Ultima ratio

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии

Том 4, № 5

2011 май

Российская Академия ДНК-генеалогии

ISSN 1942-7484

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Научно-публицистическое издание Российской Академии ДНК-генеалогии. Издательство Lulu inc., 2011.

Составитель
Российская Академия ДНК-генеалогии

Оформление издания
Anatole A. Klyosov
Павел Шварев

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Критическое рассмотрение статьи “Decreased rate of evolution in Y Chromosome STR loci of increased size of the repeat unit” (M. Jarve, L. Zhivotovsky, S. Rootsi, H. Help, E. Rogaev, E. Khusnutdinova, T. Kivisild, J. Sanchez), PLOS One, v. 4, e7276, doi:10.1371

Анатолий А. Клёсов
http://aklyosov.home.comcast.net

Авторов в статье немало, и в основном известные фамилии. Большинство считают себя популяционными генетиками, кроме, наверное Евгения Рогаева, известного своими работами по идентификации ДНК царской семьи, и, конечно, многими другими хорошими работами в области генетики. Данная работа привлекла мое внимание только потому, что в ней опять фигурирует печально известная «популяционная скорость мутации» 0.00069 мутаций на маркер на 25 лет. Я уже разбирал ранее (Клёсов, 2009), что эта «скорость мутации» не более (и не менее) чем недоразумение, результат неуклюжей подгонки экспериментальных данных под теоретическую величину, полученную совершенно для нереальных, весьма абстрактных условий, а именно для равномерной суперпозиции разнообразных ветвей на протяжении жизни всего человечества.

При этом «академические» популяционные генетики чудесным образом даже не думают, что эта «константа» ими применяется (с подачи Л. Животовского) для самых разнообразных гаплотипов любой длины и любого состава, хотя совершенно ясно, что такого просто не может быть. У каждого маркера своя скорость мутации, и совершенно ясно, что их разные комбинации в виде разных гаплотипов будут приводить к разным величинам суммарных констант скоростей мутаций. Ан нет, попгенетики считают, судя по всему, что 0.00069 - это универсальная константа, применимая для всех гаплотипов, типа постоянной Планка. Более того, они считают, опяь же с подачи Л. Животовского, что она применима и для любых времен до общего предка, от малых до больших. Просто потому, что автор, Л. Животовский, сообщив, что есть «генеалогические» системы гаплотипов, а есть «популяционные», не озаботился ввести хоть какие-то критерии отличия одних от других. Не озаботилась этим и вся «академическая общественность» в области популяционной генетики, и все

дружно считают ВСЕ системы гаплотипов «популяционными», даже те, которые явно происходят от одного общего предка, «молодого» по возрасту. В итоге возраст общих предков популяций оказывается завышенным, а во сколько раз – определить сие почти невозможно, но на круг обычно от двух до четырех раз. Благодаря этому академические статьи, в которых присутствуют датировки, читать практически бесполезно, эти датировки можно только все пересчитывать заново, благо гаплотипы иногда приводятся.

И вот – появляется статья, в которой оповещается, что более протяженные локусы имеют меньшие скорости мутаций, чем более короткие, и что это имеет большое значение для популяционной генетики и для эволюционных исследований. Тезис, правда, не новый, и Л. Животовский высказывает его время от времени на протяжении последних лет десяти. Но здесь, судя по составу авторов, тяжелая артиллерия, и появляется надежда, что, наконец, разобрались, что не может быть одной скорости мутации типа 0.00069 для всех локусов и для их суммы.

Но не тут-то было.

Сразу напрягает вывод, что для более длинных локусов (точнее, STR) скорость мутации медленнее, чем для коротких, которые и обычно используются в попгенетике. Вырывается вопрос – «как, ЕЩЕ медленнее»? «Медленнее, чем 0.00069»?? – которая и так на 265% медленнее, чем средняя константа скорости мутации 0.0018 для 12-, 25- и 67-маркерных гаплотипов, на 290% медленнее, чем «каноническая» константа скорости мутации (0.002 мутации на маркер на поколение, она же для 17-маркерных гаплотипов) и на 350% медленнее, чем для 37-маркерных гаплотипов.

Куда еще медленнее-то?

Худшие опасения подтвердились.

Авторы пришли к выводу, что для три- и тетра-нуклеотидных локусов, которые составляют большинство первой 12-маркерной панели (DYS 393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 439, 389-1, 392, 389-2), а также DYS458, 456, 635, GATAH4 константа скорости мутации так и осталась 0.00069, а для пента- и гекса-нуклеотидных локусов (DYS448 из второй панели, DYS438 из третьей, DYS594 из четвертой, а также ряда других, не входящих в первые 67 маркеров в нотации FTDNA) скорость мутации еще в два раза медленнее, а именно 0.000345 на маркер на 25 лет. В отношении второго положения вопросов нет, в перечисленных маркерах скорости мутации на самом деле малые, например, 0.00043-0.00055-0.00057 по данным Burgarella, Chandler и

Ballantyne, соответственно (см. Клёсов, 2010a, 2010b, и ссылки там же), в среднем 0.00052, то есть на 150% выше, чем сообщается в обсуждаемой статье, но это мелочи, все равно там ошибка определения огромная. Это потому, что приведенные скорости мутации соответствуют одной мутации на 1920 пар отец-сын. Но в отношении первой панели гаплотипов, то есть три- и тетра-нуклеотидных локусов, константа 0.00069 явно занижена. Она соответствует только двум самым «медленным» маркерам, а именно DYS393 и DYS392, перечисленным авторами. В остальных маркерах скорость значительно выше, и в среднем для панели из 12 маркеров равна 0.00183 мутаций на маркер на 25 лет, то есть на 265% выше. Это и есть типичная ошибка «популяционного метода», прилагаемого, как правило, к реальным системам.

Возникает законный вопрос – откуда эта «популяционная» константа взялась в данной работе? То, что она была нещадно подогнана в более ранних работах, мы уже разобрались (Клёсов, 2009). А в данной статье, с «тяжелой артиллерией» ведущих авторов в области попгенетики? Какие подтверждения приведены, какие доказательства?

Никаких.

Просто бездумно повторено то, что было ранее. Что было ранее подогнано. Похоже, что авторы просто поставили свою подпись под данной статьей, не вдумываясь и не разбираясь в предмете.

Давайте посмотрим на статью. Может, там хоть какие примечания есть рядом с этой величиной 0.00069, что, мол, разобрались и еще раз потвердили, и, мол, сомнений нет. Доказано.

Так ли это? Увы, не так. Вот что сопровождает эту величину. Приводим ВСЕ цитаты, в которых упомянута эта величина 0.00069, их всего четыре на всю статью.

-- «The mutation rate for an average Y chromosome tri- or tetranucleotide STR locus has been estimated as 0.00069 per 25 years (Zhivotovsky et al, 2004)»
-- «For the tri- and tetranucleotide markers, the previously estimated mutation rate of 0.00069 per 25 years (Zhivotovsky et al, 2004) was used, for the penta- and hexanucleotide markers, a two times lower rate of 0.00045 per 25 years was used»
-- «the estimate of 0.00069 per 25 years for the tri/tetra loci (Zhivotovsky et al, 2004)»

-- «coalescent ages of Y chromosome haplogroups were calculated based on both the tri/tetra and the penta-hexa STR results, using the previously estimated mutation rate of 0.00069 per 25 years (Zhivotovsky et al, 2004)».

Всё. Действительно, никаких пересмотров не было, как не было и проверки, просто взяли как факт то, что в использовании еще с 2004 года. Напомню, что три/тетра-нуклеотидные маркеры составляют 10 из 12 маркеров первой панели (DYS 393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 439, 389-1, 392, 389-2), и средняя константа скорости мутации их по данным Чандлера 0.02212/10 = 0.0022, то есть на 320% выше. То же получается и по данным калибровки гаплотипов на тысячелетия вглубь.

Посмотрим, что насчитали авторы обсуждаемой статьи в применении к реальным сериям гаплотипов, используя свои «эволюционные» скорости мутаций. Они взяли 149 гаплотипов, из которых 82 были R1a1:
-- 16 из Эстонии,
-- 14 с Украины (Белгород причислен к Украине),
-- 13 алтайских,
-- 11 индийских (Пенджаб и Гуджарат),
-- 9 кавказских (включая один армянский и один курдский),
-- 5 словацких,
-- 4 иранских,
-- 4 тувинских,
-- 2 туркменских,
-- 2 цейлонских (Шри-Ланка),
-- 1 таджикский, и
-- 1 западно-бенгальский.

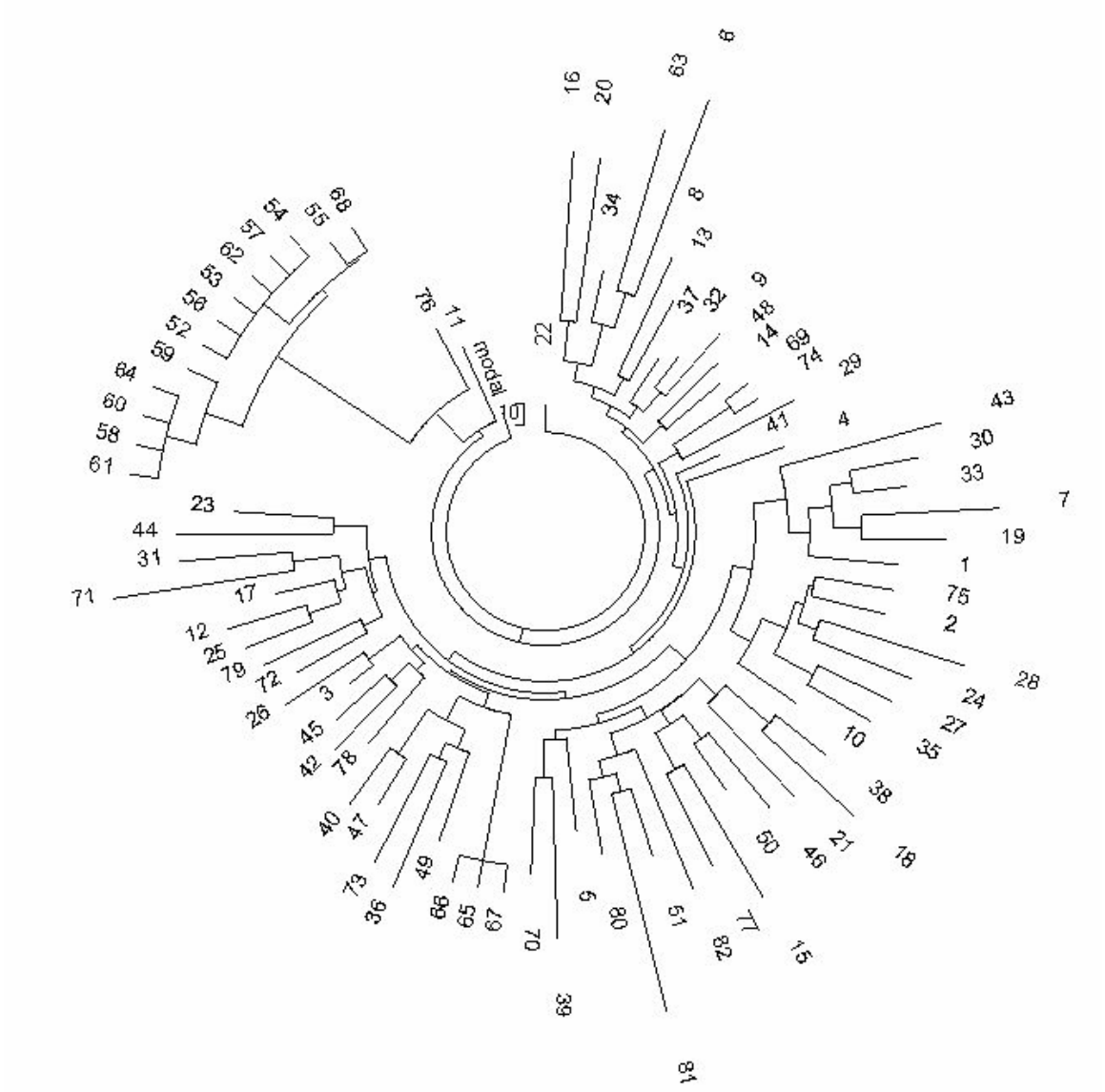
Гаплотипов R1a1 из России в список включено не было. Видимо, не нашли. Большая редкость.

И что же они насчитали в отношении возраста общего предка для этих 82 гаплотипов? А насчитали 15800±3100 лет для три-тетрануклеотидных маркеров, и 17500±2700 лет для пента-гексануклеотидных маркеров.

М-да....

Учитывая, что больше половины гаплотипов являются европейскими или производными европейских, то, как хорошо известно, «возраст» их общего предка должен быть около 5 тысяч лет. То есть видим обычное и привычное завышение возраста «методом Животовского» примерно в три раза. Не хотят люди учиться.

Ладно, будем разбираться.



Дерево 82 гаплотипов гаплогруппы R1a1 в 23-маркерном формате, как приведено в обсуждаемой статье: DYS 393-390-19-391-385a-385b-439-389[1]-392-389[2]—458-437-448-GATAH4-456-438--Ypenta1-Ypenta2-645-643-596-635-594 Последних семи маркеров нет в 67-маркерной панели.

На рисунке выше показано дерево этих 82 гаплотипов в 23-маркерном формате. Это – все маркеры, приведенные в обсуждаемой статье. На самом деле в статье был еще DYS411S1 (пента-нуклеотидный, двух-локусный), но по нему в статье был разнобой, то дана одна аллель, то две. Поэтому этот маркер из построения дерева был исключен. Ветви делились для лучшего разрешения по 23-маркерному формату, но расчеты проводили по 10-

маркерному формату, по первой 12-маркерной панели, за вычетом DYS426 и DYS388, по которым аллелей в статье все равно не было. Средняя константа скорости мутаций для этих 10-маркерных гаплотипов равна 0.022 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет.

Дерево на рисунке имеет две принципиальные особенности. Первая – что алтайские и тувинские гаплотипы (плоская ветвь слева вверху) занимают совершенно отдельную, самостоятельную ветвь, и отличаются от европейских (по происхождению) гаплотипов. Их базовый гаплотип в 10-маркерном формате

13 26 16 11 11 17 11 14 11 17

имеет всего 8 мутаций на 13 гаплотипов, что дает 725±270 лет до общего предка.

Вторая особенность – что все остальные 69 гаплотипов фактически перемешаны на дереве, и никакая этническая группа или территория не имеют своей ветви. Например, эстонские гаплотипы (номера 1-16) расеяны по всему дереву и присутствуют во всех ветвях, которые фактически ветвями и не являются. Словакия (номера 17-21) тоже присутствует во всех ветвях – 20 в верхней правой, 19 – в правой средней, 18 и 21 – в правой нижней, 17 – в левой. То же и украинские гаплотипы (22-35), и кавказские (36-44), и индийские (69-82), которые практически равномерно распределены по окружности дерева. Четыре иранских гаплотипа (45-48) находятся справа вверху, справа внизу, и два гаплотипа слева внизу, в разных локальных подветвях. Все это было ожидаемо, и свидетельствует о том, что все это потомки древних ариев, с одним общим предком. Базовый гаплотип этих 69 потомков ариев в указанном 23-маркерном формате

13 25 16 11 11 14 10 13 11 17 – 15 14 20 12 15 11 – 11 10 8 10 10 23 10

Это – гаплотип Русской равнины в первых 16 маркерах, с возрастом 4850±600 лет на 67 маркерах.

Для данных 69 гаплотипов первые 10 маркеров имеют 228 мутаций от приведенного базового гаплотипа, что дает 228/69/0.022 = 150 (176 поколений от общего предка, то есть 4400±530 лет до общего предка. Как видно, даже всего 69 разномастных гаплотипов, но принадлежащих одному роду, соответствуют гаплотипу Русской равнины и возрасту общего предка в пределах погрешности измерений и расчетов.

Два базовых гаплотипа – алтайско-тувинский и Русской равнины – различаются на шесть мутаций, что соответствует «латеральной» разнице в «возрасте» их общих предков 9300 лет, что помещает ИХ общего предка примерно на 7200 лет назад. При этом следует учесть, что базовый алтайско-тувинский гаплотип явно прошел бутылочное горлышко популяции совсем недавно, примерно в 13-м веке нашей эры (что соответствует монголо-китайскому нашествию), и какой уж гаплотип прошел бутылочное горлышко – это дело случая. Но ясно, что это был древний гаплотип, у которого немало и других мутаций, за пределами первой панели, например, DYS456=15, по сравнению с 16 у базового гаплотипа Русской равнины, DYS448=19, а не 20, DYS495=9, а не 10, DYS594=8, а не 10, как на Русской равнине и у их потомков.

Возвращаясь к теме настоящей статьи, следует отметить, что вся эта информация по приведенным гаплотипам прошла мимо авторов обсуждаемой работы. И понятно почему – у них популяционная генетика, у нас ДНК-генеалогия, методология совершенно разная. Более того, полученный авторами обсуждаемой работы «возраст общего предка» представленных гаплотипов гаплогруппы R1a1, 15800±3100 и 17500±2700 лет, не имеет ничего общего ни с основным составом приведенных гаплотипов, ни с алтайско-тувинскими, ни с возрастом ИХ общего предка (примерно 7200 лет назад). Занятно, что авторы, используя совершенно неверный подход и получая совершенно неверную цифру, ставят при ней погрешности, или доверительные интервалы, которые тоже не имеют в данном контексте никакого смысла.

Интересно, когда популяционные генетики осознАют, что их «количественные подходы» к историческим расчетам принципиально ошибочны, и дают бессмысленные результаты?

Литература

Клёсов, А.А. (2009) Еще раз о «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни. Развернутый комментарий на Response, M. Hammer et al, Human Genet, October 8, 2009. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, № 7, 1162-1181.

Клёсов, А.А. (2010a) Мутации в гаплотипах Y-хромосомы в парах отец-сын и их значение для ДНК-генеалогии. Критический разбор статьи “Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341-353. (2010) by

Ballantyne et al, Am. J. Human Genet. 7, 341-353. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 3, 1853-1860.

Клёсов, А.А. (2010b) Еще о скоростях мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. Критический разбор статьи "Mutation rate estimates for 110 Y-chromosome STRs combining population and father-son pair data" by C. Burgarella and M. Navascues, Eur. J. Hum. Genet., 8 September 2010. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 3, 1861-1865.

Jarve, M., Zhivotovsky, L.A., Rootsi, S., Help, H., Rogaev, E., Khusnutdinova, E.K., Kivisild, N., Sanchez, J. (2009) Decreased rate of evolution in Y Chromosome STR loci of increased size of the repeat unit. PLoS One, September 2009, vol. 4, No. 9, e7276, doi:10.1371.

Расчеты численных значений констант скоростей мутаций самых медленных 22 маркеров 67-маркерной панели

А.А. Клёсов
http://aklyosov.home.comcast.net

Резюме

Набор самых медленных (в отношении скоростей мутирования) 22 маркеров 67-маркерной панели предложил В. Рыжков – сначала 20-маркерную серию (Рыжков, 2011), затем добавил еще DYS395S1a и DYS395S1b (частная переписка), а также сняв одни маркеры и заменив их на другие. К сожалению, в литературе величины констант скоростей индивидуальных маркеров из этой серии почти отсутствовали или были крайне оценочными, за исключением трех значений из известной таблицы Чандлера (Chandler, 2006), для DYS426, 388 и 392 (0.00009, 0.00022 и 0.00052 мутаций на поколение, соответственно). Значения Ballantyne et al (2010), основанные на числе мутаций между почти 2000 пар отец-сын, были крайне ненадежными, поскольку для 14 из этих 22 маркеров мутаций вообще не было (то есть по их данным скорость была меньше 0.0006 мутаций на поколение), для 7 маркеров прошло всего по одной мутации, и поэтому авторы дали свои значения как 0.00058, 0.00057, 0.00059, 0.00059, 0.00061, 0.00063 и 0.00065, что, конечно, одно и тоже, более того, с погрешностью 100% даже для одной сигма (68%-ный доверительный интервал), и в одном случае прошло две мутации между почти 2000 пар отец-сын, что позволило авторам дать оценочную величину скорости мутации как 0.00113 мутаций на маркер на поколение. Стоит напомнить, что для двух мутаций в такой системе погрешность определения составляет ±71% для 68%-ной доверительности, и ±141% для 95%-ной доверительности, о которой здесь не приходится и говорить.

В настоящей работе мы определили значения скоростей мутаций для всех 22 маркеров, на уровне десятков фактических мутаций, кроме трех самых медленных маркеров, для которых наблюдаемое число мутаций было между 4 и 22. Оказалось, что частые завышения констант скоростей мутаций в литературе вызваны тем, что авторы считают мутации «чохом», поперек ветвей и субкладов серий гаплотипов, тем самым завышая наблюдаемой число мутаций. Например, если не учитывать, что в гаплогруппе R1a1 гаплотипы с DYS388=10 образуют отдельную выраженную ветвь, и подсчитывать мутации «поперек списка», то каждый

такой гаплотип даст по две мутации (поскольку основная масса имеет DYS388=12). В самой DYS388=10 ветви мутаций вообще не будет.

В итоге нашего исследования список из 22 «медленных» маркеров характеризуется следующими значениями констант скоростей мутаций:

Маркер	Константа скорости мутаций на маркер на условное поколение в 25 лет
472	0.00001
425	0.00005
436	0.00006
426	0.00009
490	0.00013
454	0.00016
455	0.00016
578	0.00017
641	0.00017
590	0.00017
594	0.00020
388	0.00022
492	0.00023
395S1b	0.00025
450	0.00029
617	0.00050
531	0.00050
640	0.00051
392	0.00052
568	0.00053
395S1a	0.00053
438	0.00055

Суммарная величина константы скорости мутации для всей 22-маркерной панели гаплотипов равна 0.0060 мутаций на гаплотип или в среднем 0.00027 мутаций на маркер на условное поколение (25 лет). Эти значения использованы для расчетов хронологии дерева гаплогрупп человечества, как показано в следующей статье в данном выпуске Вестника.

* * *

ДНК-генеалогия обычно занимается расчетами хронологических показателей ветвей гаплогрупп в пределах одного (заранее идентифицированного) субклада или одной гаплогруппы. В таких случаях выявляется базовый гаплотип ветви или серии гаплотипов, подсчитывается суммарное количество мутаций от базового гаплотипа и среднее число мутаций в расчете на маркер или гаплотип, и с использованием подходящей (и заранее определенной, часто табличной) средней скорости мутаций для гаплотипа данной протяженности и структуры рассчитывается время до общего предка рассматриваемой выборки гаплотипов.

Строго говоря, подобные расчеты являются корректными только тогда, когда специально показано, что рассматриваемая ветвь гаплотипов или рассматриваемая серия гаплотипов происходит от одного общего предка. Или, в рамках понятий ДНК-генеалогии, что она происходит от ОДНОГО базового гаплотипа. Это – менее жесткое понятие, чем один общий предок, поскольку могло быть несколько предков, имеющих один и тот же базовый гаплотип – например, отец и сыновья, братья, другие близкие родственники. Это – основные понятия парадигмы ДНК-генеалогии, и потому каждый раз не поясняются. Вопрос о том, рассматриваемая серия гаплотипов имеет одного общего предка или несколько, обычно решается с помощью логарифмического метода расчета «возраста» общего предка, и если «логарифмический» (по числу базовых гаплотипов в серии гаплотипов) и «линейный» (по числу мутаций в серии гаплотипов по сравнению с базовым гаплотипом) дают один и тот же «возраст» общего предка, то базовый гаплотип правильный, как и расчетный «возраст» общего предка, который был действительно один для рассматриваемой серии гаплотипов.

