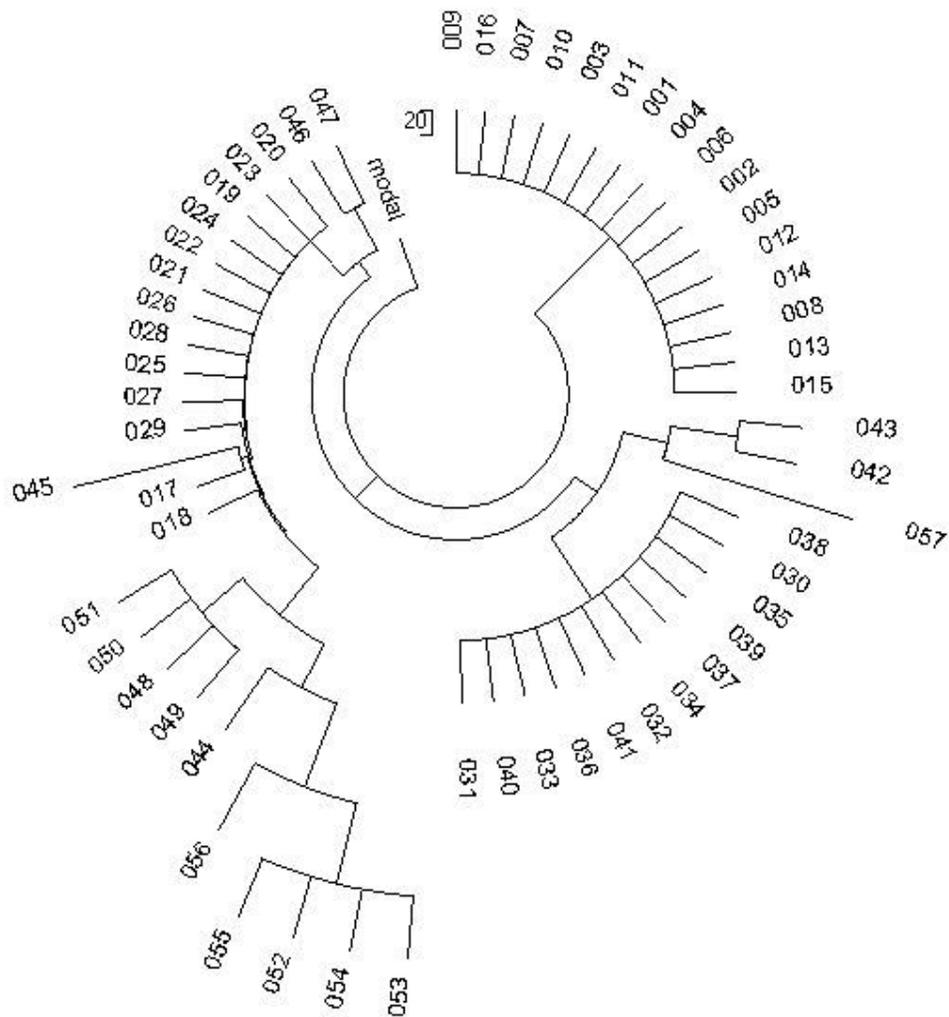


Figure 2. The Lemba 6-marker haplotype tree, apparently of haplogroup J. The 57 haplotype tree was composed of data published in (Thomas et al., 2000).

The third base haplotype, which is the CMH in its 6-marker format, 14 16 23 10 11 12, supports a branch of 15 haplotypes on the lower right-hand side. Twelve of those 15 CMH haplotypes are identical to each other and form a flat branch. From a fraction of the base haplotype, their common ancestor lived only  $\ln(15/12)/0.00817 = 27$  generations ago, or about  $675 \pm 200$  years bp, around the 14<sup>th</sup> century.

Obviously, to call the Lemba haplotypes the “Cohen haplotype” is a huge stretch. They could have been Jewish and originated just a few centuries ago, or they could have been Arabic. Hence, the so-called “Cohen Modal Haplotype” in the “Black Jews of Southern Africa” has nothing to do with an ancient history of either the Lemba or the Jewish people. It is a rather recent acquirement.

Obviously, the name “Cohen Modal Haplotype” was a misleading one. Even as a “modal” haplotype it is not exclusively associated with a Jewish population. A haplotype tree of Arabs from the Arabic Peninsula was described in (Klyosov, 2009b), which was composed from 37-marker haplotypes of haplogroup J1 listed in the “Arabian Peninsula YDNA Project”. One of the two branches of the tree had the “Cohen Modal Haplotype” and contained the known string of alleles 14 23 16 10 11 12 in the loci DYS19-388-390-391-392-393. Seventy three mutations in the six 25-marker haplotype branch, give  $9,000 \pm 1,400$  years to a common ancestor.

It seems that the “Cohen Modal Haplotype” was likely an ancestral haplotype between 7600 and 10400 years bp (with the 95% confidence) for both historical inhabitants of the Arabian Peninsula, along with the Arabs and the Jews of the Middle East. About  $4,000 \pm 520$  years ago the establishing Jewish population carried this “modal haplotype” along with the future Arabs, who at that time had a common ancestor with the future Jews (Klyosov, 2010, Nature Precedings). By around the 10<sup>th</sup> century AD, a slightly modified “recent CMH” split from the “older CMH” (in more extended haplotype formats), while both of them contained the 6 marker “signature” of the “CMH”, which is still present in many Arabic haplotypes. This “recent” CMH became the ancestral haplotype for a separate albeit recent Jewish lineage within haplogroup J1. If to consider only “CMH” haplotypes within this population, a common ancestor who lived  $1,070 \pm 130$  ybp can be identified.

As we see, there has not been published anything as yet that might be considered as Y chromosome haplotype motifs as diagnostic markers of Jewish ancestry.

### **On the “Y chromosome diagnostic markers of Jewish ancestry”.**

“Y chromosome haplotype motifs as diagnostic markers of Jewish ancestry” in general has a little sense. Haplotype mutates, changing their alleles unpredictably, and only an average number of mutations over a given time can be predicted with a certain probability, based on mutation rate constants and on how “old” is the group of haplotypes in terms of a timespan from their common ancestor. However, it is not “diagnostics” in a sense addressed in this study. The longer timespan to a common ancestor of a group of haplotypes (the higher the TMRCA), the less “diagnostics” remain. Only populations with a quite recent common ancestors have rather predictable motifs, only because not much time left since the common ancestor, and his haplotype is still around having relatively few mutations.

This is essentially a “mechanism” why a 67 marker Jewish haplotype dated  $1075 \pm 130$  year ago

**12 23 14 10** 13 15 11 **16** 12 13 **11** 30 17 8 9 11 11 26 14 21 27 12 14 16 17 11 10 22  
22 15 14 20 18 31 35 13 10 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12 21 22 17 10 12 12 15 8 12  
24 21 13 12 12 14 12 12 12 11

is still around albeit with some mutations. On some reason, still unknown, the bearer of this haplotype was Cohanim, either born as a Cohanim, or appointed Cohanim/Cohen by the Jewish community, as it is allowed by Jewish laws when the community is in need for a religious leader. As a result, there are many Cohanim in that lineage. But not only them, there are many lay Jews, as well as not Jews at all. Can this haplotype or its segments (“signatures”) be a “diagnostic” for Cohanim or for Jews in general? Not quite. Or a simple “no”.

Since this haplotype has an average mutation rate of 0.12 mutation per haplotype per 25 years, it mutates on average once in  $1/0.12 = 8.33$  generations, that is once in 208 years. After 1075 years it should have - on average - approximately five mutations among those 67 alleles.

There is another way to verify this figure, using the logarithmic method, described above. With 5 mutations in the 67 marker haplotype, 62 alleles on average will be intact. The timespan required for those 62 alleles to remain intact is equal to  $\ln(67/62)/0.00179 = 43$  generations, that is  $43 \times 25 = 1075$  years. 0.00179 here is the average mutation rate constant for each marker in the 67 marker haplotype ( $0.12/67 = 0.00179$ ). 0.12 is the mutation rate constant for the 67 marker haplotype as a whole (see above). As one can see, both methods gave the identical result, which is 1075 years to the common ancestor, and 5 mutations since them in the 67 marker haplotype.

As we see, with 5 mutations in the 67 marker haplotype the Jewish haplotype shown above seems to be pretty stable, with many “signatures” preserved in it until the present time. Since at the end of the 1990s-beginning of the 2000s the 6 marker haplotype was largely in use, it was picked as the “signature”. It is marked in the haplotype above in bold. Three loci (markers) in it are particularly stable, that is 12 (DYS393), 16 (DYS388) and 11 (DYS392). Can they be used as a “diagnostic”, as a “signature” for the Jewish haplotype? Sure, why not. The little problem is that the same signature would be observed in many Arabic haplotypes, as well as in many men in haplogroups J1 and J2. For example, here are two haplotypes of inhabitants of the Arabian Peninsula with typical Arabic names, having the following “CMH” haplotypes

**12 23 14 10** 12 **16** 11 16 11 13 **11** 29 17 8 9 10 11 25 14 19 30 13 13 13 16 11 9 19 20  
16 13 16 17 33 36 12 10

**12 23 14 10 12 16 11 16 11 13 11 29 21 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 15 16 10 10 20**  
22 14 14 17 18 32 34 13 9

The third Arabic haplotype has its DYS388 mutated 16 → 17:

**12 23 14 10 14 17 11 16 12 12 11 29 17 8 9 11 11 25 14 20 26 12 14 16 17 10 10 22**  
22 14 15 18 17 33 36 12 10

Actually, this haplotype is from a mixed Jewish-Arabic group with a common ancestor of about 4000 years ago. The name of the common ancestor was likely Abraham, if to follow the Bible or the Torah.

The above calculations show that the shorter the segment of the haplotype, the lower its mutation rate constant, the more stable the “signature”, the better justification to employ it as a “diagnostic”. For the 6 marker “CMH” (which is not the “Cohen modal haplotype” at all, as we saw), the mutation rate constant equals to 0.00817 per haplotype. It means that one mutation – on average – occurs in it once in  $1/0.00817 = 122$  generations, or about once in 3,050 years. That is why that 6 marker “signature” is so stable.

We can take a bit different view at the obtained figure, and state that among 122 bearers of the “CMH” 6 marker haplotype, only one will have it mutated once – on average – after just one generation. However, again, those 122 individual would not necessarily be all Jews. Again we have a problem with “diagnostics”.

Nevertheless, sometimes a “diagnostic” works better not with short segments of haplotypes, but with long haplotypes. An example – the “Levite” base (that is a deduced ancestral) haplotype. In the 111 marker format it is as follows:

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

A common ancestor of this Jewish R1a-L342.2-M582 haplotype lived  $1300 \pm 150$  years ago (Rozhanskii and Klyosov, 2012). Again, since its common ancestor is a rather recent one, the haplotype is stable, almost as stable as the Jewish J1 haplotype shown above. On average, its present-day descendants have only 6 mutations in the 67 marker haplotype, and 10 mutations in the 111 marker haplotype. Its 6 marker fragment (the same set of markers as considered above) is not a distinct one, and is practically the same as in other R1a haplotypes, such as the base haplotype of the R1a-Z280 with a common ancestor of 4900 years ago, the “base haplotype of the Russian Plain”. Almost half of ethnic Russians belong to Z280:

**13 25 16 11** 11 14 12 **12** 10 13 **11** 30 – 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 – 11  
11 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12  
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13 – 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12  
11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15 20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11  
11

The 6 markers haplotypes in both of them differ by only one allele (DYS391), which is 10 in the Jewish R1a haplotype (so-called Levite base haplotype) and 11 in the Russian Plain haplotype. However, plenty of Z280 have also 10 in DYS391. So, there is no any “diagnostic” here. However, the base Levite haplotype contains many other “signatures”, much more distinct ones. For example, DYS464 12 12 15 15 (markers 22-25 from the beginning) are quite unique for the Jewish bearers of haplogroup R1a. In the “Russian Plain” base haplotype this segment is 12 15 15 16. The Levite DYS464 underwent so-called double palindrome (multimarker) mutation, 12-15 → 12-12, and 15-16 → 15-15, which made it unique. Can it be a “diagnostic”? Certainly can. Motif 12-12-15-15 in R1a haplotypes almost certainly makes them Jewish. In a combination with some other distinct segments or single alleles, such as DYS458 = 14, the “diagnostic” is even more definite one.

To illustrate it, let us consider a base R1a Arabic haplotype, with a common ancestor of 4050 years ago (Rozhanskii and Klyosov, 2012):

**13 25 16 11** 11 14 12 **12** 10 13 **11** 30 – 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 – 11  
12 19 23 16 16 18 19 34 38 13 11 – 11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12  
13 8 14 23 21 13 12 11 13 11 11 12 13 – 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 13 12 10 9 12  
11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15 19 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11  
11

Its 6 marker “standard” fragment is the same as the “Russian Plain” haplotype, the same as the DYS464 quadruple, 12 15 15 16. The Jewish haplotype is quite distinct from the Arabic one. The explanation is simple: the Arabic base haplotype descended from the Russian Plain haplotype, which was brought to the Middle East about 4000 years ago, so the two base haplotypes differ rather insignificantly. The Levite base haplotype arose (or rather passed through a population bottleneck) only 1300 years ago, and departed (mutation-wise) from the Russian Plain haplotype significantly. It acquired its uniqueness, hence, can serve a “diagnostic” value in some cases. Its bearers can practically unmistakably be recognized as Jewish.

In short, only haplotypes with recent common ancestor can be considered as having rather stable “signatures”, including those in Jewish haplotypes.

## References

- Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vézina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010). Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristics, molecular bases, and forensic implications. *Am J Hum Genet* 87, 341-53.
- Behar, D.M., Thomas, M.G., Skorecki, K., Hammer, M.F., Bulygina, E., Rosengarten, D., Jones, A.L., Held, K., Moses, V., Goldstein, D., Bradman, N., Weale, M.E. (2003). Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries. *Am J Hum Genet* 73, 768-779.
- Bradman, N., Thomas, M., Goldstein, D. (1999) The genetic origins of Old Testament priests. In: Renfrew CE (ed) *Population specific polymorphisms*. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom, pp. 31-44.
- Burgarella, C., Navascués, M. (2011) Mutation rate estimates for 110 Y-chromosome STRs combining population and father-son pair data. *Eur. J. Human Genet.* 19, 70-75.
- Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009). Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. *Hum. Genet.* 126, 707-717
- Kilin, V.V., Klyosov, A.A. (2014) A novel TMRCA calculator working in all practically possible time ranges between hundreds of years to millions of years before present, based on random walk model. *Proceedings of the Academy of DNA Genealogy*, 7, 438-478.
- Klyosov, A.A. (2008) Origin of the Jews via DNA genealogy. *Proceedings of the Academy of DNA Genealogy*, 1, 54-232.
- Klyosov, A. A. (2009a). DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. *Journal of 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. *Journal of Genetic Genealogy*, 5, 217-256.
- Klyosov, A. A. (2009c). A comment on the paper: Extended Y chromosome

haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. *Human Genetics*, 126, 719-724. doi:10.1007/s00439-009-0739-1

Klyosov, A.A. (2010) Origin of the Jews and the Arabs: Date of their most recent common ancestor is written in their Y chromosomes – however, there were two of them. *Nature Precedings*, hdl:10101/npre.2010.4206.1, <http://precedings.nature.com/documents/4206/version/1>

Rootsi, S., Behar, D.M., Järve, M., Lin, A.A., Myres, N.M., Passarelli, B., Poznik, G.D., Tzur, S., Sahakyan, H., Pathak, A.K., Rosset, S., Metspalu, M., Grugni, V., Semino, O., Metspalu, E., Bustamante, C.D., Skorecki, K., Villems, R., Kivisild, T., Underhill, P.A. (2013) Phylogenetic applications of whole Y-chromosome sequences and the Near Eastern origin of Ashkenazi Levites. *Nature Communications*, 4, Article number 2928, DOI: doi:10.1038/ncomms3928.

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

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

Skorecki K, Selig S, Blazer S, Bradman R, Bradman N, Waburton PJ, Ismajlowicz M, Hammer MF (1997). Y chromosomes of Jewish priests. *Nature* 385:32

Thomas MG, Skorecki K, Ben-Ami H, ParWtt T, Bradman N, Goldstein DB (1998). Origins of Old Testament priests. *Nature* 394, 138-140.

Thomas, M.G., Parfitt, T., Weiss, D.A., Skorecki, K., Wilson, J.F., le Roux, M., Bradman, N. and Goldstein, D.B. (2000). Y Chromosomes traveling South: the Cohen Modal Haplotype and the origin of the Lemba – the “Black Jews of Southern Africa”. *Am. J. Hum. Genet.* 66, 674-686.

Zhivotovsky LA, Underhill PA, Cinnioglu C, Kayser M, Morar B, Kivisild T, Scozzari R, Cruciani F, Destro-Bisol G, Spedini G, Chambers GK, Herrera RJ, Yong KK, Gresham D, Tournev I, Feldman MW, Kalaydjieva L (2004). The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time. *Am J Hum Genet* 74:50-61.

Zoosmann-Diskin, A. (2006) Ashkenazi levites' "Y modal haplotype" (LMH) - an artificially created phenomenon?. *Homo*, 51, 87-100.

## Предисловие редактора

Булат Азаматович Муратов публикует в нижеследующей статье интересные данные о сходстве башкирских и осетинских гаплогрупп и гаплотипов. В принципе, для получения обоснованных трактовок, в какую сторону и когда шли миграции, либо с Кавказа в Приуралье, либо наоборот, с Урала на Кавказ, надо идентифицировать глубокие субклады и определить ДНК-датировки жизни общих предков. Некоторые данные уже есть (например, по глубоким субкладам) или могут быть получены (например, ДНК-хронологические расчеты). Но в статье мы видим в основном предположения, часто ни на чем не основанные. Автор повторяет «по моему мнению», или «на мой взгляд», или соответствующие эквиваленты. Зачастую никаких оснований для таких высказываний нет, например, о миграциях G2a во времена андроновской культуры, или о прибытии носителей той же гаплогруппы вместе с ариями в Индию. Поэтому то, что мы читаем – это некая фантазийная картина, «по мнению автора». Назвать это научным подходом нельзя. Для каждой гипотезы, если ее считать гипотезой, нужно иметь хотя бы пару фактов или наблюдений, пусть это ДНК-датировки, археологические данные. Ясно, что если содержание G2a в Индии практически одинаково как в высших кастах, так и в остальных кастах, то это явно не признак ариев. Если при этом ДНК-датировка оказывается более 6000 лет, то тем более не признак ариев, тем более что рядом, в Иране, наблюдаются автохтонные G2a, с подобными датировками. Гаплогруппы в статье вообще не сравниваются и не приводятся.

Поэтому редактору пришлось пойти на крайнюю меру, к которой он прибегает редко – ввести ряд редакторских комментариев непосредственно в статью. Иначе он, редактор, нес бы ответственность за те фантазийные или не слишком корректные высказывания, а читатель думал бы, что это и есть последнее слово науки. Поэтому давайте воспринимать статью как симбиоз ряда интересных фактов и прочих голых предположений, мало чем, или вообще ничем не обоснованных.

А.А. Клёсов

# Исседоны, бурджаны и их потомки

Б.А.Муратов

[bulat-m@ya.ru](mailto:bulat-m@ya.ru)

Исседоны – древний народ [1], о котором нам из письменных источников известно сравнительно мало. Исследователи нашего времени помещают исседонов в Южную Сибирь и Зауралье, отмечая их северное расположение от приаральских массагетов [2].

В основном ученые ссылаются на сообщение античных авторов, которые говоря о массагетах упоминали, что те живут напротив исседонов [3]. Часть исследователей в асийском племени массагетов видят тех же самых исседонов [4]. Другие отмечали, что и предками осетин, возможно, были исседоны, в частности об этом писали В. Сен-Мартен, Д. Лавров, П. Услар [5].

Согласно Геродоту, у исседонов, как и у сармат, женщины обладали равными правами с мужчинами [6]. Аристей даже совершил путешествие к исседонам, именно он сообщает что исседоны надавили на скифов, что вынудило последних уйти в Причерноморье [7]. Об обычаях исседонов в своей поэме «Аримаспия» древнегреческий путешественник Аристей писал, что исседоны носили длинные пучки волос [8].

Если гипотеза о локализации исседонов на Урале подтвердится, то это даст ответ загадке [9] В.Ф.Миллера, высказанную им в нач. XX века. – откуда в осетинском языке древний угорский пласт [10] ? Теперь это можно будет объяснить присутствием предков осетин на Южном Урале, где их северными соседями были угро-финские племена, при условии, что предков осетин G2a1 можно будет отождествить с каким-либо

древним народом, проживающем до н.э. на Южном Урале, в частности с исседонами. Но угорский пласт мог проникнуть в осетинский язык и позднее, в эпоху гуннов, авар, савир и мадьяр, кочевых племён обитавших в т.ч. и на Кавказе, и которые в определенный исторический момент могли контактировать с предками осетин на их современной территории проживания.

На уход исседонов с прежних мест своего обитания в частности указывают античные источники [11], а по данным археологии мы можем проследить исчезновение определённой археологической культуры в I тыс. до н.э., исследователями отнесенную предположительно к исседонам\*.

Этноним «исседон» можно расшифровать как «асы многочисленные, живущие у реки (иссе – асы,/асии + т – формант множественного числа в иранских языках и осетинское 'дон' – река)» [12].

Этноним «ас» встречается также среди тюркоязычных народов мира [13], и для осетин не является их самоназванием. У части угрофинских народов слово «ас» обозначает человека [14]. Интересно, что самоназвание этнографической группы осетин – ироны, в единственном числе – ир [15], совпадает по звучанию с самоназванием удмуртов – ары, и с башкирским термином «ир» в значении «муж, мужчина», что косвенно указывает на присутствие предков осетин G2a1 на территории Южного Урала. Примечательно, что тюркское *ir* в значении «мужчина, человек, муж» совпадает с точно таким же санскритским термином *vira*, что, по-видимому, является туранским\*\* субстратом в тюркских языках. Потомки туранцев у тюрков в основном представители гаплогруппы R1a [16] (*Примечание редактора: доказательство данного положения по приведенной ссылке отсутствует*).

У осетин основная гаплогруппа G2a1 [17]. Древние G жили в Европе [18], ещё до прихода туда R1a и R1b (*Прим. редактора: до прихода R1b – правильно; до прихода R1a – неизвестно*). На мой взгляд, язык древних G – был близким к современным картвельским и адыго-абхазским языкам. У осетин гт. G2a, и возможно слово «дон» является субстратом древнего кавказского языка, на котором говорили предки осетин [19].

Так, картвельское значение *დენა* [дена] – ‘течь, течение, поток’ [20], – близко по звучанию к осетинскому «дон», также в однокоренных словах:

- река *მდინარე* - *mdinare*,
- влага *ტენიანობა* – *tenianobis*,
- влажность *ტენიანობა* – *tenianoba*.

Субстрат кавказских языков мог проникнуть в индоевропейские в III тыс. до н.э., в период проживания части индоевропейских племён в Причерноморье и их этнического и культурного контакта с древними народами Кавказа.

В санскрите, схожесть с термином «дон» имеет слово *dhuni* धुनि, в значении ‘ревущая, звучащая, буйная; река’ [21].

Также возможно и авестийское «дану» в иранских языках несёт обозначение «река» [22].

Дон, Днестр, Дунай, Днепр, Донец – гидронимы, с корнем *dhuni* धुनि, названия этих рек остались с того древнего периода – когда протоиндоиранская общность ещё была единой и формировалась в степях Северного Причерноморья.

Отсутствие слова «дон» в значении 'река, вода' у других современных индоевропейских народов, кроме осетин, косвенно указывает, что по гидрониму «дон», можно определить географию расселения древних

носителей языка, говоривших на языках — близких к языку современных осетин.

Тюркское «дингез» в значении «океан, море» скорее объясняется поздним субстратом уже индоиранского термина *dhuni* धुनि — в тюркские языки. Вероятно, этот субстрат попал в тюркские языки в период миграции арийских племён во II тыс. до н.э. с Причерноморья на восток, и лингвистического и культурного контакта индоиранцев с прототюрками в Южной Сибири.

Исследуя индоевропейские слова, сохранившиеся только в современном осетинском языке, следует учитывать и данные ДНК-тестирования осетин, и здесь обнаруживаем интересные генеалогические параллели осетинских фамилий с башкирскими кланами упей и бурзян.

Клан упей (упо) [23], проживающий в Зауралье, по данным ДНК-тестирования совпадает с иронскими и дигорскими G2a1, причем у упейцев линии G2a1a+P18 [24] (*Прим. редактора: snip P-18 снят из номенклатуры в конце 2013 года по причине его ненадежности и невозпроизводимости. Цитата из сводки ISOGG 2014 года: «P18\_1, P18\_2, P18\_3 has been found to be an unreliable palindromic snp. Men in the same family do not have identical results; withdrawn from the tree on 9 December 2013»*).

Примечательно, что клан упей проживают там же, где ранее проживали согласно современным [25] историческим данным древние исседоны.

Упейцы, на мой взгляд, являются остатками древних G2a1, живших на Урале с андроновских времён. (*Прим. редактора: «с андроновских времен» никак не мотивировано. Проще и правильнее сказать, что мы не знаем, с каких времен. Если они вообще там жили, о чем говорит выражение «на мой взгляд»*).

Вероятно, часть представителей гт. G2a1 и G2a3 участвовали в общей миграции на восток с Европы в сторону Урала – вместе с другими индоиранскими племенами гаплогруппы R1a в III-II тыс. до н.э. (Прим. редактора: неизвестно, вместе с индоиранскими племенами, или намного позже со скифами, если вообще G2a мигрировали запад с востока). на Часть представителей субклада G2a3b+P303 дошли до Индии, где их незначительное присутствие (на сегодняшний день менее 1%) – обнаруживается, в том числе, и среди высших индоарийских каст – брахманов [26] (Прим. редактора: Действительно, доля гаплогруппы G среди брахманов в Индии минорна, и примерно соответствует доле той же гаплогруппы среди прочих (не высших) каст (Sharma et al, 2009, J. Human Genetics, 54, 47-55). Уже это показывает, что маловероятно появление носителей этой гаплогруппы в Индии среди ариев примерно 3500 лет назад. Это могли быть немногочисленные инфильтрации в Индию со стороны Иранского плато, или со скифами, которые в Индии появлялись, к явному неприятию со стороны индийцев (частное письмо редактору из Индии). В известной таблице Sengupta из 1097 гаплотипов в Индии – и немногих из Средней Азии и Пакистана – всего 17 гаплотипов G2a (9 в Индии и 8 в Пакистане), в десять раз меньше, чем, например, гаплотипов R1a, причем доля последних в высших кастах Индии достигает 72%. 17 указанных 6-маркерных гаплотипов содержат 32 мутации от базового гаплотипа 14 22 15 10 12 11, что составляет  $32/17/0.0088 = 214 \rightarrow 272$  условных поколений, или примерно 6800 лет до общего предка). Эти шесть аллелей равны, например, соответствующим балкарским аллелям гаплогруппы G2a2b: **14 22 15 10 14 15 11 12 12 12 11 29**, но намного древнее. Возможно, этот древний возраст обусловлен смесью гаплогрупп G2a2b и других субкладов группы G2a в индийско-пакистанских гаплотипах, хотя судя по DYS392=11 во всех 17 гаплотипах гаплогруппы G2a1a там нет, у ее базового гаплотипа DYS392=10. Этот вопрос нужно изучать, а не делать фантазийные предположения. Хотя в следующем абзаце автор их практически нивелирует).

Сейчас трудно сказать были ли предки осетин G2a1 на Урале в андроновские времена, и ушедшие впоследствии в I тыс. до н.э. на Кавказ, или миграция осетинских G2a1 на Кавказ с Европы вообще проходила не по территории Южного Урала, а уральские G2a1 – это параллельная ветка, история которой развивалась самостоятельно на Урале.

Другой субклад осетин R1b+Z2105 обнаруженный у дигорцев, скорее позднего происхождения. Данные ДНК-тестирования дигорских осетин совпадают с данными бурзян R1b+Z2105 [27]. Предварительный подсчет по формуле СКРЖАММ [28] бурзянских R1b+Z2105 (236257) и дигорских R1b+Z2105 (159888) указывает на 2600+250 лет назад до их общего предка [29] (*Примечание редактора: найти описание формулы по ссылке не удалось, во всяком случае для 1-го издания цитируемой книги. Без этого невозможно оценить достоверность расчетов. Но то, что в названии формулы фигурирует Животовский (буква Ж) никак не способствует достоверности формулы. Как вообще сомнительно существование некой новой формулы, тем более что в ней целая обойма – семь «авторов». На самом деле формула всего одна, и она хорошо известна – это известное уравнение химической (и биологической) кинетики первого порядка, в которое введена поправка на возвратные мутации при временах до общего предка, превышающих 600 лет. Та же формула в «квадратичном» варианте не нуждается и в поправке, и обе они дают величину  $kt$ , где  $k$  – константа скорости мутации, и  $t$  – время до общего предка данного набора гаплотипов. Логарифмическая «формула» дает то же самое, просто при ее применении не надо считать мутации. Все эти варианты описаны в статье (Klyosov, J. Genet, Genealogy, 2009, и с тех пор ничего нового не появилось, за исключением расчетов по SNP, но это в принципе другая методология, хотя тоже кинетика первого порядка. Вся разница в применении известной формулы только в том, какие значения констант скоростей мутации использовать, но для это не нужно новой «формулы» с участием семи «авторов» и с пометкой «модифицированная формула». Например, у Л.А. Животовского – та же формула, только*

*константа скорости мутации одинакова для всех гаплотипов и маркеров, и втрое ниже других величин, что и приводит к завышению времен до общего предка примерно на 300%. Что объединяет его и его шесть шесть других «авторов» в некой «модифицированной» формуле – совершенно непонятно).*

Башкирские бурзяне проживают у хребта Ирандек на Южном Урале, само название хребта можно перевести как «иранская возвышенность» [30], или даже как «иронов гора».

Дигорские R1b+Z2105 и бурзянские R1b+Z2105 являются потомками аланского клана бурджан, входивших в массагетский союз племён. Кратко история бурджан ранее была рассмотрена в предыдущей статье [31], отметим только, что известны они были в письменных источниках и под именем алан-бурджан [32].

С упейцами и бурзянами частично связана индоиранская топонимика на Южном Урале, которые обнаруживает удивительные параллели, в т.ч. и с осетинским языком.

Интересно, что клан упей с башкирского яз. – значит «речные», т.е. «живущие у реки». В этнониме «исседон», мы также видим кальку с осетинского – «дон» (река). А.Херман и Г.Вернадский отмечали, что название реки Исеть осталось от исседонов [33]. Именно на берегах этой реки и проживают башкиры клана упей.

Упейцы G2a1 проживают в горной области Южного Урала, как и осетинские G2a1, живущие в горах Кавказа. Если миграция предков осетин G2a1 с Урала реальность – то обращает внимание то, что они переселились именно в горную область, напомилавшую им прежнюю свою родину на Урале.

Упейские G2a1 проходят по базе Генографика, и их гаплотипы к сожалению неизвестны, кроме их терминального снипа P18 [34] (см. примечание редактора выше относительно P18).

Отметим также, что в открытом доступе в настоящее время в ФТДНА известны также гаплотипы юрмийского (№236254) и кубалекского (№117713) кланов башкир, схожие с осетинскими G2a1 [35].

Время появления на Южном Урале гаплотипов, характерных для Юрми (236254) G2a1 и Кубалека (117713) G2a1 – пока остаётся под вопросом.

В целом следует отметить присутствие не просто индоиранской топонимики на Южном Урале, но и в т.ч. топонимики, близкой к осетинскому языку.

Вот, к примеру, часть опубликованных в научных изданиях осетинских, иранских, индоиранских и индоевропейских топонимов\*\*\*, обнаруженных лингвистами на Южном Урале [36]:

#### Осетинские и иранские:

1. река *Awdon/Авдон* – полноводная река, осетинское – *авд дон* – седьмая река;
2. река *Eteq/Атак* – овражная[37], осетинское – *адаг* – овраг;
3. клан *Bourujan/Бурзян* – возвышенный[38], живущие на возвышенности, осетинское – *баерзонд* – высокий;
4. река *Dusuuk/Дусуук* – двойная, осетинское – *дуа* – два;
5. хребет *Irandek/Ирандек* – Иранская возвышенность[39]; *ирон* – самоназвание части осетин;
6. озеро *Kap/Кап* – рыбное, осетинское – *каеф* – определенный тип рыбы;

7. озеро *Kashkadan/Кашкадан* — чистая вода, осетинское — *дон*[40]  
— река;
8. гора *Kashhuh/Каухух* — камышовая гора[41], осетинское — *хъаез*[42] *хох*;
9. река *Kuha/Куха* — горная, осетинское — *хох* — гора;
10. река *Uzala/Узала* — холодная[43], осетинское — *уажал* — холод;
11. река *Urthan/Урдан* — осетинское *дон* — река;
12. река *Syrthan/Сырдан* — большая (?) река; осетинское *дон* — река;
13. река *Sithan/Садан*[44] — чёрная река или родник, осетинское — *Саудон/Садон* или *Суадон*[45];
14. река *Tanip/Таныт* — осетинское *дон* — река;
15. гора *Shaushah/Шаушах* — чёрная гора[46], осетинское — *сау хох* — чёрная[47] гора.
16. возвышенность *Shubin/Шубин* — черная влага, второе название — Караман; осетинское *сау* — чёрная;  
и др. топонимы Южного Урала.