Незнание или несоблюдение этого основного правила ДНК-генеалогии ведет к грубым ошибкам в расчетах и выводах. Например, при рассмотрении серии из 194 шести-маркерных гаплотипов коэнов гаплогруппы J (Behar et al, 2003) было найдено, что они содержат 263 мутаций от «модального гаплотипа коэнов» 14-16-23-10-11-12 (DYS 19-388-390-391-392-393), то есть общий предок этих 194 гаплотипов жил 263/194/0.0088 = 154 условных поколения (по 25 лет), то есть 3850 лет до общего предка (без поправки на возвратные мутации). С учетом доверительного интервала это дает 3850±450 лет до общего предка. Вполне сойдет за библейского Аарона, о чем и написали сотни научных и популярных статей (в частности, Skorecki et al, 1997; Thomas et al, 1998).

Однако та же серия содержит 91 базовый гаплотип, что дает ln(194/91)/0.0088 = 86 таких же поколений до общего предка, то есть 2150

лет. Это – конец прошлой эры, и ни о каком библейском Аароне речи, конечно, быть не может. Ясно, что в опубликованной серии гаплотипов смешаны несколько генеалогических линий. Более детальный анализ «гаплотипов коэнов» показал, что они представлены как минимум двумя линиями – древних евреев примерно от 4000-4200 лет назад, «времена Авраама», и коэнов от 1050±190 лет назад, примерно 10-й век нашей эры. Ни одна из этих линий не может идти от библейского Аарона (Klyosov, 2009a, 2009b).

Часто бывает, что в пределах одной гаплогруппы есть несколько ветвей гаплотипов, каждая ветвь со своим базовым гаплотипом. Тогда по разнице этих базовых гаплотипов (то есть по «мутационному сдвигу» между аллелями базовых гаплотипов) можно рассчитать, когда жил общий предок двух или более ветвей. В данном Вестнике (2008-2011) и в книге «Происхождение человека» (Клёсов и Тюняев, 2010) приведены буквально десятки примеров подобных расчетов. Например, 25-маркерные базовые гаплотипы гаплогруппы I1 в Англии (Англия, Ирландия, Шотландия) и Скандинавии (Дания, Швеция, Норвегия, Финляндия) различаются на 4 мутации

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16

13 **23** 14 10 **14** 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 **29** 12 14 15 **15**

хотя имеют практически одинаковое время до общего предка - 3425±350 и 3375±350 лет. Это дает возраст ИХ общего предка 4600 лет назад – тогда, когда из Европы практически исчезли и носители гаплогруппы R1a1, и I1, и когда носители гаплогруппы R1b1a2 в виде «культуры колоколовидных кубков» активно заселяли Европу (4800-3500 лет назад).

В подобных случаях расчет общего предка двух базовых гаплотипов ведется по тому же принципу, что и расчет общего предка серии одиночных гаплотипов. Для того, чтобы между двумя базовыми 25-маркерными гаплотипами набежали четыре мутации, нужно 4/0.046 = 87 поколений, что с поправкой на возвратные мутации даст 96 поколений, то есть 2400 лет. Это – «латеральный» временной интервал между двумя общими предками, а не буквальный. Иначе говоря, для появления разницы в 4 мутации между двумя приведенными выше базовыми гаплотипами, нужно время от времени жизни ИХ общего предка до времени жизни его потомка с первым базовым гаплотипов и до времени жизни его потомка со вторым базовым гаплотипом. Таким образом, чтобы рассчитать время до ИХ общего предка от настоящего времени, нужно просуммировать все три величины и разделить пополам: (2400+3425+3375)/2 = 4600 лет назад.

Грубой ошибкой при расчетах является использовать константы скоростей мутаций только для тех маркеров, которые мутировали. Например, второй по порядку маркер в гаплотипах выше (DYS390) имеет константу скорости мутации 0.00311 на поколение (по данным Чандлера), то есть мутирует в среднем раз в 322 поколения, то есть раз в 8050 лет. Но это в среднем, что неприменимо для отдельно взятого случая. Не помогает и обращение к мутациям в парах отец-сын, поскольку по данным Ballantyne et al (2010) эта мутация еще более редкая – она произошла в их серии опытов только дважды в 1758 парах, то есть в 1758 поколениях, или один раз в 879 поколений, что примерно соответствует 22 тысячам лет или больше, вплоть до 28 тысяч лет, если принять продолжительность поколения за 32 года, как следует из их данных. Понятно, что подобные расчеты бессмысленны, поскольку при этом неупорядоченная статистика фактически применяется к одному случайному событию. Это тем более бессмысленно в данном случае, поскольку общий предок обоих базовых гаплотипов жил всего 4600 лет назад.

Аналогично, второй мутировавший маркер выше (DYS385b) по данным Чандлера имеет константу скорости мутации 0.00226, то есть еще ниже, чем у DYS390. Это соответствует мутации в данном маркере раз в 442 поколения, или примерно раз в 11600 лет. На самом деле так – в среднем - оно и происходит, и фактически произошло у одного из носителей данного гаплотипа, который по стечению обстоятельств и стал общим предком популяции. На самом деле мутация произошла у него, одного из многих тысяч человек, но именно он стал общим предком популяции. К расчетам исходя именно из этой одиночной мутации это отношения не имеет. При расчетах надо принимать во внимание всю совокупность мутаций. Это, фактически, серия параллельных реакций, константы скоростей которых при расчетах суммируются по всем 25 маркерам (в данном случае).

Таким же образом было рассчитано, что общий предок гаплогруппы I1 жил примерно 21400 лет назад (Клёсов, 2010a), общий предок гаплогрупп I1 и I2 жил более 30 тысяч лет назад (Клёсов, 2011a), общий предок европейской и азиатской ветвей гаплогруппы R1b жил 16 тысяч лет назад (Клёсов, 2008), а общий предок европейской и азиатской ветвей гаплогруппы R1a1 – примерно 21 тысяч лет назад (Клёсов, 2010b, 2011b).

Но все эти расчеты обычно делались в пределах одной гаплогруппы. Применять подобные расчеты для базовых гаплотипов разных гаплогрупп – дело обычно некорректное. Например, 12-маркерные гаплотипы из серии «модальные гаплотипы коэнов» порой являются практически одинаковыми в гаплогруппах J1 и J2, то есть сдвига аллелей между ними почти нет. Из

этого можно сделать крайне ошибочный вывод, что общий предок их жил относительно недавно, не более пары тысяч лет назад. Но это не так, и на самом деле там должно быть не менее 60-80 тысяч лет разницы – от современных гаплотипов до «дна» гаплогрупп J1 и J2, и обратно, рикошетом, к нашему времени. Мутационная разница «поперек гаплогрупп» смысла не имеет.

В следующей работе (Клёсов, 2011) предпринята попытка расчета «возраста гаплогрупп» на основании вида их, гаплогрупп, базовых гаплотипов. Осмыслить данный подход поможет следующая картина. Если принять, что все земляне-мужчины произошли от одного общего предка («хромосомного Адама»), то есть что мужская половина человечества прошла «бутылочное горлышко популяции» примерно 160 тысяч лет назад, и примерно 80 тысяч лет назад в результате исхода из Африки появилось и размножилось внеафриканское человечество, то из этого будут следовать два вполне очевидных вывода: (1) гаплотипы всех мужчин-неафриканцев планеты будут относительно похожи друг на друга, с мутационными сдвигами по базовым гаплотипам гаплогрупп и их ветвей не превышающими примерно 80 тысяч лет (при их количественном сопоставлении), и (2) базовые гаплотипов всех популяций составлят одну цельную систему, одно дерево базовых гаплотипов, независимо от гаплогрупп и снипов. Действительно, появление снипов (SNP) и мутаций в маркерах (STR) – это совершенно независимые процессы, не зависящие одни от других. У сына в Y-хромосоме мог появиться новый снип, отличный от родителя, но свой гаплотип он унаследовал от отца либо в неизменном виде, либо с ограниченным количеством мутаций. Поэтому снипы (крайне медленные мутации, часто практически необратимые) и «тандемные мутации» происходят в «двух параллельных мирах» Y-хромосомы. А значит, идентификация сдвигов в базовых гаплотипах не должна зависеть от снипов. Ясно, что эти сдвиги относительно невелики в соседних гаплогруппах, и по мере продвижения по дереву базовых гаплотипов они расходятся, но это все в принципе может количественно рассчитываться и ставиться в соответствие с датировками дерева базовых гаплотипов, а значит, с датировками жизни и истории человечества.

В. Юрковец (2011) разрабатывает для выстраивания подобного дерева гаплогрупп другой подход, основанный на климатических корреляциях в течение последних 80 тысяч лет, охватывая весь период верхнего Плейстоцена – Голоцена. Пока этот подход имеет больше иллюстративный характер в отношении помещения зарождения гаплогрупп в то или иное оледенение-межледниковье и в то или иное потепление-похолодание внутри оледенений-межледниковий. Мы продемонстрируем более прямой

расчетный подход, хотя в итоге оба подхода могут оказаться поддерживающими друг друга.

Таблица 1.
Скорости мутаций (на маркер на поколение). Для двух последних колонок скорости рассчитывались как отношение числа мутаций к числу трансмиссий (мейозов). n/a – данных нет (not available).

Маркер	Скорость мутации, на маркер на поколение		
	Chandler, 2006	Ballantyne et al, 2010	Burgarella et al, 2010
426	0.00009	(0/1735)	n/a
388	0.00022	(0/1636)	0.00042
392	0.00052	0.00058	0.00043
455	0.00016	(0/1618)	n/a
454	0.00016	(0/1458)	n/a
438	0.00055	0.00057	0.00043
531	n/a	0.00059	(0/483)
578	n/a	0.00059	(0/403)
395S1a	n/a	n/a	n/a
395S1b	n/a	n/a	n/a
590	n/a	(0/1780)	(0/403)
641	n/a	(0/1768)	(0/403)
472	n/a	(0/1549)	(0/403)
425	n/a	0.00113	n/a
594	n/a	0.00061	(0/403)
436	n/a	(0/1798)	n/a
490	n/a	(0/1759)	(0/403)
450	n/a	0.00063	n/a
617	n/a	(0/1684)	(0/403)
568	n/a	0.00065	(0/403)
640	n/a	(0/1716)	0.00496
492	n/a	(0/1770)	(0/403)

Поскольку мы будем оперировать временными периодами в десятки тысяч лет, то представляется целесообразным сосредоточиться на наборе маркеров с наиболее малыми средними скоростями мутаций. В Таблице 1 приведены 22 таких маркера, выбранных из 67-маркерной суммарной

панели гаплотипов. Среди них три маркера из панели 1-12, два маркера из панели 13-25, всего один маркер из панели 26-37, и остальные 16 маркеров из панели 38-67 (в Таблице 1 они разделены).

Как видно, в Таблице 1 множество неясностей и неопределенностей. Для большинства маркеров скорости мутаций или не измерялись, или почти для двух тысяч пар отец-сын мутаций не было обнаружено. В тех случаях, где мутации были обнаружены, их было одна-две-три на 1500-1800 пар отец сын, что и дало оценочные скорости мутаций 0.0006-0.00007, 0.0011-0.0013, 0.0017- 0.0020, соответственно. Погрешности чисел в таблице составляют 58-200%, поскольку для одной мутации доверительный интервал составляет 100-200% для 68%-95% доверительности (одна и две сигма, соответственно), для двух мутаций 70-140%, для трех мутаций 58-115%. Поэтому приведенные в Таблице 1 скорости мутации с указанием второго или даже третьего знака не имеют никакого смысла (для этого точности определения значений должны быть до 10-1% или 1-0.1%, соответственно).

Поэтому для проверки тех значений, что даны в Таблице 1, и для получения пропущенных значений мы определили число соответствующих мутаций в массивных сериях 67-маркерных гаплотипов, а именно серии из 2299 гаплотипов гаплогруппы R1b1a2-P312, 1024 гаплотипов его субклада R1b1a2-L21, и из 1198 гаплотипов гаплогруппы R1a1, и данные для указанных 22 «медленных» маркеров приведены в Таблице 2. Приведенные данные тоже не являются абсолютными, так как могут включать мутации, повторяющиеся в потомках одной ветви. Некоторые явные случаи таких мультипликаций одной и той же мутации были выявлены, и такие мутации были сняты со счета.

Сразу возникает вопрос – а насколько корректным является определение скоростей мутаций по указанным спискам гаплотипов? Насколько их ветви могут задавать появление «лишних» мутаций, тем самым искусственно увеличивая их количество и тем самым влиять на расчетные значения констант скоростей мутаций? Вопрос совершенно справедливый, и таких искажений констант скоростей мутаций избежать практически невозможно, поскольку в любой выборке гаплотипов, в любой популяции всегда есть ветви и подветви. Поэтому речь может идти только о возможном уменьшении таких погрешностей. Иначе говоря, при несимметричной (итоговой) картине мутаций в маркерах число мутаций скорее всего завышено. По всем имеющимся данным, например, при рассмотрении пар отец-сын, мутации практически всегда происходят неупорядоченно, симметрично. Поэтому при «избыточном» числе мутаций на маркер (по сравнению с другими сериями гаплотипов) имеет смысл обратить внимание на степень несимметричности мутаций. Исходя их этого, в

таблице 2 даны сведения о числе мутаций «вниз» и «вверх» от базовой аллели. Еще критерий относительно малого влияния ветвей – это обработка серий гаплотипов с помощью как логарифмического, так и линейного метода, как отмечалось выше. Если данные в обоих случая довольно близки, то можно ожидать сравнительно небольшого влияния ветвей. Наконец, сам вид дерева гаплотипов показывает наличие выраженных ветвей в серии, как видно при сравнении рис. 1, 2 и 3.

На рис. 1 приведено дерево из 352 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1. Они неупорядоченно взяты из списка в 1198 гаплотипов, обработка данных по которому приведена в табл. 2. Причина проста – построение дерева нужно, как правило, чтобы убедиться в наличии или отсутствия выраженных ветвей, после чего происходит расчет самого списка гаплотипов. Построение дерева из более чем тысячи 67-маркерных гаплотипов требует для непрерывной работы компьютера двух-трех дней, и при симметричном дереве не оправдано.

Рис. 1 показывает, что дерево гаплотипов вполне симметрично, и происходит в конечном итоге от одного общего предка, хотя и содержит немало локальных подветвей. Но это неизбежно для любого дерева из большой серии гаплотипов, и на расчеты фактически не оказывает влияние. Многочисленные работы по разным сериям гаплотипов R1a1 показывают, что общий предок европейских гаплотипов жил примерно 4600 лет назад, то есть 184 условных поколения (по 25 лет). Если применить к данной системе логарифмический метод расчета, то сразу становится очевидно, что две ветви дерева будет оказывать влияние на расчеты – «десятники» и «молодые скандинавы». У первых DYS388 равна 10, и 101 «десятник» в серии добавил бы сразу 202 «лишних» мутации. Вот так и появляются в литературе завышенные значения констант скоростей мутаций. У вторых YCAII равно 19-21. Это не оказывает влияния на 22-маркерную панель, но влияет на показатели логарифмического метода. Если снять эти две ветви, останется 911 гаплотипов, из которых 25 базовых в 12-маркерном формате, и 1 – в 25-маркерном формате. Получаем

[ln (911/25)]/0.022 = 163 →195 поколений, то есть примерно 4875 лет до общего предка, с базовым гаплотипом

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30

[ln (911/1)]/0.046 = 148 →174 поколения, то есть примерно 4350 лет до общего предка с базовым гаплотипом

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

Понятно, что с одним базовым гаплотипом из почти тысячи точности не будет, но данные вполне сопоставимы.

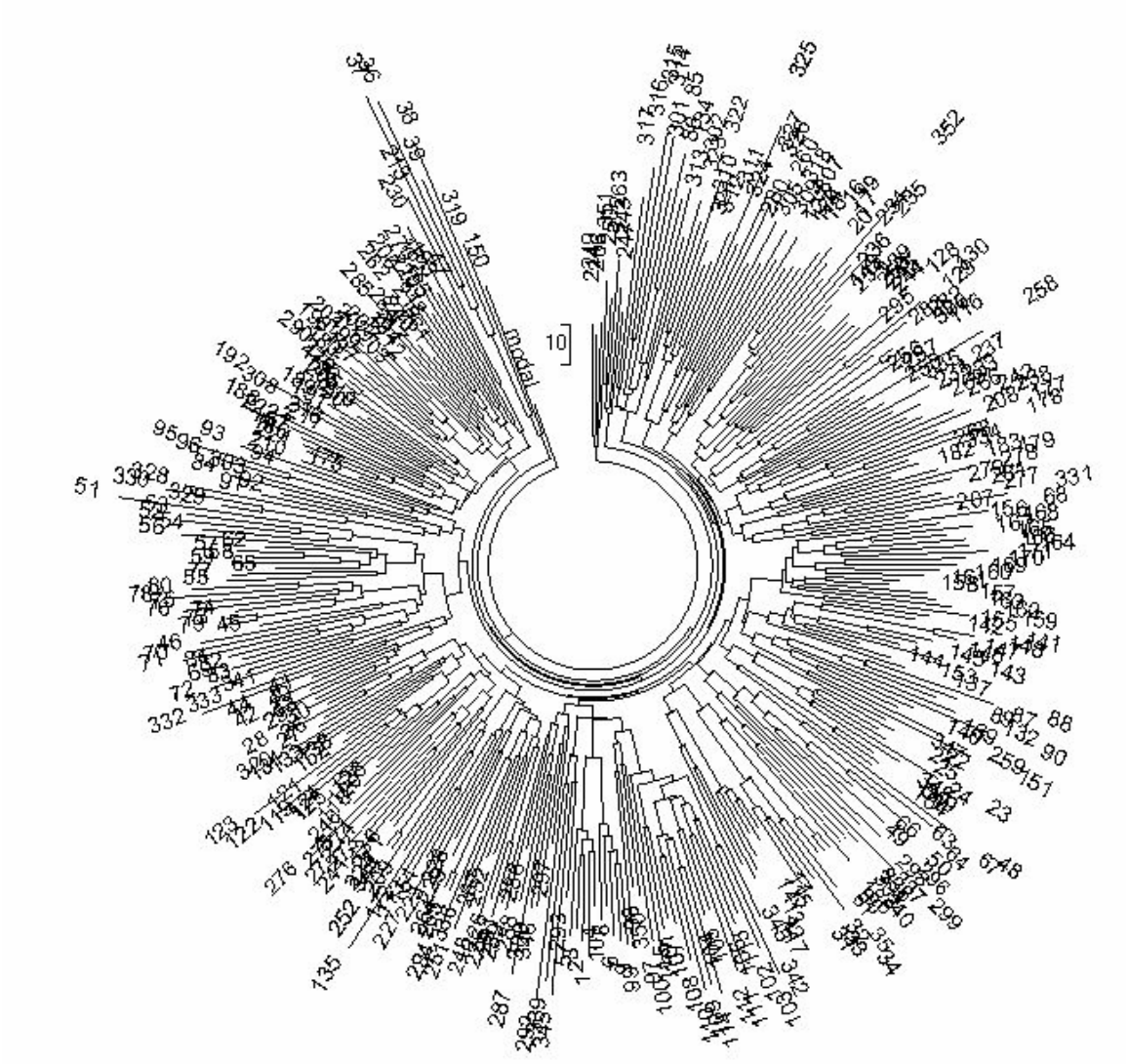


Рис. 1 Дерево из 352 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 (из базы данных YSearch)

В серии из 2299 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1a2-P312 было 7 базовых 25-маркерных гаплотипа, что дало [ln(2299/7)]/0.046 = 126 →145 поколений, то есть примерно 3625 лет до общего предка. Это – вполне приемлемая величина для субклада P312, которая обычно варьируется от 3600 до 4000 лет.

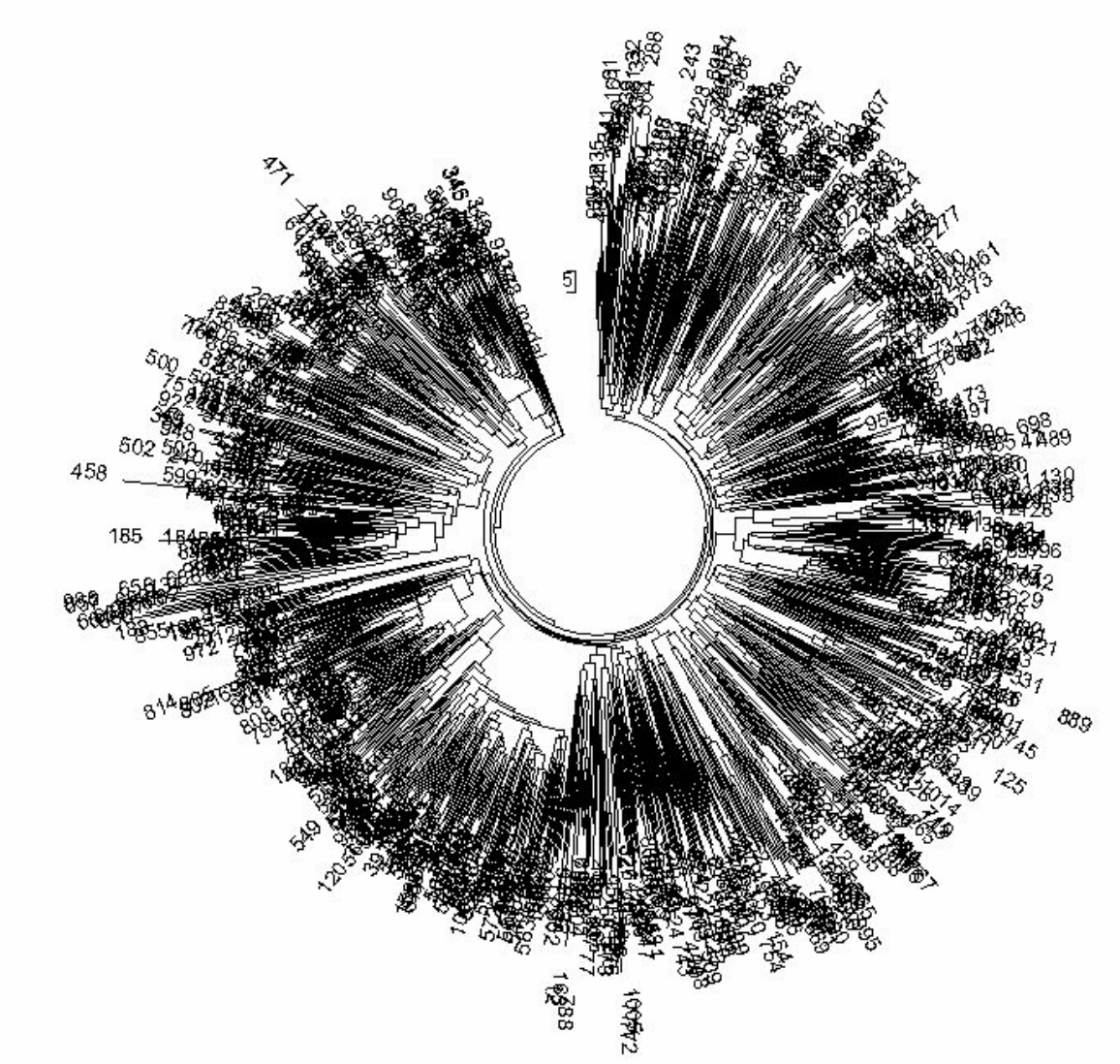


Рис. 2 Дерево из 1024 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1a2-P312-L21 (построено по данным, представленным Michael Walsh, администратором сайта R1b1a2-L21)

На рис. 2 приведено дерево из 1024 67-маркерных гаплотипов субклада R1b1a2-L21, нижестоящего по отношению к P312. Видно, что в его левой нижней части есть ветвь, которая может исказать результаты расчетов. Оказалось, что все дерево имеет базовый гаплотип

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 –
11 11 19 23 16 15 18 17 36 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

а базовый гаплотип малой ветви слева внизу -

13 24 14 **10** 11 14 12 12 12 13 13 **30** – **18** 9 10 11 11 25 15 19 **30** 15 15 17 17 –
11 **12** 19 **24** 16 15 18 17 **37** 38 12 12 – **12** 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 **22** 23 16 10 12 12
15 8 **11** 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

На 108 гаплотипов ветви имеется 798 мутаций, что дает 798/108/0.12 = 62 →66 поколений, то есть 1650±175 лет до общего предка. Середина 1-го тысячелетия до нашей эры. Это все важно знать в контексте нашего изложения, потому что у молодого гаплотипа произошла мутация в «медленном» маркере из 22-маркерной панели, DYS531, 11→12. Из таблицы 2 можно вычислить, что константа скорости его мутации, усредненная по ряду данных, равна 0.00050±0.00020, то есть одна мутация в этом маркере происходит в среднем раз в 2000 поколений, то есть примерно раз в 50 тысяч лет. А мутация оказалась в популяции, которая имеет общего предка только полторы тысячи лет назад, и его общий предок (наряду с другими субкладами гаплогруппы R1b1a2-L21) жил около 4 тысяч лет назад. Это опять к тому, что любая мутация может произойти когда угодно и у кого угодно, просто это случается редко по сравнению с другими.