#### Индоиранские и индоевропейские:

17. *Ablay/Абла́й* — (названия нескольких башкирских аулов — от иранского абэ лай «вода ила, влага тины»);
18. *Abrau/Абра́й* — комоним в Башкортостане — сравните: скифское абра "облако");
19. река *Armet/Армет* — название, носящее имя индоиранской богини Арматай, Армайти, протекающая в Гафурийском, Ишимбайском районах. Это слово, возможно, имеет параллель в санскрите: *amṛta* — "бессмертный", "мир богов", "бессмертие", "напиток бессмертия", "нектар", "целебный напиток", "вода", 'молоко'[48];
20. река *Arta/Артя* — правдивая, авестийское 'rta' — мировой порядок;
21. местность *Asha/Аша* — истина, авестийское 'asha' — истина[49];

22. река *Ashkathar/Ашкадар* – светлая, белая, чистая река[50], древнеиранское – 'ashka darya' – чистая река;
23. река *Bersewen/Берсувань* – лев. пр. Белой в Чишминском, Уфимском р-нах. Авторы словаря топонимов РБ объясняют от бер "один", диал. сеуэн "быстрина, стремнина". Данное название легко объяснимо от курдского berd "камень", сев "песок" и эн – словообразовательный аффикс, часто употребляемый в названиях водных объектов в иранских языках. Например, Каран, Соран и т.п.
24. река *Zirgen/Зиргэн* – на почве иранских языков. вариант названий Зиргэн восходит к иран. зергун "золотистая, золотоносная"[51]. (Ср.: в башк. языке сохранилось слово зэр "золото", зэргэр "ювелир");
25. река *Inzer/Инзер* – лев. пр. Сима в Белорецком, Архангельским р-нах. Варианты названия Ингэр, Инжэр. Авторы словаря топонимов РБ объясняют от древнебашкирского оңғор "овраг, овражистая". Возможно, данное название индоиранский субстрат в башкирской гидронимии, объяснимый из санскрита: ing "двигаться", идти. и Iгуа "бодрый, подвижный", т.е. "идущая (текущая) бодро, подвижно", что соответствует течению данной реки. Вариант названия Ингэр более древний. Сравните: курд. engari "хороший".
26. река *Iset/Исеть* – исседонов река[52];
27. река *Iskaman/Искаман* – элемент 'ман, мань' А.П.Дульзон связывал с индо-европейской основой мано-, мани- 'влажный, мокрый';
28. река *Qatmandi/Катманды* – многослойная влага;
29. река *Miass/Миасс* – 'медная' с иранских языков – meth;
30. река *Rya/Ря* – прав. пр. Ика в Ермекеевском р-не. Возможно, от санскр. ramh 'течь', гауа 'поток', rasa "жидкость, влага" и др. [53] Как известно, первое зафиксированное название Волги – Ра. Оно

впервые упомянуто в «Географии» Клавдия Птолемея (II в. до н. э.).

31. река *Ratamak/Ратамак* — горло реки Ра[54]. В Ермакеевском р-не. От назв. местн. Рэтамак (Рэ — гидроним и тамак "устье");
32. река *Retush/Ратуш* — в Нуримановском р-не. От назв. горы Рэтуш (Рэ — гидроним, туш "склон горы").
33. река *Rauthek/Раузяк* — прав. пр. Зигана в Ишимбайском р-не. От гидронима Ра и геогр. термина узэк "ложбина".
34. река *Reth/Рез* — иранское — 'течь, литься'[55];
35. река *Sim/Сим* — прав. пр. р. Белой в Челябинской обл. и р. Эсем в Башкортостане — от перс. сим "серебро"[56].
36. клан *Uro/Уней* — речные, *an* — индоиранское — река;
37. река *Urakan/Урякан* — восходит к иранским языкам: *ya* — 'вода'[57] + *rya*[58] + *kan* 'место, присутствие чего-либо'[59];
38. река *Sakaman/Сакамань* — саков влага;
39. река *Saktara/Сакмара* — извилистая река саков;
40. река *Samara/Самара* — извилистая река саев;
41. гидроним и гора *Sarmat-tau/Сармат-тау* — сарматов гора[60];
42. река *Sarman/Сармен* — с иранских "сановитый человек"[61];
43. река *Sarwa/Сарва* — прав. пр. Салдыбаша в Нуримановском р-не. Название объяснимо из санскрита: *Śarua* — имя божества: санскр. *Śarva*.
44. река *Sterlya/Стерля* — лев. пр. Ашкадара. Ср.: Стэрле — р, лев. пр. Ика в Республике Татарстан. Возможно, данное название индоиранский субстрат в башкирской гидронимии. Сравните: нем. *Stor*, д.-в.-н. *stur(e)* "осетр". Стэрле — осетровая.
45. река *Sura/Сура* — солнечная;
46. река *Turman/Турман* — туров влага;
47. река *Chemet/Чемань* — черная влага и др.
48. река *Shadi/Шады* — Выдвинуто несколько предложений о его происхождении. Дж.Г. Киекбаев шазы//шизе считал финно-

угорским элементом, связанным с этнонимом чудь, З.Г.Ураксин пишет, что гидронимы с шазы//шизе обозначают мелкие водные объекты — речки, ключи, известные в пределах одной-двух деревень, Р.Х. Халикова считает, что башкирское происхождение слова ближе к истине. Возможно, элемент шазы//шизе субстрат финно-угорской, тюркской и индоиранской языковой общности. В Мари Эл имеются гидронимы с элементом Шуду-: например, река Шудугуж. Профессор И.Г.Иванов объясняет этот гидроним следующим образом: «поляна при реке Шуду», Шуду — гидроним. На наш взгляд, параллели к слову шуду имеются во многих финно-угорских языках: фин. *suu* эст. *suu*, саам. *codola* "горло", мар. шу: им-шу "игольное ушко" (им "игла"), удм. сю: сюэ куасьме "мое горло сохнет", манс. *sunt* "устье реки", "отверстие сосуда", венг. *szai, szad* "устье реки". В иранских языках данное слово имеет значение "яма, колодец, котловина, ров, водоем", а в осетинском языке *cad//cade* — "озеро", в бактрийском *sado, cad* — "колодец, водоем".

49. река *Shaksha/Шакша* — левый приток Уфы, Шакша шишмэ — родн. в Мечетлинском районе, д. Теляшево, на наш взгляд, индоиранское название. В иранских языках памирского ареала *siх* м.р. "горький, крепкий, насыщенный", *soх, seх* "горький", "соленый" < *saxsa-* ж.р.\

50. река *Yaiq/Яик* (старое название реки Урал)– авестийское Даити; и др. топонимы Южного Урала.

Также есть реликтовые слова и родовые имена упейцев и бурзян, сохранившиеся в башкирском языке и имеющие параллели в осетинском языке. Так, у бурзян слово 'соловей' звучало как — *был-был*, в осетинском языке, соловей будет как — *булаемаергъ*[62].

Или, к примеру, родовое имя Алдар у башкирских бурзян — имеет схожесть с титулом «алдар» у осетин...

\* \* \*

В завершении, хотел бы поблагодарить историка и журналиста, замечательного человека и женщину – Дзокаеву Тину Константиновну, за помощь в переводах с осетинского языка и предоставленной библиографии, столь необходимой для написания этого исследования.

### **Библиография и примечания**

1. Дзокаева Т.К. Осетины в плену у аланов. М., Граница, 2007, 176 с., ISBN: 978-5-94691-281-5, С.71.
2. Neumann K.F. Die Volker des sudlichen Russlands in ihrer geschichtlichen Entwicklung. 2. \*Aufl. Leipzig, 1855; Idem, Dde Hellenen im Skythenlande. Ein Beitrag zur alten Geographie, Ethnographie tipd Handelsgeschichte. Berlin, 1855, Bd.I.
3. Геродот. История (I, 201). Доватур А. И., Каллистов Д. П., Шишова И. А. Народы нашей страны в «Истории» Геродота. М., Наука, 1982.
4. Бернштам А.Н. К вопросу об усунь, кушан и тохарах, 1947; Лысенко Н.Н. Этногенез и военная история иранских кочевников Евразии в период II в. до н.э. – II в. н.э., С.11. ; Дзокаева Т.К. Осетины в плену у аланов. М., Граница, 2007, 176 с., ISBN: 978-5-94691-281-5, С.71.
5. Гаглойти Ю.С. Аланы и вопросы этногенеза осетин. Тбилиси, Мецниереба, 1966.
6. Геродот, Ist., IV, 26.
7. Доватур А.И., Каллистов Д.П., Шишова И.А. Народы нашей страны в «Истории» Геродота. М., Наука, 1982, С.50.
8. Пьянков И.В. Аристей путешествие к исседонам//альманах Исседон, 2005, 256 с. Екатеринбург, Т.3, С.31.
9. Миллер В.Ф. Осетинские этюды в 3-х частях. Владикавказ, 1992 (репринт).
10. Миллер В.Ф. Язык осетин (перевод с немецкого языка издания 1903 г.). М.-Л., Наука, 1962.

11. Геродот. История (I, 201). Доватур А. И., Каллистов Д. П., Шишова И. А. Народы нашей страны в «Истории» Геродота. М., Наука, 1982.
12. Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования (3-е издание), 246 с., ISBN: 978-5-9904583-1-4. Серия «Этногеномика и ДНК-генеалогия», ЭИ проект «Суюн». М., Урал, 2013, С.237.
13. Кисамов Н. Этническая принадлежность скифо-сарматов//Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, ISSN 1942-7484, Авг. 2012, Том 5, №8, С.979-1012
14. Ашмарин Н. Болгары и чувашаи. Казань, 1902, С.41.
15. Таму. У осетин три этногруппы//alanla.forum24.ru/?1-0-0-00000315-000-90-0#058.001, С.4.
16. Муратов Б.А. Суюнов Р.Р. ДНК-генеалогия башкирских родов из сако-динлинской подветви R1a+Z2123//Суюнов Р.Р. Гены наших предков (2-е издание). ISBN: 978-5-9904583-4-5, Серия «ЭиД», Т.3., ЭИП «Суюн», 2014, 250 с., С.20.
17. Ossetian DNA project of FTDNA, familyreedna.com/public/Ossetian/default.aspx?section=yresults
18. Клёсов А.А. Кто такие скифы, кто их предки и потомки?//pereformat.ru/2013/06/kto-takie-skify/, от 20.06.2013, в комментариях.
19. Катчиев А.Х. Картвельская этимология осетинского ДОН//alanla.forum24.ru/?1-11-0-00000025-000-0-0-1404337838
20. Грузинско-русский словарь Нико Чубинашвили//slovarus.info/gru\_1812.php.
21. Трусков С.В. Об ираноязычии скифов и сарматов. Часть 1//skolo.ru/ancient-script/43-ob-iranoyazychae-skifov-i-sarmatov.html; dhuni धुनि Academic Dictionaries and Encyclopedias //sanskrit\_english.enacademic.com.
22. Авеста. «Гимн Ардвисуре» (Яшт V, 73).
23. Башкирское написание клана упей (упо) – *Өпө, Өпэй*.

24. Гумерова А.Я., Юсупов Ю.М., Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т., Асылгужин Р.Р., Балановская Е.В. К вопросу о тюркско-угорском компоненте в этногенезе северо-восточных башкир//Молодежная конференция-сателлит «Популяционная генетика и геногеография: наука и практика» при Международной конференции «Проблемы генетики населения и этнической антропологии», посвященной памяти выдающегося генетика и антрополога Юрия Григорьевича Рычкова. (19-21 ноября 2013 г.). г. Москва. С.5.
25. Neumann K.F. Die Volker des sudlichen Russlands in ihrer geschichtlichen Entwicklung. 2. \*Aufl. Leipzig, 1855; Idem, Dde Hellenen im Skythenlande. Ein Beitrag zur alten Geographie, Ethnographie tipd Handelsgeschichte. Berlin, 1855, Bd.I.
26. Что это за ветка?//alanla.forum24.ru/?1-0-0-00000290-000-90-0-1391157018, С.4.
27. National clans project на FTDNA amilytreedna.com/public/Bashqort\_Clans/default.aspx?section=yresults
28. Модифицированная формула А.А.Клёсова А.А. и И.Л.Рожанского для подсчёта генеалогического возраста. Подробно о СКРЖАММ см. Муратов Б.А. Этногенз башкир: историография и современные исследования (2-е издание). Vila do Conde, Lidergraf, 2013, 286 с., ISBN: 978-5-9904583-6-9, Глоссарий 311, С.248.
29. Муратов Б.А., Суюнов Р.Р. Гаплотипы бурзянских башкир//Вестник Академии ДНК-генеалогии. Boston-Moscow-Tsukuba, Volume 6, №12 December 2013, С.2091.
30. Галлямов С.А. Башкорды от Гильгамеша до Заратуштры. Уфа, РИОН РУНМЦ РБ, 1999.
31. Муратов Б.А., Суюнов Р.Р. Гаплотипы бурзянских башкир//Вестник Академии ДНК-генеалогии. Boston-Moscow-Tsukuba, Volume 6, №12 December 2013, С.2091.
32. Уметбаев М. Ядкар. Казан, 1897, С.40.

33. Herrmann A. Issedoi, PW, 18 (1916), col. 2244; Вернадский Г.В. 3. Греческие колонии на северном побережье Черного моря//Древняя Русь, Т.1. 1943.
34. Гумерова А.Я., Юсупов Ю.М., Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т., Асылгужин Р.Р., Балановская Е.В. К вопросу о тюркско-угорском компоненте в этногенезе северо-восточных башкир//Молодежная конференция-сателлит «Популяционная генетика и геногеография: наука и практика» при Международной конференции «Проблемы генетики населения и этнической антропологии», посвященной памяти выдающегося генетика и антрополога Юрия Григорьевича Рычкова. (19-21 ноября 2013 г.). г. Москва. С.5.
35. Soraman проект на FTDNA  
[familytreedna.com/public/suyun/default.aspx?section=yresults](http://familytreedna.com/public/suyun/default.aspx?section=yresults)
36. Усманова М.Г. Имя отчей земли. Историко-лингвистическое исследование топонимии бассейна реки Сакмар. Уфа, Китап, 1994, 272 с., С.140-142; Кейекбаев Ж.Ф. Хэзерге башкорт теленен лексикаһы һәм фразеологияһы, С.114; Гарипова Н. Д., Гарипов Т. М. Заметка об иранских элементах в топонимии Башкирии//Топонимика Востока. М., 1969, С.185-189; Камалов А.А. Гидронимия Башкирии, С.4; Шакуров Р.З. По следам географических названий, С.127-129; Бухарова Г.Х. Об индоиранском субстрате в башкирской гидронимии [rusnauka.com/17\\_AND\\_2011/Philologia/3\\_89756.doc.htm](http://rusnauka.com/17_AND_2011/Philologia/3_89756.doc.htm)
37. Камалов А.А. Гидронимия Башкирии. С.18.
38. Галлямов С.А. Башкорды от Гильгамеша до Заратуштры. Уфа, РИОН РУНМЦ РБ, 1999.
39. Галлямов С.А. Башкорды от Гильгамеша до Заратуштры. Уфа, РИОН РУНМЦ РБ, 1999.
40. Гейбуллаев Г.А. Топонимия Азербайджана, С.99; Аскеров М.М. Структура и семантика иранского пласта топонимии Азербайджана, С.46.
41. Словарь топонимов Башкирской АССР, С.95.

42. Краткий русско-осетинский словарь. М., Русский язык, 1978, С.169.
43. Камалов А.А. Гидронимия Башкирии. С.18.
44. Матвеев А. К. Древнеуральская топонимика и ее происхождение//Вопросы археологии Урала. – Вып. 1. Второе Уральское археологическое совещание. Свердловск, 1961, С.133-142.
45. Краткий русско-осетинский словарь. М., Русский язык, 1978, С.419.
46. Миллер Б.В. Персидско-русский словарь, С.308.
47. Исаева З.Г. Языковые контакты и проблема ономастических 264 заимствований//Проблема осетинского языкознания. Орджоникидзе, 1984, С.60.
48. Кочергина В.А. Санскритско-русский словарь. М., Филология,1996, 944 с., С.68.
49. Кейекбаев Ж.Ф. Хэзерге башкорт теленен лексикаһы һәм фразеологияһы, С.114.
50. Кейекбаев Ж.Ф. Хэзерге башкорт теленен лексикаһы һәм фразеологияһы, С.114.
51. Кейекбаев Ж.Ф. Башкорт теленең лексикаһы һәм фразеологияһы. Өфө, Башк. кит. нәшр., 1966, С.115.
52. Herrmann A. Issedoi, PW, 18 (1916), col. 2244; Вернадский Г.В. 3. Греческие колонии на северном побережье Черного моря//Древняя Русь, Т.1. 1943.
53. Кочергина В.А. Санскритско-русский словарь. М., Русский язык, 1987, С.534, 539, 540.
54. Матвеев А. К. Топонимия Урала, С.72.
55. Матвеев А. К. Древнеуральская топонимика и ее происхождение//Вопросы археологии Урала. Свердловск, 1961, вып. I., С.133-141.
56. Матвеев А.К. Географические названия Урала: Краткий топонимический словарь. Свердловск, Сред- Урал. кн. изд-во, 1987, 208 с., С.155.
57. Гейбуллаев Г. А. Топонимия Азербайджана, С.108.

58. Матвеев А. К. Топонимия Урала, С.72.
59. Аскеров М. М. Структура и семантика иранского пласта топонимии Азербайджана; Дис. канд. филол. наук. Баку, 1984, С.94.
60. Усманова М.Г. Имя отчей земли. Историко-лингвистическое исследование топонимии бассейна реки Сакмар. Уфа, Китап, 1994, 272 с., С.140-142.
61. Гарипов Т.М. Родные наши языки//Живая память. Уфа, Китап, 1997, С.214-215.
62. Краткий русско-осетинский словарь. М., Русский язык, 1978, С.456.

\* Археолог К.А.Акишев считает, что тасмолинская культура относится к исседонам. Другие исследователи с исседонами отождествляют племена саргатской археологической культуры. Известные памятники: Ложка-4, Сидоровка, Тютрино, Марково-1, Абрамово-4. Первооткрыватели и известные исследователи: В.И.Молодин, Н.В.Полосьмак, В.И.Матющенко, А.В.Матвеев, Н.И.Мартынов.

\*\* Туранцы – степная общность, противопоставившая себя иранцам, но родственная им, в более позднее время туранцы были разноязычными. На заре своего появления на исторической арене, древние туранцы (туры) разговаривали на индоевропейских языках, вероятно близких к индоиранским наречиям.

\*\*\* Башкирское написание топонимов дано латиницей, для полной передачи фонетики приводимого термина.

# Информация о недавно завершеном Проекте "Great Duchy of Brabant" (Antwerp – Belgium)

BOEY Jean-Pierre

Редакция Вестника получила сообщение от автора (см. выше) настоящей информации, который за последние годы не раз обращался в Вестник с просьбами помочь ему в расшифровке его гаплотипа, по мере удлинения гаплотипа. Его письма и ответы редактора Вестника появлялись в разделе «Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии». Теперь Jean-Pierre сообщает о том, что Проект, начатый в 2009-2010 гг, завершен, в нем приняли участие 1094 жителя Бенилюкса (Бельгия, Нидерланды и Люксембурга). Ниже – перечень гаплогрупп в порядке их численности у участников Проекта. Вторая колонка – число обнаруженных гаплогрупп у 1094 участников.

R1b	663	60,60%
I1	134	12,25%
I2	79	7,22%
E1b1b	58	5,30%
G	42	3,84%
R1a	42	3,84%
J2a	39	3,56%
J1	12	1,10%
J2b	7	0,64%
T	7	0,64%
L	4	0,37%
Q	3	0,27%
R1	2	0,18%
N	1	0,09%
(n/a)	1	0,09%

Total 1094 haplotypes = 100 %

Комментарии редактора. В общем, никаких сюрпризов нет, да, в общем, и не ожидалось. Интерес представляли некоторые нюансы, например, как мало окажется гаплогруппы R1a или I2. Гаплогруппы R1b оказалось примерно 60%, как обычно и считается для центральной Европы, или для Европы в целом. Гаплогруппы I1 умеренно много (12%), в России ее примерно 5%. Зато I2 в России 16%, а в северо-Западной Европе – только 7%. Гаплогруппы E1b и G (скорее всего G2a), которые когда-то, более 5 тысяч лет назад, были доминирующими гаплогруппами «Старой

Европы», теперь находятся в зоне единиц процентов, 5% и 4%, соответственно. R1a – тоже около 4%, что довольно характерно для атлантической Европы. Характерно тоже, что почти не оказалось гаплогрупп J1 и J2, первой всего 1%, второй (в сумме J2a и J2b) – около 4%. Остальных – менее процента, включая и гаплогруппу Q. Гаплогруппа N – вообще одна на тысячу с лишним человек.

# О «кластере псевдорюриковичей», или «парарюрикидов» субклада N1c1-Y4338

Анатолий А. Клёсов

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

*Обратите внимание на распространение субклада Y4338, к которому относятся Рюриковичи (N). Как видите, он [хорошо представлен в Средней Швеции](#).*

*А. Муковников*

Давайте разберемся в тех подтасовках и передергиваниях, которые постоянно применяет А. Муковников и его сторонники-норманнисты, которые всеми силами стараются доказать, что Рюрик произошел из Скандинавии, был то ли финном, то ли шведом. Их каждый раз ловят за руку, но они никогда это не упоминают, и переходят к следующей уловке. Казалось бы, зачем это им нужно? Значит, есть причина. И нетрудно догадаться, какая причина. Для тех, кто еще не догадался, приведу пример. Я еще ни разу не встречал норманниста, который поддержал бы возвращение Крыма в Россию. Как, догадались о причине? Она – на поверхности.

Теперь – о последней увертке Муковникова. Он еще несколько лет назад утверждал, что сам вместе с несколькими шведами входит в «кластер рюриковичей», подразумевая под рюриковичами князей Российского Дворянского собрания гаплогруппы N1c1, субклада L550. На самом деле на 67-маркерном дереве гаплотипов, которое я представлял в Вестнике еще несколько лет назад, и воспроизведенном на Перефломате и в книге «Происхождение славян» (Алгоритм, 2013), князья находятся в виде отдельной компактной ветви, в стороне от которой была малая веточка Муковникова со товарищи (шведами). Понятия «в стороне» Муковников не воспринимал, ему хотелось быть непременно рюриковичем, хотя свою родословную он знает всего на 200 лет назад, в районе Липецка. Потом И.Л. Рожанский построил и опубликовал дерево 111-маркерных гаплотипов, на котором ветвь «шведа Муковникова» уехала еще дальше от княжеской ветви, и вопрос, казалось, был закрыт.

Прошло несколько лет, и Муковников опять появился. Выставил на Переформате следующее сообщение про свой кластер (в дискуссии к раннему очерку о рюриковичах):

>> Хочу вас уведомить, что ныне найдено 10 специфичных снипов этого кластера (Y4338-Y4347 в номенклатуре YFull).

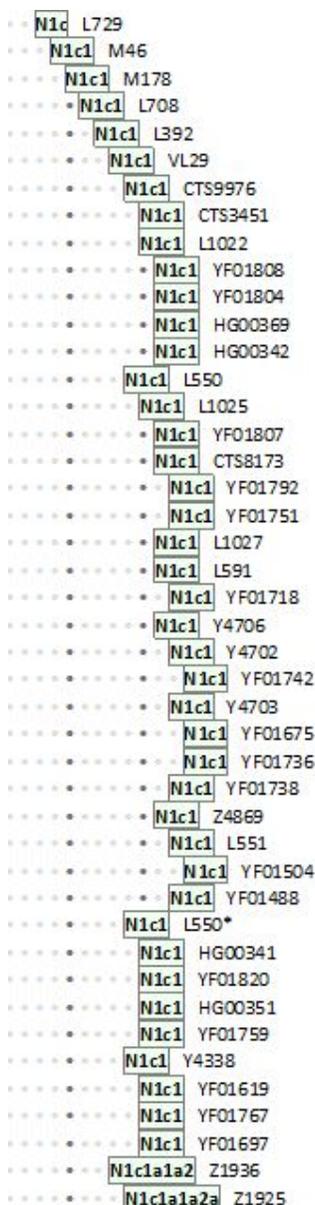
Тоже мне, удивил. Во-первых, его кластер меня мало интересует, разве что в общем контексте южно-балтийских (славянских) гаплотипов. Его кластер – не рюриковичи. Дело в том, что в гаплотипах этнических русских (славянских, по определению, так как они говорят на русском языке, языке славянской группы) гаплотипах гаплогруппы N1c1, имеются характерные метки, или «подписи», о которых я писал ранее в статье про рюриковичей на Переформате (и в книге «Происхождение славян»), в отличие, например, от финских гаплотипов. У славян там в четверке DYS464 14-14-15-15, у финнов 13-13-14-14. Так вот, в кластере Муковникова со шведами (а также финнами, русскими, румыном, шотландцем и французом) славянские 14-14-15-15, ничего скандинавского там нет.

Во-вторых, нашли там десять новых снипов, ну и что? Скоро и сто снипов найдут, и это будет означать только, что количество открываемых снипов быстро растет. Само по себе «десять новых снипов» в кластере ничего не дает, поскольку кластер, судя по четверке 14-14-15-15, а также паре DYS459 9-9, имеет славянское происхождение, у финнов эта пара 10-10. И в самом деле, почему шведское? Носители гаплотипов гаплогруппы N1c1 продвигались, естественно, с востока. Поэтому в Швеции есть либо финские, либо славянские гаплотипы, другим там взяться неоткуда. Так вот, в «кластере» Муковникова – именно славянские.

Как этот кластер сейчас выглядит? Об этом мы узнали из последнего сообщения Муковникова в дискуссии на Переформате (июль 2014) – «Обратите внимание на распространение субклада Y4338, к которому относятся Рюриковичи(N). Как видите, он хорошо представлен в Средней Швеции». Слева от карты приведены фамилии, из русских там один Муковников. Смотрим на Проект «Гаплогруппа N – северо-евразийский проект», там под заголовком «Рюрикиды и парарюрикиды L550+ L1025-Y4338+» - 16 гаплотипов, в основном те же фамилии, что на карте. Это – шесть финнов, четыре шведа, трое русских, один румын, один шотландец, один француз. Замечаете подтасовку? Муковников пишет про субклад Y4338, что «он хорошо представлен в Средней Швеции», а там шведов только четверть, 4 из 16. Видите, как ему страстно хочется, чтобы быть шведом, и чтобы рюриковичи были из Швеции? А там – мало того, что сборная солянка, причем финнов больше всех, и русских трое, про которых он скромно умалчивает, да еще и гаплотипы славянские. То есть это – явно южно-балтийские, славянские предки, потомки которых разошлись от России до Финляндии, Швеции, Шотландии, Румынии, Франции. Почему именно шведы так тянут Муковникова? Да потому же, что многим другим не нравится русский

Крым, только и всего. Русофобия, вот как это называется. По другому – норманизм. Эквивалентные понятия.

Идем дальше. Переформат получает очередное сообщение Муковникова, и модерация обращается ко мне, типа что делать? Скандальный тон. Нельзя такое пропускать. Согласен, говорю, нельзя, это только поощрять скандалиста, тем более лжеца. Потому что там опять подтасовка. Пишет, что князь Шаховской относится к субкладу Y4338, у него снп YF01697, а значит, так же и рюриковичи.



А подтасовка в том, что в субкладе Y4338 на самом деле как минимум три отдельных субклада, и YF01697 – один из этих трех, на схеме ниже на последнем месте. Где находятся остальные из 16 членов этого кластера –

неизвестно, вполне возможно, в другом субкладе, например, YF01619 или YF01767, или еще какой новый откроют. А Муковников силится подогнать, передеднуть, что якобы вместе со шведами, причем именно со шведами.

Да если бы даже оказались в одном самом нижнем субкладе, так что с того, если предки нынешних зарубежных потомков этого субклада - южно-балтийские славяне, как видно из их гаплотипов? Почему это Муковников направление подтасовывает из Швеции непременно в Россию? Мы же уже знаем, что шведских R1a в России практически нет. Или у них, у шведских мигрантов, гаплогруппы на границе проверяли? И носителей R1a обратно заворачивали? Смешно все у русофобов, всё у них как-то вывернуто.

Точку в этом вопросе ставят гаплотипы. «Кластер» парарюрикидов, что означает «фальшивые рюриковичи» содержит, как было указано, 16 гаплотипов, базовый гаплотип которых

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 - 18 **9 9** 11 12 25 14 19 28 **14 14 15 15** - 11 11  
18 20 14 15 16 19 35 35 14 10 -- 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7  
13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11

(славянские «подписи» выделены), и он отличается на 4 мутации от базового гаплотипа «рюриковичей», членов Российского Дворянского собрания:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 - 18 **9 9** 11 12 25 14 19 28 **14 14 15 15** - 11 11  
18 20 14 15 16 19 **34 34 15** 10 -- 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 **20** 22 14 10 12 12 **18** 7  
13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11

(те же самые славянские «подписи» выделены). 4 мутации разводят общих предков «кластера Муковникова» и князей-«рюриковичей» на  $4/0.12 = 33 \rightarrow 34$  условных поколения, то есть на 850 лет. Все 16 гаплотипов «кластера» содержат 98 мутаций, что помещает их общего предка примерно на 1350 лет назад, или в середину 7-го века нашей эры. Поскольку общий предок князей-«рюриковичей» жил примерно 1125 лет назад (см. расчеты в статье про рюриковичей на Переформате, то есть в конце 9-го века нашей эры, то общий предок «кластера Муковникова» и князей-«рюриковичей» жил  $(1125+1350+850)/2 = 1660$  лет назад, то есть в середине 4-го века нашей эры.

Так что все становится на свои места. Примерно в 4-м веке жил общий предок «кластера» и «Рюрика» (кавычки - потому что есть и «Рюрик» в гаплогруппе R1a), от него разошлись по меньшей мере две ДНК-линии, одна - «кластер», другая - ветвь князей Российского дворянского собрания гаплогруппы N1c1. Это, видимо, разные субклады под общим

субкладом Y4338. Как общий предок, так и обе ветви – южно-балтийские славяне. Никаких скандинавов там нет.

Так что опять получаем очередное свидетельство, что Рюрик, если именно он общий предок русских князей, из Скандинавии не произошел. Русский он был, славянин. Гаплотипы это ясно показывают.

# СТОЛ РАСЧЕТОВ

## Предисловие редактора

В предыдущем выпуске Вестника была помещена статья К.В. Шилинговского «Славянски Украины и России до прихода *руси*. Варяги из *руси* между «переформатом» и норманизмом». Это – не первая статья К.В. Шилинговского в Вестнике, в отношении содержания и выводов его статей между нами была переписка. Основные замечания уже ранее автору высказывались. Статья была направлена профессиональному историку, кандидату исторических наук Л.П. Грот, но она рецензировать статью отказалась по понятным причинам, а именно потому, что это не наука, а любительское фантазирование, к тому же часто переходящее «на персоналии». Поэтому чтобы не скатываться на дальнейшую перепалку с автором, статью было решено опубликовать, но с редакторскими комментариями по ходу текста. Комментарии с автором не согласовывались, чтобы опять же не скатываться в перепалку. Например, автору было предложено ранее написать Резюме (абстракт) к статье, чтобы было понятнее, какие выводы автор считает новыми, и какие основными, но автор такое предложение не принял, выставив определенные причины, для автора представляющимися уважительными. В общем, без комментариев я как редактор такую статью принять не мог.

После публикации с критическими комментариями автор подготовил вариант «Абстракта» и нового предисловия. Опять последовала переписка, выраженная надежда автора «на понимание», и свое финальное письмо я привожу после «Абстракта». Причины публикации моего письма будут ясны при его чтении. Будем считать, что оно имеет обучающий характер. Многие научные школы в последние 25 лет развалились, и обучать часто некому, представителям старой школы это очень заметно.

Приступаем.

## ДЛЯ ПУБЛИКАЦИИ НА ПЛОЩАДКАХ БЕЛОРУССКОГО ИНТЕРНЕТА

### **Славянски Украины и России до прихода руси. Варяги из руси между «перереформатом» и норманизмом.**

Оригинальная публикация:

*Proceedings of the Academy of DNA Genealogy, vol. 7, No. 6, 2014. С. 942-992;  
редакторские комментарии составителя А.А. Клесова в данной публикации  
опущены.*

К.В. Шилинговский (newkirsh@gmail.com)

#### Abstract

- Публикация описания золотой гривны, найденной в 2001 году российско-немецкой группой археологов в кургане Аржан-2 в Туве, позволили впервые расшифровать «звериный стиль» скифов исходя из их самоназвания «сколоты» (греч. Σκόλοτοι или Skōloti) и обосновать гипотезу о верховенстве тотема кабана у «царских» скифов. Эндоним сколоты, записанный Геродотом в V в. до н.э., может быть переведен без лингвистических реконструкций через санскрит как *sa-* «это»/ «вместе с» и *kolata* «кабаны», *kola* «кабан».
- Сколоты (по-гречески скифы) оставили свою более древнюю топонимику с корнем Кол/Колт/Кольт.
- Скифский «царь из основного захоронения кургана Аржан-2 (VII век до н.э.) мог быть вождем склавенов.
- Главным доказательством являются «звериный стиль» на гривне указанного «царя», тотемы кабана и оленихи из санскрита, археология золотых мечей, топоров и луков скифов, найденных в Украине, Туве и на Кавказе, свидетельства Геродота о санскритских корнях имен легендарных царей сколотов и их 4-х племен, а также племен асов и арманов древней Булгарии.
- Склавены - это составной этнос из сколотов и венетов или/и гуннов-хонов, т.е., племена склавенов имели сколотскую составляющую.
- Склавены разнесли свою топонимику по территориям России и Украины - это многочисленные Кольвани и Колтыбани.
- Русов в III или II тыс. до н.э. не было вопреки гипотезы от Перереформата, высказанной историком Л.П. Грот.
- Урусы являются прямыми потомками сколотов. Древняя топонимика (горы, реки, озера) с корнем *Рус/рос* уступает

качественно и даже количественно топонимике скелотов и склавенов.

- Древняя Русь в лице первых князей вышла из одного из племен древних болгар, которые именовались по имени вождя Боз-Уруса.
- Часть используемых в статье сведений из спорного в плане научной достоверности свода древнеболгарских летописей «Джагфар тарихы» подтверждается, в том числе, находкой лука и горита в «царском» захоронении и W-знаком на внутренней поверхности лицевого щитка золотой гривны.

## Новое предисловие. Ответ на редакторские замечания А.А. Клесова

Древность этнонимов *русь* и *славяне* уже более 250 лет является вторым по значимости полем битвы сторонников славянского происхождения первых русских князей и их противников историков-норманистов. В 2012 году стройность аргументов антинорманистов нарушили «переформатные» историки, которые объявили русов дославянским автохтонным населением [14]. После обнародования ими другой сенсационной гипотезы о существовании реликтового женского божества *Кола*, эта *Кола* и «русы-неславяне» из III тыс. до н.э. преподносятся читателям как новейшее оружие в борьбе с засильем в науке «скандинавского влияния» [13]. Читатели вне станов воюющих лагерей вынуждены сами искать ответы. Для получения объективной информации нам потребуются не столько новая теория или создание сайта в противовес проекта Переформат.ру, сколько возможность диалога с представителями научного сообщества, несвязанными узлами борьбы.