В целом на все 1024 гаплотипа R1b1a2-L21 было 16,056 мутаций, что дало 16056/1024/0.12 = 131→150 поколений, то есть 3750±380 лет от общего предка. В этой же серии было 4 базовых 25-маркерных гаплотипа, что дает [ln(1024/4)]/0.046 = 121 → 138 поколений, то есть примерно 3450 лет до общего предка. Эти результаты совпадают в пределах погрешности расчетов. Выше приводилось, что в серии из 2299 гаплотипов R1b1a2-P312 было 7 базовых 25-маркерных гаплотипа, что дало [ln(2299/7)]/0.046 = 126 →145 поколений, то есть примерно 3625 лет до общего предка. Как видно, это все примерно одни и те же даты.

Тем не менее, была проведена еще более глубокая проверка. Из 1024 гаплотипов были вычтены 108 гаплотипов «молодой» ветви, и расчеты были проведены заново для оставшихся 916 гаплотипов. В них оказалось 14,278 мутаций, что дало 14278/916/0.12 = 130 → 149 поколений, то есть 3725 лет до общего предка, по сравнению с 3750 лет для 1024 гаплотипов, то есть практически то же самое. Как видно, уменьшение числа гаплотипов оказалось более важным, чем уменьшение числа мутаций, так что при снятии молодой ветви возраст «родительской» ветви тоже несколько уменьшился. Но число мутаций в медленном маркере DYS531 уменьшилось с 161 до 51. Так что на число мутаций в медленной панели это бы сказалось драматически.

Таблица 2.
Скорости мутаций в ориентировочном порядке от наиболее «медленного маркера» к «наиболее быстрому». Первые две колонки скоростей мутаций - на маркер на поколение, последние три – фактическое число мутаций на 66 гаплотипов гаплогруппы I2b на Британских островах, на 2299 гаплотипов гаплогруппы R1b1a2-P312 (с субкладами) и на 1198 гаплотипов гаплогруппы R1a1 (с субкладами)

Маркер	Скорость мутации, на маркер на поколение		Число мутаций на 1024 маркеров за 3750 лет (R1b1a2-L21), на 2299 маркеров за ~4000 лет (R1b1a2-P312) и на 1198 маркеров за ~4600 лет (R1a1)[a], и скорость мутаций на маркер на поколение		
	Chandler, 2006; Little, 2008[b]: FTDNA, 2008[c]	Ballantyne et al, 2010; Burgarella et al, 2010	R1b1a2-L21 (на 153,600 маркер-поколений)	R1b1a2-P312 (на 367, 840 маркер-поколений)	R1a1 (на 220, 432 маркер-поколений)
472	0.00001	<0.0006	0 <0.000007	1/3 0.000011	0/1 0.000005
425	0.00016 0.00018	0.00113	8/0[d] 0.000052	6/14[e] 0.000056	6/6 0.000054
436	0.00014 0.00018	<0.0006	5/4 (3/4) 0.00059	9/13 0.000060	8/4 0.000054
426	0.00009	<0.0006	20/7 0.00018	11/28 0.00011	6/11 0.00008
490	0.00049 0.00019	<0.0006	9/2 0.00007	3/32[f] 0.00010	16/13 0.00013
454	0.00016	<0.0007	12/2 0.00009	4/42 0.00013	4/29 0.00015
455	0.00016	<0.0006	12/10 0.00014	28/30 0.00016	23/20 0.00019
578	0.00029 0.00008	0.00059	18(17)/2 0.00013	23/35 0.00016	3/35 0.00017
641	0.00017 0.00018	<0.0006	21(18)/8 0.00017	9/53 0.00017	2/22 0.00011
590	0.00017 0.00054	<0.0006	38/1 0.00025	9/44 0.00014	1/13 0.000064
594	0.00030 0.00029	0.00061	27(26)/4 0.00020	6/51 0.00015	11/8[g] 0.00012
388	0.00022	<0.0006 0.00042	23/6 0.00019	13/69 0.00022	4/27[h] 0.00015
492	0.00018	<0.0006	17(16)/20	25/34[i]	5/10[j]

	0.00042		0.00023	0.00016	0.000071
395S1b	0.00029 0.00031	n/a	15/8 0.00015	27/36 0.00017	2/24 0.00012
450	0.00061 0.00020	0.00063	33/12 0.00029	18/44 0.00017	0/12 0.000054
617	0.00124 0.00042	<0.0006	170(169)/6 0.00110	33/27 0.00016	8/42 0.00023
531	0.00104 0.00037	0.00059	153/8 (44/7) 0.00037	16/91 0.00029	6/163 0.00077
640	0.00047 0.00034	<0.0006 0.00496	77/1 0.00051	6/133 0.00038	2/43 0.00020
392	0.00052	0.00058 0.00043	87/20 0.00070	43/31[k] 0.00025	4/35 0.00018
568	0.00068 0.00053	0.00065	20(18)/17 0.00023	47/38 0.00023	18/22 0.00018
395S1a	0.00053 0.00031	n/a	52/11 0.00041	24/98 0.00033	81/1 0.00037
438	0.00055	0.00057 0.00043	38/26 0.00042	45/83 0.00035	23/40 0.00029

[a] Формат записи 11/28, и далее 0.00012 означает, что в маркере (в данном случае DYS426 в гаплогруппе R1b1a2-P312) на указанные 2099 гаплотипов имеется 11 мутаций «вниз» (от базовой аллели 12 к аллели 11) и 28 мутаций «вверх» (к аллели 13), то есть суммарно 39 мутаций на 2099 маркеров х 160 условных поколений (25 лет на поколение) дают 39/335840 = 0.00012 мутаций на маркер на условное поколение.

[b]http://freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/~geneticgenealogy/MR.htm

[c] http://www.kin.marshdna.com/DNAinfo.htm

[d] Без учета 48 нуль-мутаций в DYS425

[e] Без учета нуль-мутаций в DYS425 в гаплогруппе R1b1a2, которые в данном случае составляют 69 на 2099 маркеров-гаплотипов.

[f] Без учета 77 мутаций DYS490=10 субклада R1b1a2-L176.2/SRY2627, образующего отдельную ветвь

[g] Без учета 325 мутаций DYS594=11 в «скандинавских ветвях» гаплогруппы R1a1

[h] Без учета 101 «десятников» (DYS388=10), которые образуют отдельную ветвь в гаплогруппе R1a1, так что их мутация наследуется не неупорядоченно, а передаются в отдельной ДНК-генеалогической линии. Они бы добавили 202 мутации.

[i] Без учета 53 мутаций DYS492=14, образующих отдельную ветвь гаплогруппы R1b1a2
[j] Без учета 57 мутаций DYS492=14 Северо-Западной ветви гаплогруппы R1a1
[k] Без учета 441 мутации DYS392=14, которая характерна для субклада M222, составляющего 25% ирландских гаплотипов R1b1a2.

Еще один конкретный пример того, как могут завышаться, и фактически завышаются литературные значения констант скоростей мутаций, и почему они во многих случаях выше, чем рассчитанные в колонках справа, на конкретных примерах массированных выборок. Причина этого расхождения довольно проста. На рис. 3 приведено дерево гаплотипов гаплогруппы I с Британских островов. Ясно, что если дерево не строить, и рассматривать весь список из 194 гаплотипов как единый, то можно и (фантомный) базовый гаплотип найти, и (фантомного) общего предка рассчитать в отношении (фантомного) расстояния до него. Но мутаций будет столь много, что константа скорости мутации будет непомерно велика.

Но порой и дерево не помогает. При виде столь хорошо разделенного на две половины дерева может представиться, что для него достаточно легко определить константы скорости мутации маркеров 22-маркерного гаплотипа, особенно для правой, явно древней ветви. Но это – ошибка, и при этом и получатся намного завышенные константы скоростей мутаций, которых так много в литературе. Давайте в этом убедимся.

Первая же попытка подсчета числа мутаций показывает, что подсчет необходимо проводить раздельно для подветвей I2a и I2b, иначе мутаций получается явно много, буквально в каждом маркере «медленного» 22-маркерного гаплотипа, причем мутации идут блоками. Явно здесь задействованы ветви разных субкладов, I2a и I2b.

Возьмем отдельно ветвь I2b, тем более что она сидит на отдельной «ножке». В I2b (вся нижняя половина правой ветви) – 66 гаплотипов, расчетное время по 67-маркерным гаплотипам – 5500 лет до общего предка, 220 условных поколений (по 25 лет).

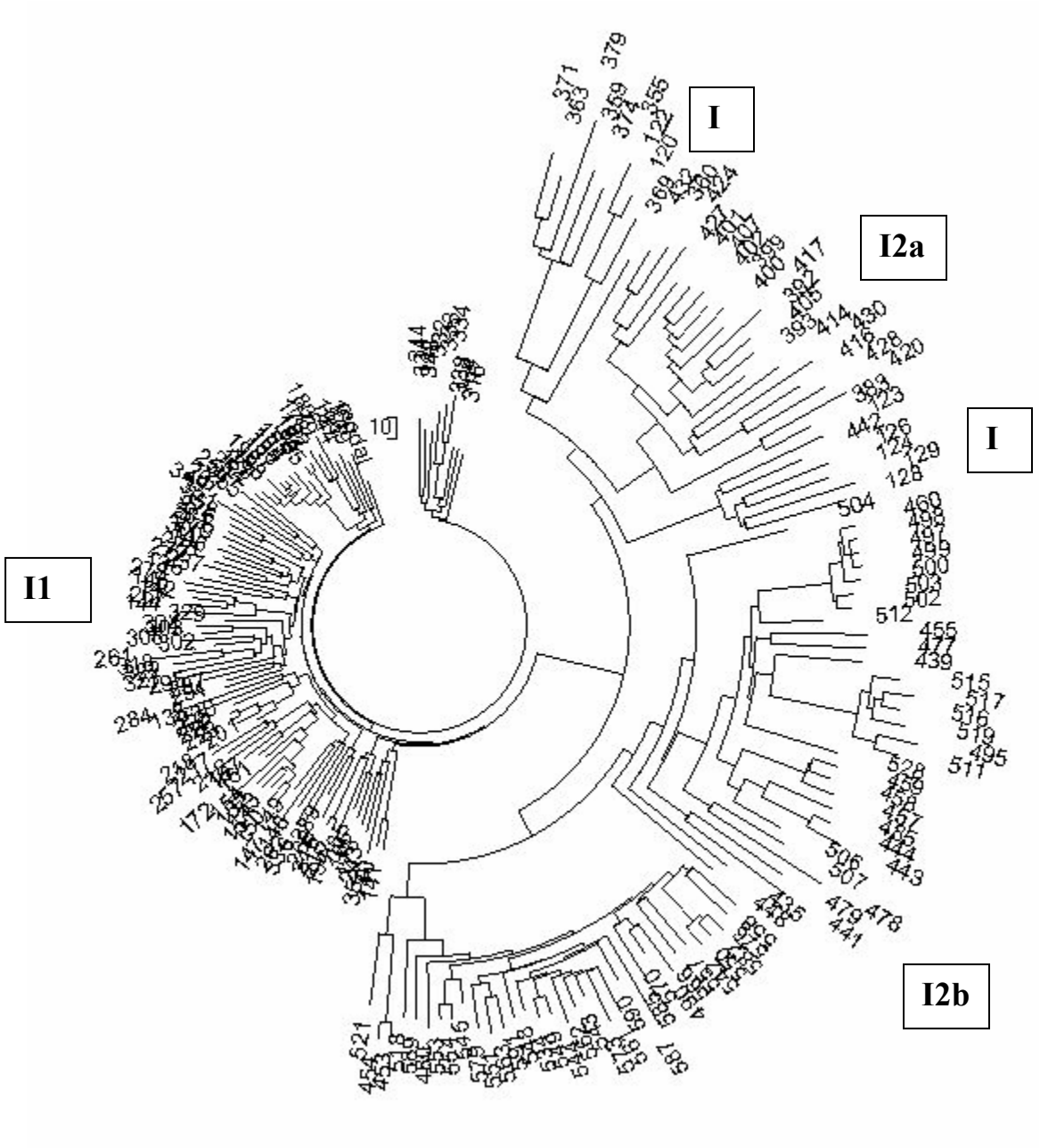


Рис. 3. Дерево 194 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы I с Британских островов, построено по данным
http://www.familytreedna.com/public/IrelandHeritage/default.aspx

Среди 22 «медленных» маркеров ветви I2b следующие девять показали отсутствие мутаций: DYS 472, 436, 426, 590, 490, 641, 578, 392, 438. Еще семь маркеров показали малое количество мутаций (запись дается как «мутации вверх/мутации вниз):

DYS 450	1/2
DYS 594	2/1
DYS395S1b	0/2
DYS454	3/0
DYS455	1/1
DYS492	2/8
DYS617	6/0

Но остальные шесть маркеров с лихвой вернули все мутации, и с избытком. Один из самых медленных маркеров, DYS425 показал 33 нуль-мутации, но их считать не стоит. Они просто неопределяемы, а не то, что их нет. DYS388 дал 12 мутаций в одну сторону при отсутствии мутаций в другую. Ясно, что это блок мутаций, признак ветви. DYS531 дал 10/2, DYS395S1a – 17/1, DYS640 – 33/0, DYS568 – 30/4. В сумме 138 мутаций, даже не считая нуль-мутации. На 66 22-маркерных гаплотипов за 220 поколений скорость получается 138/66/220/22 = 0.00950 мутаций на гаплотип и 0.000430 мутаций на маркер на поколение. Это намного выше, чем средняя скорость мутаций по всем рассмотренным здесь сериям. Вот это завышение и есть расплата за то, что не делили серию гаплотипов на ветви, как положено. И сами маркеры ряде случаев показали явное завышение констант скоростей мутаций, а именно:

DYS388 – 0.0083, а по прочим данным – 0.00022, 0.00022 и 0.00015 (см. Таблицу 2), разница – в 40-55 раз.

DYS531 - 0.0083, а по прочим данным – 0.00037, 0.00029, 0.00077 (Табл. 2), разница – в 11-20-30 раз.

DYS395S1a – 0.00124, а по прочим данным – 0.00031 и 0.00033, 0.00037, 0.00053, (Табл. 2), разница – 2-4 раза.

DYS640 – 0.00227, а по прочим данным – 0.00051, 0.00020, 0.00038 (Табл. 2), разница – в 5-10 раз.

DYS568 – 0.00234, а по прочим данным – 0.00023, 0.00023, 0.00053, 0.00065, 0.00068, 0.00018 (Табл. 2), разница – 4-13 раз.

Вот это и есть механизм завышения констант скоростей мутаций в литературных данных.

При более детальном рассмотрении оказалось, что практически все эти «лишние» мутации уходят в отдельную ветвь справа внизу на рис. 3. Это – субклад I2b1. При дальнейшем разделении ветвей и соответствующей

корректировке оказалось, что практически все лишние мутации изчезают, и картина получается примерно следующая: помимо приведенных выше 9 маркеров еще три – DYS 425, DYD388 и DYS568 не имеют мутаций. Еще семь маркеров показали то же самое малое количество мутаций, которое приведено выше, в сумме 29 мутаций. Остальные три маркера показали совершенно умеренное количество мутаций: DYS640 2/0, DYS531 0/2, DYS395S1a 0/1, давая в общей сумме 34 мутации. Правда, гаплотипов при таких поправках уже становится меньше (точнее, меньше число «трансмиссий»), и система становится статистически неустойчива. На это указывает и то, что более половины маркеров из 22 вообще не имеют мутаций. Собственно, смысл этого примера не рассчитывать мутации по малым ветвям, а показать, откуда возникают «дополнительные» мутации, если не делить списки гаплотипов тщательно по ветвям.

Оптимизованная таблица по скоростям мутаций во всех 22 маркерах «медленной» панели показана в начале этой статьи. Средняя скорость мутации на 22-маркерный гаплотип составила 0.00600 мутаций на условное поколение в 25 лет, на маркер – 0.00027 мутаций на условное поколение. Эта величина почти на порядок меньше, чем константы скорости мутации для 12-, 17-, 25-, 37 и 67-маркерных гаплотипов (0.00183, 0.00200, 0.00183, 0.00243 и 0.00179 мутаций на маркер на поколение, соответственно). Преимущество столь малых констант скоростей мутаций не только в том, что они позволяют проводить более точные расчеты на тысячелетия и десятки тысяч лет назад, но и в том, что поправки на возвратные мутации для них намного меньшие. Например, для «канонических» констант скоростей мутаций 0.002 мутаций на маркер на поколение, среднее число мутаций, равное 1.0 на маркер, соответствует 1/0.002 = 500 поколений без поправки на возвратные мутации, но уже 925 поколений с поправкой, то есть 23,125 лет до общих предков данной популяции (поправочный коэффициент 1.85, то есть 85%). При константе скорости 0.00027 на маркер на поколение дистанция в 23,125 лет до общего предка будет соответствовать только 0.22 мутаций на маркер, то есть поправочный коэффициент 1.12, всего 12%). Это следует из уравнения

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

где λ - откорректированное среднее число мутаций на маркер, а λ_{obs} - наблюдаемое число мутаций на маркер. Как можно рассчитать, при λ_{obs} = 0.22, откорректированная величина всего лишь на 12% выше. При 0.300 мутаций на маркер поправка составит уже 17%, но это соответствует

величине 33 тысяч лет до общего предка. При таких исторических глубинах поправками на возвратные мутации можно во многих случаях пренебречь.

Практическое применение полученных констант скоростей мутаций дано в следующей статье в данном выпуске Вестника.

Литература

Клёсов, А.А. (2008) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, № 4, 568-630.

Клёсов, А.А. (2010a) Гаплогруппа I. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 1, 96-158.

Клёсов, А.А. (2010b) Гаплогруппа R1a1 и ее субклады в Азии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 11, 1866-1896.

Клёсов, А.А. (2011a) ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 1). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 5, 988-1009 (этот выпуск Вестника).

Клёсов, А.А. (2011b) Читая Л.С. Клейна, «Древние миграции и происхождение индоевропейских народов» Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 1, 40-65.

Юрковец, В.П. (2011) Климатические корреляции. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 1, 66-80.

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., Vezina, 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,characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341-353.

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 and 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.

Burgarella, C, Navascues, M. (2010) Mutation rate estimates for 110 Y-chromosome STRs combining population and father-son pair data. Eur. J. Hum. Genet., advance online publication, 8 September 2010

Chandler, J.F. (2006). Estimating per-locus mutation rates. J. Genetic Genealogy 2, 27-33.

Klyosov, A.A. (2009a) 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. (2009b) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood by M.F. Hammer, D.M. Behar, T.M. Karafet, F.L. Mendez, B. Hallmark, T. Erez, L.A. Zhivotovsky, S. Rosset, K. Skorecki, Hum. Genet. , 126, No.5, 719-724.

Skorecki, K., Selig, S., Blazer, S., Bradman, R., Bradman, N., Warburton, P.J., Ismajlowicz, M., Hammer, M.F. (1997) Y chromosomes of Jewish Priests. Nature 385, 32.

Thomas, M.G., Skorecki, K., Ben-Ami, H., Parfitt, T., Bradman, N., Goldstein, D.B. (1998) Origins of Old Testament priests. Nature 394, 138-140.

ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 1)

А.А. Клёсов
http://aklyosov.home.comcast.net

Резюме

С помощью самых «медленных» 22 маркеров 67-маркерной серии проведены датировки возникновения гаплогрупп A, B, C, I, I2, R1. Расчетный «возраст» общих предков гаплогрупп оказался следующий:

Гаплогруппы A – 85 тысяч лет назад
Гаплогруппы B – 46 тысяч лет назад
Гаплогруппы C – 36 тысяч лет назад
Гаплогруппы I – 46 тысяч лет назад
Гаплогруппы I2 – 34 тысячи лет назад
Гаплогруппы R1 – 23 тысячи лет назад

Их расчетные предковые (базовые) гаплотипы имели вид (R1a-M17 – для Русской равнины, R1b1a2-M269 – для Европы):

12 11 11 – 9 11 – 10 – 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12	(A)
11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11	(B)
11 13 11 – 11 11 – 10 – 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11	(C)
11 14 11 – 8 11 – 10 – 11 8 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 11 12	(I1d1)
11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 10 12 12	(I2)
12 12 11 – 11 11 – 11 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1a, РусР)
12 12 13 – 11 11 – 12 – 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1b1a2, Ев)

Общий предок гаплогрупп A и B жил 130 тысяч лет назад.
Общий предок гаплогрупп A и C жил 122 тыс лет назад.
Общий предок гаплогрупп A и R1a1 жил 130 тыс лет назад.
Общий предок гаплогрупп A и R1b1a2 жил 136 тыс лет назад.
Общий предок гаплогрупп A и I2 жил 127 тыс лет назад.
Общий предок гаплогрупп B и C жил 61 тыс лет назад.
Общий предок гаплогрупп B и I2 жил 73 тыс лет назад.
Общий предок гаплогрупп B и R1a1 жил 56 тыс лет назад.
Общий предок гаплогрупп B и R1b1a2 жил 64 тыс лет назад.

У гаплогруппы C не было общего прямого предка с гаплогруппами I2, R1a1 и R1b1a2.

Эти данные показывают, что гаплогруппы A и B (а также R1 и I2) произошли от общего предка, который жил примерно 130 тысяч лет назад, то есть намного раньше времени образования гаплогруппы A (85 тысяч лет назад). Гаплогруппы A и B произошли от него «параллельно», и гаплогруппа B – не дочерняя гаплогруппы A. Между ними – огромная дистанция в 18 мутаций на 22-маркерной панели гаплотипов, что разводит гаплогруппы A и B более, чем на 120 тысяч лет. Это несмотря на то, что сами общие предки гаплогрупп A и B жили 85 и 46 тысяч лет назад, соответственно.

В то же время гаплогруппы B, C, I2 и R1 ведут свои линии гаплотипов от общего предка, который жил примерно 60-70 тысяч лет назад. Видимо, это и есть гаплогруппа, которая дала начало внеафриканскому населению планеты.

ПРИМЕЧАНИЕ: В данной статье принята новая номенклатура для гаплогруппы снипа M269, в прошлом R1b1b2, ныне R1b1a2.

* * *

В настоящей работе предпринята попытка расчета «возраста гаплогрупп» на основании вида их базовых гаплотипов. Осмыслить данный подход поможет следующая картина. Если принять, что все земляне-мужчины произошли от одного общего предка («хромосомного Адама»), то есть что мужская половина человечества прошла «бутылочное горлышко популяции» примерно 160 тысяч лет назад, и примерно 80 тысяч лет назад в результате исхода из Африки появилось и размножилось внеафриканское человечество, то из этого будут следовать два вполне очевидных вывода: (1) гаплотипы всех мужчин-неафриканцев планеты будут относительно похожи друг на друга, с мутационными сдвигами по базовым гаплотипам гаплогрупп и их ветвей не превышающими примерно 80 тысяч лет (при их количественном сопоставлении), и (2) базовые гаплотипов всех популяций составляют одну цельную систему, одно дерево базовых гаплотипов, независимо от гаплогрупп и снипов. Действительно, появление снипов (SNP) и мутаций в маркерах (STR) – это совершенно независимые процессы, не зависящие одни от других. У сына в Y-хромосоме мог появиться новый снип, отличный от родителя, но свой гаплотип он унаследовал от отца либо в неизменном виде, либо с ограниченным количеством мутаций. Поэтому снипы (крайне медленные мутации, часто практически необратимые) и «тандемные мутации» происходят в «двух параллельных мирах» Y-

хромосомы. А значит, идентификация сдвигов в базовых гаплотипах не должна зависеть от снипов. Ясно, что эти сдвиги относительно невелики в соседних гаплогруппах, и по мере продвижения по дереву базовых гаплотипов они расходятся, но это всё в принципе может количественно рассчитываться и ставиться в соответствие с датировками дерева базовых гаплотипов, а значит, с датировками жизни и истории человечества.

В. Юрковец (2011) разрабатывает для выстраивания подобного дерева гаплогрупп другой подход, основанный на климатических корреляциях в течение последних 80 тысяч лет, охватывая весь период верхнего Плейстоцена – Голоцена. Пока этот подход имеет больше иллюстративный характер в отношении помещения зарождения гаплогрупп в то или иное оледенение-межледниковье и в то или иное потепление-похолодание внутри оледенений-межледниковий. Мы продемонстрируем более прямой расчетный подход, хотя в итоге оба подхода могут оказаться поддерживающими друг друга.

В предыдущей статье в данном выпуске Вестника (Клёсов, 2011) были рассчитаны константы скорости мутаций для 22 наиболее медленных (в отношении скоростей мутирования) маркеров 67-маркерной панели. К сожалению, в литературе величины констант скоростей индивидуальных маркеров из этой серии почти отсутствовали или были крайне оценочными, за исключением трех значений из известной таблицы Чандлера (Chandler, 2006), для DYS426, 388 и 392 (0.00009, 0.00022 и 0.00052 мутаций на поколение, соответственно). Значения Ballantyne et al (2010), основанные на числе мутаций между почти 2000 пар отец-сын, были крайне ненадежными, поскольку для 14 из этих 22 маркеров мутаций вообще не было (то есть по их данным скорость была меньше 0.0006 мутаций на поколение), для 7 маркеров прошло всего по одной мутации, и поэтому авторы дали свои значения как 0.00058, 0.00057, 0.00059, 0.00059, 0.00061, 0.00063 и 0.00065, что, конечно, одно и тоже, более того, с погрешностью 100% даже для одной сигма (68%-ный доверительный интервал), и в одном случае прошло две мутации между почти 2000 пар отец-сын, что позволило авторам дать оценочную величину скорости мутации как 0.00113 мутаций на маркер на поколение. Стоит напомнить, что для двух мутаций в такой системе погрешность определения составляет ±71% для 68%-ной доверительности, и ±141% для 95%-ной доверительности, о которой здесь не приходится и говорить.

В работе (Клёсов, 2011) определены значения скоростей мутаций для всех 22 маркеров, на уровне десятков фактических мутаций, кроме трех самых медленных маркеров, для которых наблюдаемое число мутаций было между 4 и 22. Оказалось, что частые завышения констант скоростей

мутаций в литературе вызваны тем, что авторы считают мутации «чохом», поперек ветвей и субкладов серий гаплотипов, тем самым завышая наблюдаемой число мутаций. Например, если не учитывать, что в гаплогруппе R1a1 гаплотипы с DYS388=10 образуют отдельную выраженную ветвь, и подсчитывать мутации «поперек списка», то каждый такой гаплотип даст по две мутации (поскольку основная масса имеет DYS388=12). В самой DYS388=10 ветви мутаций вообще не будет.

В итоге исследования список из 22 «медленных» маркеров характеризуется следующими значениями констант скоростей мутаций:

Таблица 1. Константы скоростей мутаций 22-маркерной «медленной» панели по индивидуальным маркерам и суммарно (последняя строка)

Маркер	Константа скорости мутаций на маркер на условное поколение в 25 лет
472	0.00001
425	0.00005
436	0.00006
426	0.00009
490	0.00013
454	0.00016
455	0.00016
578	0.00017
641	0.00017
590	0.00017
594	0.00020
388	0.00022
492	0.00023
395S1b	0.00025
450	0.00029
617	0.00050
531	0.00050
640	0.00051
392	0.00052
568	0.00053
395S1a	0.00053
438	0.00055
Σ	0.00600/гаплотип на поколение (25 лет)

Суммарная величина константы скорости мутации для всей 22-маркерной панели гаплотипов равна 0.00600 мутаций на гаплотип или в среднем 0.00027 мутаций на маркер на условное поколение (25 лет). Эти значения использованы в настоящей статье для расчетов хронологии дерева гаплогрупп человечества.

Гаплогруппа A

В литературе имеют хождение несколько оценочных величин возраста гаплогруппы A, по происхождению считающейся африканской, хотя дерево гаплогрупп не укоренено. Одно полагают, что возраст этой гаплогруппы должен находиться в интервале 200-160 тысяч лет назад, полагаясь на оценки антропологов по предположительному времени возникновения *Homo sapiens*, и относя это к «хромосомному Адаму».

Другие помещают возникновение гаплогруппы A ближе к 80 тысяч лет назад, к предположительному времени выхода *Homo sapiens* из Африки. Посмотрим, что могут дать в этом отношении гаплотипы.

На рис. 1 и 2 приведены деревья гаплотипов гаплогруппы A с субкладами в 37- и 67-маркерном формате. Видно, что субклады A1a и A3b представлены очень молодыми ветвями. Либо эти ветви относительно недавно прошли бутылочное горлышко популяции, либо гаплотипы не являются представительными для африканского континента. Вряд ли среди них есть представители бушменов или других обитателей саванны и джунглей, которые решили заказать себе гаплотипы в компании Family Tree за три сотни долларов.

Субклад A1a

Ветвь субклада A1a по данной выборке имеет базовый 67-маркерный гаплотип

13 23 14 11 16 17 12 10 12 13 11 31 – 16 8 9 7 13 23 14 20 34 11 12 13 16 – 11 11 17 19 15 14 18 18 31 32 11 8 – 10 8 15 17 6 11 10 9 9 8 12 21 21 20 13 11 16 15 8 12 21 23 12 13 11 14 10 11 12 11

На девять 37-маркерных гаплотипов дерева (десятый гаплотип за номером 90813 рассмотрим ниже) приходится всего 18 мутаций, что дает 18/9/0.09 = 22 поколения, или 550±140 лет. Вполне возможно, что вся ветвь – потомки одного африканского раба, которого вывезли в 15-м веке, и сейчас его

потомки смогли заказать себе гаплотипы, в отличие от более удачливых сородичей, продолжающих жить в Африке.

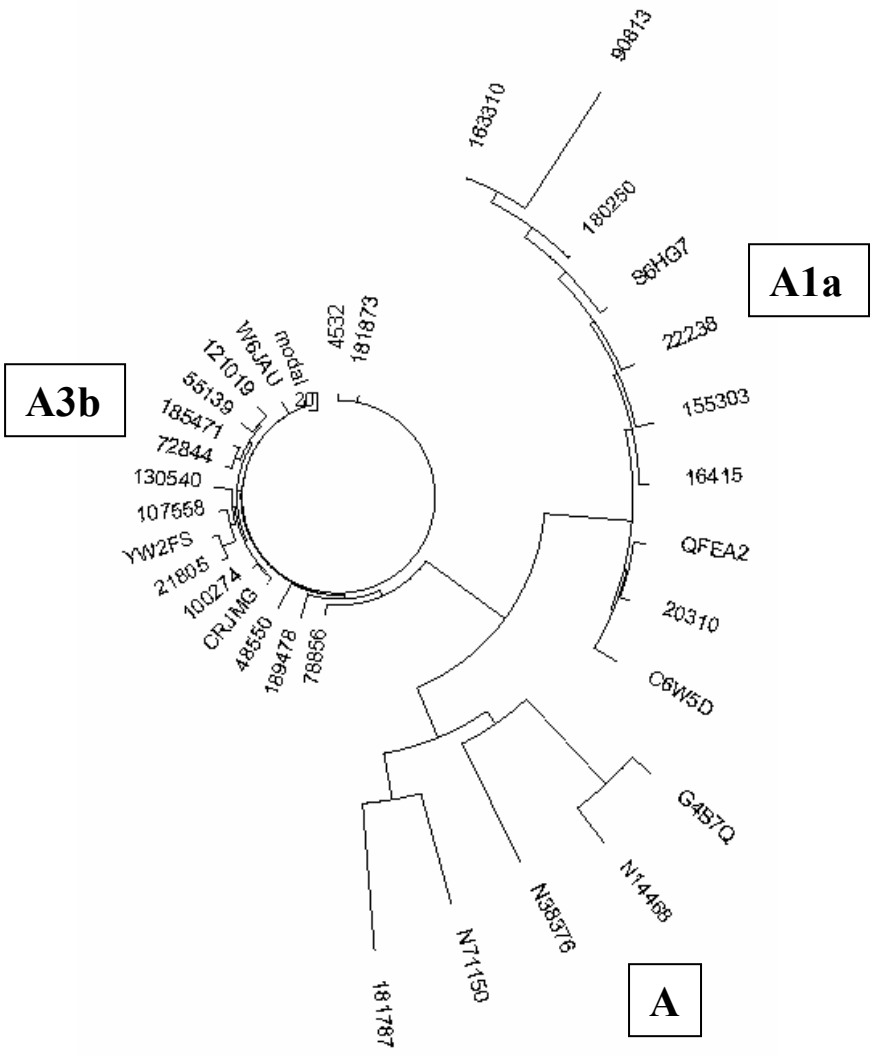


Рис. 1. Дерево из 31 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы A с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch и «африканского проекта» FTDNA (http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject&section=yresults). Отмечены предположительные субклады гаплогруппы.

Гаплотип, который резко выдается за пределы ветви на дереве рис. 1, и который потому не включен в расчет выше, явно принадлежит другой ДНК-линии. Он отличается от базового гаплотипа выше на 29 мутаций (!) на 37 маркерах, что, конечно, относит его носителя к потомкам совсем

другого прародителя, нежели тот предположительно африканский раб, гаплотип которого дан выше.

14 22 14 11 16 **20** 12 10 **11 12** 11 30 – **15** 8 9 7 13 23 14 20 34 **13 14 14 17** – 11 **10** 17 19 15 **16 16** 18 **34 37 12** 8

29 мутаций разносят эти два гаплотипа на 11700 лет, и помещают их общего предка примерно на 6125 лет назад. Иначе говоря, для того, чтобы 37-маркерный гаплотип накопил 29 мутаций по сравнению с другим, должно было пройти 6125-550 = 5575 лет до гаплотипа того самого раба в 15-м веке, и 6125 лет до современного гаплотипа под номером 90813, в сумме те самые 11700 лет.

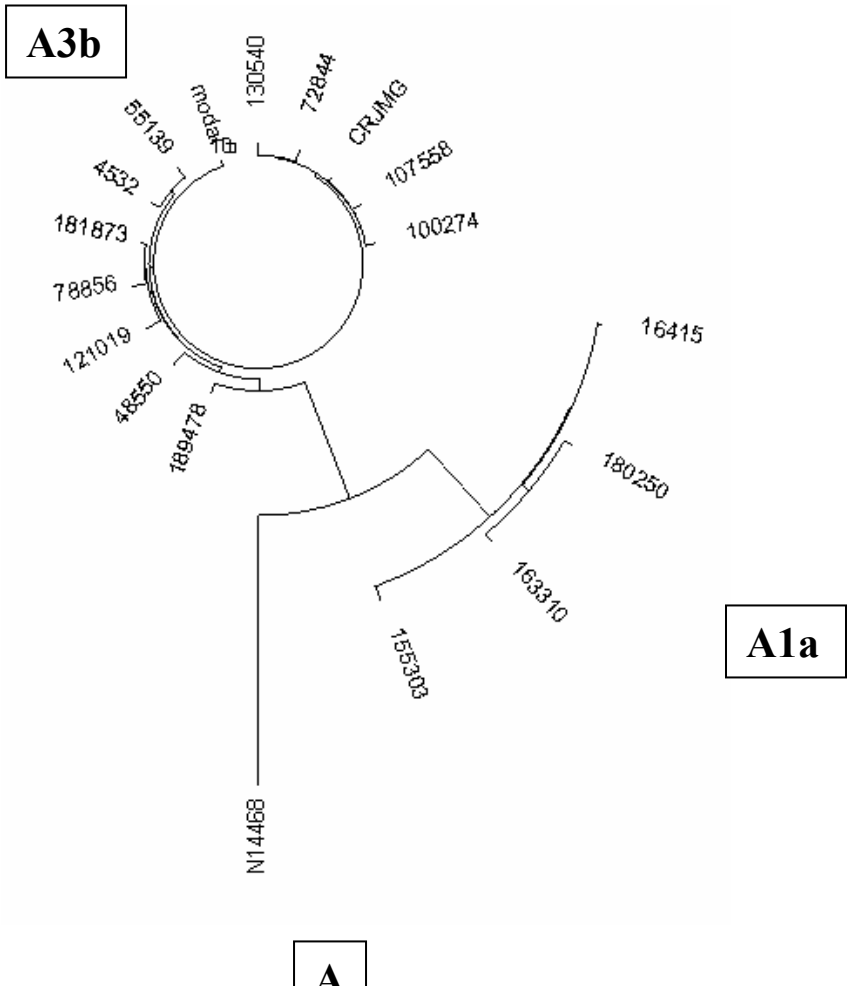


Рис. 2. Дерево из 17 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы A с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch и «африканского проекта» FTDNA (http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject&section=yresults). Отмечены предположительные субклады гаплогруппы.

Настало время перейти к 22-маркерным гаплотипам, поскольку временные дистанции уже пошли на многие тысячелетия. Базовый гаплотип показанной ветви субклада A1a выглядит следующим образом:

12 10 11 – 7 13 - 8 – 10 8 15 17 6 10 9 12 13 11 16 8 13 11 11 12

Одиночный гаплотип 90813 существует только в 37-маркерном формате, так что в 22-маркерном «медленном формате» у него есть только первые шесть маркеров:

12 10 11 – 7 13 – 8

Как видно, в «медленном» формате эти гаплотипы разделить не удается. В этом и был смысл этого примера, чтобы показать, какие временные диапазоны можно улавливать на медленных маркерах. На показанных шести маркерах суммарная скорость мутации примерно равна 0.00170 на гаплотип на поколение (см. таблицу выше), и одна мутация в в этих шести маркерах в среднем должна происходить раз в 588 поколения, то есть раз в 16 тысяч лет. Не удивительно, что при разнице около 12 тысячи лет ни одной мутации не произошло.

На четыре имеющихся в наличии 67-маркерных гаплотипа данной серии субклада A1a имеются только 10 мутаций, что дает 10/4/0.12 = 21 поколение, или 525±170 лет до общего предка. Видно, что совпадение с серией из девяти 37-маркерных гаплотипов почти идеальное. Такие совпадения всего на нескольких гаплотипах не столь часты, хотя и наблюдаются. Это означает, что выборка «правильная».

Субклад A3b

16 гаплотипов субклада имеют базовый гаплотип (различия с базовым гаплотипом субклада A1a выделены)

13 **21** **15** **9** **11** **12** 12 **11** 12 13 11 **29** – 16 **9** 9 **9** **11** 23 **15** **21** 34 **10** **11** **15** 16 – **10** 11 **21** **21** **14** 14 18 18 **29** **30** 11 **10** – 10 **9** **12** **12** **7** **12** 10 **8** **10** 8 **0** **23** **27** **17** 13 11 16 15 **10** 10 **27** 23 **16** **14** **9** **15** **9** 11 **11** 11

На первых 37 маркерах 16 гаплотипов имеют 32 мутации, что дает 32/16/0.09 = 22 поколения, то есть те же 550±110 лет до общего предка, что и в субкладе A1a. Похоже, что это одна и та же волна привезенных рабов. На 12 67-маркерных гаплотипов там 41 мутация, то есть 41/12/0.12 = 28 → 29

поколений, то есть 725±130 лет до общего предка. Это – в пределах погрешности с величиной, рассчитанной по 37-маркерным гаплотипам.

Ветвь субклада А, и поиски предкового гаплотипа гаплогруппы А

Между базовыми гаплотипами А1а и А3b имеется огромное количество мутаций – 88 на 67-маркерных гаплотипах, что соответствует 46 тысяч лет между их общими предками, и помещает ИХ общего предка на 24 тысячи лет назад. Здесь двойная проблема – совсем «молодые» общие предки двух субкладов, и очень древний ИХ общий предок. В такой ситуации применение 67-маркерных гаплотипов становится проблематичным, потому посмотрим на их 22-маркерные базовые гаплотипы:

12 10 11 – 7 13 – 8 – 10 8 15 17 6 10 9 12 13 11 16 8 13 11 11 12 (A1a)

12 **11** 11 – **9 11** – **10** – 10 **9 12 12 7** 10 **8 0** 13 11 16 **10 14 9** 11 **11** (A3b)

Между ними – 25 мутаций, причем бОльшая часть – на крайне медленной, последней панели, причем и там – местами на несколько (до пяти) мутаций в одном маркере. Это помещает их общего предка на 106 тысяч лет назад (25 мутаций соответствуют «латеральной» разнице в 4167 поколений, с коэффициентом поправки на возвратные мутации 2.058 (см. таблицу в конце этой статьи), то есть 214 тысяч лет между их общими предками). Но это только два базовых гаплотипа, а у нас есть третий. Это – базовый гаплотип выборки субклада А, которая составляет правую нижнюю ветвь на рис. 1. Расчет не по двум гаплотипам, а по трем повысит надежность расчетов.

Пять гаплотипов группы А имеют базовый 37-маркерный гаплотип:

14 20 15 11 17 19 12 12 12 13 11 30 – 17 8 9 10 11 22 14 19 31 13 14 15 16 – 10 10 19 19 14 13 17 18 35 36 12 10

В сумме пять гаплотипов имеют от приведенного базового 136 мутаций, что дает 136/5/0.09 = 302 → 428 поколений, или примерно 10700 лет до общего предка. В 22-маркерном формате базовый гаплотип выглядит следующим образом на первых шести маркерах

12 12 11 – 10 11 – 10,

и с добавлением последующих 16 маркеров от единственного гаплотипа (номер N14468) окажется следующим:

12 12 11 – 10 11 – 10 – 11 8 15 15 8 9 8 0 10 9 14 8 12 8 11 12

Это, конечно, ориентировочный базовый гаплотип, но лучшего у нас все равно нет. При рассмотрении всех трех базовых 22-маркерных гаплотипа (последний, правда, только на четверть базовый), получаем базовый гаплотип, по возможности равноудаленный от всех трех, то есть предположительно предковый гаплотип гаплогруппы А:

12 11 11 – 9 11 – 10 – 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12

Все три базовых гаплотипа – А, А1а и А3b, суммарно отстоят от равноудаленного на 41 мутацию, что дает 41/3/0.006 = 2278 → 3258 поколений от общего предка (коэффициент поправки на возвратные мутации 1.43) всех трех базовых гаплотипов (81,450 лет), плюс 4 тысячи лет как усредненный возраст всех трех базовых гаплотипов. В сумме получаем, что общий предок всех идентифицированных ветвей гаплогруппы А жил примерно 85 тысяч лет назад.

Конечно, так, как мы выявляли «равноудаленный», то есть предположительный базовый гаплотип гаплогруппы А по трем базовым гаплотипом, может привести к ошибкам в аллелях этого «равноудаленного», а значит, и в числе мутаций от него, которых найдено 41 (см. выше). Но в арсенале методов ДНК-генеалогии есть пермутационный метод, для которого не нужно выявлять базовый, или равноудаленный гаплотип. Нужно просто посчитать мутации, то есть разницу в аллелях, каждой аллели с каждой во всех трех (в данном случае) гаплотипах, во всех их суммарных 66 аллелях. Таких мутаций оказалось 344, если при счете каждую мутацию считать дважды – «сверху вниз и снизу вверх». Тогда делим эту величину на два, затем на квадрат числа гаплотипов, и на число маркеров: 344/2/9/22 = 0.869 мутаций на маркер, уже с поправкой на возвратные мутации, которая встроена в пермутационный метод (Адамов и Клёсов, 2008; Klyosov, 2009a). Это дает 0.869/0.00027 = 3219 поколений, то есть 80,500 +4,000, примерно 85 тысяч лет до общего предка гаплогруппы А. Это – практически то же самое, что рассчитано выше по «равноудаленному» базовому гаплотипу и с поправкой на возвратные мутации.

Итак, мы пришли к тому, что общий предок гаплогруппы А жил примерно 85 тысяч лет назад. Последующее рассмотрение хронологии гаплогрупп по всему филогенетическому дереву позволит прояснить, насколько «сшивается» цепочка «возрастов» гаплогрупп от этих 130 тысяч лет до наиболее недавних гаплогрупп, принадлежащих сводной гаплогруппы R.