Приведенный выше абзац был сопровожден примечаниями редактора, смысл которых сводится к обвинению в моем неподобающем тоне и непониманию авторами Переформата в чем заключается спекулятивность гипотез Л.П. Грот. А.А. Клёсов пишет:

*«Совершенно непонятно, как нахождение предков современных этнических русских гаплогруппы R1a давностью более 4 тысяч лет назад нарушает «стройность аргументов» тех, кто отрицает норманскую «теорию. [...] очевидно, что автор объявил «крестовый поход» подходу профессионального историка Л.П Грот, которая пришла к разумному предположению «арии ушли, русы остались» на основании данных ДНК-генеалогии, особенно если ариями считать носителей субклада R1a-Z93, русов – носителями субклада R1a-Z280. [...] ... автор с самого начала принял неподобающий тон, и вносит искаженные представления в меру своего понимания – или непонимания – объективных данных ДНК-генеалогии и их приемлемых и обоснованных интерпретаций)».*

Предлагаемая мной статья рассматривает несколько аспектов спекулятивности гипотез Л.П. Грот. В первую очередь это ничем не подкрепленный вывод востоковеда Грот, что скифы I-III тысячелетий до н.э. называли себя «русскими» или «русами». Ни один древний автор

или географ, ни Страбон, ни Птолемей, ни Певтингерова карта, ни даже антинорманист А.Г. Кузьмин не перечисляет Русов, или Русь, или Урусов (из древней Булгарии) в списке племен и народов до н.э. или первой трети I тыс. н.э. Сколоты или скифы были. Второй аспект заключается в том, что большинство антинорманистов считали *русь* *летописную* славянами, а возможную языковую «неславянскость» какой-либо из трех *Руси* увязывали со скифами.

Историк Грот постулирует другую мысль: «От симбиоза насельников-русов и пришлых славян создавалась новая славяно-русская общность, взявшая язык от пришлых славян, а имя — от насельников русов». Поэтому, благоразумно отнесу это замечание А.А. Клёсова к моему, как я теперь осознаю, ошибочному тезису о переходе *Коло*-этноса России или сколотов R1a-Z280 в Индию. Предваряя дальнейшее краткое изложение моего подхода, укажу, что именно этот постулат является нарушением «стройности аргументов» антинорманистов.

Предлагаемый мной подход заключается в том, что племена сколотов и венетов или/и гуннов дали рождение новому этносу *склавен*. При этом не все сколоты растворились в склавенах или древних булгарах, или гуннах. Считаю, что использование выдуманных этнонимов «русы из III тыс. до н.э.», игнорирование части свидетельств византийских авторов и Геродота о скифах, нежелание пересмотреть подход к русской мифологии не способствуют укреплению репутации предлагаемых Грот гипотез. Упрек в неподобающем тоне принят мной к действию, хотя в статьях Переформата в адрес норманистов принята еще более жесткая риторика.

«Сколотская» теория, опираясь на доказательства из ДНК-генеалогии и данные российской археологии, предлагает к рассмотрению новый подход в поиске происхождения предков первых русских князей и части жителей современных России, Беларуси, Украины. Этот подход включает в себя изучение тотемов, их включения в календарные праздники и их использования древними авторами при описании скифов, славян, болгар и *руси*. В данной статье приводятся доказательства того факта, что скифский «царь» из Аржана-2, захороненный в Турано-Уюкской котловине в России в VII веке до н.э., уже тогда мог возглавлять племена *склавен*.

Многочисленные топонимы «славян» Колывань/Колтыбань в Восточной Европе и Сибири не были распознаны наукой как одно из самоназваний славянского этноса из-за незнания «кабаньего кода» *kola* и отсутствия у ученых расшифровки «звериного стиля» скифов. В опубликованных в «Вестнике Академии ДНК-генеалогии» статьях мной уже приводились факты о проживании 4900 лет назад (*далее л.н.*) на территориях от Балтийского Поморья через Урал вплоть до Алтая в течение 2000 лет автохтонного населения племени сколотов [65; 66]. Их исторический этноним, записанный Геродотом в V веке до н.э., сколоты (Σκώλοτοι или Skōloti) от санскритских слов *sa-* «это»/«вместе с», *kolata* «кабаны», *kola* «кабан». Этноним *склавен* состоит из названий уже двух

тотемов, которые также считываются через санскрит, который являлся языком скелотов.

Новизна предлагаемой концепции состоит также в том факте, что скелоты (скифы) оставили прямых потомков среди русских и украинцев, т.е. часть скелотов не стала славянами в древней системе координат и потому не могут считаться ни праславянами, ни «до-славянами» вопреки гипотезам А.Б. Рыбакова. Хотя надо признать, что к середине I тыс. н.э. большинство скелотов с территориями Причерноморья, Кавказа, Урала, центральной России, Беларуси и Украины уже были составными частями как минимум двух «скифских» общностей *склавинов* и *сакалиба* или *сакланов* Кара-Булгара. Доказательства этому факту оказались доступны в 2001 году, когда в основном «царском» захоронении в кургане Аржан-2 были найдены литая золотая гривна — символ верховной власти у скифов, лук и горит [61; 62; 77].

Славяне согласно средневековым определениям не могли называться сарматами, т.к. своим происхождением наряду с племенами венетов и гуннов (хонов) они были обязаны скелотам. Часть племен венетов также не стали славянами, что объясняет их отнесение средневековыми авторами исключительно к сарматам, а не скифам. Различение в средневековье молодых сарматских и древних скифских племен объясняется мной через различия в их происхождении, что прослеживается в «зверином стиле» на оружии и золотых изделиях у так называемых скифов.

Еще одно отступление от оригинального текста вызвано ответом на следующие замечания редактора А.А. Клесова:

- 1) *...похоже, что автор слишком узко понимает понятие «праславяне». Более серьезная ошибка автора – в том, что он не утруждает формулировкой понятия «праславяне», отсюда и последующие недоразумения.*
- 2) *...автор продолжает путаться в отнесениях, потому что не дал заранее определений славянам, скифам, сарматам, венетам и т.д. Славяне как лингвистическая категория не могли называться сарматами. Не могли они называться, видимо, и в рамках социальных или бытовых категорий, поскольку «сарматы всю жизнь проводили в седле».*
- 3) *Выше – типичный пример любительских рассуждений. Авторы подобных выхватывают сходные слова, типа «рус» и «Урус», и без каких-либо обоснований ставят одно как выходящее из другого, обратная ситуация – как «Урус» из русов, даже и не рассматривается.*

Редактор не учитывает сделанных мной пояснений: «в древней системе координат» и «согласно средневековым определениям». В абстракте к статье, хотя я возможно и ошибаюсь, не принято вдаваться в пространные рассуждения о подходах и терминах. В статье мной намерено используются только те этнонимы, которые могут быть найдены у древних авторов. Праславяне или до-славяне, прарусы и русы (до появления арабских свидетельств и договора с Византией), славяне, индоевропейцы у этих авторов отсутствовали напрочь. Поэтому праславяне в древней системе координат являются до-склавинами. Часть скелотов или урусов древних булгар, а также венетов Прокопия и

Иордана в склавенов не превратились. Все аргументы излагаются мной далее в статье, следует лишь дочитать ее до конца.

Славяне в данной статье являются не столько лингвистической, а реально существовавшей племенной категорией. Возможно, из-за загруженности по выпуску издания А.А. Клёсов не обратил внимания и на другие разъяснения, которые размещены тут же и далее в тексте статьи: «... не могли называться сарматами, т.к. своим происхождением [...] были обязаны скелотам». Мной не рассматриваются ни лингвистические, ни социальные, ни бытовые категории. Эти категории вторичны к понятию происхождения. Племена склавенов, возможно, были разнорядны в плане содержания разных пропорций скелотов (*kola*) и гуннов (*eni*). «Сарматы всю жизнь проводили в седле» говорит о том, что племен сарматов-земледельцев было ничтожно мало или не найти. Другими словами, склавенов не называли сарматами не потому, что они не сидели верхом постоянно, а вследствие происхождения.

И напоследок об Урусах. Об этом пишет Гази-Барадж в сомнительном для академической науки своде летописей «Джагфар тарихы». Отсутствие еще одного источника для перекрестной проверки обязательно увеличит ряды критиков «Гази-Бараджа». Но отошлю читателей к уже высказанному выше аргументу: ни один древний автор или географ не упоминает русов или урусов в списке племен и народов до н.э. или первой трети I тыс. н.э. Булгары русов среди множества своих родов также не упоминают. Так к чему это обвинение в «любовительстве»?

Мы предоставим доказательства скелотского происхождения тотема *урусской* ветви древних булгар, которая с большей степенью вероятности является прямой предковой ветвью Рюрика и, возможно, последующих древнерусских князей. Славяне (*склалены*) являются древним этническим образованием, в то время как *русь* (*урусы*) стали так называться по имени своего вождя Уруса с начала I тыс. н.э. Родство летописной *руси* со славянами следует проследивать через наличие у *руси* и славян общих скелотских предков. Древняя автохтонность *руси* может быть отнесена к территориям, не относящимся к местам более позднего насильственного расселения *урусов* или же их бегства от булгар. *Русь летописная* не могла быть автохтонным племенем на территориях расселения древних славян.

## Послесловие. Письмо редактора автору

Уважаемый автор,

Понимания, к сожалению, не получается. Более того, мне странно Ваше упорное желание устраивать полемику (которую скорее можно назвать препирательством) на пустом месте. Казалось бы, то, что Вы поняли Вашу ошибку про переход в Индию должен бы Вас насторожить, и более критически относиться и к другим положениям. Ведь с ними может случиться то же самое.

Дам Вам совет. Есть три понятия (в данном контексте): (1) новые находки, (2) их интерпретация, и (3) настаивание на том, что Ваша интерпретация является единственно верной. Так вот, третье - это не мудро, так сказать. Первые два надо обкатать, послушать доводы, в том числе и альтернативные доводы, проверить их перекрестно, корректно отвести критику или к ней прислушаться, внести коррективы, и уж потом начинать полемику, имея прочный тыл. Типичная (и часто фатальная) ошибка любителей или новичков - сразу переходить к полемике, тем более агрессивной и неэтичной. Аргументы типа "редактор был загружен" является во всяком случае вторым. Если Вы будете продолжать в том же духе, будущее Ваше (в данном направлении) можно довольно безошибочно предсказать. Оно незавидное.

Советую Вам для начала ограничиться только приведением фактов. Показать их новизну. Показать, какие первичные (условные, для начала) гипотезы можно сделать. Русы на этом этапе совершенно не при чем, нет их там. И тем более бросаться в полемику. Более того, названия сосуществуют, как, например, галлы и кельты. Они же варвары. Вы видели, чтобы кто-то из профессионалов бросался в агрессивную полемику, какой из этих терминов является единственно верным?

Вот и Вы вполне можете для начала понять, что разные авторы называли народы (племена, формации) по-разному, тем есть место и склавенам, и венедам, и венетам, и русам, и сакалиба, и многим другим. Поймите и другое - Вы не можете писать "Русов в III или II тыс. до н.э. не было вопреки гипотезы от Переформата, высказанной историком Л.П. Грот". И Переформат здесь не при чем, это опять же неэтично. Есть гипотеза, и она имеет основания. "Арии ушли, русы остались" - это факт, потому что ушли R1a-Z93, остались R1a-Z280. Они по возрасту почти идентичны, потому что их базовые (предковые) гаплотипы практически одинаковы. Пока Вы не докажете, что сколоты были именно R1a-Z280, Вы не можете

вести полемику. А вот скифы пока найдены только Z93, что на это скажете? Если это будет подтверждено и далее, то русы - это не скифы и не их потомки. Понимаете, что я имею в виду, что гипотезу надо обкатать?

То, что русы 4600 лет назад могли не называть себя русами - мы не знаем, да это пока и не важно. Это просто недоказуемо, потому что письменных источников тех времен нет. Мы не знаем, называли ли те, кто уходили, себя ариями тоже, это название появилось задним числом, уже от Индии, от Ирана, от Митанни. Поэтому это название - арии - не по факту времен 4600 лет назад, а по экстраполяции. Тоже могло быть и с русами, они со временем могли себя так начать называть, но поскольку они определено R1a-Z280 (если речь именно о них), то это тоже экстраполяция, и ничего в этом страшного нет. Мы же знаем, что Z280 были на Русской равнине.

Поэтому более толково Вам было бы работать по-другому. Доказывайте склавенов как этноним, собирайте данные. А потом, если собрали и обкатали, плавно переходите к тому, что "а если что русы Грот и Клесова - это и есть склавены?" Это потребует опять обкатки. А не как сейчас.

Всего хорошего. Можете привести эти мои соображения в качестве приложения к Вашей новой редакции.

А.А. Клёсов

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

### Действительно ли «генетики нашли разных русских»?

Анатолий А. Клёсов

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

В современной России это повторяется с завидной частотой – средства массовой информации подхватывают нечто, что должно показать хотя бы какое подобие раскола между русскими, а другие с радостью перепечатывают на десятках сайтов – Ура! Русские, оказываются, разные! Так и читается – «не жить им вместе...» Интересно, кто видел, чтобы СМИ в Англии, Франции, Германии, Америке вдруг радостно загудели, что, оказывается, французы или немцы, или там американцы – разные?! И чтобы все активисты там это стали переносить с сайта на сайт, как якобы сенсацию.



Да ясно, что все разные. Одни блондины, другие брюнеты, третьи вовсе рыжие. Четвертые – лысые. Вы думете, это просто так? Это все равно, как раскручивать сенсацию, что муж и жена в семье – разные. И не по тому, о чём многие подумали, а разные по происхождению, по генеалогии, образовали семью, встретившись порой из совершенно разных регионов. И многие живут не разлей-водой. Хотя и разные. Вот что, думаю, самое главное в жизни.

Я уже многократно писал, и не я первый обнаружил, что **русские мужчины относятся к основным четырем разным родам (гаплогруппы R1a, I1, I2, N1c1)**, а на самом деле у них есть еще десятка полтора родов, минорных. А если по малым подгруппам считать, то еще сотни и тысячи набегут, вплоть до отдельных семей – «ячеек общества». Что, не разные? То же и у женщин, множество гаплогрупп и их подвариантов. Так что русских в самом деле много, хороших и разных. Никакой новости в этом нет. Но вот опять – та же характерная картина, только что опубликована – «Генетики нашли разных русских». Опять пошло размножение очередной «сенсации» на множестве сайтов.

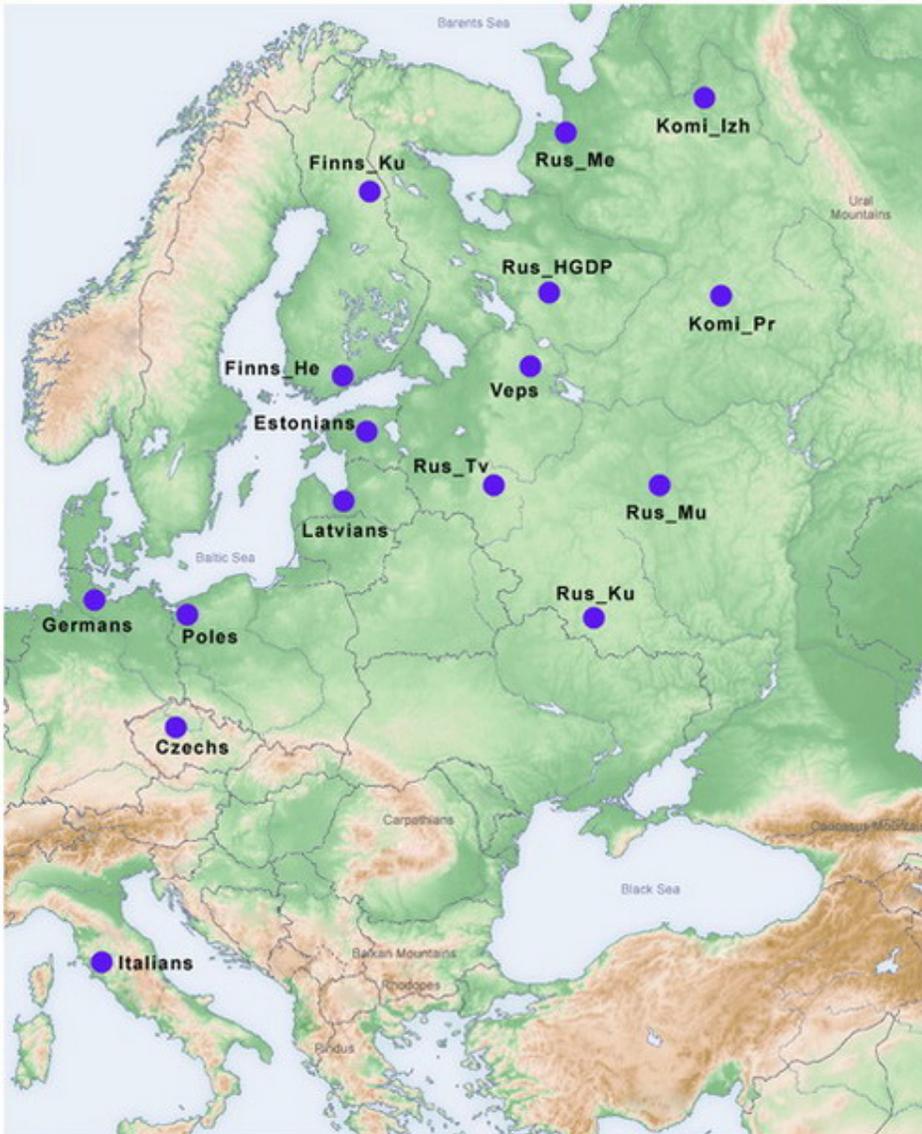
Давайте посмотрим, что там на самом деле нашли в научной статье, на которую СМИ ссылаются. Ну что же, неплохая статья, международный коллектив – русские, эстонцы, чехи. Опубликована 7 марта 2013 года, в аккурат под праздник. Статья называется **«Геномный анализ популяций европейской России обнаружил новый полюс генетического разнообразия в северной Европе»**. Название

шумноватое, особенно про «полюс», ну да ладно. Никакого «русские разные» там нет, статья в основном про популяции коми и вепсов. Это они, как показывают авторы, отличаются по мутациям в геноме от русских из Курска и Твери. Кто удивился? Развел в изумлении руками? Я – нет.

Но поскольку разговор зашел про геномы «разных национальных меньшинств», то давайте на этом немного остановимся. Посмотрим, что именно авторы нашли, и как нашли. И как это интерпретировали. Только должен предупредить – дело это совершенно новое, и во многом сами ученые-специалисты не очень разобрались. Я по ходу разбора свои соображения тоже вверну, для специалистов необычные, гарантирую. А уж там как получится, согласятся они со мной или нет – их дело. Я останусь при своем мнении, и с читателями им поделюсь. Точнее, останусь при своем мнении, если его не опровергнут, что будет для специалистов непросто. А если опровергнут, причем непременно обоснованно, то поделюсь тоже (*Прим. редактора – прошло больше года – не опровергнули, и не пытались*).

Итак, что такое геномный анализ? Это в данном случае – рассмотрение картины мутаций в относительно небольших фрагментах генома человека, точнее, в его 22 хромосомах. Для этого брали образцы крови у 615 человек, и в их хромосомах суммарно определили 165 тысяч 872 мутации. Учитывая, что мутаций в геноме человека многие миллионы, это относительно небольшая часть, но и этой части достаточно для подобного исследования. Правда, и те мутации рассмотрели не все, а сначала сократили до 124 тысяч 844, а потом еще часть мутаций выбросили, и сократили до окончательных 52 тысячи 808. Выбрасывали не просто так, а поясняли, зачем и почему, каким критериям они не соответствовали. Но то, что осталась только треть мутаций от первоначального количества, как-то огорчает.

Кто были эти 615 человек? Вот – карта мест, где брались образцы крови, а значит, и ДНК. Там же показаны и места, за пределами России, где образцы не брали, но с которыми сравнивали.



Образцы генома брали в трех районах Центральной России – в Курской, Тверской и Владимирской областях (Муром), на севере – в г. Мезень Архангельской области, а также в двух популяциях коми (ижемские и прилужские) и у вепсов Вологодской области. В первых четырех регионах тестировали по сотне человек, у коми и вепсов – по 70-80 человек. Это и составило 615 человек. Остальные точки на карте, за пределами России – опубликованные ранее данные, взяты для сравнения.

Да, карта еще показывает точку с подписью «русские – HGDP». Сокращение означает Human Genome Diversity Panel. Это – географическое место, где по международным понятиям находится «стандартный русский геном». Данное место российские популяционные генетики в своей бесконечной мудрости поместили в

Архангельскую область, с самой большой в России долей финно-угорского населения. Вот доли гаплогруппы N1 в тех местах, и уже не южно-балтийской, а финно-угорской ветви:

- Мезень – 53%
- Красноборск – 40%
- Пинега – 40%

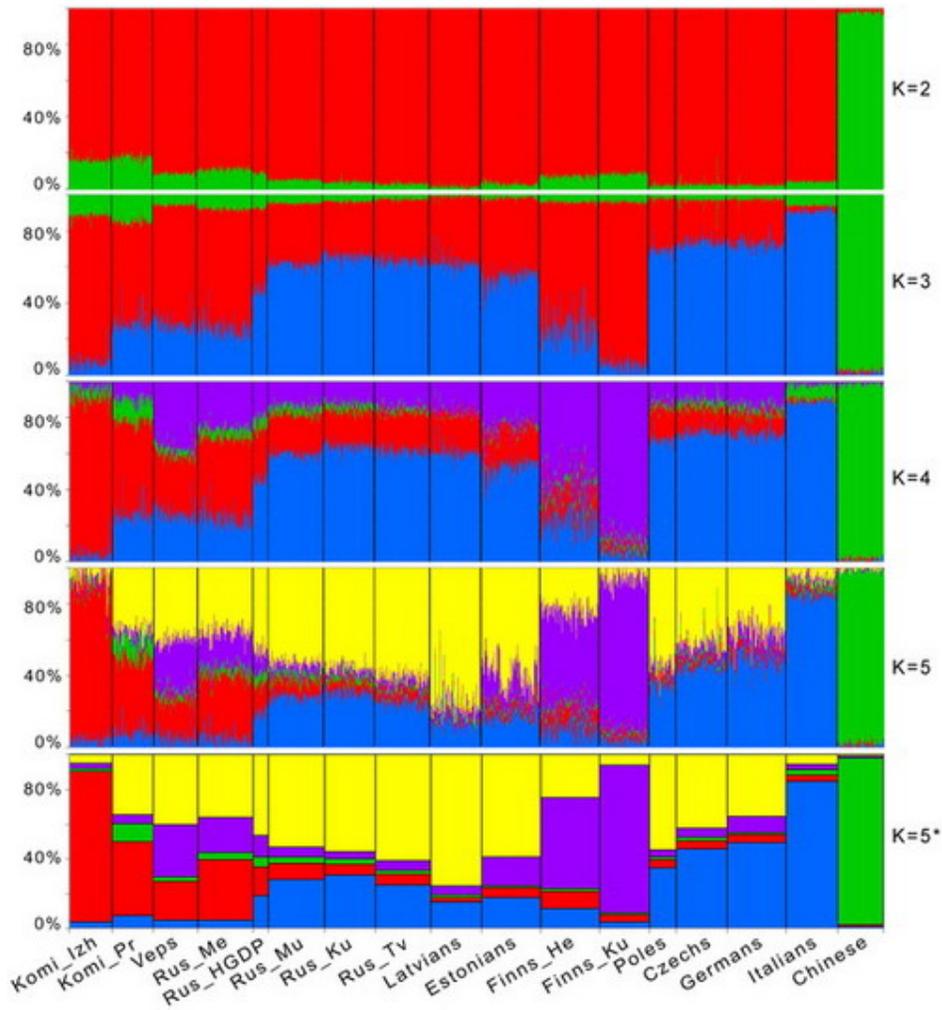
И это при том, что в среднем по европейской части России доля гаплогруппы N1 составляет 14% (и то за счет перевеса N1 севернее Пскова и Новгорода), а в центральном и южном регионах России – менее 10%. Короче, столь бестолковым выбором места для «стандартного генома русских» для международной общественности, попугенетики одним росчерком пера записали всех русских в финно-угры. И это уже не изменить, это стало официальной информацией от России.

Я не к тому, что быть финно-угром – плохо, вовсе нет. Я к тому, что эта непрофессиональность российских попугенетиков уже стала наносить открытый вред научным представлениям, которые должны быть честными и обоснованными. Она, эта непрофессиональность, исказила «генетический профиль России» во всех текущих и будущих генетических исследованиях в России и за рубежом.

Возвращаемся к тестированию геномов. Что в итоге получили?

А получили две принципиально разные (по представлению) картины, которые нуждаются в интерпретации. Как обычно происходит в науке, измерить определенные параметры – это полдела, да и там часто неясно, верна ли методика измерений, особенно когда дело новое. Как правило, еще важнее – провести грамотную интерпретацию полученных данных. И вот здесь то, что русских чохом записали в финно-угры, может привести к неверной интерпретации.

Одна картина – следующая.



Здесь требуются пояснения. Картина показывает рассортированные мутации в геномах, то есть те самые десятки тысяч мутаций, но сортировку их вели в разных предположениях. Основное предположение – это введение понятия «количество общих предков в популяции», или «количество предковых популяций», которое задается компьютерной программой. Оно определяется индексом К справа на картинке. Один предок – это когда популяция совершенно однородна, чего обычно не бывает. При минимальном количестве двух общих предков картина продолжает быть однородной в китайской «референсной» популяции справа, поскольку увеличение количества предков до пяти картину не меняет – популяция вся однородна, сплошная зеленая полоса. Та же однородная картина наблюдается у ижемских коми, и в значительной степени у итальянцев (синяя полоса) и финнов из Куусамо, на севере Финляндии (пурпурная полоса). У остальных популяций разрешение нарастает с увеличением количества предполагаемых предковых популяций. Самая нижняя панель на диаграмме – «приглаженная» для пяти предковых популяций. На самом деле авторы ушли и выше, до 12 общих предков, но это картину почти не изменило.

При максимальном количестве в пять предковых популяций **мы видим у русских Центрального региона одну доминирующую популяцию, одну менее значительную, и две-три малозначимых. Та же картина у латышей и эстонцев (у последних - две второстепенных по численности популяции), а также у чехов и немцев, только у них основная популяция - иная, нежели у русских.** Поляки - почти то же самое, что русские из Курска и Твери. У финнов - тоже одна преобладающая популяция, которая полностью доминирует в провинции, и несколько менее выражена в столице, что в целом понятно. Столица - это обычно конгломерат популяций.

Ижемские коми значительно отличаются от прилужских, первые - почти однородны, у вторых - две почти одинаковые компоненты, у вепсов даже три почти одинаковые, что похоже на картину русских из Мезени, где, как мы знаем, половина финно-угров. Картина для «стандартного генома русских», что из Архангельской области - промежуточная между русскими Центрального района и вепсами.

Интересно, что авторы статьи даже не пытались дать интерпретацию этим картинам. Они ограничились тем же словесным описанием, как я предварительно дал выше, только называли цветные полосы «финской компонентой», «коми-компонентой», и так далее. А ведь интерпретация напрашивается сама собой. **Эти полосы - в значительной степени доли гаплогруппы Y-хромосомы в мужских популяциях.** Я понимаю, что популяционные генетики сейчас занервничают и зашумят, мол, причем здесь Y-хромосома, здесь вообще другие 22 хромосомы, перед которыми Y-хромосома по размеру что мышь перед слоном, здесь десятки тысяч мутаций, которых в Y-хромосоме вообще нет, и среди тех 615 человек половина (наверное) женщин, у которой Y-хромосомы вообще нет.

Я отвечаю, что это все прекрасно понимаю, но предпочитаю работать не по понятиям, а по науке. А мне выставляют понятия, из «общих соображений». Покажите, что у меня выводы неправильные. А они сводятся к тому, что хвост в данном случае управляет собакой, то есть Y-хромосома, точнее, ее гаплогруппы - геномными закономерностями в популяциях. А вот почему это так - отвечать надо генетикам. Отвечать по существу, а не возражать «по понятиям». Открытия «по понятиям» не делаются. Открытия обязаны быть непредсказуемыми и для всех неожиданными, иначе это не открытия.

Вот - данные, пусть для начала в полуколичественном виде. У финнов - три четверти гаплогруппы N1c, ее мы и видим в виде пурпурной полосы. В провинции, на севере Финляндии - ее больше, а в столице, Хельсинки, меньше. Другой, желтой полосы, в столице примерно 20% -

это гаплогруппа R1a. Действительно, по Финляндии в целом примерно 10% R1a, в столице – больше.

У русских центрального района основная гаплогруппа – R1a, что и показывает та же самая желтая полоса. В Курске ее 63%, в Твери – почти столько же, что и видно на диаграмме. Немало R1a в Латвии и Эстонии, около 40%. Хотя диаграмма показывает побольше, но мы понимаем, что эти все данные полуколичественные, и погрешности возможны с обеих сторон. В Польше доля R1a – как в Центральной России, что диаграмма и показывает. В Германии – примерно 20%, на западе меньше, на востоке – больше. Это тоже в целом сходится с диаграммой. Как и то, что у чехов около 40% R1a. У итальянцев Тосканы – всего 2% R1a, что мы и видим на диаграмме, на которой представлены данные именно из Тосканы.

Короче, совершенно очевидно, что желтая полоса на диаграмме – это доля гаплогруппы R1a. Так что на возможные протесты популяристов я просто посоветую им лучше подумать, как это иначе объяснить. Уверяю, что другого конкретного объяснения от них не поступит. Возражения, что это «так случайно совпало» я не принимаю, пока мне не объяснят, что такое желтая полоса «не случайно».

У ижемских коми никто R1a не измерял, но по диаграмме видно, что ее у них почти нет, из тестированных 96 человек будет у одного-двух. У прилужских коми, как и у вепсов, и у популяции Мезени, судя по диаграмме, будет процентов тридцать. А вот и данные – действительно, у коми выявлено 33% R1a, а у каких именно коми – мне неизвестно. Возможно, что у прилужских. Или у других. У вепсов не измеряли. У мезенцев – 44% R1a, как примерно и на диаграмме.

Голубая полоса – это определенно гаплогруппа R1b, поскольку у итальянцев она доминирует, как и показано на диаграмме. В Германии ее примерно 40%, у чехов чуть меньше, у всех остальных на уровне единиц процентов, что и видно на диаграмме.

Зеленая полоса – гаплогруппа O, она наиболее выражена в Китае, в Европе ее практически нет, что диаграмма и показывает.

Теперь красная полоса. Для нее остается только два варианта – гаплогруппа I (без разрешения на I1 и I2), или уральская, угорская гаплогруппа N1b. Действительно, у итальянцев первой всего 1-3% и вовсе нет второй, что и показывает диаграмма. У остальных – на уровне единиц процентов, как и видно из диаграммы. По данным диаграммы этой гаплогруппы, особенно N1b, должно быть много у тестированных северных народностей. Действительно, в Красноборске Архангельской области гаплогруппы I 22%, в Вологде – 20%, и гаплогруппы N1b 3.3%. Судя по диаграмме, у тестированных прилужских коми ее должно быть

примерно 40%, но мне неизвестно, тестировали ли их на гаплогруппы I и N1b вообще. У ижемских коми ее должно быть, по диаграмме, почти 100%, но опять же, думаю, что не определяли.

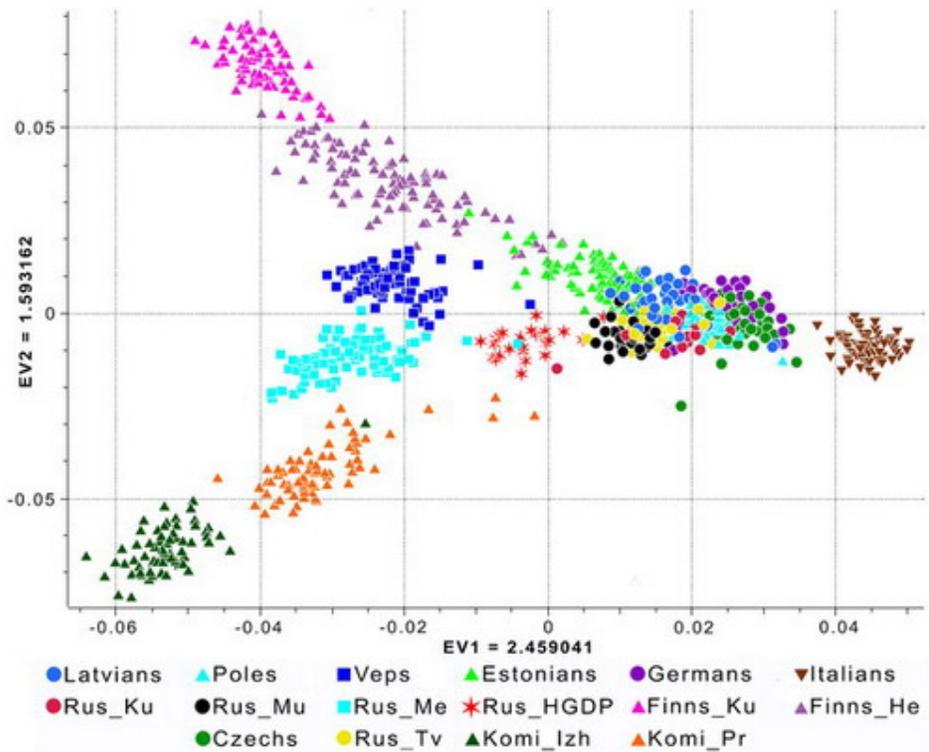
Похоже, что у ижемских коми популяция молодая, всего несколько сотен лет. И вся она – только одна гаплогруппа, либо I, либо N1b. Потому и однородна. Но поскольку популяционные генетики датировки не определяют, не рассчитывают, делать они этого не умеют, то только будущие исследования подтвердят мою точку зрения. Другого варианта не вижу.

Так что интерпретация диаграммы приобретает довольно простой вид. Я не знаю, почему Y-хромосома, как паровозик, тащит за собой – в отношении картины мутаций – остальные 22 хромосомы, но то, что общая картина мутаций отражает долю мужских гаплогрупп Y-хромосомы, это бесспорно. Отвергнуть это просто невозможно, можно только внести некоторые коррективы.

Перейдем к другой диаграмме, отражающей геномную картину рассматриваемых популяций. Она строится по другим принципам, здесь геномные картины мутаций растягиваются в двух направлениях, что и дает показанную ниже двумерную диаграмму. По ней видно, как популяции располагаются по степени близости (или отдаленности) друг по отношению к другу.

Теперь, зная, что эти картины отражают в основном мужские гаплогруппы, интерпретировать их довольно легко. Заметим опять, что авторы статьи их так не интерпретировали, ограничиваясь просто констатацией того, что увидели. Типа – вот что мы получили, смотрите. Дивитесь, громадяне. И что же мы видим?