Гаплогруппа B

По современным представлениям (ISOGG, см. ниже) гаплогруппа B является производной гаплогруппы A, и отошла от последней (в виде гаплогруппы BT) 55 тысяч лет назад, и сама гаплогруппа B образовалась примерно 50 тысяч лет назад. Откуда эти значения (55 и 50 тысяч лет назад) появилось – автору настоящей статьи неведомо. Никаких конкретных данных в литературе на этот счет обнаружить не удалось, кроме загадочной фразы «B is thought to have arisen apptoximately 50,000 years ago» (International Society of Genetic Genealogy, Y-DMA Haplogroup Tree 2100, http://www.isogg.org/tree). То есть - «как думают». Это – интересная формулировка. Но хотелось бы видеть «как показано», и как именно.

На рис. 3 и 4 приведены деревья гаплотипов гаплогруппы B в 37- и 67-маркерном формате. Видно, что слева – молодые ветви, справа – более древние.

Первые четыре гаплотипа слева вниз против часовой стрелки имеют базовый 67-маркерный гаплотип

13 23 15 11 11 12 11 10 13 13.5 11 32.5 – 16 8 8 10 11 26 14 21 38 16 16 17.5 18 – 12 11 21 22 14 12 18 17 33 37 8 10 – 11 8 15 16 8 11 10 8 10 10 12 20 20 17 10 11 14 14 8 12 24 21 15 12 11 14 10 12 11 11

На первые 37 маркеров в них приходится 304 квадратичные пермутационные мутации, что дает 304/16/2/37/0.00243 = 106 поколений, то есть 2650±570 лет до общего предка. Здесь 16 – это квадрат числа гаплотипов, и поправку на возвратные мутации вносить уже не нужно. Пермутационный метод здесь предпочтительнее, так как при четырех различающихся гаплотипах их базовый становится неустойчивым.

Следующие два гаплотипа (N14362 и TKWE5) различаются всего на 7 мутаций на первых 37 маркерах от условного базового гаплотипа

13 24.5 15 10 11 11 11 10 12.5 14 11 32.5 – 16 8 8 10 11 26 15 21 34.5 16 16 17 18 – 11 11 21.5 22 14 12 17.5 17 33 36.5 8 10 – 11 8 16 16 8 12 10 8 10 10 12 20 20 20 10 11 14 13 8 12 24 21 15 12 11 14 10 12 10 11

Это дает примерно 1025±400 лет до общего предка.

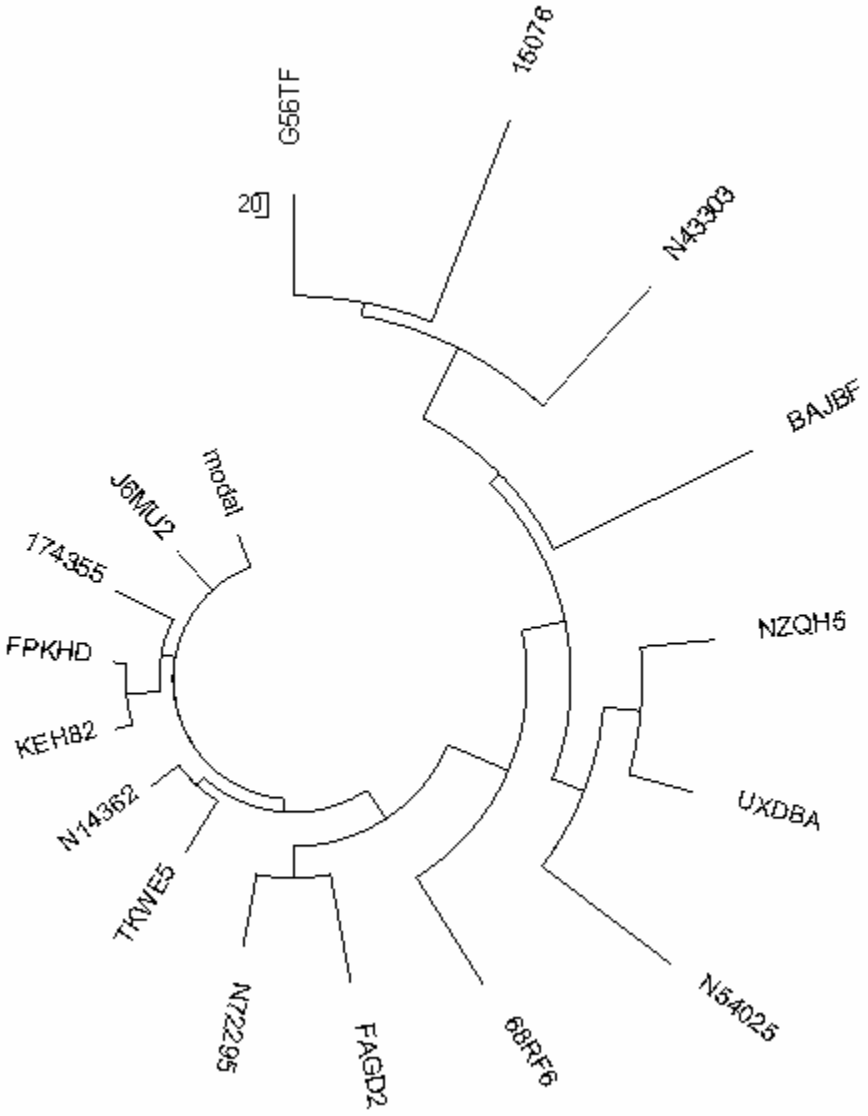


Рис. 3. Дерево из 16 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы B
B. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch и «африканского проекта» FTDNA
(http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject&section=yresults)

Следующие два гаплотипа (N72295 и FAGD2) различаются на 22 мутации на первых 37 маркерах от условного базового гаплотипа

13.5 23.5 16 10 11 11 11 10 12 13.5 11 31.5 – 18 8 8 11 11 26 14.5 23 35 15 16 17 17.5 – 11 10.5 20.5 22 13 12.5 18 16.5 33 35.5 8 9 – 11 8 16 16 8 11 10 8 10 10 12 20 21 15 10 11 15 15 8 11 27 22 17 12 11 14 10 12 11 11

Это дает примерно 3500±820 лет до общего предка.

Для древней ветви справа счет затруднителен, так как она явно гетерогенна. Но даже три предыдущие малые ветви различаются на 44 мутации на 67-маркерных гаплотипах, что дает примерно 14200 лет до их общего предка.

Перейдем к 22-маркерным гаплотипам, которых всего восемь, по числу гаплотипов на рис. 4. Из них два гаплотипа слева на дереве практически одинаковы (различаются на одну мутацию), как и три гаплотипа в нижней части дерева в 22-маркерном формате. Они фактически представляют одну ветвь. Пять основных 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы B (N72295, N54025. UXDBA, G56NF и KEH82) в пермутационном варианте счета имеют 540 квадратичных мутаций, что дает 540/25/2/22/0.00027 = 1818 поколений, или примерно 46 тысяч лет до общего предка гаплогруппы B. В 22-маркерном варианте базовый гаплотип предка имел, видимо, вид

11 12 11 – **11** 11 – 10 – **11** 8 **16 16 8** 10 8 12 **10** 11 **15** 8 **12 11 12 11**

Он отличается от базового 22-маркерного гаплотипа гаплогруппы A (см. выше) на 18 мутаций (мутированные аллели выделены), что дает 18/0.006 = 3,000 поколения (поправочный коэффициент на возвратные мутации 1.633), то есть 123 тысячи лет между общими предками гаплогрупп A и B. Поскольку сами общие предки жили 85 и 46 тысяч лет назад, то ИХ общий предок жил примерно 130 тысяч лет назад.

Если эти расчеты верны, то у носителей гаплогруппы A и B был свой общий предок, который предшествовал обеим гаплогруппам. Строго говоря, он вовсе не обязательно жил в Африке.

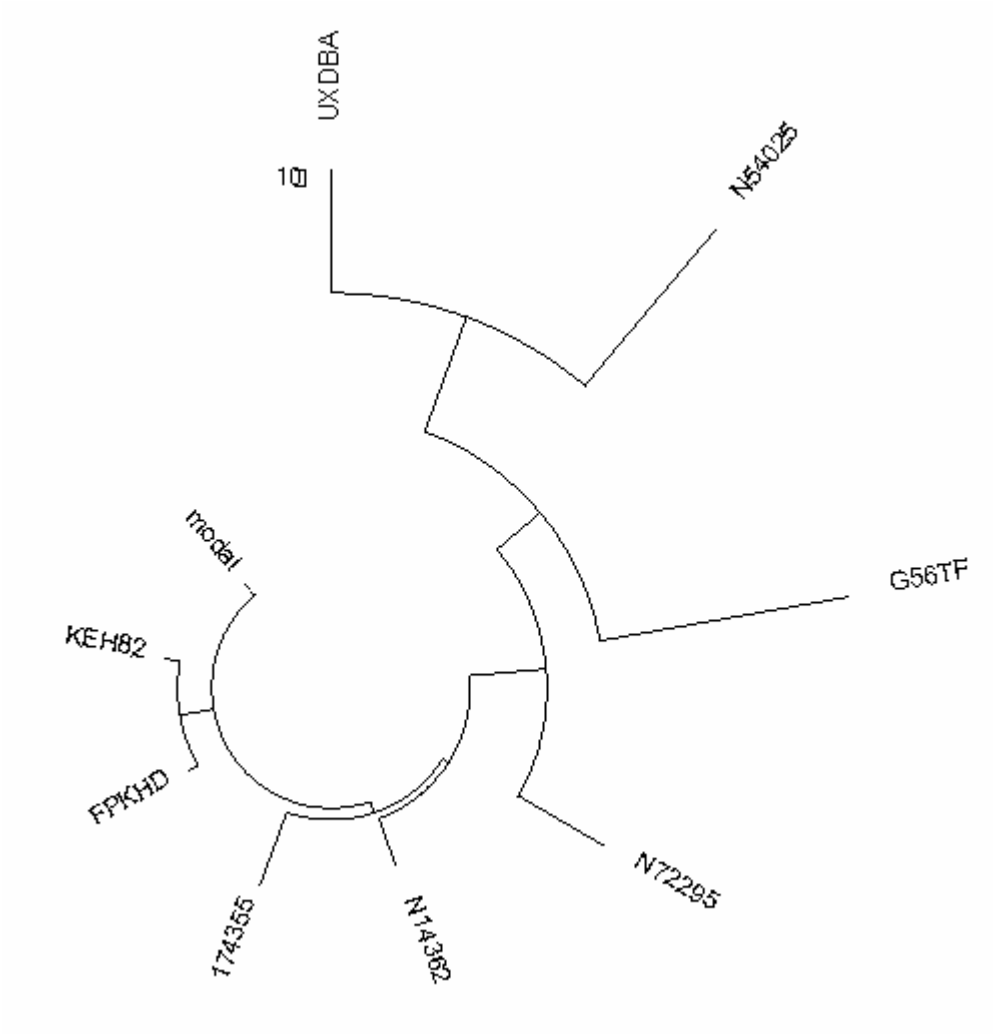


Рис. 4. Дерево из восьми 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы B с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch и «африканского проекта» FTDNA (http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject&section=yresults).

Гаплогруппа C

Тот же источник, процитированный выше (International Society of Genetic Genealogy, Y-DMA Haplogroup Tree 2100, http://www.isogg.org/tree) определяет возникновение гаплогруппы C примерно 50 тысяч лет назад. Это формулируется в источнике не менее загадочно, чем и датировки гаплогрупп A и B, которые звучат как thought to have begun about 60,000 years ago (о гаплогруппе A), thought to have arisen approximately 50,000 years

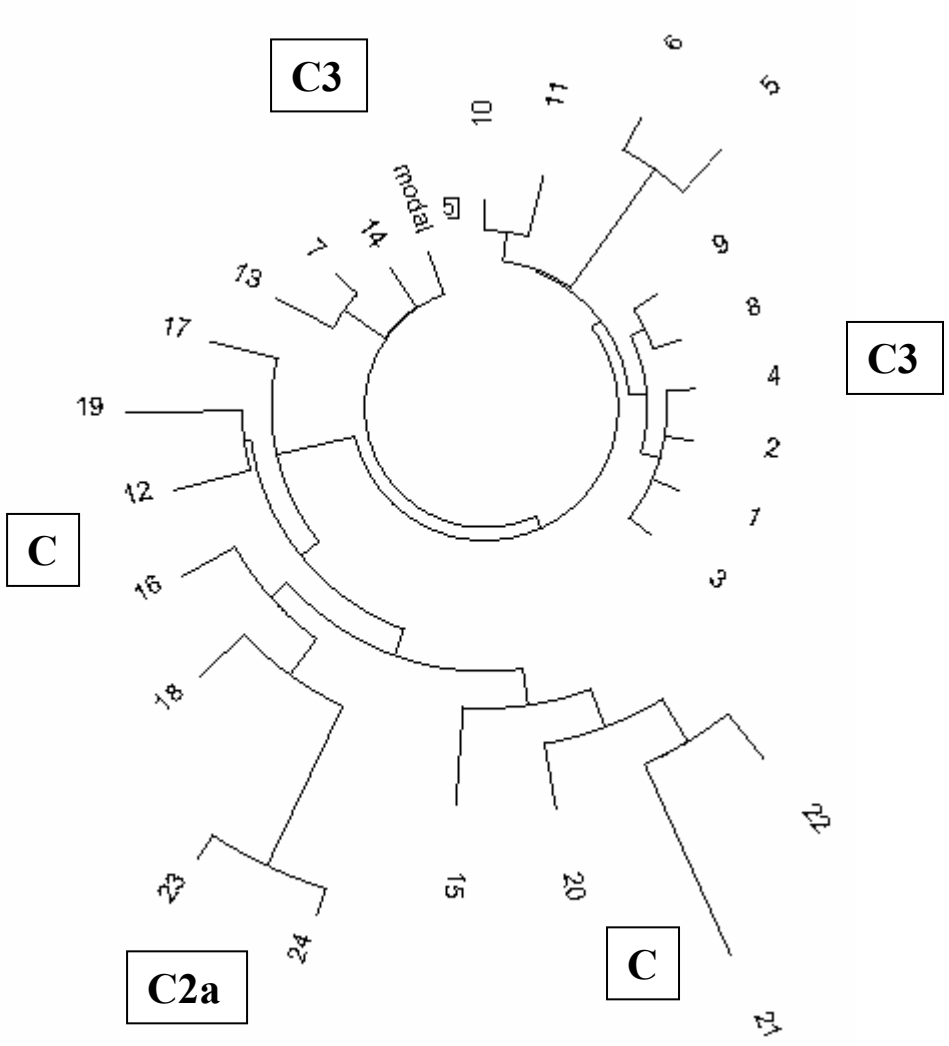


Рис. 5. Дерево из 22 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы C (15-22 и, видимо, 12), C2a (23 и 24), и C3 (1-11, 13,14). Гаплотипы из базы данных YSearch и проекта FTDNA. Гаплотипы 1-4 (Польша и Чехословакия [N61150, N67268, 3R5AW, 125097]), 5-6 (Украина и Венгрия [N23982, PFJW3]), 7 (Германия [PETCD]), 8-11 (Казахстан [BK4A3, CQYS8, ED5XE, FDTJ6]); гаплотипы правой, древней ветви C больше частью не идентифицированы, кроме 20-21 (Индия [N80268, N76603]), 22 (ОАЭ [ACF8Z], 12 (Корея [6UPP9]) и 15 (Польша [57671]); гаплотипы 23 и 24 [6DSW7 и 9YADN] – с Гаваев (гаплогруппа C2a определена у одного из них, но гаплотипы идентичны в 22-маркерном формате, и различаются на 14 мутаций в 67-маркерном формате, помещая их общего предка на 1925±550 лет назад).

ago (о гаплогруппе B), и appears to have arisen shortly after modern humans left Africa and is estimated to be approximately 50,000 years old (о гаплогруппе C). Возможно, так оно и было. Возможно, совсем не так. В переводе на русский язык это примерно означает, что «*мы не знаем, когда образовались гаплогруппы A, B и C, но поскольку мы полагаем, хотя тоже не знаем, что человек вышел из Африки примерно 60 тысяч лет назад, то чтобы свести концы с концами, мы и привязываем к этому предположению эту достаточно произвольную дату, к которой нет никаких доказательств*».

На рис. 5 приведено дерево гаплотипов гаплогруппы C (с субкладами) в 22-маркерном формате. Ветвьи справа наверху «моложе» левой ветви внизу, но поскольку панель из 22 маркеров чрезвычайно медленная в сотношении мутаций, то возраст каждой ветви на дереве составляет тысячелетия, кроме молодой польско-чешской ветви, на которых мутаций вообще нет. Правда, мутаций в 22-маркерной панели нет и на гавайской паре гаплотипов (23 и 24), между которыми 14 мутаций на 67 маркерах, помещая их общего предка примерно на 2000 лет назад (1925±550 лет назад, см. подпись к рис. 5). Это – известный возраст общего предка полинезийских гаплотипов (Klyosov, 2009b).

Базовые гаплотипы ветвей следующие (справа указано число мутации в данной ветви):

11	13	11	–	11	12	–	11	–	10	9	16	16	8	10	8	12	11	12	13	8	12	12	11	10	(0)
11	13	11	–	11	12	–	10	–	10	10	16	16	8	10	8	12	11	12	13	8	13	12	11	10	(5)
11	14	11	–	11	12	–	9	–	10	9	16	16	8	10	8	12	11	12	14	8	14	11	11	10	(2)
11	13	11	–	11	12	–	11	–	10	9	16	16	8	10	8	12	11	12	13	8	12	11	11	10	(0)
11	13	11	–	11	12	–	10	–	10	9	16	16	8	10	8	12	11.5	12	13	8	12	10	11	10	(1)
11	13	11	–	11	11	–	10	–	10	8	16	16	8	10	8	12	12	12	12	8	12	11	11	11	(35)
11	15	12	–	11	11	–	11	–	10	8	16	16	8	8	8	13	12	12	12	8	12	10	11	11	(0)

Возраст соответствующих ветвей (в 22-маркерном формате) составляет: 0 (гаплотипы 1-4), 7320 лет (гаплотипы 7, 13, 14), 4175 лет (гаплотипы 5 и 6), 0 (гаплотипы 8 и 9), 2080 лет (гаплотипы 10 и 11), 17,900 лет (остальные 9 гаплотипов древней ветви справа на рис. 5, кроме субклада C2a), 0 (гаплотипы 23 и 24). Предковый базовый гаплотип гаплогруппы C по представленной выборке имеет вид

11 13 11 – 11 11 – 10 – 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11

и все семь базовых гаплотипов ветвей имеют от него 45.5 мутаций, что дает 45.5/7/0.006 = 1083 → 1273 поколения, или 31,800 лет плюс 4500 лет

усредненной дистанции от предков ветвей, получаем примерно 36 тысяч лет до общего предка гаплогруппы C по представленной выборке.

В базе данных Ysearch представлены 27 гаплотипов тестированных на гаплогруппу C, но они в основном короткие – треть из них 12-маркерные, треть – 25-маркерные, остальные в основном 17-маркерные. Тем не менее, из 27 гаплотипов во всех DYS426=11, в 23 DYS388=13 (в трех 14 и в одном 12), в 25 DYS392=11 (в двух 12), и в подавляющем большинстве (22 из 27) пара DYS455-454 равна 11-11, как в старейшей и самой многочисленной ветви на рис. 5. Остальные варианты – 11-12, 10-11 и 12-11, нормальные статистические вариации. Все это не противоречит базовому гаплотипу, приведенному выше.

Возраст гаплогруппы C по представленной выборке оказался меньше ожидаемого. Собственно, это уже видно по всем шести базовым гаплотипам ветвей гаплогруппы, они отличаются друг от друга незначительно. Либо выборка не является представительной, либо возраст гаплогруппы на самом деле не столь велик. Впрочем, 36 тысяч лет возраст вполне уважительный.

22-маркерный базовый гаплотип гаплогруппы C отстоит по мутациям от базовых гаплотипов гаплогрупп A и B на 18 и 8 мутаций, соответственно. Это уже имеет качественное согласование с ожидаемой динамикой мутаций от гаплогруппы A к B и C. 18 мутаций – это 3000 поколений между базовыми гаплотипами, с поправкой на возвратные мутации (поправочный коэффициент 1.633) – 123 тысячи лет между общими предками A и C, которые жили соответственно 85 и 36 тысяч лет назад. Это означает, что общий предок гаплогрупп A и C, если таковой был, жил 122 тысячи лет назад. Это – примерно та же величина, что и между общими предками гаплогрупп A и B (130 тыс лет, см. выше), в пределах погрешности расчетов.

8 мутаций между базовыми гаплотипами гаплогрупп B и C соответствует 1333 поколений, с поправкой на возвратные мутации (1.219) 41 тысячу лет между базовыми общими предками, которые жили соответственно 46 и 36 тысяч лет назад. Получается, что общий предок гаплогрупп B и C жил 62 тысячи лет назад. В целом динамика развития мутаций в гаплогруппах A, B и C пока не противоречит строению филогенетического дерева.

Проверка по гаплогруппам R1a1 и R1b1a2

R1a1 и R1b1a2 – молодые гаплогруппы, одни из последних на филогенетической лестнице субкладов. Можно ожидать, что мутационные

расстояния между базовыми гаплотипами первых гаплогрупп (A и B) и субкладами R1 будут велики. Вопрос – впишутся ли они в выстраивающуюся хронологию гаплогрупп?

По первым трем разделам настоящей статьи эта хронология и базовые положения следующие. Все три предположительно базовых гаплотипов приведены ниже, возраст общих предков гаплогрупп A, B и C составляет соответственно 85 тысяч лет, 46 тысяч лет и 36 тысяч лет.

12 11 11 – 9 11 – 10 – 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)
11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)
11 13 11 – 11 11 – 10 – 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11 (C)

Общие предки гаплогрупп A и B, и A и C жили соответственно 130 и 122 тысяч лет назад, что определенно одно и то же время в пределах погрешности расчетов, и гаплогрупп B и C – 62 тыс лет назад.

R1a1

Базовый гаплотип гаплогруппы R1a1 на Русской равнине в 22-маркерном формате имеет следующий вид (построено по данным Рожанский и Клёсов, 2009):

12 **12** 11 – **11** 11 – **11** – **11** 8 **17** **17** **8** 10 8 12 **10** **12** **12** 8 **12** **11** 11 12 (R1a)

Он отличается от базового гаплотипа гаплогруппы A (см. ниже) на 22 мутации (выделены). Это - 170 тысяч лет между общими предками, которые жили соответственно 85 и 5 тысяч лет назад. Но здесь мутационный путь более сложный, поскольку базовый гаплотип R1a1 на Русской равнине не находится «на дне» гаплогруппы R1a1. По оценкам, он отстоит от «дна» гаплогруппы («дно» - примерно 21 тысяч лет назад [Klyosov, 2009b]) еще на 16 тысяч лет. Если применить формальные расчеты, то общий предок базовых гаплотипов древностью 85 и 5 тысяч лет, и отстоящих друг от друга на 170 тысяч лет, то есть гаплогрупп A и R1a1, жил 130 тысяч лет назад. Это – общий предок гаплогрупп A и B.

Если интерпретировать полученные значения буквально, то получается, что у гаплогрупп B, C и R1a1 первопредковой была не гаплогруппа A (с возрастом 85 тысяч лет), а скорее некая другая гаплогруппа, на десятки тысяч лет более древняя, и, вполне возможно, не африканская.

Базовые гаплотипы гаплогрупп R1a1 и B расходятся на 11 мутаций, что с поправкой на возвратные мутации (коэффициент 1.325) дает 60,700 лет

дистанции между гаплогруппой B и европейской ветвью R1a1. Это в свою очередь помещает общего предка обеих гаплогрупп на 56 тысяч лет назад. Это, по-видимому, и есть гаплогруппа B (46 тысяч лет назад), в пределах погрешности расчетов (51,000 ±5,000 лет назад).

Базовые гаплотипы гаплогрупп R1a1 и C расходятся на 10 мутаций, что с поправкой на возвратные мутации (коэффициент 1.288) дает 53,700 лет между их общими предками. Это не может быть гаплогруппа C, которой всего 36 тысяч лет. Действительно, на филогенетическим дереве гаплогрупп гаплогруппа C отходит от гаплогруппы B, но не является предковой для гаплогруппы R1a1 и родительских гаплогрупп последней. Формальный расчет показывает, что общий предок гаплогрупп R1a1 и C жил 47 тысяч лет назад. Это, скорее всего, гаплогруппа B (46 тысяч лет назад).

R1b1a2

Типичный базовый гаплотип европейской ветви гаплогруппы R1b1a2 с возрастом примерно 7000 лет (если считать от субклада M269) имеет вид:

12 12 13 – 11 11 – 12 – 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1b1a2)

Для первичной ориентировки сопоставим базовые 22-маркерные гаплотипы европейских R1a1 и R1b1a2. Можно ожидать, что между ними никак не может быть менее 26 тысяч лет мутационной разницы, поскольку гаплогруппе R1a1 примерно 21 тысяча лет, гаплогруппе R1b – 16 тысяч лет (Klyosov, 2009), минус примерно 11 тысяч лет независимой эволюции обеих гаплогрупп в Европе (5 тысяч и 7 тысяч лет на Русской равнине соответственно). Посмотрим на базовые гаплотипы в 22-маркерном формате. Между ними 7 мутаций, что дает 7/0.006 = 1167 поколений без поправки на возвратные мутации (поправочный коэффициент 1.187), то есть 1380 поколений с поправкой, или 34,600 лет между их общими предками. Общий предок обоих гаплотипов жил примерно (34600+5000+7000)/2 = 23,300 лет назад, или округленно 23 тысячи лет назад. Это должен быть общий предок гаплогруппы R1.

Это – еще одно подтверждение, что методика расчетов в целом правильна.

Между базовыми гаплотипами гаплогрупп A и R1b1a2 23 мутации (выделены)

12 **12 13** – **11** 11 – **12** – **11 9 15 16 8** 10 8 12 **10 12 12** 8 **12 11** 11 12 (R1b1a2)

то есть близко к тому, что между A и R1a1 (22 мутации), что и следовало ожидать. Это помещает общего предка гаплогрупп A и R1b1a2 примерно на 136 тысяч лет назад, то есть в те же времена, что и общего предка гаплогрупп A и R1a1 (130 тысяч лет назад), с разницей менеее 5%, в пределах погрешности расчетов.

Между базовыми гаплотипами гаплогрупп B и R1b1a2 13 мутации (выделены)

11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)
12 12 **13** – 11 11 – **12** – 11 **9** **15** 16 8 10 8 12 10 **12** **12** 8 12 11 **11** **12** (R1b1a2)

то есть близко к тому, что между B и R1a1 (11 мутаций). 13 мутаций с поправкой на возвратные мутации (коэффициент 1.430) дает 76 тысяч лет дистанции между гаплогруппой B и европейской ветвью R1b1a2, что в свою очередь помещает общего предка обеих гаплогрупп на 64 тысячи лет назад. Это несколько завышено по сравнению с 56 тысяч лет назад для общего предка гаплогрупп B и R1a1, но в пределах 15%, то есть в пределах погрешности расчетов.

Понятно, что у R1b1a2 и гаплогруппы C прямого общего предка не предполагается, но проверим. Между их базовыми гаплотипами 13 мутаций (у R1a1 и C было 10 мутаций), что соответствует временной дистанции в 76 тысяч лет. Ясно, что предковой не может быть гаплогруппа C, которой всего 36 тысяч лет. Формально, их общий предок, если бы существовал, должен был жить около 60 тысяч лет назад.

Гаплогруппы I, I1 и I2

На основе данных и соображений, высказанных в работе (Клёсов, 2010b) было предположено, что гаплогруппа I (или ее родительская) возникла на Русской равнине более 40 лет назад, и затем передвинулась на запад, в Европу. Проверим, насколько эти соображения совместимы с расчетами времени возникновения гаплогруппы I на основе «медленной» 22-маркерной панели.

В работе (Клёсов, 2010a) приводились деревья гаплотипов гаплогрупп I1 и I2, пример одного из них, субклада I1d1, приведен на рис. 6. Это – самый распространенный субклад гаплогруппы I1 в Европе. Его 67-маркерный базовый гаплотип имеет вид:

13 23 14 10 14 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 – 10 10 19 21 14 14 17 21 35 37 12 10 – 11 8 15 15 8 11 10 8 9 10 12 23 25 15 10 12 12 16 8 13 25 20 13 13 11 12 11 11 12 11

и время до общего предка субклада составило по расчетам 2275±330 лет.

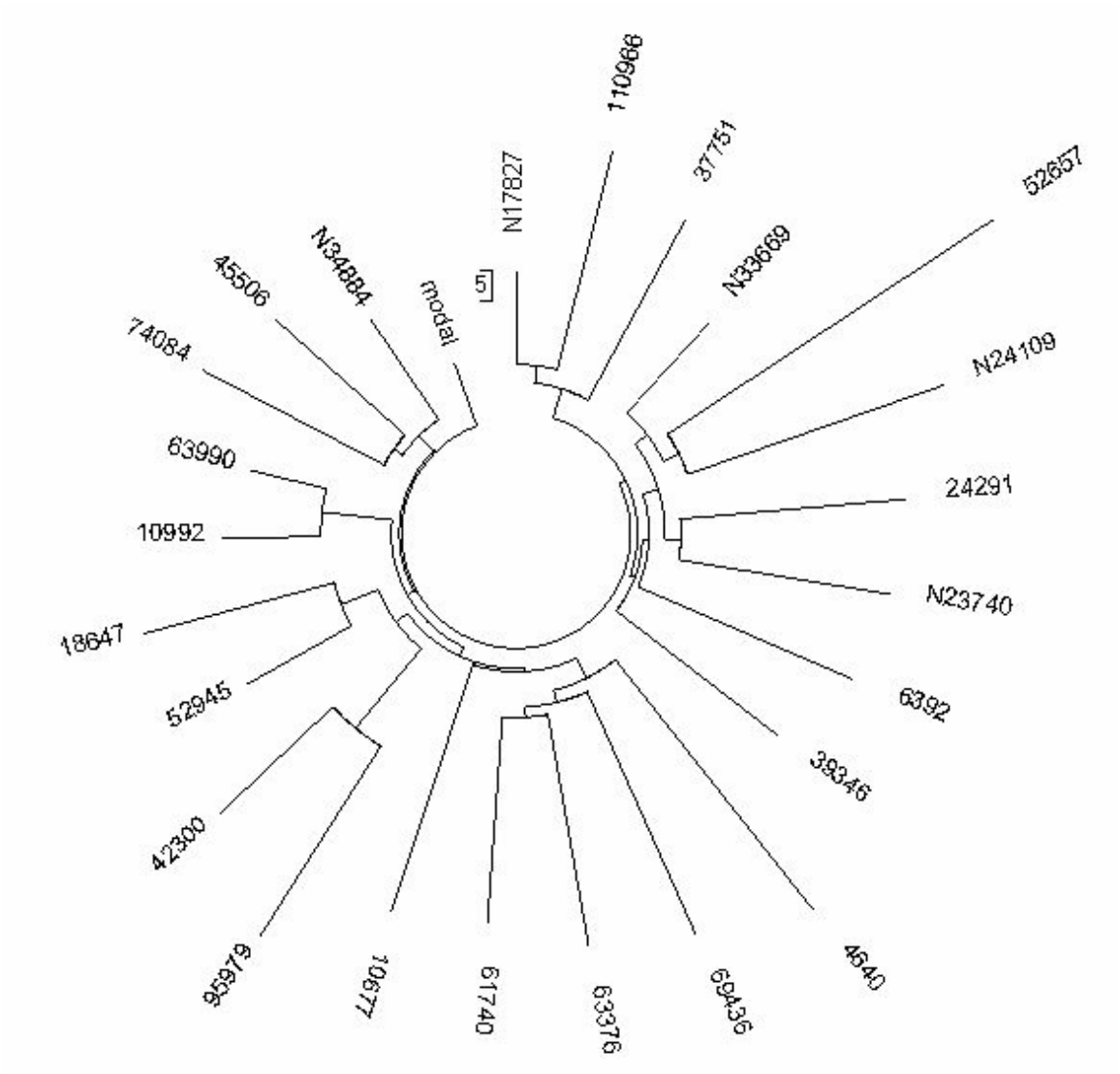


Рис. 6. Дерево из 24 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы I1d1-P109. Гаплотипы из базы данных проекта FTDNA любезно представлены Rebekah Canada, администратором проекта Y-DNA Hg Project I-P109.

В 22-маркерном формате этот базовый гаплотип (I1d1) имеет следующий вид:

11 14 11 -- 8 11 – 10 – 11 8 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 11 12

Этот базовый гаплотип имеют все популяции гаплогруппы I1 в Европе, от Британских островов до Скандинавии, Германии, Центральной и Восточной Европы, и до Ближнего Востока (Иордания, Ливан, Турция, гаплотипы евреев гаплогруппы I1). Это не удивительно – все они имеют общего предка с «возрастом» примерно 3200-3500 лет, а это соответствует намного менее одной мутации в 22-маркерных гаплотипах.

Там же, в работе (Клёсов, 2010a) приведены базовые 67-маркерные гаплотипы гаплогруппы I2a1, двух ветвей – «старой» и «молодой» - гаплогруппы I2a2, и гаплогрупп I2b1 и I2b2. В 22-маркерном формате они имеют следующий вид:

11 13 11 -- 11 11 – 10 – 11 8 16 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 10 11 12 (I2a1)
11 13 11 -- 11 11 – 10 – 11 8 **15** 16 **7** 10 8 12 **10** 12 12 8 **12** 10 11 12 (I2a2 – old)
11 13 11 -- 11 11 – 10 – 11 8 **15 15 7** 10 8 12 **10** 12 12 **7 14** 10 11 12 (I2a2 – young)
11 13 12 -- 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 9 13 12 12 12 (I2b1)
11 13 **11** -- **10 12** – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 **8** 13 12 12 12 (I2b2)

Верхние три базовых гаплотипа принадлежат субкладам гаплогруппы I2a (отличия в двух из них выделены), нижние два – субкладам I2b (отличия между ними тоже отмечены).

Эти отличия уже показывают, что линии данных субкладов расходятся от очень древних предков, поскольку одна мутация в данных гаплотипах с среднем соответствует временному расстоянию примерно в 167 условных поколений, то есть 4125 лет.

Вот как выглядит, например, дерево гаплотипов гаплогруппы I2a2-M26, состоящее из молодой (сверху) и старой (снизу) ветвей (Рис. 7). Их возраст 2275±380 и 6250±800 лет, соответственно (Клёсов, 2010a). Деревья остальных трех гаплогрупп более однородны, рассчитанный возраст их составляет 5600±620 лет (I2a1), 5700±590 (I2b1) и 5000±630 (I2b2) (Клёсов, 2010a).

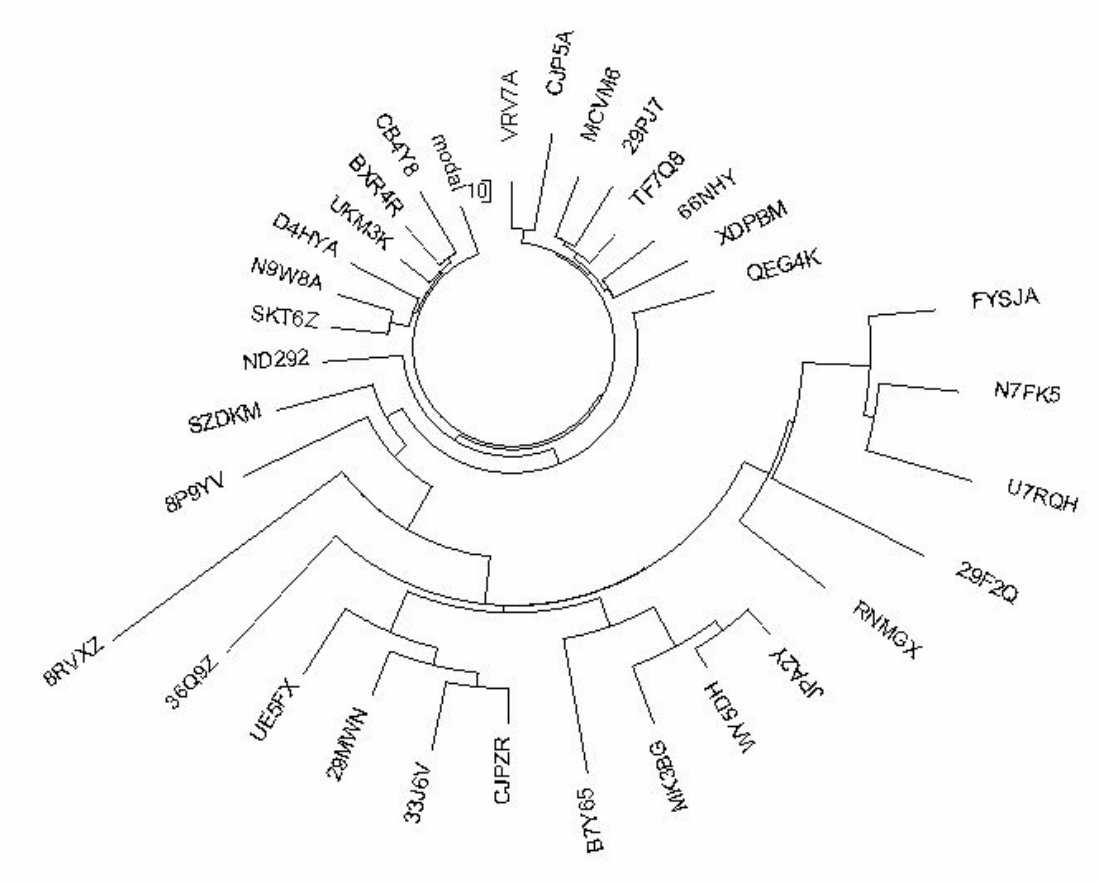


Рис. 7. Дерево из 32 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы I2a2-M26. Гаплотипы любезно представлены Tibor Feher, администратором проекта. Возраст молодой (выше) и старой (ниже) ветвей 2275±380 и 6250±800 лет, соответственно (Клёсов, 2010a).

Займемся подсчетами. Две ветви – старая и молодая – гаплогруппы I2a2 отстоят друг от друга на 4 мутации, что дает 667 → 733 условных поколений (поправка на возвратные мутации здесь равна 1.100), то есть 18,300 лет, что помещает общего предка гаплогруппы I2a2 на 13,400 лет назад. В свою очередь, базовые гаплотипы I2a1 и I2a2 различаются на 4 мутации, что помещает общего предка гаплогруппы I2a на 18,675 лет назад.

Гаплогруппы I2b1 и I2b2 различаются на те же 4 мутации, что определяет их общего предка, то есть гаплогруппы I2b, на 14,500 лет назад.

Гаплогруппы I2a и I2b различаются примерно на 7 мутаций (34,600 лет разницы), что помещает общего предка гаплогруппы I2 на 34 тысячи лет назад, его предположительный базовый гаплотип выглядит следующим образом:

11 **13** 11 -- **11** 11 – 10 – 11 8 15 **16** 8 10 8 12 **11** 12 12 8 13 **10** **12** 12

Датировка гаплогруппы I1 является оценочной, так как у нас, строго говоря, нет базового гаплотипа гаплогруппы I1, потому что она прошла бутылочное горлышко популяции примерно 3500 лет назад. По оценкам (Клёсов, 2010a), ее возраст примерно 17 тысяч лет, если опираться на небольшую серию реликтовых гаплотипов этой гаплогруппы. Тогда между базовыми гаплотипами гаплогрупп I1 и I2 примерно 8 мутаций (выделены выше, 41 тысяча лет разницы), что помещает их общего предка, гаплогруппы I, на 46 тысяч лет назад.

Сопоставим базовые гаплотипы гаплогрупп A, B и I2. Между A и I2 – 18 мутаций, что помещает их общего предка на 127 тысяч лет назад. Это все тот же общий предок, кто жил примерно 130 тысяч лет назад, и от которого пошли все гаплогруппы, включая A, которая является независимой (не предковой) по отношению к другим. Эта гаплогруппа пока филогенетически не определена и не укоренена. Вполне возможно, она окажется неафриканской по происхождению. Тогда будет снято основное противоречие современной антропологии и ДНК-генеалогии, согласно которому крайне маловероятно, что африканская гаплогруппа является предковой по отношению к внеафриканским гаплогруппам. Действительно, тогда окажется, что африканские гаплогруппы A и B являются дочерними по отношению к этой предковой «альфа» гаплогруппе (возрастом 130 тысяч лет), причем гаплогруппа A отошла от этой (предположительно) внеафриканской гаплогруппы 85 тысяч лет назад, гаплогруппа B отошла от нее только 46 тысяч лет назад, в то же время, когда гаплогруппа I была уже (предположительно) на Русской равнине, приобретая комплекс европеоидных признаков, одновременно и в «кооперации» с гаплогруппой P. От этой альфа-гаплогруппы образовались и другие нисходящие гаплогруппы филогенетического дерева, оставив боковые гаплогруппы A и B в Африке. Об этом речь пойдет во второй части данной статьи.

ПРИЛОЖЕНИЕ

В таблице ниже

- первая колонка показывает число мутаций между двумя 22-маркерными базовыми гаплотипами ДНК-генеалогических ветвей, субкладов, гаплогрупп (которое имеет дальнейший смысл только при корректном определении базовых гаплотипов путем разделения ДНК-генеалогических ветвей рассматриваемой серии гаплотипов, и при том, что базовые гаплотипы действительно соответствуют ближайшему общему предку рассматриваемой ветви, субклада, гаплогруппы),
- вторая колонка показывает число условных поколений (25 лет каждое) между ближайшими общими предками рассматриваемых ветвей, субкладов, гаплогрупп, рассчитанное при использовании средней константы скорости мутации для 22-маркерной панели, равной 0.0060 мутаций на маркер на условное поколение (25 лет) [Клёсов, 2011].
- третья колонка показывает поправочный коэффициент на возвратные мутации, рассчитанный с использованием следующей формулы:

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

где λ - откорректированное среднее число мутаций на маркер, λ_{obs} - наблюдаемое число мутаций на маркер (пояснения и ссылки см. в предыдущей статье (Клёсов, 2011)

- четвертая колонка – расстояние в годах между временами жизни ближайших общих предков рассматриваемых серий 22-маркерных гаплотипов, с учетом поправки на возвратные мутации.

Сумма величины в последней (четвертой) колонке с независимо определенными временами жизни обоих общих предков, деленная пополам, показывает время жизни ИХ общего предка.

Число мутаций между двумя базовыми 22-маркерными гаплотипами	Число поколений между двумя соответствующими ближайшими общими предками без поправки на возвратные мутации	Поправочный коэффициент на возвратные мутации	Расстояние в годах между временами жизни ближайших общих предков рассматриваемых серий 22-маркерных гаплотипов.
1	167	1.023	4,250
2	333	1.048	8,700
3	500	1.073	13,400
4	667	1.100	18,300
5	874	1.128	24,600
6	1000	1.157	28,900
7	1167	1.187	34,600
8	1333	1.219	40,600
9	1500	1.253	47,000
10	1667	1.288	53,700
11	1833	1.325	60,700
12	2000	1.363	68,150
13	2167	1.430	76,000
14	2333	1.445	84,300
15	2500	1.489	93,000
16	2667	1.535	102,300
17	2833	1.583	112,100
18	3000	1.633	122,500
19	3167	1.686	133,500
20	3333	1.741	145,100
21	3500	1.799	157,400
22	3667	1.860	170,500
23	3833	1.922	184,200
24	4000	1.989	198,900
25	4167	2.058	214,400

Автор выражает признательность В. Рыжкову и И. Рожанскому за помощь в поиске гаплотипов малораспространенных субкладов в 22- и 67-маркерных форматах, и за обсуждение результатов работы.

Литература

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008) Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, № 5, 855-907.

Клёсов, А.А. (2010a) Гаплогруппа I. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 1, 96-158.

Клёсов, А.А. (2010b) ДНК-генеалогия, краниометрия и происхождение европеоидов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 8, 1256-1309.

Клёсов, А.А. (2011) Расчеты численных значений констант скоростей мутаций самых медленных 22 маркеров 67-маркерной панели. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 5, 968-987.

Рожанский, И.Л., Клёсов, А.А. (2009) Гаплогруппа R1a1: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, № 6, 974-1099.

Юрковец, В.П. (2011) Климатические корреляции. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 1, 66-80.

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., Vezina, 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,characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341-353.

Chandler, J.F. (2006). Estimating per-locus mutation rates. J. Genetic Genealogy 2, 27-33.

Klyosov, A.A. (2009a) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186-216.
http://www.jogg.info/52/files/Klyosov1.pdf

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

Предки Чингиз-хана Кият-Борджигины как возможные носители гаплогруппы R1a

Абдыхалык Тарихи
(Кзыл-Орда)
abdyhalyk@yandex.ru

В данной статье автор выдвигает тезис о принадлежности клана Борджигин к гаплогруппе R1a, на основе ряда первоисточников и их интерпретаций.

Прежде всего приведем сведения из первоисточников и мнения ученых о происхождении клана Кият-Борджигин («голубоглазые потомки Кия», в переводе с монгольского).

1.1. Сокровенное сказание монголов (ССМ).

Согласно новейшим исследованиям, ССМ было написано двоюродным дядей Чингиз-хана Гирмау (Курмаги) [1].

§ 18. Бельгунотай и Бугунотай, старшие сыновья, родившиеся еще от Добун-Мергана, стали втихомолку говорить про свою мать Алан-гоа:
"Вот наша мать родила троих сыновей, а между тем при ней нет ведь ни отцовых братьев, родных или двоюродных ни мужа. Единственный мужчина в доме - это Маалих, Баяудаец. От него-то, должно быть, и эти три сына". Алан-гоа узнала об этих их тайных пересудах.
§20. Тогда мать их, Алан-гоа, говорит: "Вы, двое сыновей моих, Бельгунотай да Бугунотай, осуждали меня и говорили между собой:
"Родила мол, вот этих троих сыновей, а от кого эти дети?" Подозрения-то ваши основательны.
§ 21. "Но каждую ночь, бывало, через дымник юрты, в час, когда светило внутри (погасло), входит, бывало, ко мне светло-русый человек; он поглаживает мне чрево, и свет его проникает мне в чрево. А уходит так: в час; когда солнце с луной сходится, процарапываясь, уходит, словно желтый пес. Что ж болтаете всякий вздор? Ведь если уразуметь все это, той выйдет, что эти сыновья отмечены печатью небесного происхождения. Как же вы могли болтать о них как о таких, которые под пару простым смертным? Когда станут они царями царей, ханами над всеми, вот тогда только и уразумеют все это простые люди!"