Мы видим, что популяции с близким набором мужских гаплогрупп, в которых доминирует (или значителен по представительству) R1a, образуют один кластер. Это – русские Курской, Владимирской, Тверской областей, латыши, немцы, чехи. Там же – эстонцы, которые начинают вытягиваться в сторону финнов (что неудивительно, у эстонцев – треть гаплогруппы N1c1), а именно в направлении финнов Хельсинки, и далее полоса уходит к финнам северной провинции, у которых должен быть максимум N1c1. То есть этот трек диаграммы, в левую сторону вверх, совершенно понятен. Как понятен и хвост этого трека – там крайний справа одинокий кластер итальянцев с максимальным содержанием гаплогруппы R1b. Других таких в рассматриваемых популяциях нет. Были бы ирландцы или баски – попали бы в компанию с англичанами. Вот пусть поггенетики это и проверят, а не спорят попусту.



Симметрично, слева вниз уходит другой трек – предположительно в сторону увеличения содержания гаплогруппы I или N1b. Предположительно – потому что таких данных мало, но основных гаплогрупп больше не остается. К тому же гаплогруппы I и N1b на русском севере есть и немало (см. выше). Сначала вниз и влево пошел «референсный русский геном», который, как и описывалось выше, скорее угро-финский. В том же направлении потянулись вепсы и Мезенская популяция, с ее 7.4% гаплогруппы N1b (в Пинеге 15.8%), и далее коми – прилужские, и в конце трека – ижемские.

Вот и все «разные русские», которых якобы нашли генетики. В целом же, исследование полезное, оно позволяет понять, что лежит в основе вариаций в геноме, задающих глубинные различия между популяциями. Эти различия идут из тьмы тысячелетий, и что особенно интригует – они определенно завязаны на мутации, определяющие мужские гаплогруппы. Это – совершенно новая концепция, и решать эту загадку надо в содружестве генетиков и ДНК-генеалогов.

**8 комментариев:** Действительно ли «генетики нашли разных русских»?

*Дмитрий* говорит:

Должен заметить, что Ваши заметки насчет того, что никто гаплогруппы Y-хромосомы у ижемских и прилузских коми не определял, не совсем верны. Данные [опубликованы](#) еще в 2009 году, и процитированы в статье Хрунина и соавт., PLOS One, 2013.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Уважаемый коллега, большое спасибо за ссылку. Действительно, в свое время я не обратил на нее внимания, по причинам, о которых упомяну ниже. Так что моя фраза в статье – «У ижемских коми никто R1a не измерял» – ошибочна. Но давайте посмотрим, насколько эта ошибка может повлиять, и повлияет ли, на сделанные выводы.

Но перед этим я бы хотел заметить вот что. Давайте в этой дискуссии будем оба честными – я признал свою ошибку, а Вы признайте свою. Вы написали, что данные (2009 года по гаплогруппам Y-хромосомы у ижемских и прилузских коми) процитированы в статье Хрунина и соавт. (2013 года). Это – неправда. Статья 2009 года (ссылка 37) упоминается в последней статье всего один раз, и вот в каком виде (перевод): «... Образец мезенских русских из северо-архангельской области России со всей очевидностью удален от (образцов) из Курска, Мурома и Твери. Эти данные находятся в хорошем согласии с данными, полученными для полиморфизма в Y-хромосомы [14, 15, 36, 37]». Как видите, коми в этом описании нет, и ссылка под запятой дается вместе с другими. Такое цитирование называют «глухим», и неудивительно, что я Вашу статью пропустил.

К делу. В статье 2009 года, на которую Вы дали ссылку, гаплогруппы определяли у 46 прилузских коми и 53 ижемских коми. Данные по геному к новой статье 2013 года получены для 71 прилузских коми и 79 ижемских коми. Ясно, что эти данные напрямую сравнивать нельзя, более того, мы не знаем, те ли это были люди, у которых тестировали гаплогруппы и у которых тестировали геном. Даже если часть из них – те, то мы не знаем, кто по гаплогруппе были остальные.

Так что можете прочитать мою фразу как «у тех ижемских коми никто R1a не измерял», и моя ошибка заметно редуцируется, станет меньше. Но не будем о частном. Суть в том, что благодаря Вашему комментарию, за который я признателен, у нас появились некоторые данные для дополнительного рассмотрения и уточнения.

Так вот, данные по прилузским коми почти в точности попадают в ту концепцию, в то объяснение, которое я дал в статье выше. Я написал, что геномные данные по прилузским коми показывают «две почти одинаковые компоненты», немного меньше желтой, немного побольше красной, как видно из диаграммы. И я предположил, на основании всей совокупности данных, что желтый компонент диктуется

гаплогруппой R1a, а в отношении красной компоненты не пришел к определенному выводу, там есть варианты. И далее я написал: «У прилужских коми... судя по диаграмме, (R1a) будет процентов тридцать».

Смотрим на Ваши данные из процитированной статьи – из 46 прилужских коми гаплогруппа R1a найдена у 16 человек, что есть 35%. У 50% найдено N1c1, у 15% – N1b. Возможно, последняя и есть одна из минорных полос на диаграмме. Напоминаю, что гаплогруппы и геномные данные получены у разных (полностью или частично) людей, поэтому сопоставление не может быть количественным, или даже правомерным.

С ижемскими коми ситуация остается странной. По геному они практически однородны, а по гаплогруппам – разные, примерно как и прилужские коми. Для того чтобы понять, можно ли о популяции судить только по доле гаплогрупп, нам придется погрузиться в вопрос глубже, и обратиться к понятию о «возрасте» популяции, о ее древности, которая в доле гаплогрупп не выражается, и выражена быть не может. Иначе говоря, переходим к ДНК-генеалогии.

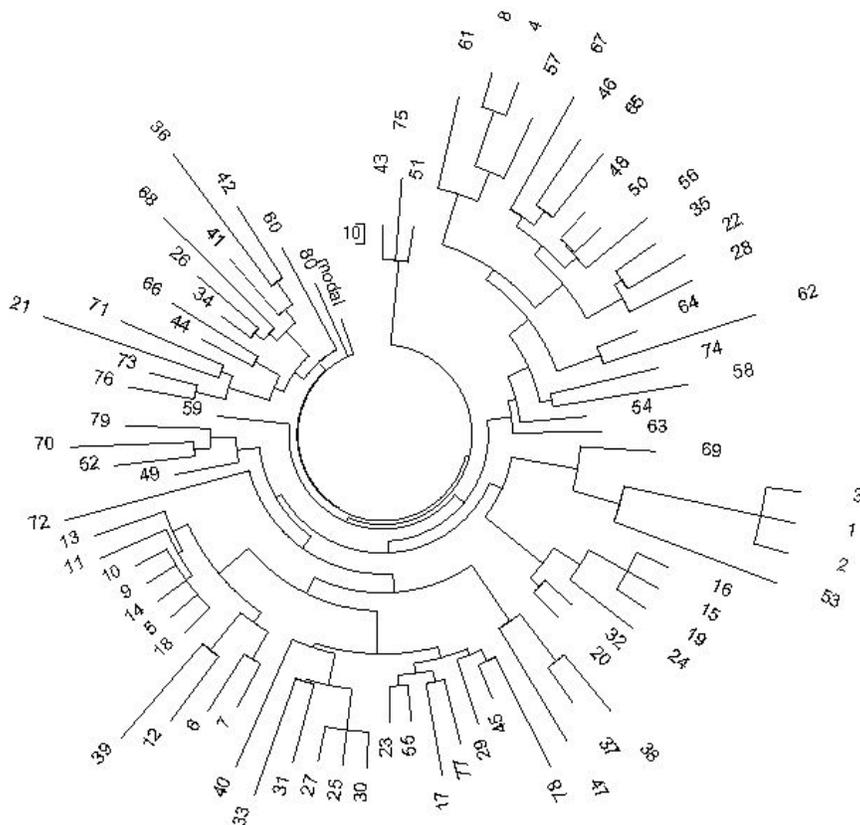
И вот здесь придется пояснить, почему я не обратил на процитированную статью 2009 года особого внимания. Да потому что в авторах там – популяционные генетики Underhill, Herrera, Cadenas, Cavalli-Sforza, которые делают хорошие работы по популяционной генетике, то есть по своему основному профилю, но генерируют кошмар, когда переходят к расчетам мутаций в гаплотипах, а затем переносят эти кошмары на рассуждения по истории народов. Главная беда в том, что они взяли на вооружение так называемую «популяционную скорость» мутаций в гаплотипах, которую ввел около десяти лет назад генетик-математик Л. Животовский, и которая основана на гроздьях допущений и откровенных подгонок, и, начиная с того времени, популяционная генетика в отношении истории человека стала резко деградировать.

Естественно, расчеты по доле гаплогрупп в популяциях здесь и там остались, и претензий к этим «картированиям» популяций нет, но с каждой следующей статьей по «популяционной скорости мутаций» современная популяционная генетика проваливается все глубже и глубже. Этой наукой продолжает генерироваться откровенный мусор. Смотрим процитированную статью 2009 года – ну конечно, ссылка на статью Животовского, Андерхилла и прочих, «популяционная скорость», которая на 300% неверна. Соответственно, времена, якобы рассчитанные, в 3-4 раза выше. Я это все подробно разбирал в публикациях, включая мою статью-комментарий в том же 2009 году в журнале Human Genetics, на которую Животовский и пр. вежливо

ответили, что это представляет интерес, но надо разобраться. Видимо, разбираются до сих пор. На русском языке подробный разбор того, как была «получена» эта «скорость Животовского», дается в Вестнике ДНК-генеалогии, 2009 год, том 2, № 7, стр. 1162-1181, и в Вестнике за 2012 г, том 5, №1, стр. 2348-2430, в статье под характерным названием «Осторожно: популяционные генетики».

Короче, про «расчеты» в цитированной статье, что гаплогруппе R1a у Коми – 14500 лет, а в Твери 15200 лет, можно забыть как кошмарный сон. Как и про то, что в Архангельске та же гаплогруппа R1a стала «расширяться» (expansion times) 50900 лет назад (записано «mean time»). На самом деле гаплогруппа R1a появилась на Русской равнине около 5 тысяч лет назад. На то, насколько популяционные генетики беспомощны в расчетах, показывает, что определяли они 17-маркерные гаплотипы, а рассчитывали по 6-маркерным. Целых 11 маркеров выбросили впустую, со всем богатством информации в них.

Давайте посмотрим сами, как надо делать, и что из этого получим.

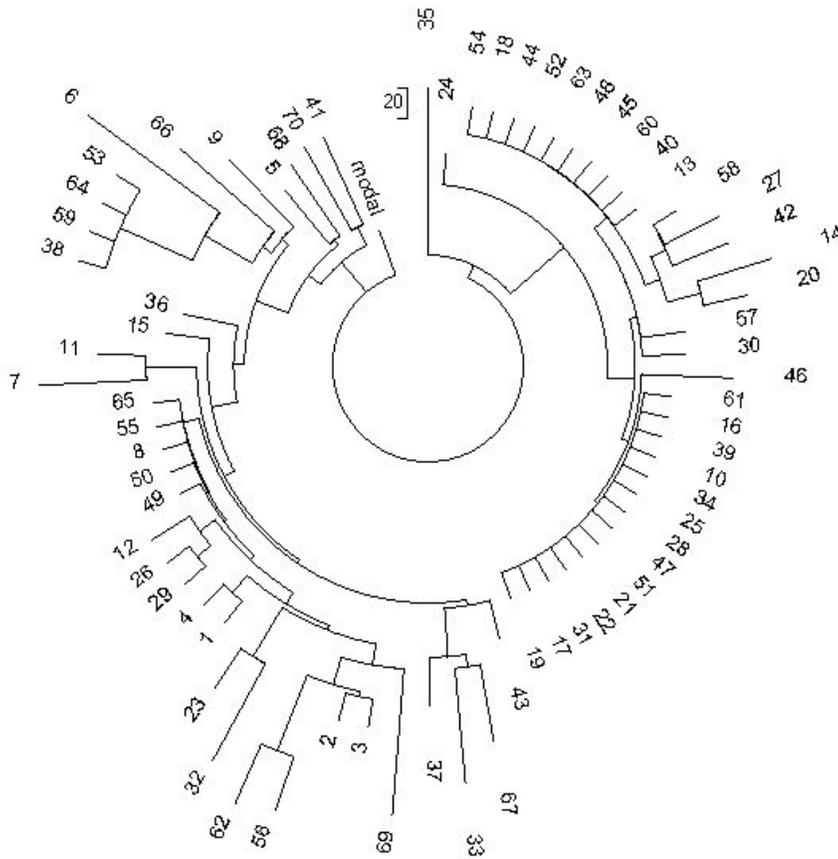


Выше – дерево из 80 гаплотипов гаплогруппы R1a нескольких популяций – ижемские коми (номера 4-19), прилужские (20-35), там же курские (41-60) и тверские (61-80) гаплотипы, несколько из Архангельска

(35-40), несколько гаплотипов хантов (1-3). Курские и тверские гаплотипы разбросаны по всей окружности дерева, то есть они – самые древние, гаплотипы коми – помоложе, они в основном собраны в нижней части дерева. Из 16 ижемских гаплотипов почти половина – в плоской, то есть молодой ветви слева (на 8 часов). Там на все гаплотипы только две мутации, пять гаплотипов вообще идентичны, что помещает общего предка ветви всего на 500 лет назад. Справа – три одинаковых ижемских гаплотипа (15, 16, 19), но между ними – 8 мутаций, что помещает их общего предка на 4075 лет назад. Я здесь опускаю величины погрешностей, чтобы не загружать изложение. Остальные шесть ижемских гаплотипов R1a разбросаны нехарактерно, без ветвей. Прилужские гаплотипы тоже не создают никакой общей картины, разбросаны по разным местам, возраст общего предка всех – около 3800 лет. Курские и тверские гаплотипы имеют общего предка 3650 лет назад (173 мутации на 40 гаплотипов), и вместе с гаплотипами коми это уже приближается к 5 тысячам лет. Это и есть возраст общего предка гаплотипов R1a на Русской равнине.

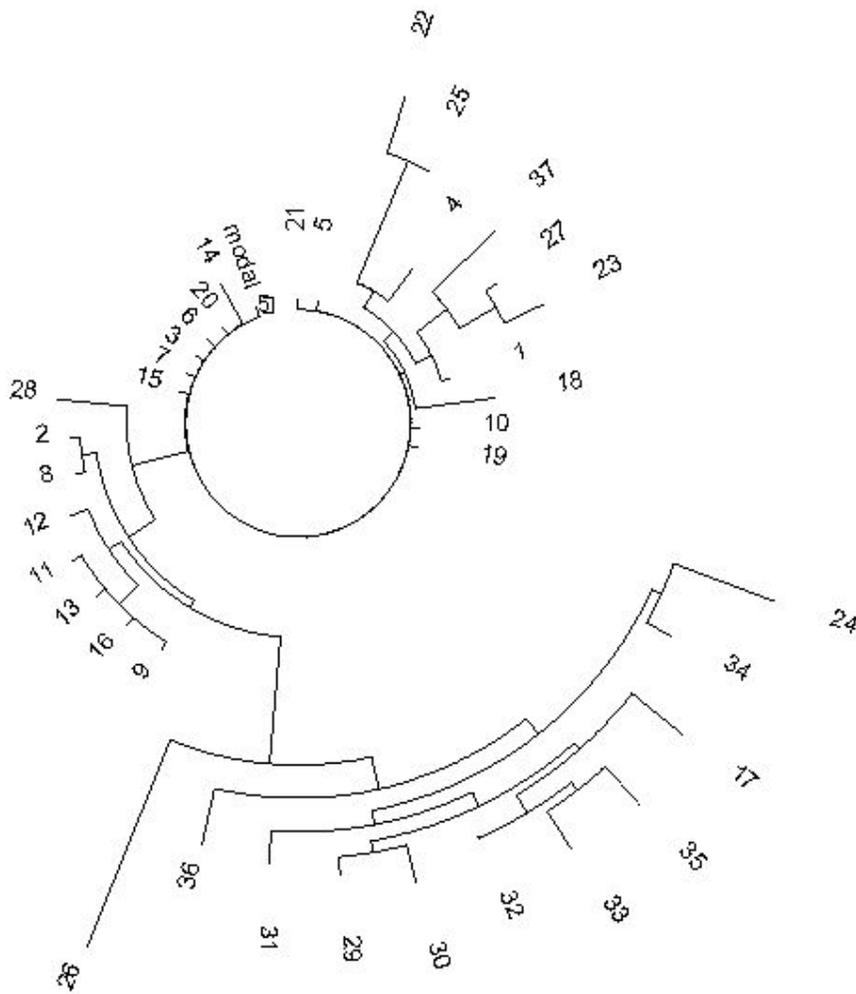
Суть в том, что тестируемые популяции коми очень молодые, но они разорванные, и в своей разорванности значительно отличаются друг от друга. Что из них тестировали на геном – мы не знаем. Геном, судя по данным статьи, получился однородным, что крайне маловероятно. Возможно, тестировали какую-то одну молодую популяцию ижемских коми, что и было предположено в моей статье выше.

Следующая группа – N1c1.



Картина совершенно другая. Мы видим две большие группы, в правой части дерева, гаплотипы в каждой из которых идентичны друг другу. Обе – в основном ижемские, с вкраплениями прилужских, между ними – всего одна мутация, то есть общий предок обеих больших ветвей жил всего 375 лет назад, и это – половина от всех тестированных коми гаплогруппы N1c1. Остальные – на левой половине дерева, разбросаны небольшими молодыми местными популяциями, но опять разорванными, с общим предком около 4 тысяч лет назад. Доминируют, повторяю, молодые популяции. В Курской и Тверской областях гаплотипов группы N1c1 почти нет, и они большей частью другие, нежели в Коми.

Переходим к гаплогруппе N1b.



Слева и выше - доминирующие здесь ханты, общий предок жил 1200 лет назад. Почти вся нижняя ветвь - ижемские коми, ветвь плоская, молодая, общий предок жил 950 лет назад. Прилужские коми не имеют своей ветви, их немного и они везде «посторонние», номера 24 и 26, 22 и 25, 23 и 27, 28. Между предковыми (базовыми) гаплотипами хантов и ижемскими коми - 8 мутаций, общий предок их всех жил 4900 лет назад.

Так что, как видим, у ижемских коми доминируют молодые популяции. Я не знаю, этим ли объясняется необычно высокая однородность их генома, но хотя бы отчасти это должно быть верно. Поскольку мы опять не знаем, кого тестировали на гаплогруппы и кого на геном, то вопрос пока остается открытым.

*Дмитрий* говорит:

Уважаемый господин Клёсов, спасибо за Ваше внимание к работе и содержательный комментарий.

*Александр Кривошеин говорит:*

Уважаемый Анатолий Алексеевич! А ведь результаты этой работы генетиков только подтверждают Вашу давно высказанную гипотезу о возможности прямой связи между особенностями генома популяции и мужскими гаплогруппами этой популяции. По сути мужские гаплогруппы определяют геном популяции. Так что это исследование – прямое подтверждение Вашей гипотезы. Вас можно поздравить с ещё одним Вашим сбывшимся предвидением, которое подтвердилось экспериментально.

*Павел Шварев говорит:*

*Я отвечу, что это все прекрасно понимаю, но предпочитаю работать не по понятиям, а по науке. А мне выставляют понятия, из «общих соображений». Покажите, что у меня выводы неправильные. А они сводятся к тому, что хвост в данном случае управляет собакой, то есть Y-хромосома, точнее, ее гаплогруппы – геномными закономерностями в популяциях. А вот почему это так – отвечать надо генетикам. Отвечать по существу, а не возражать «по понятиям». Открытия «по понятиям» не делаются. Открытия обязаны быть непредсказуемыми и для всех неожиданными, иначе это не открытия...*

*А вот почему это так – отвечать надо генетикам....*

Мне кажется, что причина четкой корреляции между этническими Y-составами и этническим генофондами кроется в сравнительно недавней родоплеменной истории. Еще каких-то 1000 лет назад популяция и род совпадали, то есть популяции были практически моногаплогруппными. С исчезновением родоплеменного строя и появлением многогаплогруппных популяций-этнотосов каждая гаплогруппа вливалась свой генофонд во вновь образованный этнос, или субэтнос. Отсюда и наблюдаем некую корреляцию.

Так я думаю...

*Игорь Львович Рожанский говорит:*

Цитата из статьи А.А. Клёсова: *Да, карта еще показывает точку с подписью «русские – HGDP». Сокращение означает Human Genome Diversity Panel. Это – географическое место, где по международным понятиям находится «стандартный русский геном». Данное место российские популяционные генетики в своей бесконечной мудрости поместили в Архангельскую область, с самой большой в России долей финно-угорского населения... Короче, столь бестолковым выбором места для «стандартного генома русских» для международной общественности, погеноетики одним росчерком пера записали всех русских в финно-угры. И это уже не изменить, это стало официальной информацией от России.*

*Я не к тому, что быть финно-угром – плохо, вовсе нет. Я к тому, что эта непрофессиональность российских попгенетиков уже стала наносить открытый вред научным представлениям, которые должны быть честными и обоснованными. Она, эта непрофессиональность, исказила «генетический профиль России» во всех текущих и будущих генетических исследованиях в России и за рубежом.*

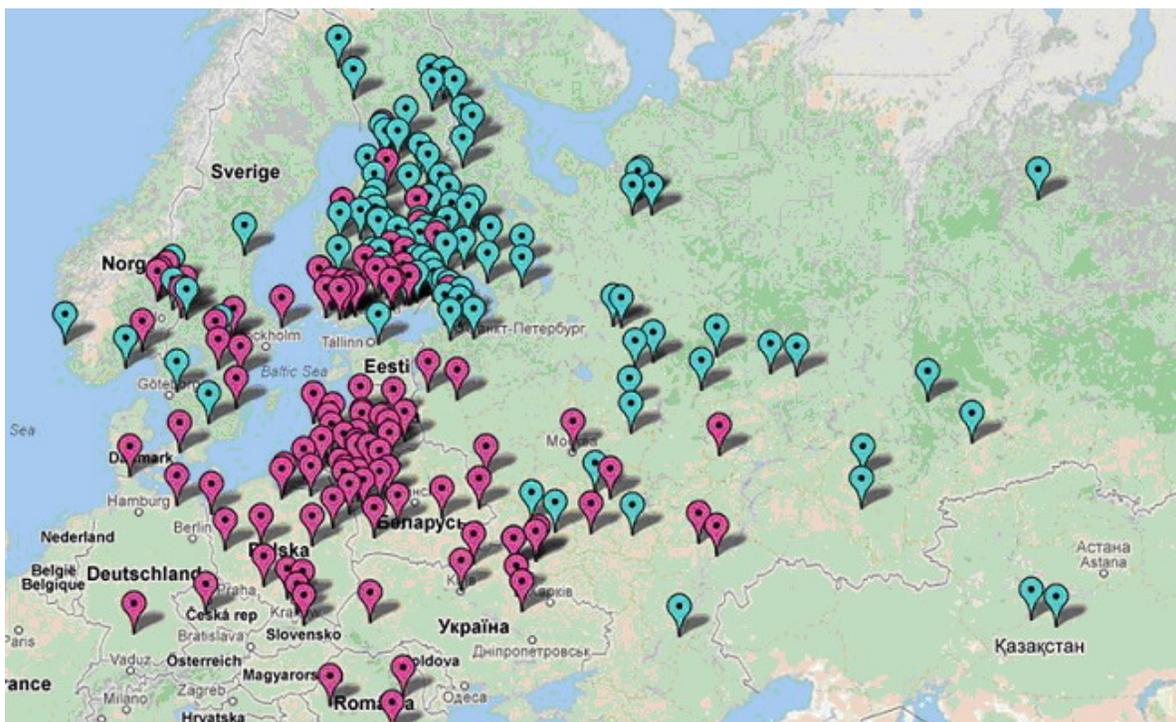
То, что проделали попгенетики – это образцово-показательный пример циклического аргумента. А именно, берется некий набор маркеров (аутосомных, мито или Y, не принципиально), раскидывается по популяциям, и затем анализируется путем разложения по принципиальным компонентам. Это достаточно рутинный метод в мат. статистике, что позволяет анализировать массивы данных с большой степенью корреляции. Далее, на получившейся N-мерной (в общем случае) диаграмме выбираются точки, что располагаются на максимальном расстоянии друг от друга, но в пределах одного кластера, не имеющего явных разрывов. С позиции статистического анализа эти точки можно считать наименее зависимыми друг от друга, и они служат в качестве базиса для разложения каждой из точек в массиве по компонентам. Все пока вполне корректно с позиций мат. статистики, и достаточно эффективно при анализе популяций, если только не пытаться привязывать эти данные к временам и миграциям.

И тут следует кульбит № 1. Одна из этих **условных** точек объявляется «стандартным русским геномом». То, что ее занесло под Архангельск, авторов этого определения почему-то не смущает. Если воспринимать слово «русский» в этом определении как некую условность, то, наверное, можно и потерпеть, если ничего более осмысленного они предложить не могут. Относят же, например, лингвисты осетинский язык к восточно-иранской группе при том, что его носители живут западнее, чем собственно иранцы, да на территории Персии предки осетин никогда не жили.

Но не тут-то было, и в ход идет кульбит № 2. **Условную** точку, имеющую смысл только при конкретном статистическом анализе, с **условным** наименованием, начинают «на полном серьезе» рассматривать как некую материальную величину, и делать какие-то далеко идущие выводы, не имеющие ничего общего с реальностью. Единственное обоснование – так ее назвали те, кто занимался статистическим анализом. И всё. Далее – сплошная фантазмагория, как у патологического луна, который верит в то, что сам сию минуту придумал, и начинает вести себя неадекватно, если ему на это указывают.

Если кто уже видел нашу недавнюю статью о гаплогруппах белорусов или хотя бы таблицу генеалогических линий славянских народов, поймет всю смехотворность такого «определения» русского генома.

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. Причем эти не слишком высокие проценты весьма неравномерно распределены территориально, как можно судить по зеленым фишкам на карте, собранной по более чем 900-м 67-маркерным гаплотипам N1c1 с разных проектов.



Из-за этих-то нескольких процентов на севере России и идет весь сыр-бор. Это примерно как объявить, скажем, набор маркеров у басков испанским, а кастильцам или андалузцам в этом праве отказать. Ну не фантазмагория?

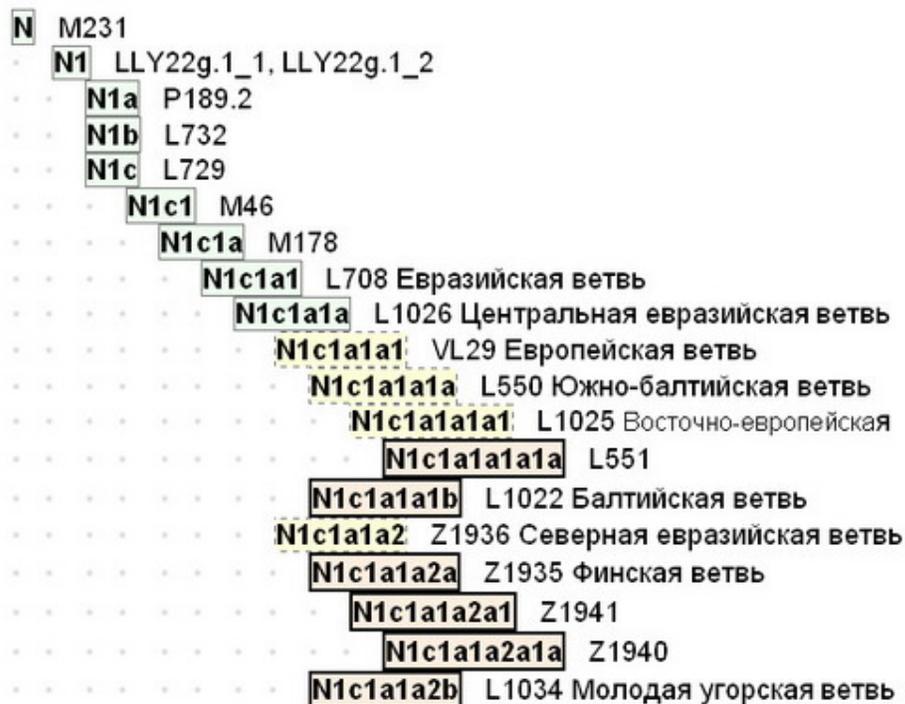
К тому же сильно подозреваю, что погены и те, кто жонглирует их данными, ни сном, ни духом не подозревают, что в гаплогруппе N1c1 есть еще южно-балтийская ветвь, что имеет совсем другую историю. На карте она отмечена малиновыми фишками. Там крайне мало финнов и представителей других народов балто- и пермско-финской групп, зато много славян и балтов. Скорее всего, в абсолютных величинах их больше чем финнов, карелов, вепсов, саамов и коми, вместе взятых. Скопление малиновых фишек на юге Финляндии образовалось в основном за счет этнических шведов, а также влившихся в их состав переселенцев из ганзейских городов южной и восточной Балтики.

*Ирина* говорит:

Спасибо вам за ваши статьи и интервью. Увлекаюсь вопросом генеалогии и геногеографии уже года 4. По профессии лингвист, так что решила опыты ставить на себе. Получила результат N-M178 из мест бывшей Воронежской губернии. 67 маркеров. Найден один дальний родственник в дистанции 7, но похож на моих братьев как родной. (Сдавал анализ мой брат, конечно). В деревне, из которой мой отец, дед и прадед все очень похожи. В основном, белобровые, светлоглазые, лица достаточно узкие. Будут сдавать, многие покажут N, я так думаю. Собственно поэтому и сдавала. Анатолий Алексеевич, подскажите, пожалуйста, куда мне обратиться, на форум, в сообщество, где бы мне помогли разобраться в цифрах из моего анализа. Тыкать наобум и нанизывать снипы финансово трудно, хотя я понимаю, что L550 и Z1936 уже существенно сузят поиск нужного снипа. Могу предоставить свои данные для проектов. Куда пойти, и где найти единомышленников и советчиков. Где можно почитать самому, чтобы лучше ориентироваться в собственном результате. Заранее спасибо за ответ.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

Уважаемая Ирина, Ваш вопрос – совершенно типичный, но на него трудно дать прямой ответ. Что значит «разобраться в цифрах», как Вы хотите? На каком уровне разобраться? В них можно разбираться всю жизнь, если этим заниматься серьезно, переходя ко все более и более высокому уровню знаний. Но если хотите уровень «нормальный», то Вы уже многое узнали, гаплогруппа N1c1, субклад M178 (см. диаграмму ниже, она была опубликована [в дискуссии к очерку про Рюриковичей на Переформате](#)).



Вы хотите узнать более глубокий субклад? Посмотрите тогда, сколько там еще копать, если делать по одному снипу. Сейчас под M178 уже 15 «этажей», как минимум, по сравнению с этой диаграммой годичной давности добавились еще. Где почитать? Читайте Переформат. Потому что дальше уже будут статьи в академических журналах, которые на Ваши вопросы ответа не дадут. Более того, и этой диаграммы Вы там нигде не найдете, но найдете мудреные акробатические этюды, которые Вам ничего не скажут. Далее, если Вы начнете «нанизывать снипы», как Вы говорите, то тестирующие компании Вам все равно ничего объяснять не будут. Там – «товар-деньги-товар».

# Ископаемые гаплогруппы и гаплотипы

Анатолий А. Клёсов

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

(с дополнениями и новыми данными к варианту  
Переформата)

Один из наиболее часто задаваемых вопросов формулируется следующим образом. Почему бы не проверить на Y-хромосомную гаплогруппу-гаплотип мумию в усыпальнице, или древние останки скифов-сарматов, или древних славян, кости которых в изобилии хранятся в запасниках музеев, и многие загадки истории были бы решены просто в одно касание. Увы, в техническом и финансовом плане все не так просто как может показаться.



Анализ древних ДНК — колоссальная по трудности задача, доступная всего нескольким лабораториям в мире. Дело в том, что ДНК — это органическая молекула, и как всякая органика, она подвержена микробной инфекции и последующему разложению. Облегчает задачу анализ костных ДНК, которые защищены окружающей костью как броней, но всему есть предел, и после сотен лет, и тем более тысячелетий, ДНК почти безнадежно превращена микробами в мешанину. В редких случаях ситуацию можно спасти, если почва была

относительно сухой, кости были случайно «запечатаны» в пещере, в бескислородной среде (хотя анаэробным микробам это не помеха), или по какой-то подобной причине ДНК хотя бы частично сохранилась после сотен и тысяч лет, а то и после десятков тысяч лет.

Излюбленным объектом палеогенетиков являются ископаемые зубы, в них микросверлом делается микрокерна, из него экстрагируется ДНК и подвергается анализу. Но это легко сказать — подвергается анализу. Здесь присутствуют две сложнейших задачи. Первая состоит в том, чтобы отделить ДНК человека от ДНК-микроорганизмов в той самой мешанине, вторая — суметь провести анализ в значительной степени разложившейся ДНК, которая из огромной молекулы превратилась в короткие фрагменты. Данные задачи похожи на попытку восстановить содержание сильно обгоревшей книги уцелевшей после пожара в библиотеке.

Кто знает, с какими трудностями проводился анализ ДНК царской семьи,<sup>1</sup> тот получит дополнительное представление о сложности задачи, при том, что в этом случае не прошло и ста лет после захоронения. Почва, влажность и другие обстоятельства захоронения почти не оставляли шансов на успешный ДНК-анализ. Образцы возили в Англию и США, потому что в России такие работы не делают.

Почти каждая подобная работа становится сенсацией, каждая значительно продвигает науку. Анализ митохондриальных ДНК намного легче, хотя там те же проблемы. Легче же потому, что размеры исходной мтДНК в тысячи раз меньше, чем Y-хромосомы. Размер последней — 58 миллионов нуклеотидных пар, мтДНК — 16600, то есть в три с лишним тысячи раз меньше. Но информацию гаплогруппы-гаплотипы Y-хромосомы дают намного больше. Вот об этом мы сейчас и расскажем, на примере всего полутора десятков расшифровок ископаемых ДНК, то есть всех, что вообще в мире были сделаны, и которые привели к определению гаплогрупп и (не у всех) гаплотипов Y-хромосомы человека, а также краткого описания того, что это дало для лучшего понимания нашей древней истории.

Здесь надо понимать и то, чем именно был обусловлен выбор этих полутора десятков ископаемых объектов. Все эти работы продвинули науку, поэтому этот фактор ясен. Но дело не только в нем. Современная наука — это часто и шоу. Ничего плохого в этом слове нет, хотя бы потому, что на такие исследования нужны огромные деньги, многие миллионы долларов, и эти деньги необходимо получить. Для получения финансирования следует заинтересовать инвесторов, кто бы в роли инвестора ни выступал, в том числе и государство, и в особенности

11661166116611661166

<sup>1</sup> Клёсов, А.А. Интернет: заметки научного сотрудника. Изд. Московского университета, М., 2010, стр. 385-401.