На этот отрывок многие исследователи обращали внимание. Центральным указанием в этом источнике является указание на то, что отцом основателя клана кият-борджигинов являлся светло-русый человек, что в условиях

Монголии, где проживали в основном люди монголоидной расы, было не типичным явлением.

1.2. Рашид ад-Дин

Алан-Гоа принадлежала к племени куралас, являющегося одной из отраслей монгол-дарлекинов. [Алан-Гоа], согласно мнению и утверждению монголов, после кончины [своего] мужа забеременела от луча света, и от нее появилось на свет три сына; и тех, кто принадлежит к роду этих сыновей, называют нирун. Значение [слова] нирун есть чресла. Указание на эти чистые чресла в том, что они [сыновья] произошли от [сверхъестественного] света. Вторая -- те, которых, хотя они нируны, но называют кият. Они суть колено [тайфэ], которое ведет свой род от шестого поколения Алан-Гоа, от рода Кабул-хана. Третья -- те, которых, хотя они происходят из племени нирун-кият и чистого рода Алан-Гоа и появились на свет от прямого ее потомка в шестом [колене], Кабул-хана, называют кият-бурджигин. Их происхождение таково: они народились от внука Кабул-хана, Есугэй-бахадура, отца Чингиз-хана. [2]

Здесь можно заметить, что светлорусый юноша уже стал лучем. Видимо Рашид ад-Дин, целью которого была легитимизация рода Чингиз-хана, сделал из рассказа Сокровенного сказания монголов рассказ, в котором говорится о божественном происхождении рода Чингиз-хана.

Несмотря на то, что Чингиз-хан, его предки и братья принадлежат, согласно вышеупомянутому [своему] авторитету, к племени кият, однако прозванием детей Есугэй-бахадура, который был отцом Чингиз-хана, стало Кият-Бурджигин; они -- и кияты, и бурджигины. Бурджигин же по-тюркски [значит] человек, глаза которого синие. [3]

Голубые глаза как биологический признак редко встречается у монголоидных народов, преобладая среди европеоидного населения [4,5]. Голубые глаза вызвали характерное название рода, так как принадлежавшие к этому роду имели строгий биологический признак (голубые глаза), который их отличал от всех остальных людей, живших рядом. Если добавить сюда бытующие известия о рыжебородости Чингиз-хана, то можно с точностью утверждать, что предки Чингиз-хана и его непосредственные родственники имели четко выраженную европеоидность (светлые волосы, голубые глаза, рыжая борода). Конечно, это не показатель гаплогруппы для Европы, но для Монголии это показатель, там европеоиды были наперечет.

Из кандидатов на европеоидность могли быть только гаплогруппы R1a и R1b, Можно вспомнить, что обладатели азиатской ветви R1b половцы

(кипчаки) именовались как половцы (бледновато-жёлтый, соломенно-жёлтый – слова, обозначавшие цвет половцев, причем, по-нашему мнению, цвет волос, а не кожи, как считают некоторые исследователи) или сары (рыжие) в разных источниках.

2. Гумилев Л.Н. объяснял европеоидность предков Чингиз-хана тем, что они были выходцами из Восточно-Туркестанского княжества Чеши. Но тут сразу видна натяжка. Переселение Чеши произошло за 1000 лет до Чингиз-хана, так что утверждать, что на протяжении такого большого периода времени у них могли сохраниться европеоидные черты среди огромного количества монголоидов, будет чересчур самонадеянно.

Вернадский Г.В. объясняет европеоидность тем, что Алан-коа была из алан. Ее имя можно перевести как прекрасная аланка [6]. Можно присоединиться к данной точке зрения, так как доподлинно известно, что имя Алан среди монгольских имен отсутствует полностью. Если исходить из этой точки зрения, то можно утверждать, что клан киятов был выходцем с запада. Аланы в это время проживали на Кавказе. Также стоит отметить, что они уже тогда были христианами, а сам сюжет, рассказанный Алан-коа, больше общего имеет с рассказом о непорочном зачатии Христа Девой Марией. Таким образом, можно утверждать, что Алан-гоа по происхождению была аланкой, а рассказ о беременности от светлого юноши с одной стороны может отражать историческую правду, а с другой стороны отражает религиозные воззрения самой Алан-гоа, которая не понаслышке могла быть знакома с христианской верой.

3. Проводя параллели между славянами и монголами, стоит отметить два момента:

3.1. Название рода Чингизхана (кияты) восходит к Кию, предку славян. У кочевников было принято сохранять имя предка как название рода [7].

Кийат это множественное число от имени Кий; -ат, -ут - это окончание множественного числа в монгольском языке. То есть Кияты - это потомки Кия, если перевести с монгольского языка. Безусловно здесь стоит упомянуть что Кий из Велесовой книги имеет все шансы быть одним из предков этой ветви R1a, через одного из своих потомков.

3.2. Повествование из Сокровенного сказания монголов в части Бодончара очень сильно напоминает русские сказки о Иване дураке.

У предка Чингисхана Бодончара судьба очень похожа судьбу Ивана-дурака из классической русской сказки. Бодончара даже называли как Бодончар-

простак (мунгхаг на монгольском языке больше переводиться как дурак, но Козин перевел как простак из-за политкорректности и благозвучности).

Для того, чтобы напомнить читателю судьбу Бодончара, процитируем отрывок из Сокровенного сказания монголов:

§ 1. Предком Чингис-хана был Борте-Чино, родившийся по изволению Вышнего Неба. Супругой его была Гоа-Марал. Явились они, переплыв Тенгис (внутреннее море).
§ 10. Войдя в дом к Добун-Мергану, Алан-гоа родила двух сыновей. То были Бугунотай и Бельгунотай.
§ 17. Долго-ли, коротко-ли - Добун-Мерган скончался. После смерти Добун-Мергана, Алан-гоа, будучи безмужней, родила трех сыновей. То были: Бугу-Хадаги, Бухату-Салчжи и Бодончар-простак.
§ 23. По смерти матери пятеро братьев стали делить между собою имущество. При этом вышло так, что четыре брата- Бельгунотай, Бугунотай, Бугу-Хадаги и Бухату-Салчжи забрали себе все, а Бодончару совсем не дали его доли, считая его глупым и неотесанным и не признавая даже за родственника.
§ 24. "Раз меня и родней не признают, что мне тут делать?"- сказал Бодончар. Оседлал он Орок-шинхула, со ссадинами на спине, с жидким хвостом, наподобие свистун-стрелы, и пустил его куда глаза глядят вниз по течению Онон-реки. "Умереть, так умереть! Живу быть, так быть живу!"-сказал он. Ехал-ехал и добрался до урочища Балчжун-арал. Тут построил он себе из травы балаган и стал жить-поживать.

Весь этот миф, и то, что он младший брат и старшие его выгнали, а в конце концов он стал главным, и показал что он не простак, очень сильно смахивает на русскую сказку про Ивана дурака, которого старшие братья недооценивали, но он оказался умнее их. И даже упоминание Борте чино в сокровенном сказании монголов, который дословно переводится как Серый волк, явно указывает на параллели в фольклоре двух народов.

В русском фольклоре Серый волк - помощник Ивана Дурака. У монголов Серый волк один из предков Бодончара простака ("дурака").

В общем, указав на многочисленные факты, можно коротко описать как видится автору развитие событий в это время.

За 10 поколений до Чингиз-хана, Алан-коа после смерти мужа родила от светло-русого юноши трех детей, причем, видимо, это светло-русый юноша дал название роду этих трех его детей (кияты – потомки Кия). Безусловно, сам юноша, один из потомков Кия, случайным образом оказался в регионе, где его внешность не была типичной. Его потомки на протяжении как минимум 10 поколений сохраняли характерные черты европеоидности в

своей внешности, за что получили характерное название Борджигины (голубоглазые). С учетом всех перечисленных фактов автор считает, что гаплогруппой кият-борджигинов являлась гаплогруппа R1a1, которая случайным образом оказалась среди монгол. Безусловно, данное предположение нуждается в проверке, которую можно провести, протестировав потомков клана киятов среди разных народов, но на данный момент данное предположение является наиболее обоснованным с точки зрения анализа исторических источников. Кроме того стоит уточнить, что имеющиеся данные по гаплотипам казахских чингизидов (потомки Джучи) не могут однозначно свидетельствовать о гаплогруппе кият-борджигинов, так как тезис о том, что Джучи был родным сыном Чингиз-хана является очень спорным. Автор Сокровенного сказания монголов Курмагу (двоюродный дядя Чингиз-хана) передает известие, что, скорее всего, Джучи был не родной сын Чингиз-хана, который был рожден Бортэ в меркитском плену.

ЛИТЕРАТУРА

1. Муизз ал Ансаб. История Казахстана в персидских источниках. Том 3. Алматы. 2006. С.27.

2. Рашид ад-Дин «Сборник Летописей» т.1 ч. 1. М. 1952. С. 152-153

3. Рашид ад-Дин «Сборник Летописей» т.1 ч. 1. М. 1952. С. 155.

4. Hans Eiberg, Jesper Troelsen, Mette Nielsen, Annemette Mikkelsen, Jonas Mengel-From, Klaus W. Kjaer and Lars Hansen «Blue eye color in humans may be caused by a perfectly associated founder mutation in a regulatory element located within the HERC2 gene inhibiting OCA2 expression»// Human Genetics Volume 123, Number 2, 177-187.

5. http://www.gnxp.com/blog/2008/12/nlsy-blogging-eye-and-hair-color-of.php

6. Вернадский Г.В. «Монголы и Русь». Тверь; ЛЕАН, М.: АГРАФ, 1997. С. 49

7. Кляшторный С.Г. Савинов Д.Г. «Степные империи древней Евразии». Санкт-Петербург. 2005. С.57.

ПОСЛЕСЛОВИЕ РЕДАКТОРА

Интересующихся вопросом о возможной принадлежности Чингиз-хана к европеоидной расе можно отослать к глубокому исследованию Константина Пензева «Демугин Хингей. Легенда о белом царе». Оно издано в составе книги «За Китайской стеной» в изд-ве «Алгоритм», М., 2007. Глава «Раса и этнос», открывающая книгу, начинается с эпиграфа – «*Можно считать доказанным существование в былые времена в Центральной и Северной Азии расы с зелеными глазами и рыжими волосами. Но что же сталось с ней?*» (П. Топинар)

В этой книге К. Пензев описывает историю написания Рашид-ад-Дином (с авторским коллективом) исторического труда по истории Дома Чингизидов по заказу Газан-хана; труд был написан в течение 10 лет, с 1300 по 1310/11 г.г. И в настоящее время исторический труд «Джами' ат-таварих» не имеет аналогов и является наиболее полным произведением по могольской истории, как пишет К. Пензев (кстати, в слове «могольской» опечатки нет). Рашид-ад-дин лично свидетельствует, что еще в 1310 году большинство Чингизидов были светловолосыми и синеглазыми людьми. Это же пишет Л.Н. Гумилев в книге «Поиски вымышленного царства», но там же пишет, что древние моголы не имели никакого отношения к европейцам. То есть европеоиды, но не потомки европейцев. Это же говорит и ДНК-генеалогия, о чем многократно писалось в данном Вестнике. Дело в том, что европеоидная раса не возникла в Европе, а прибыла туда с востока. А уже потом в Европе ее стали называть европеоидной. Вместе с тем европеоидные гаплогруппы R1a и R1b появились в Центральной Азии. Как пишет К. Пензев, «Г.Ф. Дебец утверждал, что европеоидная антропологическая раса первого порядка прослеживается в Центральной Азии и Сибири с верхнего палеолита, являясь особой ветвью», и «Византийский автор Георгий Пахимер... пишет... «... из туземных тохарцев, которые назывались монголами». Более того, эти европеоидные народы и племена называли «тюрками», поскольку, например, Рашид-ад-дин, следуя общей тенденции, называл тюрками все кочевые скотоводческие народы Азии, независимо от того, на языках какой группы они говорили. Туда попадали и тюркоязычные народы, и монголоязычные, и тунгусские, и арийские, как енисейские киргизы, и северо-восточные тибетцы. К. Пензев эту тему подробно развивает в своей книге, цитируя, в частности, слова арабского автора Абульфеды из книги «География»: «Аланы являются тюрками, которые приняли христианство»... «народ тюркской расы, называющийся ассами», и там же «русские являются народом тюркской расы». Как мы видим, уже и «тюркская раса» появилась. Хотя, впрочем, «индоевропейцы» тоже понятие

такого же порядка, когда язык путают с этничностью, расой, происхождением.

К. Пензев в своей книге уделяет много внимания тому, что род Чингиз-хана не были степняками, и «Сокровенное сказание» их в степняки отнюдь не определяет. Вот как описывает, например, этот источник занятие Темучжина в детстве – а именно рыбную ловлю: «*Наживляя негодную рыбешку, стали удить. Притравляя игольные крючья-удочки стали выуживать ленков и хайрюзов. Сплетая сети-невода, стали вылавливать рыбку-плотвичку. В знак сыновней почтительности стали и сами кормить свою мать*». Неплохое занятие для степняков, не так ли? А другие «*занимались кто рыбной ловлей в реке Килхо, кто ловлей соболей или звериной охотой*». В степи, как известно, соболей, как и других куньих, не бывает. Еще про Есугай-Баатура, отца Чингиз-хана – «*В ту пору, охотясь однажды по реке Онону за птицей*...». Интересно, встречал ли кто степняков, которые едят птицу, в частности, утку... Да и сам Чингиз-хан родился, согласно «Сокровенному сказанию», в урочище Делиун-балдах, на Ононе. Урочище, как известно, к степи отношения не имеет. Скорее к лесу.

Я не буду пересказывать исследование К. Пензева, там много интересного, но суть в том, что никакой степи в описании детства и юношества Чингиз-хана не просматривается. Постоянные упоминания охоты в лесу, бегство от врагов тоже в лес, сосед-кузнец «с раздувальным мехом за плечами». Можно подумать, что кузнецы кочуют по степи.

Короче, слишком много данных, что Чингиз-хан и затем чингизиды вряд ли имели гаплогруппыу С, которую второпях приписала им академическая литература по популяционной генетике. R1a или R1b – не знаю, но это более вероятно, чем «монголоидные» гаплогруппы.

Еще небольшое отступление, но по теме. В 2010-2011 гг изд-во International Masters Publishers, The History Channel и A&E HOME VIDEO выпускают большую серию DVD под общим названием Ancient Civilizations, из более чем 30 томов, каждый из который состоит из DVD и цветных иллюстративных материалов. Том 17 называется The Lost Empire of Genghis Khan. Авторы научно-популярного фильма ни словом не упоминают о «Сокровенном сказании монголов», о загадках происхождения Чингиз-хана, о его европеоидности и отнюдь не степном происхождении. Легенда продолжает поддерживаться, и фильм полностью отождествляет Чингиз-хана с современными монголами. Более того, как о факте говорится о том, что Чингиз-хан имел гаплогруппу С3, и что его гаплотип в 12-маркерном формате был 13 25 16 10 12 13 11 14 10 13 11 29. Гаплотип в фильме был тоже показан. Рассказано, что число его потомков, имеющий такой же гаплотип,

определено в 32 миллиона. Интересно, что в академической публикации 23-х авторов о «стар-кластере Чингиз-хана» (T. Zerjal, Yali Xue, G. Bertorelle, R.S. Wells, Weydong Bao et al (2003) The Genetic Legacy of the Mongols, Am. J. Hum. Genet. 72, 717-721) говорится о 16 миллионах потомков, но по какой-то причине авторы фильма эту цифру удвоили. В фильме показано, как радостно прыгают монголы, которым объявляют, что их гаплотип совпал с гаплотипом Чингиз-хана. Опять, ни слова о том, что в той академической статье слишком много натяжек.

Начнем с того, что 12-маркерный гаплотип, приведенный выше, и от вести о котором прыгают монголы, не тот, что описан в процитированной выше академической статье. Там анализировались 15-маркерные гаплотипы в нестандартном формате, с пропущенными DYS 19, 385a, 385b, и добавленными DYS 425, 434, 435, 436, 437 и 438. В фильме такая панель показана не была. Более того, из статьи (гаплотипы тестированных в ней не показаны) следует, что базовый гаплотип «потомков Чингиз-хана» был такой:

13 25 X 10 X X 11 14 10 10 11 26

Как видно из «гаплотипа Чингиз-хана», приведенного выше, и от которого прыгали монголы, в DYS439 там 13, а в академической статье там 10. Так какой из них правильный? Может, не от того гаплотипа прыгали?

Как я писал в предисловии к статье Ж. Сабитова «В поисках Чингиз-хана» (Вестник, апрель 2009, том 2, №4, стр. 590-592 предисловие, стр. 593-638) – «*это чудовищно далеко от гаплотипов чингизидов, описанных в статье Ж. Сабитова. Точнее, отличие составляет 11 мутаций на 12 маркерах, что соответствует не менее 23 тысяч лет между ними. Иначе говоря, общий предок «Чингиз-хана» в статье «Генетическое наследство монголов» и чингизидами в статье Ж. Сабитова жил не менее 12 тысяч лет назад.*
Собственно говоря, никакого Чингиз-хана в статье «Генетическое наследство...» нет. Есть широко распространенный гаплотип, есть предположение, что это – потомки Чингиз-хана. И все.»

В статье Ж. Сабитова приведены гаплотипы нескольких чингизидов, гаплогруппа C3. Они имеют такой вид в первых 12 маркерах:

14 24 15 10 12 14 11 13 12 13 11 29

Напомню, что гаплотип якобы Чингиз-хана, от которого прыгали монголы, такой:
13 25 16 10 12 **13** 11 **14 10** 13 11 29

Семь мутаций (отмечено) это ближе, чем 11 мутаций с академической статьей, но по сути не имеет значения. Это – 11500 лет дистанции.

Так и остается непонятным, какое отношение имеют чингизиды к гаплотипу, от которого прыгают монголы, которым не говорят, что к чингизидам они отношения с таким гаплотипов не имеют. Непонятно также, какое отношение имеет гаплотип, опубликованный в академической печати, к Чингиз-хану, к чингизидам, и к прыгающим монголам.

И вообще, кому это нужно наводить там тень на плетень, не отвечать на очевидные вопросы, и продолжать дурачить монгольское население, которые это всё принимают за чистую монету?

А. Клёсов

СТАТЬЯ НА СЛОВЕНСКОМ ЯЗЫКЕ

SLOVENIJA V DNK BAZENU SVETA[1]
(Slovenia in the DNA pool of the world)

Marjeta Manfreda Vakar, Darko Vrečko

marjetamanfreda@hotmail.com
darkovrecko@gmail.com

Abstract

In the paper a genetic analysis of the Slovenians based on Y-DNA haplotypes which are inherited from the father, and on mtDNA haplotypes which are inherited from the mother is presented.

Results of the analysis of the 320 Y-DNA haplotypes show that the most frequent male haplogroup in Slovenia is R1a1a (38.4±5.3 %), the second most common one is I2a2 (21.3±4.5 %), followed by R1b (15.9±4.0 %), I1 (10.0±3.3 %), E1b1b1a (5.0±2.4 %), G (3.1±1.9 %), J (2.8±1.8 %), etc. Calculations made by Dr. Klyosov show that Slovenian R1a1a haplotypes belong to the Balto-Carpathian branch. The most recent common ancestor of the Slovenian haplogroup R1a1a lived 3700±390 years ago, ancestor of I2a2 2325±290 years, of R1b 4500±600 years and of I1 3025±410 years.

Comparison of the Slovenian Y-DNA haplotypes with haplotypes from other countries shows that the Slovenian haplotypes R1a1a are mostly found with Belarusians, Poles, Slovaks, Ukrainians, Russians and Czech. I2a2a haplotypes are mostly found in the population of Herzegovina (BiH), southern Croatia, some places of Belarus, particularly in Brest, in the rest of Croatia and Serbia. R1b haplotypes are mostly found in the population of northern Spain, Great Britain, Nederland, Belgium and northern Italy. I1 haplotypes are mostly found in the

[1] NOTE BY THE AUTHORS: This paper was first published in the Proceedings of the Eighth International Topical Conference Origin of Europeans, pp. 29-51, June 4-5, 2010, Ljubljana, Slovenia.

population of Scandinavia, Germany, Switzerland and Austria. Comparison also shows that Slovenians share the highest number of *various* Y-DNA haplotypes with the Poles, Germans, Czechs, Croatians and Russians. Haplotypes found in Slovenia, which are very rare in the world, are often found in Poland, especially in the city of Wroclaw.

Analysis of the 329 mtDNA haplotypes from Slovenia indicates that the most frequent female haplogroup is H (44.7±5.4 %), followed by the U (16.1±4.0 %), J and T (9.4±3.2 %) and K (5.8±2.5 %). Calculated settlement times of the mtDNA haplotypes at the Slovenian territory shows that women ancestors settled here on average 5900±850 years before present. Haplogroup U was the first one that settled in this territory, probably soon after the last ice age and on average 8000±2400 years ago. The most common haplogroup H arrived here on average 4850±1150 years ago, the hapogroup J probably come to this place the latest and on average 4550±2100 years ago, the haplogroup T settled on average before 6000±2650 years and haplogroup K settled on average 6200±3700 years ago. Results show that descendants of some women who have settled in this territory soon after the last Ice Age survived to the present day.

Uvod

Vsak človek nosi v svojem telesu (DNK) pričevanje in dokaz za prehojene poti svojih prednikov. Podatki v tem prispevku se nanašajo na jedrno Y-DNK - dedni zapis moških potomcev, ki ga ti prejmejo le od očeta, za razliko od mtDNK, ki se deduje samo po materini strani in prehaja tako na sinove kot hčere. Velik del človeške jedrne Y-DNK tvorijo različna ponavljajoča se zaporedja sestavnih delov DNK, med njimi kratke tandemske-parne ponovitve (angl. short tandem repeat - STR) - nukleotidna zaporedja. V lokusih - mestih STR se posamezniki med seboj najbolj razlikujemo. Posamezno večkrat ponovljeno obliko skupine nukleotidov na določenem lokusu STR imenujemo alel. Haplotip je skupina alelov, ki se nahajajo na istem kromosomu zelo blizu drug drugemu. MtDNK haplotipi so predstavljeni z mutacijami na enem, dveh ali treh hipervariabilnih (angl. hipervariable -HV) območjih, ki se razlikujejo od referenčnega standarda (angl. Cambridge Reference Standard - CRS). Hipervariabilno območje je območje v mitohondrijski DNA, v katerem se bazni nukleotidni pari menjajo. Velikost mitohondrijskega kromosoma je le 16569 nukleotidnih parov, medtem ko je dolžina jedrne DNK v diploidni celici 6 milijard nukleotidnih parov. MtDNK se pojavlja v vsaki celici od sto do več kot tisoč kopijah, medtem ko je jedrna DNK prisotna le v dveh kopijah. Zaradi tega je veliko večja verjetnost, da se bo v sledi ohranila mtDNK, kot pa da se bo ohranila jedrna DNK [1]. Tako jedrni Y-DNK haplotipi kot mtDNK haplotipi so v zadnjih desetletjih postali tudi pomemben vir raziskovanja migracij človeštva, izvora posameznih ljudstev in njihove prazgodovine in zgodovine.