государство. У государства денег на исследования никогда не хватает, поэтому нужно привлекать внимание тех, от кого зависит выделение средств. За выбором объекта исследования всегда стоят чьи-то интересы – либо это интерес общественности и науки к решению определенных исторических загадок, либо амбиции руководителей исследований, либо политические интересы, как при анализе гаплогруппы-гаплотипа египетского фараона Тутанхамона, либо личные связи с теми, кто такие исследования умеют делать. Впрочем, перейдем к делу.

### **R1a, Германия, 4600 л.н.**

Первое значимое открытие в отношении ископаемых гаплотипов было сделано в Германии, при раскопках в Эулау.<sup>2</sup> Датировка захоронения – 4600 л.н., в ней нашли кости группы взрослых и детей, большой семьи, убитых каменными топорами при неожиданном нападении (рис. 1, 2). Гаплогруппа у всех мужчин и мальчиков – R1a. Здесь требуется небольшое отступление – в том же 2008 году один из авторов настоящей книги по мутациям в современных гаплотипах в Германии рассчитал, что их общий предок жил между 4825 и 4500 л.н., и в августе 2008 года эти данные опубликовал. В ноябре вышла статья Хаака, с датировкой ископаемых гаплотипов R1a 4600 л.н.. Собственно, с лета 2008 года и начался отсчет новой науки ДНК-генеалогии.

Хаак с сотрудниками определили не только гаплогруппу, но и около десятка гаплотипов. «Около» – потому что не все определили полностью, некоторые с пропусками. Поскольку это оказалась семья, то гаплогруппы всех ее членов оказались похожими друг на друга. Вот такие:

13/14 25 16 11 11 14 10 12/13 30 14/15 14 19 13 15/16 11 23 (древние R1a)

Они оказались очень похожими на расчетный гаплотип общего предка гаплогруппы R1a у этнических русских:

13 25 16 11 11 14 10 13 30 15 14 **20 12** 16 11 23 (этнические русские R1a)

Двойные числа в ископаемых гаплотипах – это те, которые точно определить не смогли, здесь возможны варианты. Только две аллели (так называются эти числа) у ископаемых гаплотипов явно отличаются от расчетных, и они выделены цветом. Иначе говоря, эти пра-немецкие гаплотипы немного отличаются от пра-русских, что, в общем, удивления не вызывает. Тем более, что этот ископаемый гаплотип принадлежал

11661166116611661166

<sup>2</sup> Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N. et al. (2008) Ancient DNA, strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the later Stone Age. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 105, 18226-18231.

одной конкретной семье, у которой всегда возможны мутации. Тем не менее, ясно, что эти гаплотипы принадлежат близким родственникам.



Рис. 1. Вот так арии (гаплогруппа R1a) укладывали своих покойников – в скорченном положении, мужчин на правом боку (головой на запад), женщин на левом (головой на восток), всех лицом на юг (ноги могли быть согнуты в разной степени). Так уложены покойники в захоронении носителей R1a в Германии (Эулау), культура шнуровой керамики, с датировкой 4600 л.н.,<sup>3</sup> в захоронениях катакомбной культуры (от Днестра до Волги, II тыс до н.э.), части древнеямной культуры<sup>4</sup> (степная полоса от Урала до Днестра, 5600-4300 л.н., то есть IV – III тыс до н.э., ранней майкопской культуры в предгорьях Северного Кавказа, кобанской культуры,<sup>5</sup> в захоронениях каракольской археологической культуры бронзового века (II тыс до н.э.) на территории Горного Алтая<sup>6</sup> (другие погребения каракольской культуры показывают труположение на спине, головой на запад.<sup>7</sup> Это могут быть эрбины, носители гаплогруппы R1b, и это же положение характерно для домайкопского населения и части майкопского,<sup>8</sup> для населения кротовской культуры<sup>9</sup> –

116611661166116611661166

<sup>3</sup> Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N. et al. (2008) Ancient DNA, strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the later Stone Age. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 105, 18226-18231

<sup>4</sup> Яровой, Е.В. (2000) Скотоводческое население Северо-Западного Причерноморья эпохи раннего металла. Дисс. докт. ист. наук. <http://www.dissercat.com/content/skotovodcheskoe-naselenie-severo-zapadnogo-prichernomorja-epokhi-rannego-metalla#ixzz2tbTPrQFj>

<sup>5</sup> <http://chechen.org/archives/397>

<sup>6</sup> В.Д. Кубарев (2005). Каракольские сюжеты в наскальных изображениях Алтая и Монголии. VII Международные Рериховские чтения. <http://sibro.ru/reading/doc/390/2097>

<sup>7</sup> <http://www.cultural-school.ru/index.files/Page1470.htm>,

<sup>8</sup> Державин В.Л., Тихонов Б.Г. (1980) Новые погребения майкопской культуры в Центральном Предкавказье. КСИА. — М., Вып. 161. с. 76 — 79. <http://www.bronza->

первый, доандроновский этап развитой бронзы Обь-Иртышья, для большей части древнейшей культуры).

Две мутации между гаплотипами означают, что общий предок «прусского» и «пра-немецкого» гаплотипов жил примерно за 575 лет до них, то есть около 5200 л.н. Это определяется довольно просто – константа скорости мутации для приведенных гаплотипов равна 0.044 мутации на гаплотип на условное поколение в 25 лет. Поэтому получаем, что их общий предок жил за  $2/2/0.044 = 23$  поколения, то есть за  $23 \times 25 = 575$  лет до них. Это помещает их общего предка на 5175 л.н., что согласуется с «возрастом» общего предка рода R1a на Русской равнине, определенным независимым путем, а именно  $4900 \pm 500$  л.н.

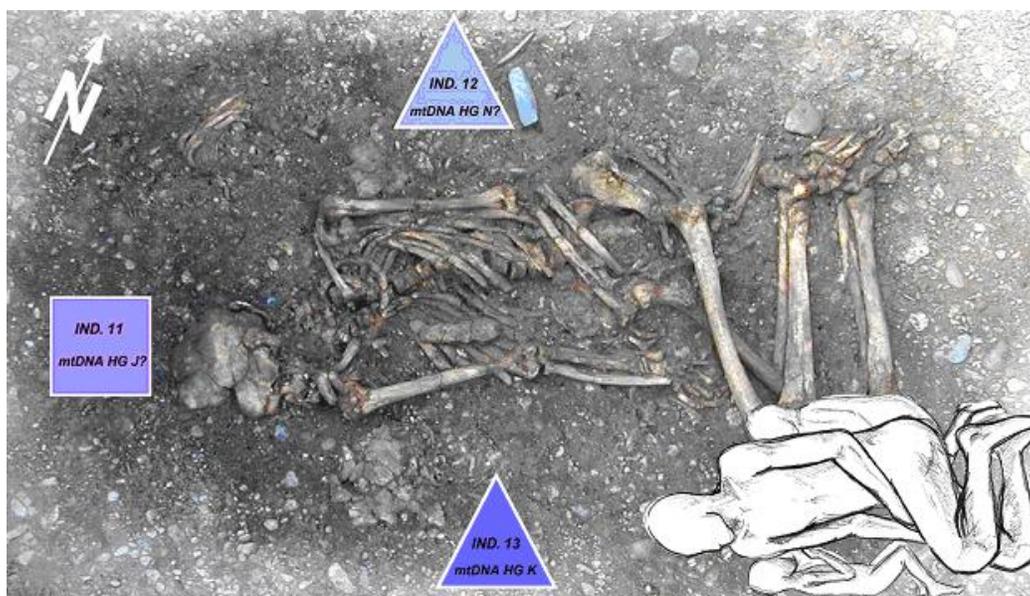


Рис. 2. Захоронение мужчины гаплогруппы R1a (в центре) с датировкой 4600 л.н. на территории современной Германии (Эулау). Положение костяка – на правом боку, головой на запад, лицом на юг.<sup>10</sup>

Вот так ископаемые гаплотипы подтверждают расчеты и выводы ДНК-генеалогии, но подводят под нее базу археологии.

lib.narod.ru/d/derzhavin\_tihonov1980.html

<sup>9</sup> Гришин, А.Е (2002). Погребальный обряд кротовской культуры: типология погребальной практики: по материалам могильника Сопка-2. Дисс. канд. ист. наук. <http://www.dissercat.com/content/pogrebalnyi-obryad-krotovskoi-kultury-tipologiya-pogrebalnoi-praktiki-po-materialam-mogilnik#ixzz2tabOKpiK>

<sup>10</sup> Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N. et al. (2008) Ancient DNA, strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the later Stone Age. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 105, 18226-18231.

**R1a, Абакан – Минусинск, Южная Сибирь, 3800-3400 и 2800-1900 л.н.**

Еще одним значимым открытием является идентификация R1a в Хакасско-Минусинской котловине, за многие тысячи километров от Германии и от Русской равнины, с датировкой захоронения 3800-3400 л.н.,<sup>11</sup> то есть тысячу лет спустя от R1a в Германии. Примерно 3600 л.н. арии ушли в Индию и Иран, точнее, в Индостан и на Иранское плато, и, как следует, проживали недалеко от Алтая и северной границы Монголии, в нынешних границах. Идентифицированные как R1a останки принадлежат к носителям андроновской археологической культуры.

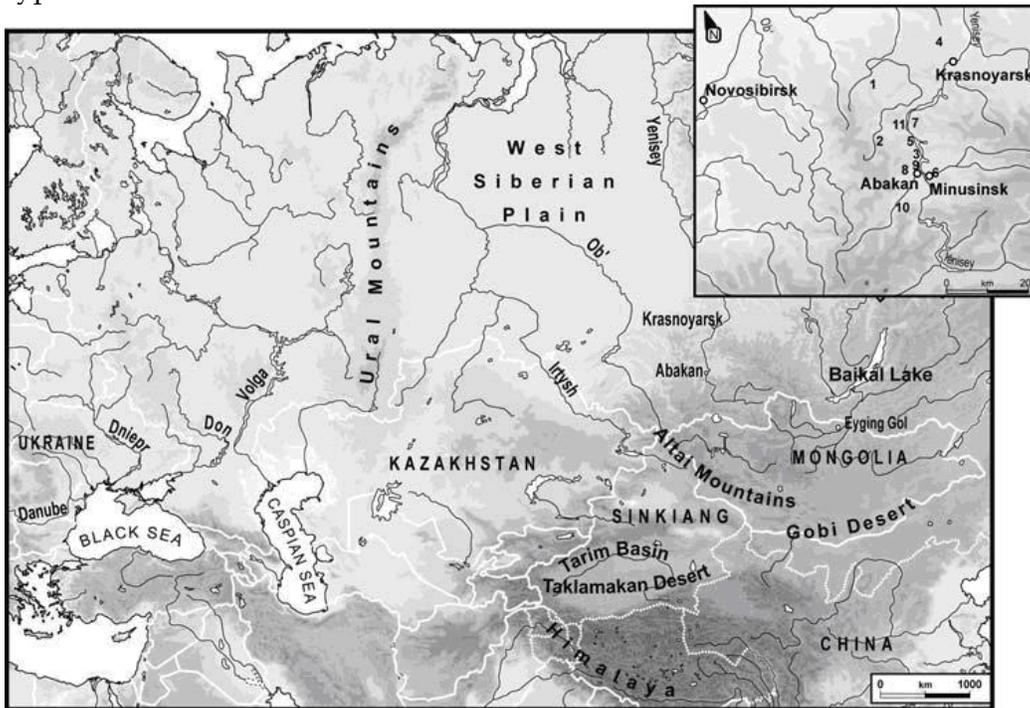


Рис. 3. На врезке показаны (нумерация) расположения археологических участков, из которых брали костные материалы для определения ДНК.<sup>12</sup> Видно, что это – далекое Зауралье – несколько тысяч километров на восток от Урала, к северу от монгольской границы, в приалтайском регионе.

Вот – эти ископаемые гаплотипы гаплогруппы R1a (3800-3400 л.н.):

13 25 16 11 11 14 10 14 **11** 32 15 14 20 12 16 11 23 (древние R1a)

11661166116611661166\_\_\_\_\_

<sup>11</sup> Keyser, C., Bouakaze, C., Crubezy, E. et al. (2009) Ancient DNA provides new insight into the history of south Siberian Kurgan people. Hum. Genet. 126, 395-410.

<sup>12</sup> Keyser, C., Bouakaze, C., Crubezy, E. et al. (2009) Ancient DNA provides new insight into the history of south Siberian Kurgan people. Hum. Genet. 126, 395-410.

В той же работе провели раскопки с датировкой 2800-1900 л.н., в захоронениях тагарской культуры, на той же территории, и обнаружили опять только гаплотипы группы R1a. Хотя прошли тысяча – две тысячи лет, гаплотипы отстались почти такими же:

13 24/25 16 11 11 14 10 13/14 **11** 31 15 14 20 12/13 16 11 23 (древние R1a)

Найдены также некоторые объекты, у которых аллели начали чуть расходиться, но не у всех, и это несмотря на довольно большую временную дистанцию. В этом и состоит надежность гаплотипов – они меняются незначительно с течением времени. Если они изменились по нескольким маркерам – следовательно, прошли тысячелетия.

Кстати, необходимо еще отметить, что один гаплотип из десяти идентифицированных оказался из гаплогруппы C(xC3), т.е. гаплогруппа C, но не субклад C3. Нам это не очень интересно – и отнесение нечеткое, и гаплотип явно местный, никаких миграций не отражает. Потом к нему еще вернемся. Гаплотип его, понятно, совсем другой по сравнению с приведенными выше, почти все аллели разные:

14 22 15 9 12 13 11 14 12 30 16 14 19 11 15 10 22 [C(xC3)]

Пока мы его рассматривать не будем.

Смотрим выше на гаплотип из Германии и на гаплотипы этнических русских, для сравнения с андроновскими гаплотипами из Минусинской котловины. Выделен маркер, который у древних гаплотипов в Германии не определялся, у русских гаплогруппы R1a он такой же – 11. Разница с гаплотипом общего предка этнических русских – только в паре 14-32 у ископаемых гаплотипов и 13-30 у предков этнических русских. Между ними две мутации, так как по правилам, детали причины которых мы здесь объяснять не будем, это на самом деле пары 14-18 и 13-17. Числа 32 и 30 – это суммы первых двух, так принято представлять данные. Так вот. Пара 14-32 характерна для ариев Индии, Ирана, Ближнего Востока (ОАЭ, Бахрейн, Саудовская Аравия), то есть для *собственно* ариев, канонизированных, если так можно выразиться, лингвистической наукой и БСЭ. Расчетные датировки общих предков – 3500-4000 лет.<sup>13</sup> Вот – примеры современных гаплотипов их прямых потомков:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 32 – Индия (брамин)  
13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 32 – Индия  
13 25 15 10 11 14 12 13 10 14 11 32 – Иран  
13 25 16 11 11 13 12 12 11 14 11 32 – ОАЭ  
13 25 15 10 11 14 12 12 10 14 11 32 – Араб (страна не указана)

11661166116611661166

<sup>13</sup> Клёсов, А.А. (2013) Субклад R1a-L342-L657 в древнем Зауралье. Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 6, № 3, 446-451.

13 25 15 10 11 14 12 12 10 14 11 32 – Араб (страна не указана)

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 32 – Бахрейн

13 24 15 10 11 14 12 12 10 14 11 32 – Саудовская Аравия

13 25 16 11 11 14 X X 10 14 11 32 – ископаемый гаплотип

Так вот, все указанные выше гаплотипы Индии, Ирана, Ближнего Востока проанализированы весьма глубоко, денег эти люди, обладатели гаплотипов, не пожалели. Все они имеют цепочку характерных мутаций, снипов (от сокращения SNP), которая выстраивается так: R1a-L342.2-L657. Здесь присутствует уже не только общий род R1a, но и более конкретные племена – L342.2 (синоним – Z94). Очевидно это степные племена гаплогруппы R1a, которые традиционно, в узком смысле, называются в археологии ариями. Арийским опять же традиционно в лингвистике считается их язык. Лингвисты и археологи не поясняют, как арийский язык, отраженный в виде топонимов, оказался представлен по всей Русской равнине, включая Русский Север, если арии обитали только в южных степях. Не поясняют они и то, как традиционный арийский знак – свастика – оказался опять же на всей Русской равнине, и как оказалось, что вологодские кружевницы веками, если не тысячелетиями, вплетают его в свои изделия (рис. 4).



Рис. 4. Вологодские кружева начала 20-го века (цитировано в статье Klyosov, A.A., Mironova E.A. 2013).<sup>14</sup>

Не поясняют они и то, как «степной» арийский знак оказался на Балканах, в древней Адриатике (Фото на рис. 5-11). Балканы, что хорошо известно, никак не относятся к южным русским и украинским степям. Короче говоря, лингвисты и археологи искусственно заужают арийский ареал и диапазон арийских миграций. Для лингвистов — это только «иранцы» да «индоарии», но ДНК-генеалогия расширяет эти понятия.



11661166116611661166

<sup>14</sup> Klyosov, A.A., Mironova, E.A. A DNA Genealogy Solution to the Puzzle of Ancient Look-Alike Ceramics across the World. *Advances in Anthropology*, 3, No. 3, 164-172, 2013.



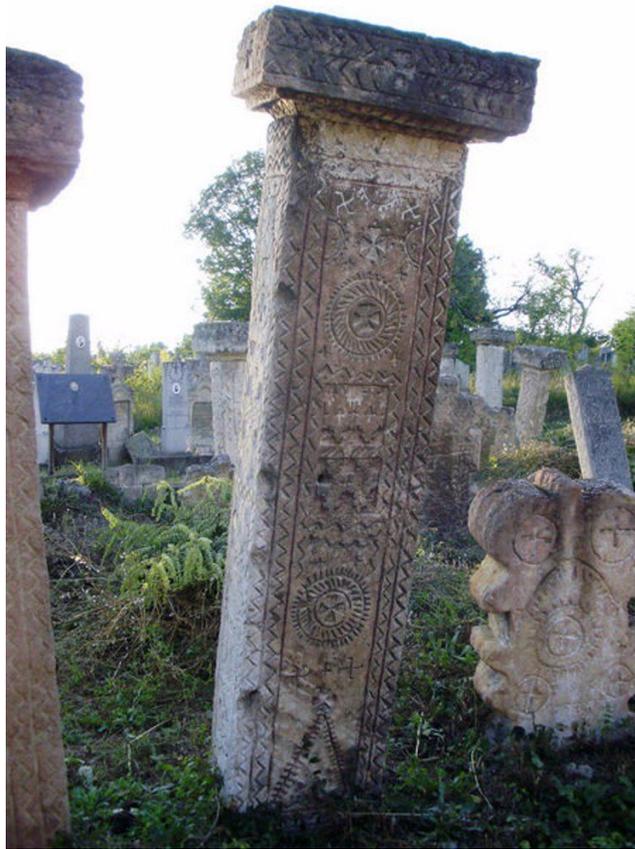




Рис. 5-11. Надгробные памятники на Балканах, датировка неизвестна.

Вся гаплогруппа R1a — это арийская гаплогруппа, присутствие «степных ариев» в Европе является только лишь фрагментом жизни и миграций древнего народа, который прибыл в Европу, на Балканы не менее 8 тыс. л.н., а скорее 9-10 тыс. л.н., и оттуда, после распространения по всей Европе, двинулся на Русскую равнину, о которой у ариев остались чудесные воспоминания как «Ариана Ваэджа», «арийский простор».

Весьма вероятно, что племя L342.2 сначала прибыло с Балкан в Днестро-Донской регион, а потом двинулось далее на восток по южному, степному и лесостепному пути. Затем, весьма вскоре, у кого-то из ариев произошла снп-мутация L657, потомки выжили и приумножились, и вот мы видим тот же снп, метку степных ариев, и на Ближнем Востоке, и в Индии, и в Минусинской котловине в Южной Сибири. Вот так определение ископаемых гаплотипов продвигает наши знания, конечно же в совокупности с обширными данными ДНК-генеалогии и других дисциплин.

#### **R1a, Таримский бассейн, северо-западный Китай, 4000-3800 л.н.**

Карта ниже (рис. 12) показывает общий вид Таримского бассейна и пустыни Такла-Макан, в которой и были найдены «Таримские мумии».

Все тестированные 7 человек показали гаплогруппу R1a, гаплотипы не определяли (или не сообщили).



Рис. 12. Общий вид Таримского бассейна в пустыне Такламакан, где были найдены «таримские мумии» с гаплогруппой R1a.

В статье Li C. и др.,<sup>15</sup> в которой описана находка мумий в Таримском бассейне, рассуждают достаточно распространенным, но увы, некорректным образом. Например, если были обнаружены европеоиды, то они непременно являются мигрантами из Европы. Если они одеты в ткани, похожие на шотландский плед, то их выход состоялся непременно из Шотландии. Обратный вариант авторами не рассматривается и совершенно напрасно. В Южной Сибири, в настоящее время, обнаружены древнейшие гаплогруппы R1a возрастом 20 тыс. л.н. и тип древних тканей мог бы быть принесен, не из Европы, а наоборот, в Европу.

Да, таримские R1a могли прибыть из Европы 4000 л.н. или ранее, но это необходимо доказывать, а в отсутствии гаплотипов это практически безнадежно. Почему авторы статьи не показали или не определили гаплотипы — остается загадкой. Li C. и др. предполагают, что обнаруженные люди антропологически близки к носителям Афанасьевской археологической культуры (5500-4500 л.н.), что еще более смещает в древность обнаруженных носителей R1a, и делает

<sup>15</sup> Li, C., Li, H., Cui, Y. et al. (2010) Evidence that a West-East admixed population lived in the Tarim Basin as early as the early Bronze Age. BMC Biology, 8:15, doi:10.1186/1741-7007-8-15.

сомнительным их прибытие из Европы 3800-3400 л.н.. Таким образом, альтернатива остается нерешенной — либо это древние, автохтонные R1a, предки которых в Европе никогда не были, либо это потомки мигрантов, которые вышли из Европы не позднее 6 тыс. л.н. и пересекли Евразию значительно раньше, чем «классические» арии гаплогруппы R1a-L342.2.

Последнее, в принципе, не исключено, но пока нет достаточного количества фактов подтверждающих предположение о двух отдельных миграциях ариев через всю Евразию с разницей в полторы-две тысячи лет, то есть с прибытием на Алтай 5500 и 3500 л.н.. Данные факты могли бы также перевернуть представления о том, кем были создатели цивилизации Хараппы и Мохенджо-Даро 5 тыс. л.н., и как там оказалась арийская свастика в те времена.

### **R1a, северная и северо-восточная Монголия**

Обнаруженные ископаемые гаплотипы в Монголии не очень древние, 2300-2000 л.н., т.е. граница нашей эры. В работе десятилетней давности (Keyser-Tracqui С. и др.), одной из первых в этом направлении, определили гаплотипы для 27 ископаемых скелетных остатков.<sup>16</sup> Однако гаплогруппы для них не определили, да и сами гаплотипы были со многими пропусками, и эта работа осталась в целом невостребованной. Авторы статьи больше интересовало, кто в какой могиле похоронен и родственные связи умерших, а для этого знать гаплогруппу нет необходимости.

Впрочем, если внимательно посмотреть на представленные данные, то можно видеть серию из шести одинаковых гаплотипов явно гаплогруппы R1a:

13 24 15 10 12 15 X X X X 11 29 — 22 23           (древние R1a, 2300 л.н.)

Если данным маркерам (а маркеры в статье указаны) сопоставить соответствующие маркеры предкового гаплотипа Русской равнины (он же — предковый гаплотип этнических русских), то получим следующее:

13 25 16 11 11 14 X X X X 11 30 — 19 23           (этнические русские R1a)

Последний гаплотип разделяют с монгольским 9 мутаций на 10 маркерах, что соответствует (константа скорости мутации 0.018 на гаплотип на условное поколение в 25 лет) временной дистанции между ними примерно 23 тыс. лет, и помещает их общего предка на 15 тыс. л.н.. Монгольский носитель гаплогруппы R1a и его предки из Европы не

11661166116611661166—————

<sup>16</sup> Keyser-Tracqui, С., Crubezy, E., Ludes, B. (2003) Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2,000-year-old necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. Am. J. Hum. Genet. 73, 247-260.

выходили. Данное обстоятельство свидетельствует в пользу того предположения, что родина гаплогруппы R1a находится в Центральной Азии,<sup>17</sup> к которой относятся Алтай, и северная Монголия.

Следующая статья по древним монгольским гаплотипам была опубликована семь лет спустя.<sup>18</sup> Ее авторы (Kim K. и др.) провели анализ трех ископаемых скелетных остатков с датировкой 2000 л.н., один оказался женским, два других имели мужские Y-хромосомные гаплогруппы C3 и R1a. Последний имел материнскую гаплогруппу (мтДНК) U2e1, то есть, скорее всего, он действительно прибыл с Русской равнины, где мтДНК гаплогруппа U – древнейшая. Впрочем, вполне могло быть и так, что мать – потомок женщины с Русской равнины, а сам носитель гаплогруппы R1a – автохтон. По мнению авторов статьи, носитель R1a пришел из Европы.

Интересно, что в недавно проанализированных на ДНК семи скелетных остатках мужчин из Швеции (захоронение Мотала, Kanaljorden),<sup>19</sup> с датировкой 7 тыс. л.н. (см. ниже) в двух оказалась точно такая же митохондриальная гаплогруппа, U2e1, как и в Монголии. Это – так называемая палеолитическая гаплогруппа (U2), и, не исключено, что женщины-носители этой гаплогруппы мигрировали с ней с Русской равнины на восток и на запад. Впрочем, к началу нашей эры уже прошла масса миграций в различных направлениях, так что наличие одной и той же женской гаплогруппы в Европе 7 тыс. л.н. и в Монголии 2 тысячи л.н. неудивительно.

Итак, некоторую информацию по ископаемым гаплогруппам R1a мы привели. Сейчас перейдем к ископаемым гаплогруппам G.

### **Гаплогруппа G2a, археологическая культура линейно-ленточной керамики, 6015-6260 л.н.**

Раскопки велись в Деренбурге, Германия. Статья по итогам – пространная,<sup>20</sup> шестнадцать страниц, плюс приложения, семнадцать

11661166116611661166

<sup>17</sup> *Центральная Азия*, природная страна в Азии, включающая пустынные и полупустынные равнины, плоскогорья и нагорья. Ограничена на востоке южной частью Большого Хингана и хребта Тайханшань, на юге – продольной тектонической впадиной верхнего Инда и Брахмапутры (Цангпо). На западе и севере граница Центральной Азии соответствует горным хребтам Восточного Казахстана, Алтая, Западного и Восточного Саяна, приблизительно совпадая с государственной границей между СССР, с одной стороны, Китаем и МНР – с другой. Население Центральной Азии составляют монгольские народы (халха и др.), китайцы, уйгуры, тибетцы и др. (БСЭ)

<sup>18</sup> Kim, K., Brenner, C.H., Mair, V.H. et al (2010) A Western Eurasian male is found in 2000-year-old elite Xiongnu cemetery in Northeast Mongolia. *Amer. J. Phys. Anthropol.* 142, 429-440.

<sup>19</sup> Lazaridis, I., Patterson, N., Mittnik, A., Renaud, G., Mallick, S., Sudmant, P.H., Schraiber, J.G., Castellano, S. et al. (2013). Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. Supplemental Material. December 23, 2013 bioRxiv, on-line. Doi:10.1101/001552

<sup>20</sup> Haak, W., Balanovsky, O., Sanchez, J.J. et al. (2010) Ancient DNA from European early Neolithic farmers reveals their Near Eastern affinities. *PLOS Biology*, 8 (11) e1000536. doi:

авторов, но за обилием общей информации теряется суть того, что было на самом деле найдено. Найдено же было вот что: при раскопках захоронения культуры линейно-ленточной керамики с датировками 6015-6257 л.н., с погрешностью плюс-минус 30-40 лет, извлечено 26 останков, для 22 определены митохондриальные ДНК, и для трех – Y-хромосомные гаплогруппы, причем только для одного определение было конкретным – гаплогруппа G2a3 (мтДНК относилась к гаплогруппе W). Для двух других определение гаплогруппы Y-ДНК было более уклончивым – F\*(xG,H,I,J,K). Что означает – общая гаплогруппа F, но без участия производных от нее гаплогрупп G, H, I, J, K. То есть снипов этих пяти гаплогрупп не обнаружено. Но обнаружен снип F, и что под этим «зонтиком» осталось, кроме тех пяти указанных гаплогрупп, то всё и может быть.

Тринадцать мтДНК оказались принадлежащими к относительно распространенным в настоящее время гаплогруппам H, HV, V, K, T, J; гаплогруппы еще пяти мтДНК (W, N1a) являются относительно редкими, и четыре мтДНК относятся к неизвестным в настоящее время гаплогруппам (T2, U5a1a). Все остальное в статье представляет собой рассуждения с предположениями и проведением линий через две точки, а то и через одну, в любую сторону.<sup>21</sup> В общем, именно потому определение митохондриальных ДНК обычно не является информативным, оно дает некую канву с самыми разнообразными возможностями вариаций.

Увы, самого главного авторы не сообщили. Дело в том, что если собрать носителей гаплогруппы G2a в сегодняшней Европе, с тестированными гаплотипами, а их много, многие сотни, то общий предок их всех жил всего 4000 л.н., причем не в Европе, а на Кавказе, Иране, на Ближнем Востоке. В Европе датировка общего предка носителей G2a составляет 5000-6000 л.н. и наблюдается только для малого числа гаплотипов, на Пиренеях. В Центральной Европе их нет. На Кавказе имеется обилие гаплотипов гаплогруппы G2a, особенно на западном Кавказе, среди абхазов, черкесов (адыгов), шапсугов, осетин, но время общего предка – не глубже 4500-4750 л.н.<sup>22</sup> Скорее всего, это потомки беглецов из Европы в те времена.

Почему именно в те времена? Об этом, кратко и мимоходом, рассказывалось в предыдущих главах книги, поскольку до основных материалов, т.е. до ископаемых гаплогрупп, мы тогда еще не дошли.

---

10.1371/journal.pbio.1000536.

<sup>21</sup> Клёсов, А.А. (2010) Ископаемые гаплогруппы культуры линейно-ленточной керамики (комментарии к недавней публикации Haak et al (2010) PLOS Biology, November 2010). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, том 3, № 12, 2065-2069.

<sup>22</sup> Клёсов, А.А. (2012) Гаплогруппы и гаплотипы Кавказа. Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 5, № 9, 1005-1036.

Повторим более определенно — 4800-4500 л.н. в Европу прибыли эрбины, носители гаплогруппы R1b. Они взяли Европу буквально в клещи, войдя туда со стороны Пиреней (культура колоколовидных кубков, 4800 л.н.), также со стороны Апеннин и островов Средиземного моря (4500 л.н.), и со стороны причерноморских, понтийских степей (4500 л.н.). К местным жителям они отнеслись, мягко говоря, недружески.<sup>23</sup> В итоге практически все гаплогруппы Старой Европы исчезли, часть смогла бежать — гаплогруппа R1a на Русскую Равнину, G2a — через Малую Азию в Месопотамию и далее на Кавказ, E1b — на Балканы и в Северную Африку, I1 — в Скандинавию и на Британские острова, I2a1b — в Восточную Европу и на Британские острова.

Все они прошли «бутылочное горлышко популяции» и возродились опять, от чудом уцелевших беглецов, в разные времена, от 4000 до 2300 л.н., то есть последней понадобилось не менее двух тысяч лет для того, чтобы придти в себя. Это и есть «динарский субклад» гаплогруппы I2a1b в Восточной Европе, которая отсиживалась, видимо, в горах Восточных Карпат или на Дунае, и оттуда разошлась на север, на Балтику, и во все страны Восточной Европы, от Польши до Греции, Украины, Белоруссии, России.<sup>24</sup> Наибольшее количество их осело на Балканах, и, зная ту благословенную землю, понять их можно. В итоге в странах бывшей Югославии их доля в общем мужском населении доходит до 40%. Потому и назвали тот субклад гаплогруппы I2 динарским, по названию Динарских Альп в Адриатике.

Вот такая история произошла с ископаемыми гаплотипами гаплогруппы G2a3, носители которых жили в Европе шесть и более тыс. л.н. Примерно 4500 л.н. их постигла трагедия, которую сумела вскрыть пока только ДНК-генеалогия. В цитированной статье этого, конечно, нет.

### **Гаплогруппы G2a и I2a на юге Франции, 5000 л.н.**

В статье Lacan M. и др. (2011) были проанализированы 22 мужских гаплотипа из древнего некрополя на юге Франции. Авторы выявили три полных и девятнадцать неполных гаплотипов. Из них два гаплотипа относились к гаплогруппе I2a1, и двадцать — к гаплогруппе G2a.<sup>25</sup>

Два первых имеют следующий вид (один гаплотип полный, второй совпадал с ним по редким идентифицированным фрагментам):

11661166116611661166—————

<sup>23</sup> Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16000 to 1500 years before present. *Adv. Anthropology*, 2, No. 2, 87-105.

<sup>24</sup> Клёсов, А.А. (2012) Динарская (восточно-европейская) и «островные» ветви гаплогруппы I2a. *Вестник Академии ДНК-генеалогии*, том 5, № 11, 1304-1317.

<sup>25</sup> Lacan, M., Keyser, C., Ricaut, F.-X. et al. (2011) Ancient DNA reveals male diffusion through the Neolithic Mediterranean route. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 108, 9788-9791.

13 23 16 10 12 X X X 12 13 11 28 16 15 22 12 14 10 22 (ископаемые I2a1, Франция)

Предковый гаплотип для нескольких современных ветвей, прошедших бутылочное горлышко популяции гаплогруппы I2a1 Европы, с возрастом 2000-3000 лет (для разных ветвей), и с реконструированным предковым гаплотипом 5600 л.н., имеет следующий вид (этого в цитируемой статье уже нет):

13 23 16 10 12 12 11 13 **11** 13 11 28 **17** 15 **21 11** 14 10 22 (предковый I2a1, Европа)

Отмечены отличающиеся аллели. Четыре мутации разницы (при константе скорости мутации 0.042 мутации на гаплотип на поколение) между этими двумя гаплотипами разводят их на 2625 лет, и помещают их общего предка на 6600 л.н., что в целом несколько больше той датировки, что была реконструирована, но это терпимо, учитывая, что это была реконструкция. Мы видим опять, что носители гаплогруппы I2a жили в Старой Европе 5-7 тыс. л.н., но их потомки выжили и стали приумножаться только 2000-3000 л.н.. Та же история повторилась с дочерним субкладом I2a1b (динарский субклад) , упомянутым в предыдущем разделе. Его «обновленный» возраст – 2300 лет. Так что спокойной жизни носителям гаплотипов I2a на юге Франции оставалось всего несколько веков. Носители гаплогруппы R1b через 200 лет высалятся на Пиренеях после длинного похода из Центральной Азии, и двинутся на север, в континентальную Европу, как культура колоколовидных кубков, и в течение тысячи лет расселятся по всей Европе.

Эту же трагическую будущность можно отнести и к носителям гаплогруппы G2a, останки которых были найдены археологами в том же некрополе, в десять раз больших количествах. Их наиболее частые гаплотипы:

14 23 15 10 13 15 X X 11 12 11 30 18 16 20 11 14 10 21 (ископаемые G2a-P15, Франция)

Они тоже почти исчезли из Европы в следующие несколько веков (этого в цитируемой статье, как и то, что дальше, тоже нет). Те, что успели добежать до Кавказа, перешли уже в следующий субклад. На юге Франции были G2a-P15, до Кавказа дошли их дочерние ветви, в основном G2a1c2a-P303, и сейчас они там живут, до двух третей и трех четвертей среди абхазов, черкесов (адыгов), шапсугов и осетин – как дигорцев, так и иронцев. Их обновленный предковый гаплотип, соответственно:

14 23 15 10 13 **14** X X 11 12 11 30 **17** 16 20 **12 16** 10 21 (предковый G2a-P303, Кавказ)

Его расчетный возраст – 3100 лет. Разница в пять мутаций (соответствует 3350 лет между ними) помещает общего предка древних «французских» и кавказских гаплотипов на  $(3100+5000+3350)/2 = 5725$  л.н., что является вполне приемлемой величиной.

Интересно, что ни один из исследованных древних образцов ДНК на юге Франции не содержал мутации, отвечающей за усваиваемость лактозы в молоке. Иначе говоря, никто из них не мог пить свежее молоко без резкого дискомфорта. Возможно, что этот ген (точнее, мутация в гене, приводящая к лактозной толерантности) был принесен в Европу эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, через несколько веков.

#### Гаплогруппы G2a и E1b на северо-востоке Испании, 7000 л.н.

В еще одной статье Lacan M. и др. (2011) были проанализированы мужские гаплотипы из древнего некрополя на северо-востоке Испании. Из шести человек в захоронении пятеро оказались G2a, один – E1b-V13.<sup>26</sup> Интересно сравнить гаплотипы «испанских» G2a с «французскими», через две тысячи лет, которые приведены в предыдущем разделе.

**13** 23 15 10 **14 14** X X 11 12 11 **29** 18 16 **22 12 15** 10 21 (ископаемые G2a-P15, Испания)

Они различаются на семь мутаций, что помещает их общего предка в Европе примерно на 8500 л.н.. Основной смысл расчетов состоит в том, что семь мутаций между показанными двумя ископаемыми гаплотипами образовались в среднем более чем за две тысячи лет, так что маловероятно, что французские гаплотипы – прямые потомки испанских. Более вероятно, что и те, и другие – потомки более древнего предка, жившего за полторы тысячи лет до испанского захоронения. Но в любом случае, носители гаплогруппы G2a являются древними обитателями Европы. Вновь приходится повторить, что сейчас их там относительно мало, в основном вернувшиеся в Европу недавно, уже в нашей эре, преимущественно из Турции, Ирана и с Кавказа. Кроме того, в Европе присутствует довольно многочисленная популяция евреев-ашкенази, носителей G2a, но эта гаплогруппа пришла сюда всего 650 л.н.

Единичный гаплотип гаплогруппы E1b, подгруппы V-13, опять показывает, что судьба его потомков в Европе через 2-3 тысячи лет была незавидной, они почти все погибли. Напомню, что между 4800 и 4500 л.н. в Европу вошли эрбины, носители гаплогруппы R1b, которые 11661166116611661166

<sup>26</sup> Lacan, M., Keyser, C., Ricaut, F.-X. et al. (2011) Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 108, 18255-18259.

полностью изменили Старую Европу. Возможно, что их вторжение сопровождалось резкими климатическими изменениями, к примеру, засухами, однако подобные климатические изменения обычно касаются всех. Между тем, климатологи утверждают, что климат в те времена в Европе был хороший.

Сейчас носители гаплогруппы R1b в Европе составляют примерно 60% от всего населения. 5000 л.н. их здесь не было, во всяком случае не выявлено ни одного. Если сейчас собрать все доступные гаплотипы группы E1b-V13 по всей Европе и вокруг, то они образуют симметричное ДНК-генеалогическое дерево, что указывает, что их происхождение от одного общего предка (есть и другие критерии верификации, не будем сейчас их приводить). Приведем для примера дерево гаплотипов E1b-V13, чтобы было понятно, с чем ДНК-генеалогия работает.

Все 193 67-маркерных гаплотипа содержат 2857 мутаций. Общий предок их носителей жил 3525±360 л.н.<sup>27</sup> Мы столь подробно на этом останавливаемся, чтобы показать разрыв во времени между датировкой ископаемого гаплотипа группы V-13, и датировкой общего предка современных носителей той же группы. Разрыв составляет почти четыре тысячи лет. На самом деле, разрыв, скорее всего, начался примерно 4500 л.н., и продолжался тысячу лет. Это было время выживания ДНК-генеалогической линии E1b-V13, пока выживание не состоялось окончательно.

Сейчас проверим, как ископаемый гаплотип соотносится с современными V-13. Ископаемый имеет вид

13 24 13 10 16 19 11 13 11 31 16 14 20 10 22 (ископаемый E1b-V13, Испания)

Предковый гаплотип, к которому сходится дерево, показанное ниже (рис. 13), в 67-маркерном формате имеет вид

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 — 15 9 9 11 11 26 14 20 32 14 16 17 17 — 9 11  
19 21 17 12 17 20 31 34 11 10 — 10 8 15 15 8 11 10 8 12 10 0 23 24 18 11 12 12 17  
7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11 (предковый гаплотип E1b-V13, 3525 л.н.)

В маркерах, показанных для ископаемого гаплотипа, он редуцируется до такого:

13 24 13 10 16 **18 12** 13 11 **30 15** 14 20 10 22 (предковый E1b-V13, 3525 л.н.)

11661166116611661166

<sup>27</sup> Discussions. The mutation rate constants in DNA genealogy and related issues. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, том 4, № 11, 2108-2195.

Четыре мутации между гаплотипами (отмечены) разводят их на 2625 лет, и помещают их общего предка на  $(2625+3525+7000)/2 = 6575 \pm 700$  л.н., что соответствует датировке ископаемого гаплотипа в пределах погрешности расчетов. Таким образом, прямой потомок «испанского» гаплотипа выжил, пройдя бутылочное горлышко популяции, и принял эстафету рода, образовавшего сейчас дерево гаплотипов, показанное ниже.

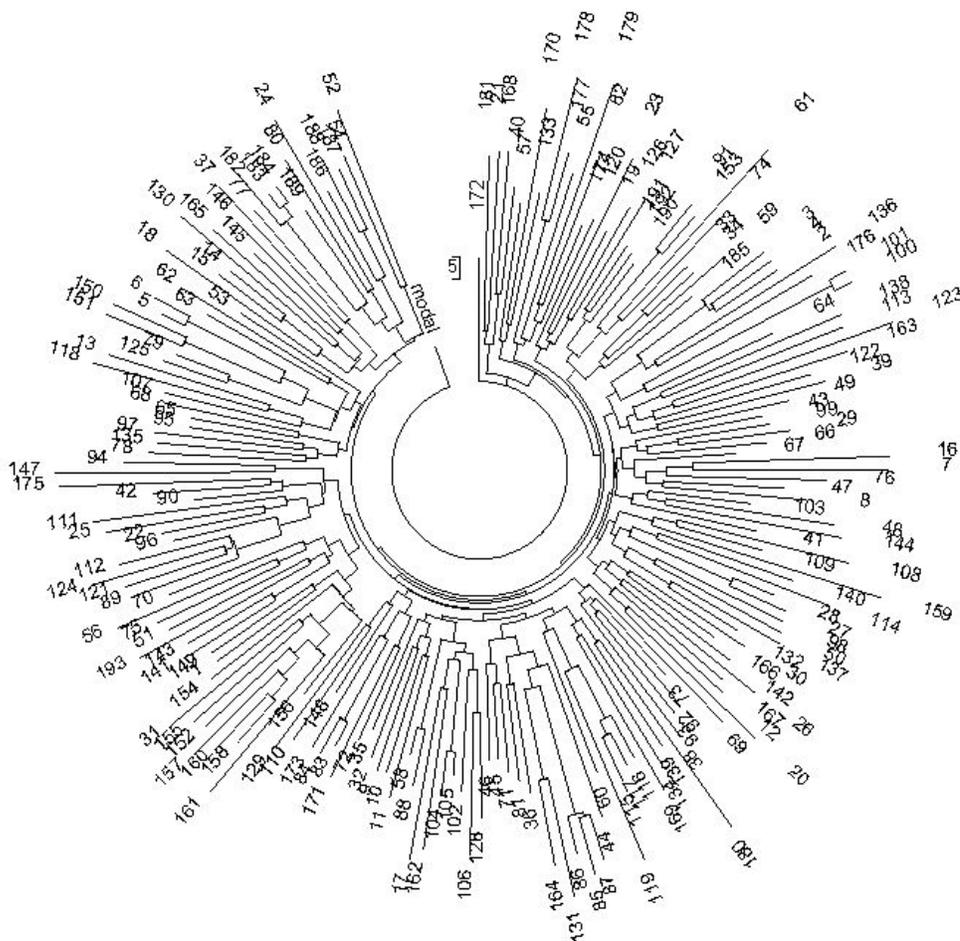


Рис. 13. Дерево из 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы E1b-V13. Построено из 193 гаплотипов, собранных по всей Европе.

Ни один из шести ископаемых образцов ДНК в испанской похоронной пещере давностью 7 тыс. л.н. не содержал мутации, отвечающей за усваиваемость лактозы в молоке. Это, в общем, уже не удивительно, поскольку и через две тысячи лет на юге Франции эта мутация тоже не была обнаружена. Она, видимо, действительно появилась с эрбинами около 5000 л.н., и, возможно, дала им определенные преимущества в питании и, соответственно, выживании.

**«Ледовый человек», Ötzi the Iceman, гаплогруппа G2a, альпийские горы на границе Австрии и Италии, 4550 л.н.**

История о мумии «ледового человека», названного Отци (по имени горной гряды, где он был найден), и обнаруженного в 1991 году в горном леднике, известна большинству людей, следящих за событиями в мире. Это — древнейший мумифицированный человек в природных условиях Европы.<sup>28</sup> Его гаплогруппа — G2a2b, то есть та самая гаплогруппа G2a, которая как раз в те времена начала исчезать из Старой Европы. Можно, конечно, пофантазировать, что с него геноцид G2a и начался, но нельзя единичный случай настолько обобщать. В те времена не он был первый, и не он последний, кто пал жертвой от рук убийц, по разным причинам. Впрочем, частная картина здесь в принципе совпадает с общей картиной геноцида гаплогрупп в Европе.

**Фараон Тутанхамон (3333-3323 л.н.), гаплогруппа R1b**

17 февраля 2010 года министр культуры Египта Фарук Хосни и генеральный секретарь Высшего совета Египта по древностям Захи Хавасс объявили о результатах исследований 2007-2009 гг., согласно которым были определены (в некоторой степени) генетические особенности Тутанхамона и определена его гаплогруппа. Гаплогруппа объявлена не была, возможно по политическим и/или идеологическим мотивам.

В конце концов, на сайте iGENEA, швейцарской компании (Цюрих) был обнаружен 16-маркерный гаплотип Тутанхамона

13 24 14 11 11 14 X X 10 13 13 30 16 14 19 10 15 12 (гаплотип  
Тутанхамона)

Данный гаплотип не является «обычным» европейским гаплотипом R1b1a2. Дело здесь вот в чем. Почти все европейские гаплотипы группы R1b1a2 имеют аллель 12 (сразу после X), здесь же он 10, что является большой редкостью (0.5% от общего числа) для европейских R1b1a2 гаплотипов.<sup>29</sup>

11661166116611661166\_\_\_\_\_

<sup>28</sup> Ermini, L., Olivieri, C., Rizzi, E. et al. (2008) Complete mitochondrial genome sequence of the Tyrolean Iceman. *Curr. Biol.* 18, 1687-1693; Fu, Q., Mittnik, A., Johnson, P.L.F. et al. (2013) A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes. *Curr. Biol.* 23, 1-7; Kean, W.F., Tocchio, S., Kean, M., Rainsford, K.D. (2013) The musculoskeletal abnormalities of the Similaun Iceman («ÖTZI»): clues to chronic pain and possible treatments. *Inflammopharmacology*, 21, 11-20; Püntener, A.G., Moss, S. (2010) Otzi, the Iceman and his leather clothes. *Chimia (Aarau)* 64, 315-320; Olivieri, C., Ermini, L., Rizzi, E. et al. (2010) Characterization of nucleotide misincorporation patterns in the iceman's mitochondrial DNA. *PLOS One*, 5(1): e8629. doi: 10.1371/journal.pone.0008629; Rollo, F., Ermini, L., Luciani, S. et al. (2006) Fine characterization of the Iceman's mtDNA haplogroup. *Am. J. Phys. Anthropol.* 130, 557-564.

Откуда же появилась гаплогруппа R1b1a2 у египетских фараонов? Увы, без датировок мы можем только гадать на этот счет. Посмотрим, что можно в этом отношении сделать. Взглянем еще раз на гаплотип Тутанхамона. Он отличается на 6 мутаций от указанного ниже предкового гаплотипа гаплогруппы R-M269\* (с возрастом примерно 7000 л.н.)

**12** 24 14 11 11 14 X X **12** 13 13 **29** 16 **15** 19 **11** 15 12

и на 6-8 мутаций от других предковых европейских гаплотипов, нисходящих от M269.

---

<sup>29</sup> Клёсов, А.А. (2011) Гаплотип фараона Тутанхамона (1333-1323 до н.э.) и его возможное происхождение. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, том 4, № 11, 2063-2069.



Рис. 14. Золотая маска фараона Тутанхамона

По всем этим мутационным различиям получается, что общий предок фараона и европейских (и азиатских) гаплотипов жил не менее 6000-8000 л.н.<sup>30</sup> Это, естественно, не европейский гаплотип, где общие предки в подавляющем большинстве имеют «возраст» 4200-4500 л.н. для самых древних европейских субкладов R1b1a2.

11661166116611661166

<sup>30</sup> Клёсов, А.А. (2012) Любопытный поворот истории про гаплотип фараона Тутанхамона и его происхождение. Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 5, № 1, 2431-2436.

Итак, предки фараона Тутанхамона вышли не из Европы, но откуда они появились в Египте, как минимум, 3330 л.н.?

Ответ на этот вопрос был дан несколько лет назад, в серии публикаций. После прибытия на Ближний Восток миграционным маршрутом с Русской равнины (7000-6500 л.н.) [а перед тем – из Центральной Азии 16 тыс. л.н.] через Кавказ (6000 л.н.) и Анатолию (6000 л.н.), основав Шумер (5500 л.н. и позже), с датировками в Ливане (5200±670 л.н.), носители гаплогруппы R1b1a2 направились на запад, по северо-африканскому побережью, прошли через Египет примерно 5500-5200 л.н., и в итоге вышли к Атлантике, переправились через Гибралтар и высадились на Пиренеях около 5000 л.н.. Это были родоначальники культуры колоколовидных кубков, которые примерно 4800 л.н. двинулись с Пиреней на север и заселили Европу между 4500 и 3000 л.н.<sup>31</sup>

Данные по гаплотипу Тутанхамона показывают, что в ходе этого маршрута носители R1b1a2 установили в Египте правящую верхушку, которая положила начало династиям фараонов. Когда это было? По датировкам миграционного маршрута – между 5500 и 5200 л.н.. Действительно, 6000 л.н. они еще были на Кавказе и в Анатолии, 5500-5200 л.н. – на Ближнем Востоке, и 4800 л.н. – уже на Пиренеях.

Сейчас представим несколько справочных сведений. Тутанхамон, фараон XVIII династии Древнего Египта, правил в 1333-1323 гг. до нашей эры, то есть примерно 3330 л.н., если дату привести в вид, пригодный для расчетов в рамках ДНК-генеалогии. Перед ним в XVIII династии правили фараоны Яхмос I → Тутмос I → Тутмос III → Аменхотеп II → Аменхотеп III → Эхнатон → Хoremхeб → Тутанхамон. Тутанхамон был сыном Эхнатона, и в династии ведет свою родословную от Тутмоса I (1504-1492 гг. до н.э.), и, возможно, от Яхмоса I.

Яхмос I, основатель XVIII династии, известный также как Яхмес, Ахмос или Амасис I, сын Секенен-Ра II, правил в 1550-1525 до н.э., и жил, соответственно, 3560 л.н.. Это было время войны с гиксосами, на которой погиб его отец. Перед Яхмосом I правили 18 фараонов, но по особому принципу счета Яхмос начинает XVIII династию, в которой Тутанхамон был последним, восьмым по счету. Перед этой династией было пять фараонов Среднего Царства (Ментухотеп II → Аменемхет I → Сенусерт I → Сенусерт III → Аменемхет III), перед ними семь фараонов Древнего Царства (Джосер → Снофру → Хуфу → Хафра → Менкаура → Сахура → Пиопи II), и перед ними – шесть фараонов раннего царства (Нармер → Менес → Хор Аха → Джер → Ден → Хасехемуи).

11661166116611661166

<sup>31</sup> Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16000 to 1500 years before present. Adv. Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

Родоначальник всей линии фараонов, Нармер, фараон Раннего Царства, нулевая династия, жил в 32-м веке до н.э., то есть 5200 л.н. Примечательно, что его имя отсутствует в царских списках, то есть он появился неизвестно откуда, но он был победителем Нижнего Египта и объединил его с Верхним Египтом. Поскольку сам Нармер не был документированным царем, то основателем Древнего Египта исторические источники считают его сына Менеса, который уже имел официальный царский титул. Началась новая эра в истории Египта и новая царская линия, линия фараонов. Как вытекает из вышесказанного, линия гаплогруппы R1b1a2. Вполне возможно, что эта линия пресекалась и появлялась опять, не обязательно продолжением предыдущей.

Источники насчитывают пять основных теорий происхождения Нармера. Однако на самом деле ни одна из них не свидетельствует ничего определённого. Эти «теории» не говорят о том, был ли Менес наследником Нармера, или Менес и Нармер — одно и то же лицо, как долго шло объединение Египта, когда оно было закончено, был ли победитель восстания в Нижнем Египте подлинным объединителем Египта и так далее. О происхождении Нармера информации нет. Так что можно предложить и шестую теорию. Она состоит в том, что Нармер или его прямые предки, носители гаплогруппы R1b1a2, прибыли с Ближнего Востока, а перед тем — с Кавказа и с Русской равнины, а перед тем — с Урала и Центральной Азии. В свою очередь, потомки этих людей сейчас составляют до 60% населения Западной и Центральной Европы. Они, естественно, не потомки египетских фараонов, они — потомки их предков.

### **R1b, Германия, 4700-4500 л.н.**

В статье Lee E.J. и др. (2012) были успешно изучены образцы ДНК двух скелетных остатков из захоронения культуры колоколовидных кубков в Кромсдорфе, Германия, к юго-западу от Берлина (см. рис. 15). Оба оказались гаплогруппы R1b. Гаплотипы в статье не описаны.<sup>32</sup> Радиоуглеродная датировка захоронений показала 4690-4560 л.н.

11661166116611661166

<sup>32</sup> Lee, E.J., Makarewicz, C., Renneberg, R., et al. (2012) Emerging genetic patterns of the European Neolithic: perspectives from a late Neolithic Bell Beaker burial site in Germany. *Amer. J. Phys. Anthropol.* 148, 571-579.

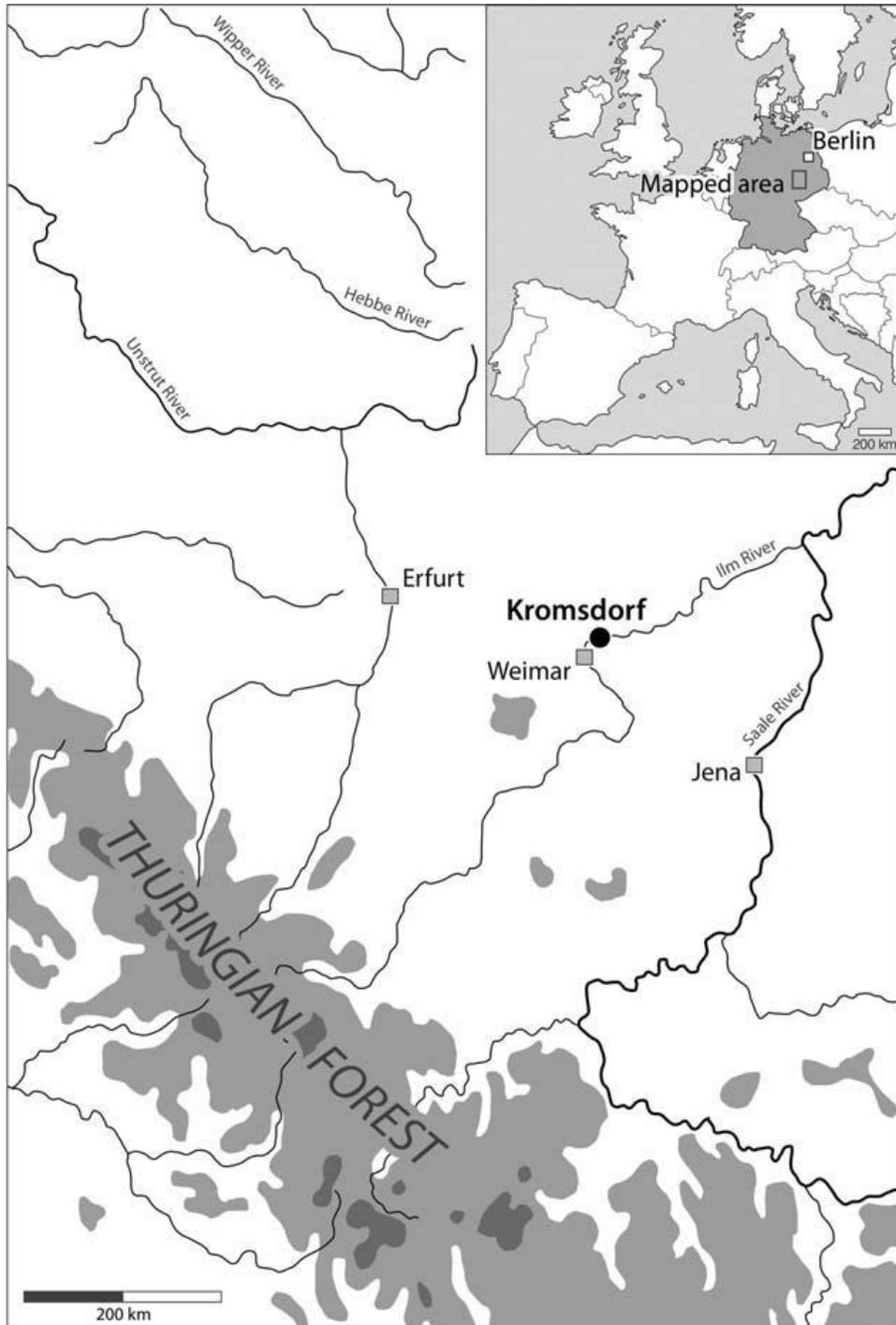


Рис. 15. Расположение археологического участка погребения носителей гаплогруппы R1b культуры колоколовидных кубков в середине III тыс до н.э. Зарождение культуры археологи относят к началу III тыс до н.э., примерно 4800 лет назад, на Пиренеях. Это именно времена прибытия эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, на Пиренейский полуостров, после долгого перехода на запад по Северной Африке.

В целом в захоронении были найдены останки десяти человек, у девяти из них — шести мужчин и четырех женщин — из зубов или костей взяли образцы для анализа ДНК, у шести определены мтДНК, у двоих — Y-хромосомные гаплогруппы R1b, как отмечено выше. К сожалению, у носителей R1b не было задокументировано труположение, и важная дополнительная информация о характерном направлении костяка покойника для племен R1b в данном случае утеряна. Остальные двое мужчин, у которых Y-гаплогруппы не были определены, оба лежали в направлении север-юг, один на левом боку, другой на правом. Это несколько странно и нарушает древние ритуалы труположения, если только не считать, что один из них был чужак.

В отношении женских (мтДНК) гаплогрупп, их в захоронении выявлено по одной у шести человек — I1, K1, T1a, U2e, U5a1 и W5a. Интересно, что не нашли гаплогруппу H, которую в настоящее время имеет половина населения Европы, восточной и западной. Предполагается, что гаплогруппа H пришла в Европу с носителями гаплогруппы R1a 8-10 тысяч лет назад, и у эрбинов ее поначалу не было. Это не противоречит составу мтДНК у носителей R1b культуры колоколовидных кубков, представленных в данном захоронении

#### **I2a, R1a, R1b, Германия, 3000-2700 л.н.**

Групповое захоронение было обнаружено в Лихтенштейнской пещере в Нижней Саксонии, в Германии. Пещера простиралась в глубину на 115 метров, ее открытие состоялось в 1972 году. В 2006 году Schilz F. в диссертации от 2006 г.,<sup>33</sup> сообщил результаты ДНК-тестирования 16 мужчин из захоронения, у двенадцати из которых оказалась гаплогруппа I2a2b-L38, у двоих — гаплогруппа R1a, у одного — R1b-U106. Оценочное время захоронения в диссертации указано между 3000 и 2700 л.н.

Судя по определенным гаплотипам, носители тестированной гаплогруппы I2a в захоронении принадлежали к четырем наследственным линиям, гаплогруппы R1a — к одной (оба гаплотипа были одинаковыми). Самая большая группа носителей I2a имела такой гаплотип:

13 25 16 11 13 17 X X 11 12 11 28 15 10 (древний I2a2b)

у других были вариации в маркерах втором, третьем, и третьем от конца. Гаплотип R1a оказался таким:

13 25 15 11 11 13 X X 11 13 11 30 14 11 (древний R1a)

11661166116611661166—————

<sup>33</sup> Schilz, F. (2006) Molekulargenetische Verwandtschaftsanalysen am prähistorischen Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle, Dissertation, Göttingen.



- I M170
  - I1 M253
  - I2 M438
  - • I2a L460
  - • • I2a1 P37.2
  - • • • I2a1a L158
  - • • • • I2a1b M423, L178
  - • • • • I2a1b1 M359.2
  - • • • • I2a1b2 L161.1
  - • • • • I2a1b3 L621
  - • • • • I2a1b3a L147.2

Рис. 16. Дерево субкладов гаплогруппы I (в сокращении). Отмечен субклад древнего люксембуржца, I2a1b-M423. Самый нижний – динарский субклад L147.2, который сейчас имеют миллионы славян Восточной Европы – от Греции на юге до Прибалтики на севере, гаплотипы которых сходятся к общему предку, жившему 2300 л.н.. Так что люксембуржец, живший 7200 л.н. – из группы их прямых предков.

Самая первая гаплогруппа (в этой серии) I по оценкам образовалась примерно 40-45 тыс. л.н.. Так что вполне возможно, что самые древние скелетные остатки анатомически современного человека, найденные в Англии и Италии с датировкой 45 тыс. л.н., относились к гаплогруппе I и или ее родительской IJ. Кроманьонцы, возраст которых оценивается в 30 тысяч лет,<sup>36</sup> жили намного позже, и могли принадлежать к одной из ветвей гаплогруппы I. В этом смысле расхожее мнение о том, что «мы произошли от кроманьонцев», или что «современные европейцы произошли от кроманьонцев» совершенно неверно, произошли только потомки той ветви, к которой принадлежал тот, скелет которого нашли в пещере Кро-Маньон во Франции в 1868 году. Если окажется, что он принадлежал к гаплогруппе, скажем, I1 или I2, то те, кто относятся к группе R1a или R1b, а это уже половина Европы, от кроманьонца никак произойти не могли. ДНК-генеалогия это наглядно объясняет. Те же, кто распространяет название «кроманьонцы» на все население Европы времени верхнего палеолита, или, более того, на всех людей планеты времени верхнего палеолита,<sup>37</sup> неправы. Это все равно, что называть «неандертальцами» (название произошло от черепа, найденного в ущелье Неандерталь вблизи Дюссельдорфа в Германии в 1856 году) всех гомининов планеты.

Митохондриальная (мтДНК) гаплогруппа древнего люксембуржца оказалась U5b1a, то есть принадлежала к серии так называемых палеолитических мтДНК гаплогрупп. Они в то время были уже

<sup>36</sup> <http://antropogenez.ru/zveno-single/67/> / Портал Антропогенез.РУ  
<sup>37</sup> <http://antropogenez.ru/zveno-single/67/> / Портал Антропогенез.РУ

распространены по всей Евразии. В пре-неолитической Европе, судя по данным 53 ископаемых мтДНК, к гаплогруппе U относились три четверти из них (74%), 13% приходились на гаплогруппу H, и остальные 13% — на остальные, минорные по численности гаплогруппы. Еще раз обращаем внимание, что гаплогруппа H уже была в Европе в те времена, и не исключено, что она пришла вместе с носителями мужской гаплогруппы R1a 8-10 тыс. л.н.. Гаплогруппы R1b в Европе тогда не было, она появилась только около 5 тыс. л.н.. В неолите, по данным 473 ископаемых образцов, доля мтДНК гаплогруппы U резко упала, до 20%, на первое место вышла гаплогруппа H (26%), за которой следовали гаплогруппы K (15%), T (12%), J (9%), N1a (4%), V (3%), и прочие минорные по численности гаплогруппы.

В сегодняшней Европе доля гаплогруппы U еще меньше — 12%, а гаплогруппы H — по разным данным от 41 до 50%, доли гаплогруппы K, T, J и V остались на том же уровне — 14%, 12%, 8% и 3%, соответственно.

Наконец, говоря о стабильности ритуалов захоронения в древних культурах, не исключено, что положение на спине с руками, скрещенными на груди, было «визитной карточкой» носителей гаплогруппы I или I2. Осталось только проверить это предположение по археологическим данным.

### **Гаплогруппа I, Швеция, 7 тыс. л.н.**

Групповое ритуальное захоронение в каменном соружении, затем погруженным в воду озера у городка Мотала в южной части Швеции, было обнаружено и исследовано в 2009-2013 гг. Оно содержало разрозненные части скелетов десяти взрослых и одного ребенка, чей единственный скелет был целым. Два скелета были обезглавлены, их головы воодружены на палки, видимо, для выставления на общественный осмотр, и затем захоронены. Датировка костей — от 7013±76 до 6701±64 л.н.<sup>38</sup>

Для определения пола захороненных был определен набор нуклеотидов во фрагментах X и Y хромосомы ДНК скелетных остатков по отношению к общему определяемому набору нуклеотидов в других хромосомах (так называемые аутосомные хромосомы, включая X-хромосому). Два скелетных набора фрагментов оказались женскими, в них отношение числа определяемых аутосомных нуклеотидов к сумме нуклеотидов X+Y было равно примерно 300 (323 и 294), пять скелетов (во фрагментах) были мужскими, отношение было равно примерно 12 (от 11.74 до 12.42).

11661166116611661166

<sup>38</sup> Lazaridis, I., Patterson, N., Mittnik, A., Renaud, G., Mallick, S., Sudmant, P.H., Schraiber, J.G., Castellano, S. et al. (2013). Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. Supplemental Material. December 23, 2013 bioRxiv, on-line. Doi:10.1101/001552



Митохондриальные гаплогруппы все имели гаплогруппу U в вариациях – U2e1 (два человека), U5a1 (два человека), U5a2, и U5a2d (два человека). У «люксембуржца», напомним, была U5b1a.

### Гаплогруппа R, Южная Сибирь, 24 тыс. л.н.

Археологические раскопки в селении Мальта, в 86 км к северо-западу от Иркутска, на реке Белой, велись с 1928 года. Здесь найдены тысячи древних артефактов, и что наиболее важно – двойное захоронение детей. Датировки (радиоуглеродные) обычно варьировались от 19,900±800 до 21,700±160 л.н. В работе Raghavan M. и др. (2013)<sup>39</sup> они были тщательно переделаны, и оказались в интервале 24.423-23.891 л.н., то есть примерно 24 тысячи л.н.

Y-хромосомная гаплогруппа была идентифицирована как R, митохондриальная как U.<sup>40</sup>

Авторы заключили, что по геномным показателям древний человек из Мальты был близок к американским индейцам, и пресса подала это заключение как очередную сенсацию, чего не избежала и научная литература.<sup>41</sup> На самом деле авторы, не слишком знакомые с ДНК-генеалогией, не подумали, что гаплогруппы R и Q – братские (см. рис. 12), они образовались от общего предка – гаплогруппы P, и, естественно, их геномы должны быть ближе друг к другу. Авторы так и сообщили, что ископаемый геном ближе всего к американским индейцам (имеющим в основном гаплогруппу Q, которой в Европе почти нет (обычно от 0 до 0.5%, в России в среднем 1.5% – данной информации в статье авторов нет), и стали фантазировать о том, что те, в Мальте, предки американских индейцев. Пресса, естественно, подхватила сенсацию, это приняли и в современной популяционной генетике и в СМИ.

Несмотря на грубые ошибки в интерпретации данных, сами данные очень важны, и они могут стать дополнительным обоснованием для утверждения о появлении гаплогрупп R1a и R1b в Южной Сибири.<sup>42</sup>

11661166116611661166

<sup>39</sup> Raghavan, M., Skoglund, P., Graf, K.E., Metspalu, M., Albrechtsen, A., Moltke, I., Rasmussen, S., Stafford, T.W., Orlando, L., Metspalu, E., Karmin, M., Tambets, K., et al. (2013) Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature*, doi:10.1038/nature12736

<sup>40</sup> Raghavan, M., Skoglund, P., Graf, K.E., Metspalu, M., Albrechtsen, A., Moltke, I., Rasmussen, S., Stafford, T.W., Orlando, L., Metspalu, E., Karmin, M., Tambets, K., et al. (2013) Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature*, doi:10.1038/nature12736

<sup>41</sup> Balter, M. (2013) Ancient DNA links Native Americans with Europe. *Science*, 342, 409-410.

<sup>42</sup> Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. *J. Genetic Genealogy*, 5, 217-256; Klyosov A. A., Rozhanskii I. L. Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants (2012). *Advances in Anthropology*, 2, No.1, 1-13; Klyosov, A.A. Ancient history of the Arbans, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. *Advances in Anthropology*, 2, No. 2, 87-105, 2012.

### 34 комментарий: О чём рассказывают останки давно ушедших людей

*Александр Кривошеин* говорит:

Замечательная статья! Идеально было бы проиллюстрировать статью картами, где графически отражены направления движений различных гаплогрупп, наподобие того, как это сделано на Родстве.ру (жаль только, что карты на Родстве.ру уже сильно устарели и не соответствуют новым данным).

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Я к таким картам отношусь плохо, и по нескольким причинам. Во-первых, я не видел ни одной карты «научно выдержанной» – они, как правило, неверны от альфы до омеги. Эти карты – обычно продукт неких свободных художников, которые работают «по понятиям», а не по науке. Это просто придумки, взятые с потолка и оформленные под якобы науку. Например, в картах обычно гаплогруппы А и В помещают в Африку, и ставят – «60 тыс. лет назад». В своей последней статье в *Advances in Anthropology* (это – вторая статья про Африку) я почти на страницу выписал все их «датировки» про гаплогруппу А, и показал, что все они – с потолка. Никто их не вычислял, не рассчитывал, и никто не интересовался, откуда. Так там заведено. Звучит невероятно, но это так. Эта «датировка» у популяционных генетиков, которую они навязали обществу, как и то, что наши предки якобы из Африки, в ходу уже 20 лет. Кстати, на днях вышла статья генетика Сванте Паабо и др., которые провели калибровку митохондриального генома по археологическим данным, и показали, что общий предок «всех современных людей» жил 157 тысяч лет назад (с доверительным интервалом 120-197 тыс. лет назад), а общий предок неафриканцев жил в интервале 62-95 тыс. лет назад. Это практически совпадает с нашими данными, опубликованными еще год назад в упомянутом журнале *Advances in Anthropology* («Успехи антропологии»), а именно  $160 \pm 12$  тыс. лет и  $64 \pm 6$  тыс. лет, соответственно.

Так что времена ставить уже на карту можно, а вот куда именно, в какой регион – неизвестно. Сюда же ведь примешивается и политика. И в немалой степени! Например, в той же статье Паабо и др. датировка останков в Костенках (Воронежская область) – самая древняя,  $37985 \pm 665$  лет назад, а последующие образцы из Италии –  $31155 \pm 85$  лет, на несколько тысяч лет «моложе». Митохондриальная (женская, материнская) гаплогруппа – у обоих образцов относится к группе U, но в Костенках U2, в Италии – U5 и U8. Но дальше в статье (среди авторов которой четверо итальянцев) начинается акробатика. Костенки в разделе «Обсуждение» вообще не упоминаются, ни разу. Вместо этого статья объявляет, что «итальянская» (в данном контексте) гаплогруппа U5 – старейшая в Европе (ссылка на статью 15-летней давности), что «датировка 31.5 тысяч лет для итальянских образцов это подтверждает»,

что такую мтДНК, как в Италии, еще не находили, что U5 «сидит у основания дерева мтДНК», что она «имеет две мутации, характерные для U5», и что «наша перекалибровка показывает, что U5 образовалась примерно 30 тысяч лет назад».

Кто что понял? Датировка в Костенках около 38 тысяч лет назад, U5 образовалась 30 тысяч лет назад, и она – старейшая в Европе? И зачем весь остальной словесный гарнир? Добро пожаловать в популяционную генетику. Их методы. Теперь можете представить, как ими будет выполнена карта, которую они в части уже обрисовали. И так – все карты погнетиков.

Вторая причина – на картах погнетиков обычно показано *что есть сейчас*, и они «по понятиям» прикидывают, а как оно могло быть тысячелетия, а то и десятки тысяч лет назад. Естественно, они не знают, поэтому либо оставляют, как есть *сейчас*, либо просто фантазируют, с нулевым научным обоснованием. Обоснования они друг у друга не требуют. Вот такая поразительная «наука», которая принципиально отличается от наук научно-технических.

Поэтому эти карты никто в настоящей науке не воспринимает. В сети обычно в ходу коммерческие карты, построенные коммерческими компаниями в содружестве с консультирующими их погнетиками, для потребления «на стороне», для «народных масс». Народные массы в этих картах тоже особенно не разбираются, это просто цветные картинки, для оживляжа.

Это – основные причины, почему я не принимаю эти карты.

Еще важная причина – эти карты специалистам не нужны. Ну, представьте, если вы физик, будете вы делать карту, где все физические дисциплины, крупные и мелкие ответвления, соединены между собой стрелочками. Кому эта карта нужна? Специалистам? Зачем? Они и так знают, у них в голове это все давно уложено. Народным массам, для развлечения, чтобы показать, как всё разнообразно? Да им тоже незачем эти детали знать, они не профессионалы.

У меня, например, эта карта древних популяций и их миграций в голове, причем в зыбком, подвижном виде, который меняется с каждой новой находкой, с каждым новыми расчетами. Происходят передвижки, меняются датировки, детали древних миграций. Это все – в связке с археологией, с лингвистикой, все зыбко и подвижно. Со стороны – нет, неспециалисту не видно. А я с каждой деталью этой зыбкости работаю, подводя обоснования, которые обычно противоречивы, и я их оптимизирую по всему множеству. И так – каждый день, неделю, месяц.

Понимаете, почему эти опубликованные карты – ни уму, ни сердцу?

*Урусов Виктор* говорит:

В своих работах Вы неоднократно говорили о разных путях миграции гаплогрупп R1a и R1b из Средней Азии – южном и северном. Какие существуют основания считать, что пути миграции этих гаплогрупп разные, а не один и тот же путь – через юг Русской равнины, но в разное время?

Второй вопрос, какие основания считать, что все ветви гаплогруппы R1b говорили на не индоевропейских языках? Имеется в виду ветвь, которая с Северного Кавказа прошла вдоль черноморского побережья на Балканы, субклад R1b1b2 (сний M269). Дело в том, что начало 2 тыс. до нашей эры на Балканах – это время протогреков, протоармян и других индоевропейских народов, среди которых сейчас распространен этот сний. (Хвост снипа тянется в среднюю Европу – кельты?). Языковая ассимиляция могла произойти при экспансии гаплогруппы R1a на восток.

Третий вопрос, почему при объяснении экспансии гаплогруппы R1b вы рассматриваете варианты военный, климатический, но не рассматриваете эпидемиологический? Дело в том, что на рубеже 2-3 тыс. до нашей эры наблюдался массовый мор среди племен волосовской и фатьяновской культур.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Оснований много. Просто этой тематикой надо заниматься, а не рассуждать «по понятиям», не зная материала. Это – бич «любителей».

О южной траектории миграции R1a говорят данные. Это – Тибет, Индостан, Иран, Анатолия, Балканы. Время общих предков гаплогруппы R1a вдоль этого миграционного пути – 20-12-9 тысяч лет назад. Вы вообще видели древние R1b в Тибете, в Индии, Иране, на Коморских островах, на Мальдивах? А древних R1a там – полно. Только что вышла статья (2013 год) по гаплогруппам на Мальдивах, R1a – доминируют, R1b – ни одной. Среди браминов в Индии, высшая каста – гаплогруппы R1a – до 72%, R1b – *ни одной* среди 367 тестированных браминов. Вы это знаете? Зачем тогда поднимать вопрос на пустом месте, не выполнив «домашнего задания», не ознакомившись с литературой, не подумав самому, наконец.

Напротив, R1b – миграции по северной траектории, 12-6 тысяч лет назад, через южный Урал, северный Казахстан, среднюю Волгу. R1a там в те времена вообще не было, они были в Европе. Они появились с запада, из Европы, на Русской равнине только 4800-4600 лет назад.

Видите, в чем принципиальная разница в ваших вопросах и моих

ответах? Вы не даете **данных**, я их даю. Вы просто спрашиваете «в воздух», не имея основы, не ознакомившись с тематикой.

То же и по второму вопросу. Какие основания вы дадите, что «ветви гаплогруппы R1b» 4000 лет назад говорили на индоевропейских языках? Ну, хотя бы один пример? В Индии R1b нет. А именно туда арии-R1a принесли индоевропейские языки. Баски, на 90% R1b, – что, у них индоевропейские языки? Нет. Откуда вообще появилось, что языки древних R1b, эрбинов, были индоевропейскими? Второй абзац у вас вообще бессвязный, опять «по понятиям», неясно, откуда взявшимся. Нельзя же так. Или связно объясните и обосновывайте, или... ну вы понимаете. Какая экспансия? Когда? Куда?

По третьему вопросу – ну, рассмотрите «эпидемиологический». И что это даст? Какую загадку решит? Ну, мор. Бывает. Дальше что? Вы же не сформулировали ответ. Если он вообще есть, конечно.

Я столь жестко отвечаю, потому что расплодилось масса «знатоков», которым «Рабинович напел». Это, если знаете анекдот, когда некто заявил, что у Карузо голос никуда не годится. На вопрос – откуда вы взяли, последовал ответ, что «Рабинович напел». И они, не имея ни образования, ни знаний, имеют... ммм, в общем, нахальство высказывать то, что они, понимаете, «полагают по данному вопросу».

Я буду счастлив, без преувеличений, увидеть **данные** и грамотные интерпретации. Потому что я не устаю учиться. Но видеть профанации – это выше моих сил. Считайте это программным заявлением.

*Liddy Groth* говорит:

*Хотя лингвисты и археологи не поясняют, как их арийский язык, отраженный в виде топонимов и гидронимов (которые, впрочем, часть топонимов) оказался по всей Русской равнине, если арии были только в южных степях.*

Лингвисты и археологи и не могут это объяснить, поскольку здесь нужны объяснения историков. Не могут лингвисты и археологи писать историю и не должны этого делать, поскольку когда они берутся за это дело, то... Зачем за примерами далеко ходить: исследование начального периода древнерусской истории сейчас осуществляется под эгидой лингвистов и археологов, много успели они на этом поприще? Результаты их можно точно обрисовать словами князя П.П. Вяземского – их недавно напомнил В.В. Фомин: «Мы движемся в поте лица в манеже, не делая при этом ни шага вперед».

Свои объяснения историка о древностях русов я начала развивать в цикле статей о солнцепоклонстве, в которых стараюсь реконструировать

историю Русского Севера через древнейшие солярные культы. Но проблема это громадная, и работа пока в самом начале.

*Сергей* говорит:

Познание начинается с удивления! Я технарь от мозга костей, историю просто люблю. Как истинный технарь – сторонник материалистического понимания. Здесь вижу новый мощный и точный инструмент, которого раньше не было. Надеюсь, он поможет навести порядок прежде всего в хронологии, составить глобальную хронологическую картину миграций. Впоследствии совместить её с историей климата. Успехов новому направлению науки!

*Валерий Юрковец* говорит:

На климатическом форуме Академии ДНК-генеалогии (<http://dna-genealogy.ru/>) помещён комментарий к данной статье. Если кратко, то основная причина исчезновения гаплогрупп «Старой Европы» – экспансия R1b – подтверждается палеоклиматическими данными. Подробнее [здесь](#).

*Анатолий* говорит:

Если Вас не затруднит, ответьте, пожалуйста, на следующие вопросы:

1. Проводилось ли ДНК-тестирование останков древних аланов? Распространено мнение, что на территории России их потомками являются осетины, а поскольку у осетин преобладает гаплогруппа G, то делается заключение, что первоисточником этой гаплогруппы на Кавказе и в Западной Европе были именно аланы.
2. Проводилось ли ДНК-тестирование останков людей, живших 40 тыс. лет назад на территории Воронежской области (Костёнки) и 25 тыс. лет назад на территории Владимирской области (Сунгирь)?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

1. Нет, не проводилось. Результаты всех тестирований на ископаемые гаплотипы-гаплогруппы Y-хромосомы приведены в основной статье выше. Аланов вы там не найдете. Что касается мнений, то их много, хороших и разных. Как правило, где начинаются «мнения», там заканчивается наука. Наука оперирует не мнениями, а экспериментальными данными.

Я не буду здесь пересказывать современные представления об аланах и их исторической связи с осетинами, данные очень противоречивы. В целом, аланы присутствуют на исторической арене с 1-го по 13-й век,

вплоть до конца Алании как самостоятельного политического объединения, их реликтовые группы сохранились до конца 14-го века. С аланами обычно связывают Предкавказье. Что касается аланов, как преимущественно носителей гаплогруппы G, то это маловероятно. Да, среди осетин большинство мужчин имеют гаплогруппу G2a – до двух третей дигорцев и до трех четвертей иронцев, но у шапсугов этой гаплогруппы 87%, у абхазов и черкесов – половина. Более того, общий предок у всех этих носителей гаплогруппы G2a – один и тот же. Так что здесь у осетин никакого особого положения с аланами нет. Этот общий предок жил примерно 4875 лет назад (Клёсов, 2012, Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 5, № 9, стр. 1005-1036), как видите, намного раньше алан. Потомки этого общего предка разошлись по ветвям, и одна осетинская ветвь гаплогруппы G2a1a1 началась примерно 1300 лет назад, 7-й век нашей эры, что по времени не противоречит аланам. Но, строго говоря, и не подтверждает. Предок еще нескольких ветвей жил 3025 лет назад. Это – конец 2-го тыс. до н.э., времена начала кобанской культуры, времена создания Диаохи и Колха, первых государственных образований на территории Грузии. Кстати, в Грузии – те же самые гаплотипы группы G2a1a.

А поскольку ископаемых гаплотипов аланов нет, то вопрос практически нерешаем. Так что предположение о том, что аланы имели в основном гаплогруппу G, пока серьезной поддержки не имеет. Похоже, что эта гаплогруппа на Кавказе имеет значительно более глубокие корни, и уж точно распространена далеко за пределами Осетии.

2. Ответ тот же – взгляните на статью выше, Костенок и Сунгирия там нет. То есть мужскую гаплогруппу, наиболее информативную, в ископаемых костях не определяли. В одном случае определили женскую, митохондриальную гаплогруппу, и она оказалась группы U2. Как обычно с мтДНК, никаких особых загадок это не решило, это обычная евразийская «палеолитическая» гаплогруппа, распространенная сейчас по всей Европе, хоть и в небольших количествах. А вот если бы определили там Y-хромосомную гаплогруппу, давностью 40 тысяч лет назад, это была бы сенсация на весь мир. Но, к сожалению, в России такие работы не делают. И интереса у руководства РАН, видимо, нет.

*dionisiy* говорит:

Оказывается, таримские мумии – 30 мумий, были исследованы, все мужчины (8 человек) R1a1a: <http://www.biomedcentral.com/1741-7007/8/15>

Новость от 2010 года.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Замечательно. Статью-то выше читали? Там про семерых таримских носителей R1a написано. Цитата из статьи: «Y chromosome haplogroup of the seven males were all assigned to haplogroup R1a1a».

*dionisiy* говорит:

Я думал, это новое исследование и по гаплотипам, из-за того что указан субклад(?) R1a1a, а не просто R1a.

*Андрей* говорит:

Прокомментируйте, пожалуйста, мои результаты. Получил гаплогруппу N1c Z1936+Z1034, сделали 37 маркеров, вот циферки: 14 23 14 11 11-13 11 12 10 14 14 29 17 10-10 11 12 25 14 18 30 14-14-15-15 11 11 18-20 14 15 19 19 36-38 12 10

Предки однодворцы из Тульско-Орловского региона.

[Admin](#) говорит:

На нашем сайте опубликована статья А.А. Клёсова [про Рюриковичей](#), которая вызвала большую и интересную дискуссию. Там всё написано, в том числе и про те субклады, которые Вы обозначили.

*ALABыч* говорит:

В начале хочу поблагодарить автора за эту замечательную статью, в куче интернетовского мусора и дезы! Всегда уважал таких людей, искреннее Вам спасибо. Много прояснил для себя, но вопросы ещё остались. Если правильно понял, то Костёнковцы могут быть нашими прямыми предками, если ещё 2000 лет назад R1a имели матДНК U2? Ведь в современное время процент U2 встречается крайне редко. И ещё, где-то прочитал, что русские и польские цыгане имеют чуть ли не 56% U3! То есть они – ближайшие родственники Костёнковцев?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

В принципе, не исключено, что костенковцы – предки многих людей, которые сейчас живут в России. Но также не исключено, что их генеалогическая линия давно прервалась, терминировалась. Гадать на этот счет бесполезно, ответ даст только прямой эксперимент по определению гаплогрупп-гаплотипов их костных остатков. То, что в ископаемом материале в Костенках найдена мтДНК гаплогруппа U2, говорит не очень много. Эта гаплогруппа сейчас рассеяна по всему свету, и ее количество обычно составляет по несколько процентов по всей Европе. В России – 1.4%, на Украине – 1.7%, в Белоруссии – 2.3%, в Армении – 0.9%, в Чехии – 1.1%, в Англии – 1.5%, в Финляндии – 0.6%, в

Грузии – 1.2%, в Латвии – 3.6%, а в Литве 0%, в Мордовии 6.9%, а вот у евреев-ашкинази 0%. В общем, картина ясна, и эти цифры нельзя принимать с такой точностью. Про цыган такие данные мне неизвестны.

Вячеслав говорит:

*>> Анализ древних ДНК – колоссальная по трудности задача, доступная всего нескольким лабораториям в мире. Дело в том, что ДНК – это органическая молекула, и как всякая органика, подвержена микробной инфекции и последующему разложению. Помогает то, что костная ДНК защищена окружающей костью как броней, но всему есть предел, и после сотен лет, и тем более тысячелетий, ДНК почти безнадежно превращена микробами в кашу. В редких случаях ситуацию можно спасти, если почва была относительно сухой, кости были случайно «запечатаны» в пещере, в бескислородной среде (хотя анаэробным микробам это не помеха), или по какой-то подобной причине ДНК хотя бы частично сохранилась после сотен и тысяч лет, а то и после десятков тысяч лет.*

[Похоже, появился некоторый прогресс:](#)

«Чтобы достать из доисторических костей или зубов всю человеческую ДНК, что в них есть, причём без бактериальных примесей, предложено использовать РНК современного человека, которую можно произвести в любом количестве и на любых генах».

«...Специалисты из Стэнфорда (США) придумали, как можно без особых затрат проверить ДНК из останков на соответствие всему геному. Карлос Бустаманте (Carlos Bustamante) и его сотрудники предлагают использовать для этой цели РНК, которую можно произвести в пробирке в любых объёмах с небольшого ДНК-шаблона. Такие РНК соединяются с человеческой ДНК в ископаемом образце; сама же РНК соединена с особыми полимерными шариками, которые позволяют вымыть из реакционной смеси весь молекулярный мусор.

В итоге в руках исследователей оказываются шарики, на которых сидит РНК, связавшая ДНК. Чтобы освободить ДНК от РНК, всё это обрабатывают разрушающим РНК ферментом. Полученную ДНК можно направить на секвенирование – всё, что будет прочитано, относится к человеку, и это будет действительно вся человеческая ДНК, содержащаяся в образце.

Естественно, метод уже испытали в деле – на древних костях, зубах и волосах, чей возраст составлял от 500 до 3 500 лет. Оказалось, что количество человеческих последовательностей ДНК, которое можно получить таким способом, в 2-13 раз больше, чем если бы над образцом трудились в привычном порядке. То есть, грубо говоря, вместо одного человеческого гена из той же самой кости теперь можно вытащить 13.

Понятно, что это позволит точнее представить историю развития человека, его миграций, генетических связей между группами и т.п.».

*Андрей* говорит:

Известна ли гаплогруппа Этрусков?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Нет.

*ольга* говорит:

Прочитала Ваш труд «Происхождение славян». Честно признаюсь, что испытала восторг. Так интересно! Низкий Вам поклон. А проводились ли исследования гуанчей (или их потомков)?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Тогда позвольте встречный вопрос – почему именно гуанчей, и что вы бы там предполагали увидеть? Как говорили мудрецы, правильный вопрос содержит в себе половину ответа. Тогда и продолжим.

*ольга* говорит:

Гуанчи – загадочный народ, поэтому интересно, к тому же – европеоиды. Их гаплогруппа особенная? Откуда они? Жили в изоляции, общались при помощи свиста, не знали железа, кораблестроения, но строили пирамиды. Если нет интереса, любознательности, то и вопросов нет.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Дело вовсе не в отсутствии интереса или любознательности, тем более у меня. Дело в том, что многие задают вопросы просто так, и, получив ответ, исчезают. Продолжения уже нет. Так и остается неясным, зачем это им нужно было. А народностей на Земле сотни и тысячи, и за всеми я просто не могу угнаться. Поэтому стараюсь вопросы такого рода фильтровать.

Так вот, о гуанчах, которые живут, точнее, жили до ассимиляции на Канарских островах, к западу от Африки, и были замечены там начиная с 12-го века. В 15-м веке их начали активно ассимилировать, и они в значительной степени смешались с испанцами. Поэтому когда сейчас у них делают ДНК-анализ, трудно разделить, это испанские Y-хромосомы, или остались от гуанчей.

Не так давно на Канарах провели тестирование более трех сотен мужчин, и половина из них оказалась носителями гаплогруппы R1b. Но она же основная и у испанцев, вот и гадайте, откуда она на Канарах. В принципе, можно было бы провести анализ гаплотипов, которые дали бы время жизни общего предка всех тестированных R1b, но авторы эти данные не опубликовали. На втором месте была гаплогруппа I (11%), на третьем R1a (6%).

Если фантазировать, то можно начать от пропавшей экспедиции флота Александра Македонского, состоящего из 2000 кораблей, исчезнувших в 323 году до н.э., которая остается одной из самых интригующих среди великих загадок истории. Если флот огибал Африку с запада, попал в природную навигационную ловушку у берегов западной Африки и был унесен в Атлантический океан, то часть моряков могли высадиться на Канарских островах, и там остаться в потомках на тысячелетия. Кто интересуется этим походом и мореходными обстоятельствами пропавшей экспедиции, могут прочитать об этом в Вестнике Академии ДНК-генеалогии, март 2011 года, том 4, № 3, стр. 465-537.

*ольга* говорит:

Благодарю за ответ. Но моряки должны были обладать знаниями кораблестроения и языком. Во всяком случае, про гуанчей, надо полагать, ничего нового. За ссылку спасибо, постараюсь найти и прочитать. Прочитала историю древней Пруссии (до тевтонов) и о полабских славянах. Орбини тоже, но это читать – как бы по тактичнее... влияние библейского повествования не на пользу пошло. Перкунас упоминается только у прусов, ни у бодричей, ни у лужицких сербов в древних хрониках его нет. Храм на литовском – свентовитас, но не божество, а у церкви другое название. Криве-кривайтес имеет отношение к кривичам или корень с общим значением? Извините, если много вопросов, но у меня тоже концепция: не читать Шлецера и его последователей. Лидии Грот хочется пожелать сил и стойкости. Впрочем, как и всем, кто не хочет верить, что к корням дуба можно ствол осины приставить.

*оксана* говорит:

С интересом прочитала ваши статьи на сайте. Все написано весьма просто и доступно даже для человека весьма далекого от данной темы. Вроде все хорошо, но меня смутил один момент.

1. Исходя из анализа Y-хромосомы у всего человечества один единственный предок, причем подобная ситуация повторялась неоднократно (выделение в отдельные типы, субклады).
2. Также подобная схема повторяется у женщин.

3. Далее частота мутаций явление очень редкое (мутация в других хромосомах с большой вероятностью оказывается не жизнеспособной).

4. В тоже время биологи утверждают, что для выживания вида необходима популяция, по крайней мере, в 200 особей. Если популяция меньше – большая вероятность вырождения.

А собственно вопрос: как согласовать эти утверждения (1, 2, 3 с 4)?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Согласовать очень просто. А что именно Вас смущает? Что многие мутации оказались в нежизнеспособных организмах? Не выжили? Очень может быть.

Далее, Вы, видимо, очень буквально понимаете п. 4. Ведь когда появляется мутация у какого-то новорожденного из рода, скажем – J, то в этом роду были тогда тысячи человек. Мутация появилась у новорожденного в стойбище или каком-то другом кишлаке, он не сам по себе был. Может, и помер вскоре, не оставив своего потомства. И другой помер, с удачной мутацией. И тысячи померли, не оставив потомства. А кто-то проскочил раннюю смертность, вырос и потомство оставил. И вот сейчас его потомков живут сотни миллионов человек, и у всех мутация того, кто выжил, и мы ее называем «гаплогруппа J1», а его – общим предком гаплогруппы. И в такую лотерею природа играет миллионы и миллионы лет.

Вы, наверное, скажете – ну хорошо, а когда был самый-самый первый? Он-то был один? На что я отвечу, что такого никогда не было. И когда наш предок образовался от общего предка с шимпанзе, то эти общие предки резвились вокруг в больших количествах. И тоже многие перемерли, пока продукт не получился удачным.

Далее, я не знаю, откуда появилось число 200 особей. Если бы так было, ни один новый вид не смог бы выжить. Всегда ведь кто-то оказался другим, родоначальником будущего вида. Не могла видообразующая мутация образоваться сразу у 200 человек, или какое там число не придумали бы. Просто была такая же лотерея, путем проб и ошибок. И когда жизнь впервые образовалась, тоже многие миллионы лет шла лотерея. Попробуйте мыслить статистически.

*Александр из С.Петербурга* говорит:

[Интересная ссылка](#), скоро можно будет, по ДНК, примерно представить антропологический облик наших давних предшественников и делать

новые выводы о тех, кто заселял места находок останков давно ушедших людей.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

Да, в принципе постановка вопроса правильная. Геном, то есть вся совокупность ДНК организма, действительно определяет все анатомические особенности человека, включая форму головы, лица, внешность, цвет волос и все остальное. Но воспроизвести это экспериментально по геномным данным – задача невероятной сложности. Все эти «скоро можно будет» – это лихой журналистский стиль. Скоро не будет.

Поэтому научные и прочие работы, на которые ссылаются в приведенной популярной заметке, имеют модельный, постановочный характер. Они «пробуют дорожку», что важно для понимания вопроса, пытаются понять ограничения современных научных представлений. Обратите внимание на цитату – *«Чтобы сузить поиск, ученые сосредоточились на генах, которые предположительно связаны с развитием лица и с теми, которые формируют голову в начале эмбрионального развития»*. Видите – «чтобы сузить поиск», «ученые сосредоточились на...». Вот это и есть попытка выделить основное, главное, но, конечно, не решить задачу в деталях. Это сейчас невозможно, и будет невозможно еще долго.

А по поводу лихого журналистского стиля – взгляните немного выше на сообщение Вячеслава полугодовой давности (октябрь 2013), он процитировал пересказ того, что появился прогресс в изучении ископаемых ДНК – тем, что вместо этого можно использовать ископаемую РНК, с массой преимуществ. Там и «без особых затрат», «в любом количестве и на любых генах», «вся человеческая ДНК», «естественно, метод уже испытали в деле» и так далее. Вы заметили, что я то сообщение не стал комментировать? Прошло полгода, и ни звука про этот замечательный подход не слышно. Полгода – это, конечно, срок минимальный, но когда подход новый и прогрессивный, то звуки и отзвуки в литературе и на форумах есть. Почему их нет – я не знаю, но для меня это сигнал, что масса преимуществ компенсируется массой проблем, которые в популярной статье, конечно, не упомянуты.

*Вадим* говорит:

Очень интересуется достоверность цитаты – «Исследование ДНК X-хромосомы в 2008 году привело к выводу, что азиатский вид *Homo erectus* вполне мог скрещиваться с *Homo sapiens* и быть предком современных людей по смешанным линиям (не прямой мужской и не прямой женской)». Раскопки подтверждают сосуществование видов, например, на придунайских территориях. Если скрещивание было

«плодотворным», то какая гаплогруппа (часть ДНК) свидетельствует об этом? На этом основаны многие выводы Георгия Сидорова, которые меня «задели за живое».

Вы упоминали о глубоких исследованиях корней еврейского народа. На исследованиях Дикого А. (Занкевича), Климова С. и ссылкой на Ломброзо Ч. и др. довольно наглядно прослеживается «уникальность» еврейского народа (или его некоторых колен). Как это можно состыковать с ДНК-генеалогией? Извините за дилетантские вопросы.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

На мой взгляд, достоверность цитаты очень спорная. Но сейчас это очень модная тема в генетике, с завидной регулярностью выходят статья за статьей о скрещивании древнего человека и неандертальца, древнего человека и денисовца, и о том, что это выявляется по геному современного человека. Как правило, доля генома, которая, по мнению авторов статей, указывает на это скрещивание, находится на уровне от полупроцента до 2-3%. Да что далеко ходить – на днях пришел результат анализа моей ДНК по проекту GENO 2.0, и как мне сообщили, у меня в ДНК 2.6% неандертальца и 1.4% денисовца. Те же самые показатели – у всех, ДНК у кого анализируют – доли процента больше, доли процента меньше, но цифры примерно такие же.

На мой личный взгляд, это профанация и дискредитация современной генетики. И чтобы это понять, надо хоть немного знать, как делается такой анализ. Берется фрагмент вашего генома, то есть совокупной ДНК, принимается, что он показательный и моделирует весь геном (полный геном, конечно, никто в таких работах не исследует), определяется картина снип-мутаций в этом фрагменте, то есть выявляют несколько десятков тысяч или сотен тысяч снип-мутаций, используя определенные «референсные системы» (мутации же ведь должны быть по отношению к чему-либо), и вычитаются снипы шимпанзе, которые есть в том же фрагменте генома (или близком к нему). Вот это «или близком к нему» уже дает некий фон, позитивный или негативный, то есть вычитаются несколько больше или несколько меньше снипов шимпанзе, чем нужно было бы. А сколько это – «нужно было бы», никто не знает. То есть этим уже вносится некоторое количество снипов, которых, например, не было у шимпанзе в данном фрагменте ДНК, но есть у меня. Или, напротив, у шимпанзе эти снипы были, а я их не показываю. Это всё, конечно, делает компьютер.

В первом случае компьютер засчитывает, что у меня эти снипы появились от кого-то другого на эволюционном пути. От кого? Компьютер записывает – от неандертальца. Такая у компьютера программа. Во втором случае компьютер данные нивелирует, то есть подгоняет, чтобы уравнивать потерянные снипы шимпанзе с моими.

Подгонка сдвигает рамку сравнения снипов, тоже появляется некий шум снипов. Дальше та же операция делается с геном неандертальца. Заметьте – с одним геном, который есть у генетиков. Опять компьютер сравнивает мой геном, за вычетом генома шимпанзе, с соответствующими позитивным и негативным шумами, с геном неандертальца, из которого опять же по подобной процедуре вычтен геном шимпанзе. Опять идет «близко к нему», уже второй раз, или третий, или четвертый. Главная цель – найти, какие снипы есть у неандертальца и у меня, но не было у шимпанзе. Они по определению у меня от неандертальца. Но читатель уже понял, что они у неандертальца могли быть просто потеряны при этих сопоставлениях. Потому что неоднократно идет «близко к нему». Сюда еще можно добавить буквально десятки других приближений, допущений, изъятий снипов из общего «списка» по тем или иным причинам.

В итоге нет ничего удивительного, что в финальном балансе у меня фигурируют неучтенные снипы, которые либо выпали или добавились у шимпанзе, а также выпали либо добавились у неандертальца. Они просто обязаны быть, как бы авторы исследования ни старались. А поскольку эти тестирования идут на потоке для тысяч тестируемых, как я, то делают их уже рутинно, по стандартной процедуре, и автоматом всем выписывают, что у них 2.6% (или какое там число получится, это уже никого из тех лаборантов, которые гонят процесс, не интересует).

То же самое гонят и по расчетам по денисовцу. Там эта «дельта» в несовпадении меня, денисовца и шимпанзе еще меньше, в моем случае, повторяю, 1.4%. Хотя любому должно быть ясно, что эти единицы и доли процента – это и есть шум, который просто обязан быть. Но в отличие от других научных и инженерных работ, в которых для дела нужно принципиальное число, а шум является показателем погрешности, в этих работах генетиков шум – и есть «принципиальное число». Потому я это и называю профанацией. Нельзя в таких случаях рассматривать числа на уровне процента или единиц процентов. 30-40% – это было бы другое дело. Но не 1.4-2.6%.

Ясно, что я описал суть работы схематично, но, в главном, верно. Кто-то мне может возразить, что я не так описал процедуру в подходах других генетиков, там сначала вычитают геном неандертальца из генома клиента, и уже потом вычитают геном шимпанзе, из двух сразу. Но, как читатель видит, суть-то от этого не меняется. Просто цифры уже будут не те и не другие, а третьи, и все равно будет шум.

Есть и еще одно важное обстоятельство, на которое я намекнул в самом начале. Вопрос в том, геном *какого* шимпанзе вычитают? Они ведь тоже различаются между собой. У людей тоже ведь геномы разные, поэтому шумы и варьируются, те самые, которые выдают за долю неандертальца

или денисовца. Вот и подтверждение. Я в свое время поработал с геномом шимпанзе в международной базе генетических данных (National Center for Biotechnology Information [NCBI] Gen Bank и European Nucleotide Archive [ENA] database), и вытащил 16-маркерный гаплотип шимпанзе. Вот он:

8 15 10 4 5 9 10 5 10 4 4 7 4 4 8 9

(это – если кому интересно – маркеры DYS 426, 388, 392, 455, 438, 578, 641, 472, 425, 594, 436, 490, 617, 568, 640, 492; этот гаплотип описан в журнале *Advances in Anthropology* в статье Klyosov, Rozhanskii et al, 2012, том 2, стр. 198-213). А через несколько месяцев в базе данных YSearch появился уже другой гаплотип шимпанзе, который туда поместил известный генетик Томас Кран. Маркеры у гаплотипа только отчасти перекрывались (Кран использовал также «быстрые» маркеры, что в данном случае не имело особого смысла). На тех же маркерах, что у гаплотипа выше, гаплотип шимпанзе «по Крану» имел вид:

10 12 X X X 5 10 X X X X X X 12 10

#### [Ссылка на YSearch](#)

(X – это пропущенные маркеры). Очевидно, что аллели (числа в гаплотипах) в ряде случаев совсем другие – 10 вместо 8, 12 вместо 15, 5 вместо 9, 12 вместо 8, 10 вместо 9. Только в одном случае аллели совпали, DYS 641 = 10 в обоих гаплотипах.

Меня это совершенно не обескуражило, потому что понятно, что шимпанзе много, хороших и разных. Известна расхожая фраза про «генетическое разнообразие шимпанзе», что мы в данном случае и видим. Но тогда как можно вычитать геном только одного шимпанзе, только потому, что известен его геном? Вычли бы геном другого шимпанзе, получили бы другое процентное «содержание неандертальца». Вот в чем дискредитация генетики в данном приложении.

А то, что гаплотипы у разных шимпанзе разные, сослужило мне хорошую службу. Моя цель в идентификации гаплотипа шимпанзе была в том, чтобы посчитать, когда жил общий предок шимпанзе и современного человека, посчитать по разнице в мутациях в их гаплотипах. Вот – гаплотип общего предка современного человека, полученный экстраполяцией гаплотипов современных мужчин всех гаплогрупп на планете, по тем же маркерам, приведенным выше (он выведен в статье 2012 г., цитированной выше):

11 12 11 11 10 8 10 8 12 10 12 12 12 11 11 11

Разница в мутациях с первым гаплотипом шимпанзе показывает, что общий предок этих двух ДНК-линий (*Homo sapiens* и шимпанзе) жил  $4,010,000 \pm 1,440,000$  лет назад, а общий предок человека и шимпанзе второй ДНК-линии (данные Томаса Крана, подставленные в первый гаплотип) жил  $3,850,000 \pm 1,460,000$  лет назад. Мы видим, что эти датировки одинаковы в пределах погрешности расчетов, и столь большая разница в аллелях компенсируется друг другом. Вывод – мы рассматриваем две разные линии шимпанзе одной временной дистанции до общих предков, но геномы их определенно разные, чтобы их можно было вычитать безнаказанно для генерации шумов. Что тогда стоят эти данные по «процентам неандертальца и денисовца»? К чему они относятся?

Второй вопрос я совершенно не понял. При чем здесь «уникальность еврейского народа»? Во-первых, нет «еврейского народа» как такового, если под народом понимать популяцию с общностью языка и территории, у евреев нет ни того, ни другого. Они говорят на иврите, идише, английском, русском, французском и на большинстве других языков мира, то же и о территории. Далее, любой народ в определенной степени уникален, и вообще, о чем разговор? Колена тоже неизвестны, и никакой еврей не знает с достоверностью, к какому колену принадлежит. Есть легенды, сказания, фантазии, и никакой определенности. Но евреи действительно выделяются тем, что они «народ Книги», и это верно. Это – гигантская заслуга тех лидеров еврейских, как правило, религиозных общин, которые привили своим людям страсть к изучению Торы и соблюдению правил жизни еврейских общин, отраженных в других священных книгах евреев. Отсюда – и высокий уровень образования современных евреев, и их огромный вклад в науку, культуру, профессиональную деятельность евреев. Но при чем здесь ДНК-генеалогия?

За уникальность евреев как сообществ, имеющих глубокие внутренние связи, опять же диктуемые религией, а в первую очередь (хотя, наверное, отчасти связанное с первым), способности к выживанию на протяжении нескольких тысячелетий в условиях перманентного отторжения, можно принять изолированность их жизни и быта на протяжении опять же столетий и тысячелетий. Это позволило привести к появлению довольно четких ДНК-генеалогических линий у большинства евреев

Но причем здесь Ломброзо? Или Вы хотите сказать, что на лице некоторых евреев отпечаток не слишком высокой интеллектуальности? Так это я вам у любых народов найду. Выйдите на улицу, посмотрите. ДНК-генеалогия здесь не при чем.

*Евгений (Днепропетровск) говорит:*

Был ли у человека и шимпанзе общий предок? Если был, кто работал над доказательством этого? Спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

Был, примерно 5 миллионов лет назад. Для понимания этого (уже не для доказательства, там все ясно) достаточно взглянуть на ДНК с их снипами. Подавляющее большинство снипов в ДНК те же самые у современного человека и современного шимпанзе. Если интересуют детали, почитайте статью в журнале [Advances in Anthropology](#), том 2, № 4, стр. 198-213 (Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryabchenko, L.E. Re-examining the Out-of-Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y chromosome of Chimpanzee and humans).

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Part 65

Anatole A. Klyosov

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

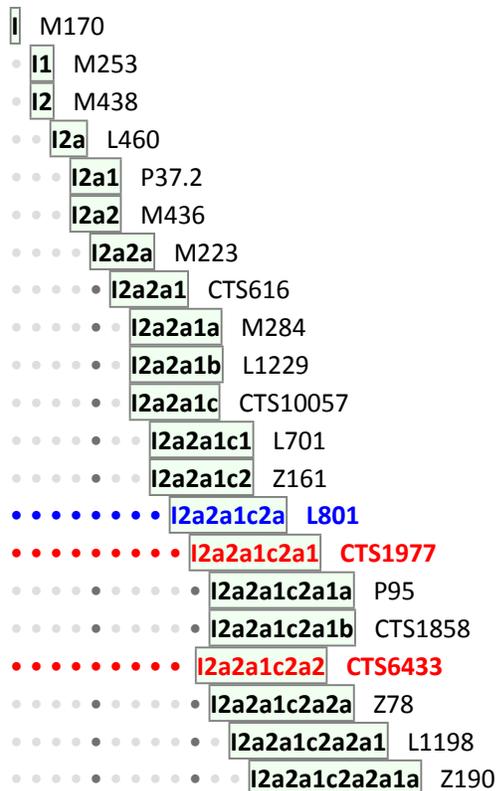
<http://aklyosov.home.comcast.net>

### LETTER 229

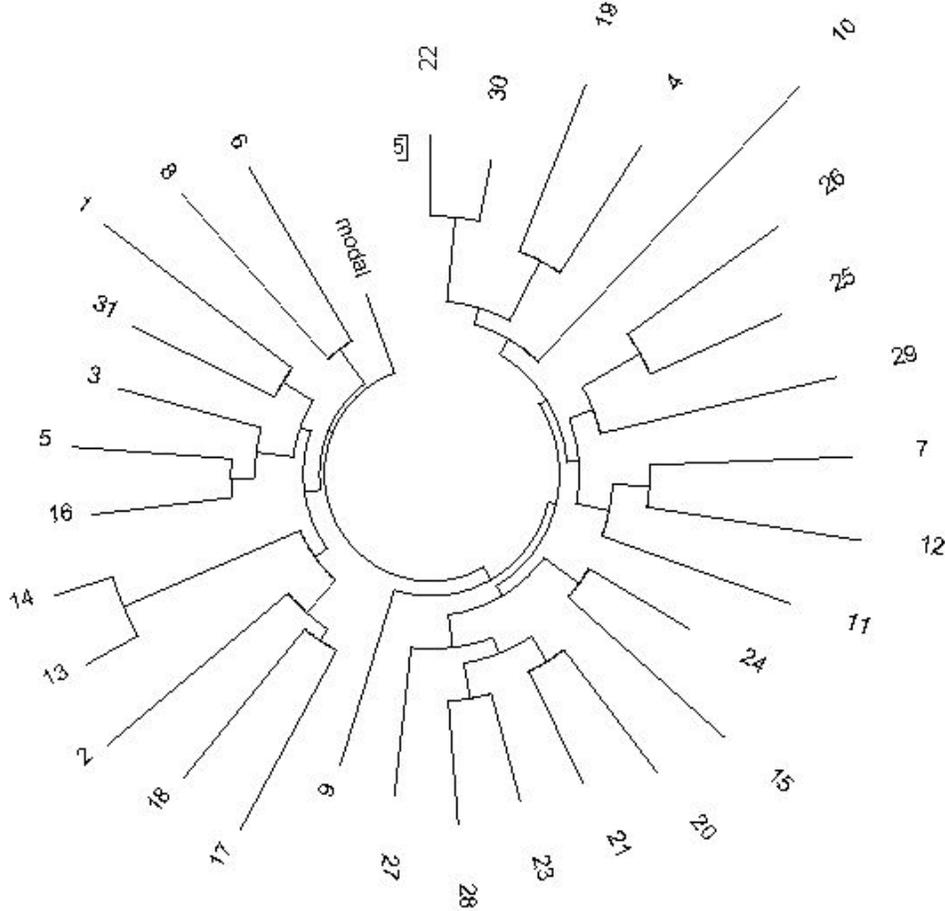
I have tested I-M223, subclade L801+. It has two downstream subclades, CTS1977 and CTS6433. What might be their “age”? An Excel with 67 and 111 marker haplotypes of the both CTS subclades is attached. Can you check the dates with the Kilin-Klyosov calculator?

MY RESPONSE:

Indeed, on the subclade tree of haplogroup I your subclade L801 (marked in blue) has two immediate downstream sister subclades, CTS1977, and CTS6433 (marked in red):



A 67 marker haplotype tree of CTS6433 is show below.



**Fig. 1. The 31 of 67 marker haplotype I2a-CTS6433 tree**

It is reasonably symmetrical, which means that the dataset (of 31 haplotype) is likely to have one common ancestor indeed. All 31 haplotypes contain 472 mutations from the base haplotype, which gives  $472/31/0.12 = 127 \rightarrow 146$  conditional generations, that is  $3650 \pm 400$  years to the common ancestor.

Now, let us verify it with the logarithmic method. In the 31 haplotypes there are two identical haplotypes, 14 23 15 10 15 11 13 11 14 12 30. By definition (or, less likely, by chance) they are the base haplotypes. The common ancestor of the dataset lived  $[\ln(31/2)]/0.02 = 137 \rightarrow 159$  generations, that is  $3975 \pm 820$  years ago. As we see, the linear method (which gave  $3650 \pm 400$  ybp) and the logarithmic one ( $3975 \pm 820$  ybp) gave the same results within the margin of error. This is a proof that the dataset is derived from one common ancestor.

The Kilin-Klyosov calculator gave  $4280 \pm 620$  years to the common ancestor. Since the calculator is still in a fine-tuning state, I have played with turned off markers (see below), and fine-tuned some of them. I found that the TMRCA

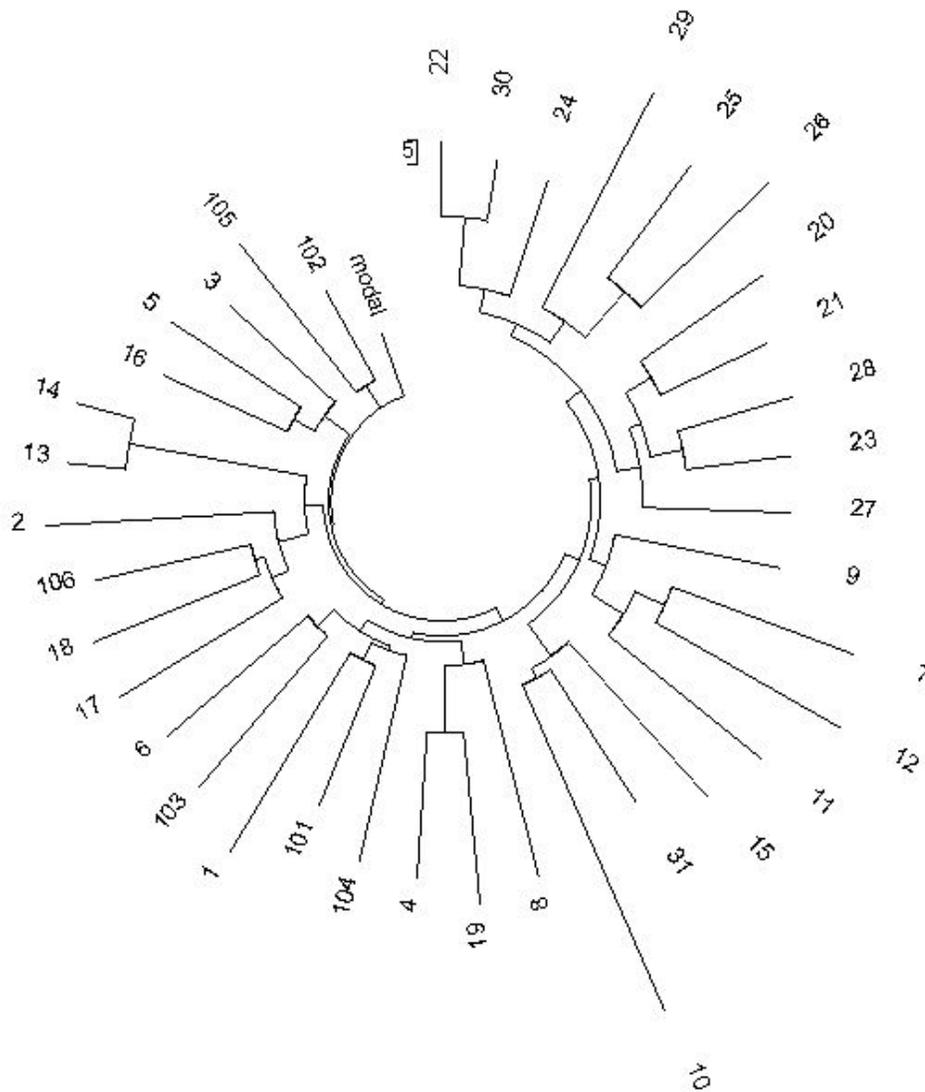
for the dataset could be of  $3910 \pm 510$  or  $3900 \pm 505$  years, which, of course, are very similar figures, and conceptually do not change anything. They all are within the margin of error with the figure obtained by the calculator without fine-tuning.

CTS1977 six haplotypes (which is, of course, minimum, however, still can give you an idea on the TMRCA) produced the TMRCA of  $3330 \pm 640$  years. Since the haplotype dataset was not symmetrical (and one cannot expect that from as few as six haplotypes), the calculator took some precautions, and turned off several markers, which showed too high variations, incompatible with such a recent TMRCA. There is a program in the calculator to do so, otherwise the TMRCA will be unjustifiably and wrongly inflated. You can see it yourself, several markers do not have their "tmrca"s in place, just below the values of the mutation rate constants. Below those there are dispersion parameters, which are too high (above 2.6, which is a threshold for the calculator). Manual calculations, which are more reliable for small datasets, gave  $2950 \pm 450$  years. As you see, the both figures are within the margin of error, which is a good sign.

When you have the 67 and 111 datasets, generally the 111 is preferred one, since it covers a wider range of factors.

It is of interest that the base (that is deduced ancestral) haplotypes for the both dataset are practically the same. It means that they near the same base haplotype of L801, which is there ancestor. In other words, L801 is not much older than CTS1977 and CTS6433. Based on the TMRCA of the last two subclades and the similarity of their base haplotypes, I can conclude that L801 subclade is about 3900 years "old", it is beginning of the II millennium BC.

Finally, I have done one more verification of the obtained data, by composing a combined CTS6433 and CTS1977 tree, as shown below. The six CTS1977 haplotypes are numbered between 101 and 106. As you see, they are located in one segments of the tree (on the left), not around the whole tree. It means that the CTS1977 dataset is indeed younger, than CTS6433, as the calculations above showed.

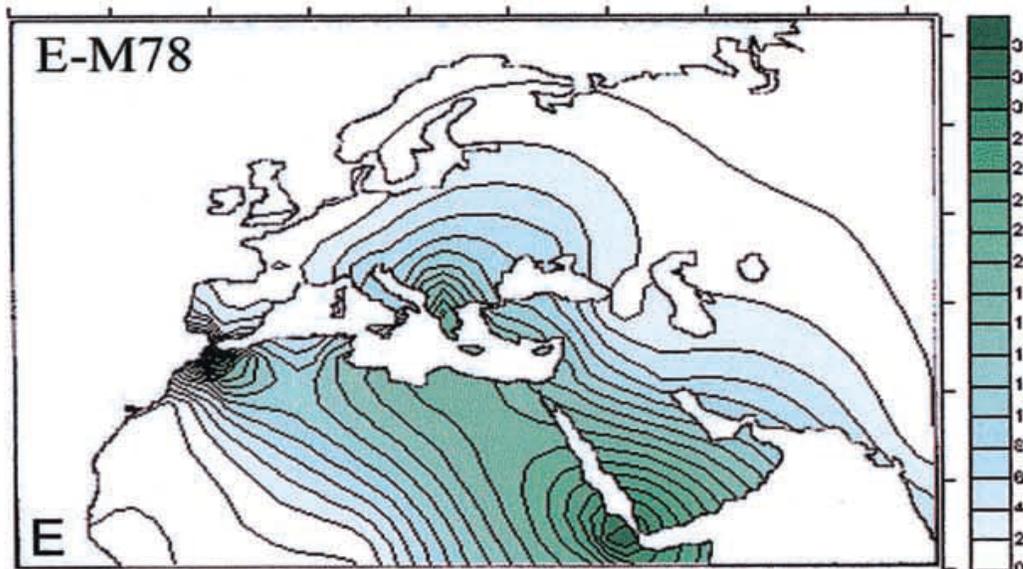
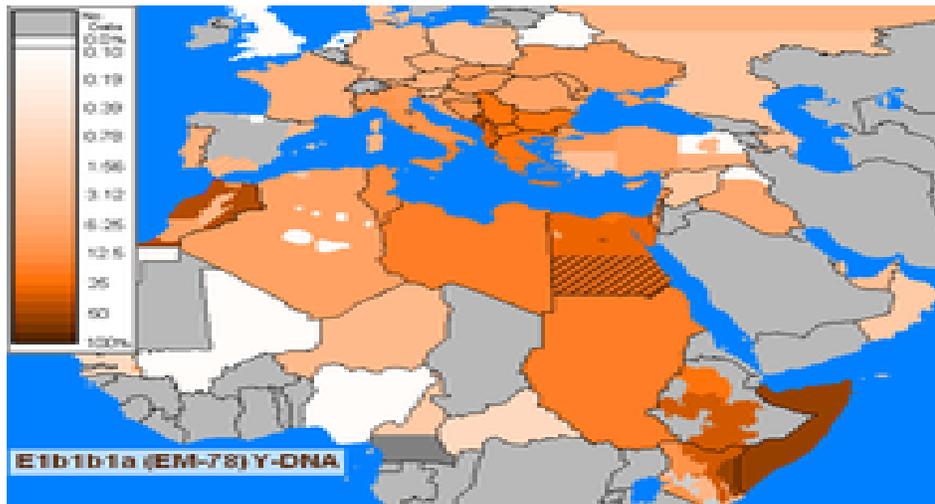


**Fig. 2. The 37 of 67 marker haplotype of a combined I2a-CTS6433 and I2a-CTS1977 tree. The CTS1977 haplotypes are numbered 101 through 106.**

### LETTER 230

Cruciani in his paper ("Tracing Past Human Male Movements in Northern/Eastern Africa and Western Eurasia: New Clues from Y-Chromosomal Haplogroups E-M78 and J-M12", *Molecular Biology and Evolution* 24: 1300-1311, 2007) has reported that haplogroup E-M78 originated in Egypt and Lybia 18,600 years ago. Is it true? This would fit the Solutrean times. What would be an "age" of its paternal E-35.1 subclade? According to his data, the marker has a heavy concentration in northwest Africa (opposite

Spain) where the Iberomaurusians were located, the area of the Pillars of Hercules and the Solutreans:



MY RESPONSE:

It might well be that ancient bearers of haplogroup E-M78 have lived there, however, the maps above show **the present day** distribution of their descendants, which, of course, not necessarily coincide with distributions 18 thousand years ago. What is worse, the calculations by Cruciani et al were grossly incorrect. Let us show how principal errors are made in those calculations, and warn the readers not to take calculations in population genetics for real. Unfortunately, the whole field of population genetics is grossly distorted with those “calculation exercises” which are published in

dozens, if not hundreds of papers in academic journals, since most of them are based on wrong assumptions.

The Cruciani et al paper (2007) lists five E-M78 haplotypes, which were employed for their calculations:

YCA IIa	YCA IIb	DYS 413a	DYS 413b	DYS 19	DYS 391	DYS 393	DYS 439	DYS 460	DYS 461 <sup>b</sup>	GATA A10
22	19	25	21	13	10	13	12	10	11	12
21	19	23	21	13	10	14	10	11	12	13
21	19	23	21	13	10	13	12	10	11	13
21	19	25	22	13	11	13	11	10	10	12
21	19	25	22	13	11	13	12	10	10	12

It requires some explanations. The table above contains so-called 11 marker haplotypes, each of them represents an individual “signature” of a man, who carries a specific mutation in his Y chromosome, (the mutation) named M78, which defines the man as belonging to haplogroup E. This resulted in a haplogroup E tree, which shows many of its subclades. The tree, shown below, is given in its abbreviated form, and a more complete version of it consists of as many as 196 subclades. E-M78 is just one of them (marked in red), though it contains in turn 18 subclades.

```

E M96
  ·E1 P147
    ·E1a M132
    ·E1b P177
      ·E1b1 P178
        ·E1b1a L222.1
        ·E1b1b M215
          ·E1b1b1 M35.1
            ·E1b1b1a V68
              ·E1b1b1a1 M78
                ·E1b1b1a1a Z1902
                ·E1b1b1a1a1 V12
                ·E1b1b1a1a1a M224
                ·E1b1b1a1a1b V32
                ·E1b1b1a1a2 V65
                ·E1b1b1a1b Z1919
                ·E1b1b1a1b1 L618
                ·E1b1b1a1b1a V13
                ·E1b1b1a1b1a1 L17
                ·E1b1b1a1b1a2 L143
                ·E1b1b1a1b1a3 M35.2
                ·E1b1b1a1b1a4 L241
                ·E1b1b1a1b1a5 L250
                ·E1b1b1a1b1a6 L540
                ·E1b1b1a1b2 V22
                ·E1b1b1a1b2a M148
                ·E1b1b1a1b2b L674
                ·E1b1b1a1c M521
                ·E1b1b1b Z827
                ·E1b1b1c V6
                ·E1b1b2 M281
      ·E1b2 P75
    ·E2 M75
      ·E2a M41
      ·E2b M98

```

This number of subclades, and that M78 takes a rather high 7<sup>th</sup> level in the haplogroup (of about 60,000 years “old”) makes it to believe that E-M78 can easily be around 20,000 years “old”. However, as it happens often, present day descendants of this subclade have a much “younger” common ancestor. DNA male lineages (that is, Y-chromosomal) for most, if not all populations do not continue uninterrupted for more than 6-10 thousand years. They are commonly terminated due to many reasons, among them natural cataclysms, wars, famine, diseases, births of girls who do not carry Y chromosomes. In those cases populations (branches, subclades) meet “population bottlenecks” which they can pass, or barely pass, or not pass, hence, being terminated. Some side DNA lineages of the same haplogroup or subclade might survive, though. Therefore, all haplogroups are peppered with assorted fragments of subclades, who partially survived, and common ancestors of which lived

rather recently, compared with the age of the original subclade or haplogroup. The same thing has happened with E-M78, as we will see shortly.

There are several ways to calculate the time to the most recent common ancestor (TMRCA) of a group of haplotypes (and individuals, who bear those haplotypes). The most simple (and often a rather reliable) way is to count mutations in the haplotype set, as that of five haplotypes, shown above, from the base haplotype. The base haplotype is a deduced ancestral haplotype. The base haplotype is that which has the minimum number of mutations from it in a given dataset. For those five haplotypes the base haplotype is as follows:

21 19 25 21 13 10 13 12 10 11 12

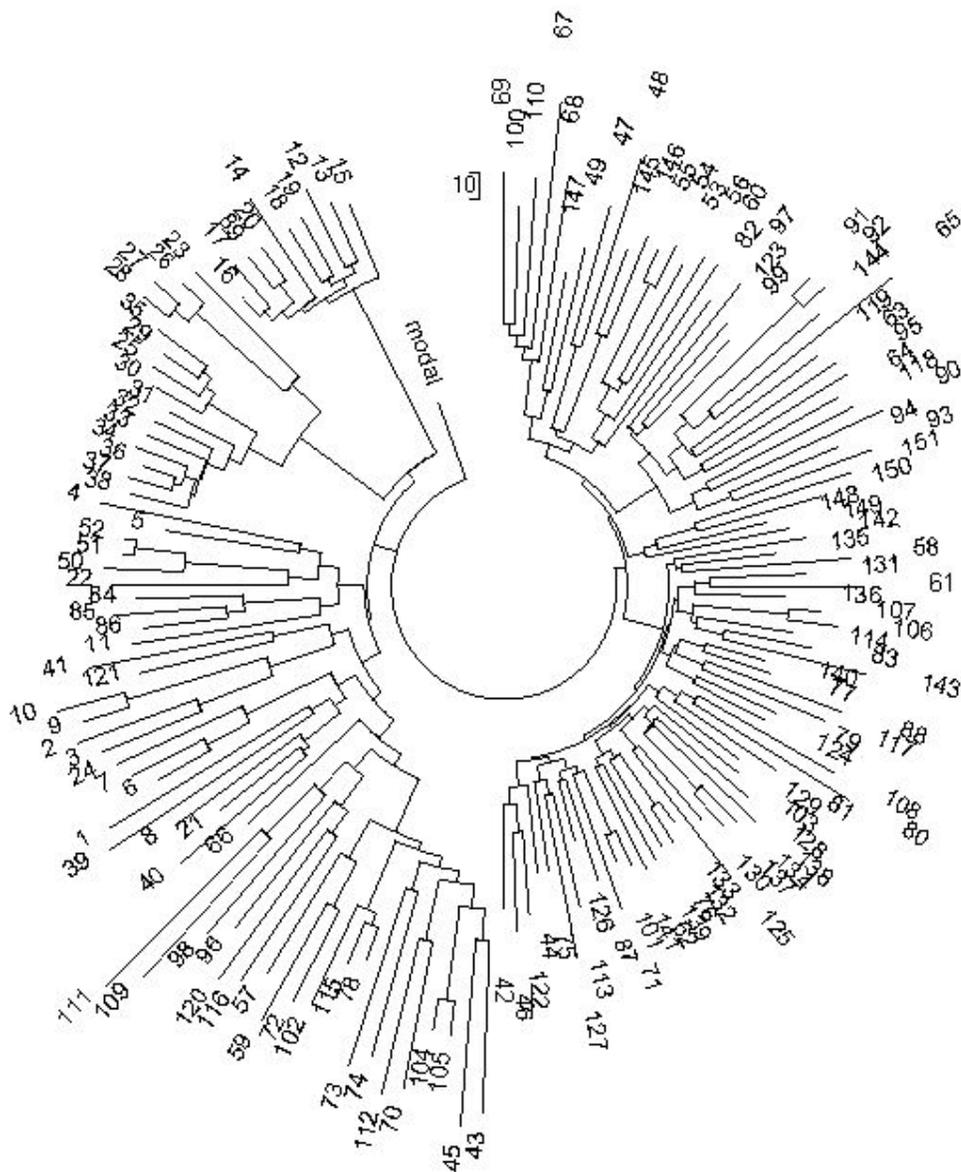
There are 19 mutations from it in the dataset of those five haplotypes. Therefore, the common ancestor of all the five haplotypes lived  $19/5/0.0215 = 177 \rightarrow 216$  conditional generations (of 25 years each), or  $216 \times 25 = 5400 \pm 1350$  years ago. 0.0215 is the mutation rate constant of the 11 marker haplotypes employed in this example, and the arrow shows a correction for reverse mutations over the 5400-year time span (Klyosov, A. A. DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. *Journal of Genetic Genealogy*, 5, 186-216, 2009).

As we see, 5400 years is certainly not 18,600 years ago, as Cruciani et al claimed in their paper, cited above. Let's double check it, using the Kilin-Klyosov TMRCA calculator ([http://aklyosov.home.comcast.net/Kilin-Klyosov TMRCA 111 ver 1.xlsb](http://aklyosov.home.comcast.net/Kilin-Klyosov_TMRCA_111_ver_1.xlsb)). The TMRCA comes up as  $5552 \pm 1297$  years, which is, of course, should be rounded to  $5550 \pm 1300$  years. As one can see, manual calculations or those with the help of an automatic calculator (the latter calculates in a principally different way, and uses each individual mutation rate constant independently) gave practically the same result.

Cruciani's paper included only 5 haplotypes in the 11 marker format, and it was published seven years ago, in 2007. Today, in 2014, a collection of haplotypes of haplogroup E contains many thousand haplotypes in a format up to 111 markers, and contains 81 of 67 marker haplotypes of subclade E-M78, as it will be shown below. Those haplotypes are taken from the Project (essentially, a database)

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

There are also 70 of 67 marker haplotypes of its upstream subclade E-M35.1 (see the subclade tree above), making it total 151 haplotypes. Using a professional program, a haplotype tree was composed from all those 151 haplotypes, and the resulting tree looks as follows:



The 67 marker haplotype tree of E-M35.1 and E-M78 subclades. Data are taken from the Project

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

The computer program arranges the tree starting from a calculated ancestral haplotype, employing the most “economical” way of accumulating mutations in haplotypes over the complete time period from the common ancestor of all the 151 haplotypes, in this particular case. All E-M78 haplotypes have gone to the right-hand side of the tree, and all E-M35 haplotypes appeared on the left-hand side. The “fluffier” the branch, the older it is. Obviously (for an experienced eye), the right-hand side branch is more compact, hence,

younger. The left side also contains a few almost flat, therefore, quite recent branches of subclade M35.1.

Indeed, the “ages” of those young branches at the top left were determined to be  $1325 \pm 215$  years,  $475 \pm 185$  years,  $1700 \pm 250$  years. Those are for the first 25 haplotypes on the top left. For example, the latter branch of 11 haplotypes contained 85 mutations from the base haplotype, that is  $85/11/0.12 = 64 \rightarrow 68$  conditional generations, or  $1700 \pm 250$  years. It was easy to paste those 11 haplotypes onto the Kilin-Klyosov calculator (in the Excel format) and obtain  $1684 \pm 383$  years, which, of course, should be rounded to  $1680 \pm 380$  at best, and more reasonably to  $1700 \pm 400$  years. Again, manual calculations and the calculator gave essentially the same thing. Of course, when hundreds and thousands extended haplotypes are treated, only the calculator is feasible. Large confidence intervals here are due to small number of haplotypes in the branches. At any rate, those young branches are of no interest to us in the context of this small study. The principal E-M35.1 branch on the lower left side of the tree, containing 41 of 67 marker haplotypes reveals its “age” of  $10,760 \pm 1,300$  years. The E-M78 branch on the right side gave  $9,020 \pm 940$  years from its common ancestor. Knowing their ancestral 67 marker haplotypes, it was not too difficult to determine, that they are separated by 27 mutations, which is equivalent to 7225 years difference between them. Therefore, their common ancestor, presumably of subclade E-M35.1, lived  $(10760 + 9020 + 7225)/2 = 13,500$  years ago. Still not enough to the Solutrean times. However, who said that it should be necessarily M78 or M35.1? There are a good number of their upstream subclades, and each one of them could be found in remnants of the Solutreans, if they are found and DNA-tested.

So why the branch of M35.1 haplotypes gave 10,760 years to their common ancestor, but a combined dataset of M35.1 and M78 gave 13,500 years for the same common ancestor? Well, it was not the same. The branch of only M35.1 lost the first at least three thousand years, and probably more, since DNA lineages are peppered with “population bottlenecks”, particularly in ancient times, when lineages survived not often. So, almost a whole tribe could vanish, and if a lucky one survived, he would continue the DNA lineage, becoming a new “common ancestor” of it. Therefore, “common ancestors” commonly shifted up in time, and if his offspring has survived to our times, we see that “later” common ancestor, and not the earlier one. However, if we compared different lineages, as splinters from the same “old” common ancestor, we can reconstruct the timespan to the earlier one, which is deeper in time.

It fact, it was a common story, and almost all haplogroups have vanished from Europe between 4000 and 4500 years ago (I1, I2, G2a, E-V13, R1a). Apparently, only excavated haplotypes of E-M35.1 and/or E-M78 subclade can shed some light on when the earliest bearers of the subclade might have lived. Those haplotypes are not discovered as yet.

CONTINUATION:

So, why the Cruciani count resulted in so different TMRCA?

MY RESPONSE:

Indeed, why the TMRCA of almost 20,000 years was obtained by Cruciani? It is not that the authors have considered only the 7 marker haplotypes, though it added to uncertainty of their results. It is the wrong mutation rate constants they have employed. They used so-called "evolutionarily mutation rates", which is unjustifiably low. As the authors explained, they took a series of the mutation rate constants from a series of father-son pairs, and reduced them by 3.6 times. Why did they do so? Because they aimed at (erroneous) "population mutation rates". In fact, the authors employed even more complicated approach, each step of which cannot be justified. As a result, they obtained the TMRCA inflated by exactly that 3.6 times, their reduction coefficient with respect to that date from the father son pairs. Should they do not do so, they would have obtained  $18,600/3.6 = 5167$  years to the common ancestor. In fact, they obtained a range of 17300 to 20000 years, which would have led to 4805-5600 years to the common ancestor, compared with ours 4050-5550 years.

Since we now know with a certain degree of assurance (effective today) that M35.1 lived around 13,500 years ago, and M78, its "grandson" (see the diagram above) is almost 4500 thousand years "younger", I can quote a paper (Lutak, S.V., Klyosov, A.A. Haplogroup E1b1b1a (M78) as Descendants of Ancient Egyptians. Proceedings of the Academy of DNA Genealogy, 2009) which says: *"About 11 thousand years ago a remarkable, but unnoticed event has happened: a man carrying haplogroup E1b1b1-M35 fathered a son with a new, additional SNP-mutation, M78. We can suggest that it has happened in the Upper Egypt, soon after exodus from Nubia. Descendants of that man of a new subclade M78 after some time began to dominate - numerically - over other inhabitants of Egypt"*. Obviously, we, the authors, have made subclade E-M78 about two thousand years "older", but five years ago we did not have extended haplotypes, such as 67-111 marker ones, and employed only 6-11 marker haplotypes. Principal conclusions, though, are still valid.

## LETTER 231

Your name has come up several times for your work on Z251. I just had my Big Y results analyzed and I am Z251+ FGC13899+. I also had my 111 STRs done (only 11 matches at 25 STRs with a genetiv distance of 2), it is in the Z251 FTDNA project: <https://www.familytreedna.com/public/R-Z251/default.aspx?section=yresults>. The FCG SNP was discovered in 2014

and the Z251 project shows just 3 of us. I am in communication with FGC and there may be two more of us.

I have my Big Y raw data.

MY RESPONSE:

Thank you for your letter. However, I did not quite understand, what do you want to accomplish? You have your 111-marker haplotype, you have your deep SNP (L21-DF13-Z251-FGC13899). Disregard a lack of your "matches", those matches are typically just a marketing catch, they do not carry much sense in 90%+ cases. It is just a statistical coincidence, and nothing more.

So, what is your principal question? What do you aim at?

If you want to know when your L251 subclade was formed, it is one question. It can be done, in some way, though there are not many of you in that subclade. However, I can tell you right away, it arose some 3600-4000 years before present. Now what? I can calculate more accurately, but it would require some homework from you.

If you want to know when your FGC13899 arose, it is a similar homework to be done, however, there are not too many of you for any meaningful study. However, something can be done. For that, I need a list of Z251 haplotypes and FGC13899 (whom you know) in Excel format, with each haplotype in one line, no alleles-dash-alleles (multimarker alleles) in one cell, they should be divided one allele in one cell.

Send such a file to me. I will see what I can do.

Regards,