V povezavi s tovrstnimi študijami, omenjava nekaj avtorjev in njihova dela v povezavi s slovensko DNK. Šterlinko in sod. [2] so izmerili Y-DNK haplotipe 121 Slovencev na 9-tih lokusih. Škulj [3] je pisal o genetskih skupinah Y-DNK haplotipov in njihovih geografskih razporeditvah ter primerjal sorodnost Slovencev z drugimi evropskimi narodi. Povzema, da pri nas nimamo Y-DNK skupine N, ki je med Slovani pogosto prisotna v Rusiji, v manjših odstotkih tudi na Poljskem in v Ukrajini. Iz tega sklepa, da predniki sedanjih Slovencev v zgodovinski dobi niso prišli izza Karpatov. Pisal je o tudi migracijah Indo-Arijcev in jih vključeval v raziskave, povezane predvsem s slovenskim jezikom in sanskrtom [4]. Med Slovani je precej pogosta skupina I2a2, ki je med Indijci ni, zato sklepa, da v zadnjih 8 tisoč letih ni bilo večjega preseljevanja ljudstev iz Evrope v Indijo. Tesne genetske in jezikovne sorodnosti med Indo-Arijci in Slovani po njegovem izvirajo iz dobe pred kmetijstvom, kar dokazuje z izvorom besed pašništva, ki se prekine s poljedeljstvom. Pisal je tudi o genetski primerjavi mtDNK haplotipov etruščanskih in venetskih okostnjakov iz grobnic veljakov od 1. do 7. stol. pr. Kr in sedanjih Slovencev [5]. Budja [6] je na podlagi genetskih raziskav pisal o izvoru današnjih Evropejcev in o času naselitve njihovih prednikov na kontinentu. Meni, da večjega pritoka ljudi v času neolitika z Bližnjega vzhoda v Evropo ni bilo in da smo v glavnem potomci paleolitskih Evropejcev. Vodopivec [7] je pisal o koreninah zahodnih in južnih Slovanov. V poglavju o genetskih sledeh ocenjuje, da so po deležu Y-DNK skupine R1b Sloveniji najbolj podobne Češka, Poljska in Slovaška. Malyarchuk in sod. [8] so predstavili 104 mtDNK haplotipe Slovenk in jih primerjali s haplotipi Bošnjakinj in nekaterimi drugimi Evropejkami. Ugotovili so, da so Slovenkam najbolj sorodne Rusinje in Poljakinje, nekoliko manj Bolgarke in Romunke, manj Bošnjakinje, še manj Albanke in Grkinje in najmanj Italijanke. Zupanič-Pajnič in sod. [9] so izmerili mtDNK haplotipe 129 Slovenk na dveh HV območjih.

Prednost najine študije v primerjavi s prejšnjimi je v tem, da sva zbrala največje število slovenskih Y-DNK in mtDNK haplotipov do sedaj, jih primerjala z velikim številom haplotipov dostopnih po spletnih bazah, s tem natančneje ugotovila sorodnost z drugimi narodi ter izračunala približne čase do skupnih prednikov in naselitve haplotipov v Sloveniji.

Izvor najpogostejših Y-DNK genetskih skupin v Evropi

Deleži nekaterih genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Evropi v % so podani v Tabeli 1. Podatki o deležih genetskih skupin so vzeti iz [10], [11], [12]. V Tabeli 1 ni podanih deležev genetskih skupin za Slovenijo, so pa podrobno predstavljeni v Tabeli 2.

V zvezi s podanimi deleži v Tabeli 1 je treba poudariti, da skupina I1 izrazito prevladuje na severu Evrope, I2 na Balkanu (I2a2), Sardiniji (I2a1) in v germanskih deželah (I2b). Podatki za R1a se nanašajo na skupni delež vseh njenih podskupin, delež R1a1a7 pa je posebej naveden. Prav tako se podatki za R1b nanašajo na delež vseh njenih podskupin.

Tabela 1: Deleži nekaterih genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Evropi v %

Država/Genetska skupina	I1+I2	R1a	R1a1a7	R1b	J2	E1b1b	N1c1
Avstrija	20	26	5.3	23	12	9	0.5
Tirolska	6.2	12.5	-	59.4	-	15.6	-
Gradec	28.6	42.9	-	14.3	-	4.7	-
Dunaj	50	-	-	20	20	-	-
Belorusija	22	49	22.7-4	10	1.5	9	5
BIH	53	13.5	8.6	4	6	14.5	0
BiH-Bošnjaki	48.2	15.3	-	3.5	9.5	12.9	-
BiH-Hrvati	71.1	12.2	-	2.2	1.1	8.9	-
BiH-Srbi	33.4	13.6	4.8	6.2	8.7	22.3	-
Velika Britanija	20.5	4.5	0	67	3.5	2	0
Wales	7.5	2	0	82	1.5	2	0
Šetlandski otoki	10	23	-	66	-	-	-
York	32	4	-	57	-	4	-
Irska- Castlerea	9	0	-	90	-	-	-
Češka	24	34	26.1	22	6	6	0.5
Pisek	24.6	29.2	-	29.2	4.5	-	3.1
Brno	15.2	41.3	-	28.3	6.5	-	0
Trebic	10.2	34.7	-	32.7	8.1	-	2
Francija - Lyon	10.2	5.1	-	66.7	2.6	5.1	-
Francija - Strasbourg	17.6	11.8	-	67.6	-	2.9	-
Grčija	15.5	12	1-8.8	12	25	27	-
Serrai	36	8	-	12	16	24	-
Solun	20	25	-	5	15	20	-
Kreta	14	7.7	1-3.6	9.8	38.5	15.4	-
Makedonija	18	35	-	10		18.6	-
Hrvaška	51	29	-	8	3.5	6	0
Celina	37	34.3	2.8	15.7	1.9	5.6	-
Krk	27.3	38.4	12.2	16.4	10.9	6.8	-
Hvar	65.9	8.8	0	6.4	3.3	4.4	-
Korčula	53	20.5	3	1.1	2.3	3.8	-
S. Italija	10.5	3.5	0	55	11.5	11	0
Garfognana	-	4.8	-	76.2	9.5	2.4	-
Val di Non	-	6.7	-	73.3	10	-	-
Lombardija	11.1	0	-	61.1	11.1	11.2	-
Veneto	30	10	-	30	5	25	-
C. Italija	10	3.5	-	43	19.5	10	-
J. Italija	7.5	2.5	0	29	23.5	18	
Brindisi	13.2	5.3	-	18.4	23.7	26.3	-
Casarno	5	10	-	30	25	20	-
Sicilija	5	4.5	-	30	26.5	17.5	-
Sardinija	37	0	-	22	10	10	-
Kosovo	3	4.4	0	21.1	16.7	45.6	-
Madžarska	25.5	32.5	4.4	17	7	9.5	1
Makedonija	28	13.5	3.8	13.5	12	23	0
Nemčija	22	16	-	44.5	4.5	5.5	1
S. Nemčija	24	23	3.1	38	4	2.5	1.5

Rostock	22.9	31.3	-	32.3	2.1	-	-
Hamburg	31.7	16.8	-	37.9	5	-	-
V. Nemčija	23.5	24	10.6	36	2	7.5	1
Berlin	32	22.3	-	23.3	1.9	9.7	-
Leipzig	14.6	27.1	-	43.1	2.8	6.9	-
Z. Nemčija	16.2	9	0	47	5	8	1.5
Koln	19.8	15.6	-	41.7	5.2	5.2	-
Mainz	22.1	8.4	-	44.2	6.3	11.6	-
J. Nemčija	17.5	9.5	6.6	48.5	5.5	7.5	0.5
Munchen	23.2	14.3	-	41.1	2.7	7.1	-
Freiburg	16.7	10.8	-	54.9	8.8	4.9	-
Norveška	37	28	0	28	1	1	4
Srednja	39.7	31.5	-	27.1	-	-	1.2
Severna	34.7	27.1	-	26.8	-	-	10.6
Južna	42.1	13.2	-	44.7	-	-	-
Poljska	16	56.5	-	16.5	1	3.5	4
Vroclav	12.9	48.5	23.7	12.9	2	11.9	5
S. Poljska	21.3	60	23.5	7.3	2.7	3.3	3.3
J. Poljska			36.4	-	-	-	-
Rusija	15	46	-	6	3	2.5	23
Belgorod	16.1	59.4	11.9	2.8	4.2	0.7	11.9
C. Rusija	15.3	46.5	12	7.5	2.4	5	16.3
S. Rusija	11.9	34.2	14.3	5.4	1.6	0.2	35.5
Slovaška	17	40	-	23	4	11	3
S. Slovaška	-	-	13.6	-	-	-	-
J. Slovaška	-	-	21.7	-	-	-	-
Srbija	35	15	3.5	7	10	24	0
Španija	6	2	0	69	4	6	0
Baskija	8.8	0	-	86	2.5	1	0
Kantabrija	5.7	8.5	-	55	3	11	0
Galicija	6.5	0	-	60	3.5	25	0
Cadiz	14.3		-	53.5	17.9	3.6	-
Kastilja	33.3		-	52.4	9.5	4.8	-
Malaga	0		-	42.5	15.4	26.8	-
Švedska	44	23.5	2.1	21	1	1	7
Gotlandija	50	12.5	-	17.5	0	1.8	10
Švica	22.5	15.4	0	50.5	6	9	0
Lausanne	12.5	9.3	-	68.8	6.3		-
Bern	32.2	21.4	-	32.1	7.1	7.1	-
Ukrajina	15	50	-	10.7	10.1	8	7.6
Dnipropetrovs'k	-	-	22.8	-	-	-	-
Lvov	-	-	15.9	-	-	-	-
C. Ukrajina	-	-	7.1	-	-	-	-

R1a in iz nje nastala R1a1a (M17) sta se najverjetneje razvili v južni Aziji pred 18 - 30 tisoč leti, čeprav se v literaturi omenjajo tudi druge možnosti (med vzhodno Evropo, južno Sibirijo in severno Indijo) [13]. V Evropo je R1a1a morda prvič prišla šele pred 5 tisoč leti, po dolgem časovnem potovanju skozi zahodno Indijo, Pakistan, Kašmir, centralno Azijo in Rusijo. Vendar obstajajo tudi drugačne hipoteze [14]. Klyosov [15], [16] na primer trdi, da je bila v Evropi najstarejša R1a1a na Balkanu (ne v Sloveniji) že pred 12 tisoč leti. Od tam naj bi se v letih med 6000 - 4500 pred sedanjostjo razširila po ostali Evropi in drugam, po letu 4500 pred sedanjostjo naj bi v Evropi skoraj izginila in se šele v prvem tisočletju pred našim štetjem vrnila nazaj. Do danes so jo našli v več kot 30 % v vseh kastah

severne Indije, nosi jo 68 % Iškašimov, preko 50 % Paštunov, prisotna je pri Dravidih in še mnogih Indijcih, prebivalcih centralne in zahodne Azije, pri Slovanih, predvsem vzhodnih (Rusi in Belorusi) in zahodnih, kjer najde svoj vrh pri Sorbih in Poljakih ter prebivalcih južne Litve (nekje tudi preko 60 %) [13]. Underhill in sod. [12] trdijo, da je izvor podskupine R1a1a7 pred 10.7 ± 4.1 leti na Poljskem, od koder naj bi se pred 2600 leti razširila po ostali Evropi. V to podskupino spada okoli 70 % poljskih R1a haplotipov. V zahodnem delu in izven Evrope je praktično ni.

Tudi zahodnoevropsko prevladujoča R1b1b2, (katere bazični »atlantski« haplotip si delimo) in ki se je razvila pred 9 tisoč leti, naj bi v Evropo prišla iz spodnjega Podonavja ali okolice Črnega morja šele pred 3.5 - 4 tisoč leti [17]. V zahodni Evropi naj bi skoraj v celoti nadomestila evropsko staroselsko I skupino in v tistem času v vsej Evropi (izjema Balkan) morda tudi R1a1a. Glede izvora R1b skupine še ni soglasja, saj nedavna študija spet postavlja izvor evropske R1b v paleolitsko Iberijo [18].

I2a2 naj bi nastala na jadranskem delu Balkana, nekje v Dinarskih Alpah pred 7500 leti [19]. Danes jo je največ na nekaterih južnih otokih Hrvaške (preko 60 %), v Srbiji, BiH, relativno veliko pa tudi na Madžarskem, v Romuniji, Bolgariji, Moldaviji, Grčiji, Albaniji, Ukrajini, Belorusiji, JV Rusiji itd. in po nekaterih podatkih ne tako malo tudi na SV Italije. Prednica te skupine je I2a (nastala je pred 11 tisoč leti na Balkanu). Iz nje se je razvila tudi podskupina I2a1, ki je prisotna v več kot 40 % pri prebivalcih Sardinije in v majhnih do zmernih odstotkih tudi pri Baskih in prebivalcih Iberije.

Sedanji nosilci I1 skupine morda vsi izvirajo iz moškega, ki je pred 5 tisoč leti živel na Danskem [20]. I1 je močno prisotna na Finskem, na jugu Norveške, JZ Švedske pa tudi v severni Nemčiji.

Za Evropo je med podskupinami vzhodnoafriške E1b1b1a najbolj značilna E-V13, ki naj bi se razvila na Balkanu, morda v Tesaliji, pred 10 tisoč leti [21]. Svoj vrh dosega pri kosovskih Albancih, veliko jo je v Grčiji, Makedoniji, Srbiji, Bolgariji in Romuniji.

J2 skupina se je razvila na severu Mezopotamije pred 15 do 20 tisoč leti in je iz Anatolije prišla v Grčijo verjetno pred 8 tisoč leti [22]. Veliko jo je v zahodni Aziji in na JV Evrope.

Skupina G se je razvila morda na Bližnjem vzhodu ali na JZ Azije pred 5 do 20 tisoč leti, v Evropo pa naj bi najprej prišla pred 1700 - 3000 leti zahodno od Črnega morja [23].

Skupina N1c1 (M178, P298) se je razvila na jugu Sibirije pred več kot 10 tisoč leti, je pa kljub temu bolj razširjena in raznolika v vzhodni Evropi. Največ (40 - 60 %) jo je na Finskem, v Litvi, Latviji in Estoniji [24].

Spletni viri Y-DNK haplotipov

V največji ameriški spletni bazi Y-DNK haplotipov Ysearch [25], ki je javnosti dostopna od leta 2000 naprej, ima manjšina od 180 tisoč vpisanih moških, analiziranih že tudi več kot 60 lokusov. Več kot 80 % od 36 tisoč Y-DNK haplotipov iz 149 držav v SMGF bazi [26], upravlja jo istoimenska neprofitna organizaciji iz Salt Lake Citya, ustanovljena leta 1999, ima analizirane vrednosti na 43 lokusih. Nemška spletna baza YHRD [27], ki deluje od leta 2000, nudi vpogled v Y-DNK haplotipe 86 tisoč ljudi iz 100 držav (98 % od teh je imelo aprila 2010 podatke na 9 lokusih). Veliko držav v bazi YHRD je zastopanih z več kraji (Nemčija 17, Poljska 14, Češka 14, Rusija 29 in podobno Kitajska, Italija, Argentina, Kolumbija, Španija), z vsaj 5 območji (Avstrija, Madžarska, Hrvaška, Ukrajina, Belorusija, Portugalska, Turčija, Grčija, Norveška, Nizozemska, Švedska, z nekaj manj kot 5 območij (BiH, Makedonija, Bolgarija, Albanija, Anglija, Belgija, Francija, Švica itd), nekatere le z glavnim mestom (Slovenija, Litva, Latvija, Estonija, Kazahstan, Srbija z Novim Sadom), nekje pa je navedeno le ime države (Finska, Danska, Butan, Nepal, Armenija itd.), zato podatki kažejo bolj na trend in splošno sliko. Vrednost YHRD baze je v velikem številu vzorcev iz posameznih krajev in območij (Gdansk 942, Ljubljana 180). V SMGF hranijo od 100 - 200 Y-DNK haplotipov iz cele Slovenije, precej manj jih je v Ysearch bazi, kjer pa so podatki (DNK zapis in večinoma tudi ime in priimek osebe ter kraj bivanja), hitro in neposredno dostopni. V YHRD bazi jih je anonimno hranjenih 180, vključno s 121, ki so objavljeni v [2].

Deleži genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Sloveniji

Slovenski vzorec, ki sva ga zbrala, vsebuje Y-DNK haplotipe 320 ljudi iz slovenskih mest in podeželja in zajema vse glavne pokrajine v Sloveniji. Haplotipi so vzeti iz spletnih baz Ysearch, SMGF, YHRD ter članka [2]. V formatu 9 lokusov (DYS 393-390-19-391-385a-385b-389i-392-389ii) sva znotraj 320 našla 192 različnih haplotipov. Pri določanju genetične skupine posameznega haplotipa sva uporabila spletna programa za ugotavljanje genetskih skupin [28] in [29] ter se oprla na DNK rezultate iz baze Ysearch, ki vsebujejo tudi podatke o genetični skupini. Pri tem sva uporabila vrednosti na vseh razpoložljivih lokusih 320 haplotipov. Preko 110 haplotipov ima analizirane vrednosti na 43 lokusih (vsi so iz Ysearch), 121 na 14 lokusih [2], 27 haplotipov na 12 lokusih in ostali večinoma na 15 - 30 lokusih. Deleže genetskih skupin slovenskih Y-DNK haplotipov, število oseb znotraj skupin in število različnih haplotipov znotraj

skupin, prikazuje Tabela 2. Variabilni del deležev predstavlja 95 % interval zaupanja, ki je odvisen predvsem od števila zbranih haplotipov in števila haplotipov znotraj posameznih genetskih skupin.

Tabela 2: Deleži genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Sloveniji

Y-DNK genetska skupina	Število oseb	Število haplotipov	Delež (%)
R1a1a	123	62	38.4 ± 5.3
I2a2	68	41	21.3 ± 4.5
R1b	51	37	15.9 ± 4.0
I1	32	15	10.0 ± 3.3
E1b1b1a	16	9	5.0 ± 2.4
G	10	10	3.1 ± 1.9
J2	9	8	2.8 ± 1.8
I2b	5	5	1.6 ± 1.4
T	3	2	0.94 ± 1.06
L	2	2	0.63 ± 0.86
H	1	1	0.31 ± 0.61
Skupaj	320	192	100

Skupino R1a1a (M17) nosi 123 Slovencev, med katerimi sva našla 62 različnih haplotipov znotraj omenjene genetske skupine, ki je z 38.44 %. najpogostejša Y-DNK skupina pri nas. V najinem slovenskem vzorcu je najpogostejši haplotip (zapis na 9 lokusih: 13-25-16-10-11-14-13-11-30) ravno iz te genetske skupine. Nosi ga 18 Slovencev. Skupino I2a2 (nekoč I1b) nosi 68 Slovencev, ki si deli 41 različnih haplotipov znotraj te skupine. Najpogostejšega med njimi nosi 8 Slovencev. Itd.

Čas do skupnih prednikov Y-DNK haplotipov iz Slovenije po Klyosovu

Izračune časa do skupnih prednikov Y-DNK haplotipov je opravil dr. kemije, biokemije in član Svetovne akademije znanosti in umetnosti Anatole Klyosov. Trdi, da je izvor R1a1a Y-DNK skupine, značilne tudi za Slovane, na jugu Sibirije pred 20 tisoč leti in da je balkanska (Srbija, Kosovo, Bosna in Hercegovina, Makedonija) R1a1a s starostjo 12 tisoč let daleč najstarejša v Evropi [15], [16]. Z Balkana naj bi se razširila proti zahodu, severu in vzhodu pred 6 do 4.5 tisoč leti. Vendar naj bi okrog leta 4500 - 4000 pred sedanjostjo skupaj z Y-DNK skupino I praktično izginila iz Evrope, kar razlaga s prihodom R1b1b2 med leti 4000 in 3600 pred sedanjostjo v Evropo (nova spoznanja, ki zanikajo paleolitsko prisotnost R1b Y-DNK skupine v Evropi) in z nenadnimi za ljudi neugodnimi podnebnimi spremembami na severni polobli pred približno 4 tisoč leti. Po

njegovem je migracija ljudi iz drugih delov Evrope na Rusko ploščo (od Belega morja na severu, Urala in Kaspijskega morja na vzhodu, Črnega morja in Kavkaza na jugu ter Karpatov in gora na jugu in zahodu Poljske na zahodu) pred 4.8 do 4.9 tisoč leti rešila njihovo R1a1a, ki naj bi se skupaj z I1 in I2a vrnili na prejšnja naselitvena območja v prvem tisočletju pred našim štetjem. Trdi, da so pred 3 do 2.5 tisoč leti od tam prišli tudi praktično vsi slovenski R1a1a haplotipi, kar posredno zanika večinski prihod naših prednikov v zgodovinski dobi. Iz zbranih 320 Y-DNK haplotipov je določil bazične haplotipe oziroma haplotipe najbližjih skupnih prednikov znotraj posameznih genetskih skupin ter izračunal čas do teh bazičnih haplotipov. Izračunani časi do skupnega prednika najpogostejših genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Sloveniji so podani v Tabeli 3. Variabilni del časov do skupnega prednika predstavlja 95 % interval zaupanja.

Tabela 3: Časi do skupnega prednika najpogostejših genetskih skupin Y DNK haplotipov v Sloveniji

Y-DNK genetska skupina	Čas do skupnega prednika (v letih)
R1a1a	3700 ± 390
I2a2	2325 ± 290
R1b	4500 ± 600
I1	3025 ± 410

Čas do skupnega prednika slovenskih R1a1a haplotipov je izračunal na osnovi vzorca 51 haplotipov z 39-timi lokusi. Ugotovil je, da je bazični haplotip teh R1a1a haplotipov v formatu 21 lokusov (DYS 393-390-19-391-385a-385b-426-388-439-389i-392-389ii-458-459a-459b-455-454-447-437-448-449) naslednji: 13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30-15-9-10-11-11-24-14-20-32. Določil je povprečno število mutacij haplotipov do bazičnega (471) in izračunal, da naj bi skupni prednik slovenske R1a1a živel pred 3700 ± 390 leti. Pri tem je upošteval, da nastane pri haplotipih s 6-timi lokusi ena mutacija v povprečju vsakih 2480 let, pri haplotipih z 12-timi lokusi vsakih 1140 let, pri haplotipih s 25 lokusi vsakih 540 let, pri haplotipih s 37 lokusi vsakih 280 let, itd. [15]. Kje je bazični haplotip živel, se samo iz tega izračuna ne da določiti. Spada pa slovenski bazični R1a1 haplotip v tako imenovano baltiško-karpatsko vejo, ki se je po njegovem pred 2600 ± 290 leti ločila od ostalih (skandinavske, srednjeevropske, zahodno slovanske, zahodno karpatske, židovske) vej. Najbolj je prisotna na Pomorjanskem (Poljska), v Litvi in na območju Karpatov. Skupni prednik zahodno slovanske R1a1a naj bi živel pred 2575 leti, prednik srednjeevropske R1a1a pa pred 2725. Poudarjava, da ne govoriva o narodih, temveč genetski skupini R1a1a.

Skupni prednik slovenskih nosilcev druge najpogostejše skupine I2a2 naj bi živel pred 2325 ± 290 leti. Izračun temelji na 31 haplotipih v formatu 39 lokusov.

Bazični haplotip te slovenske skupine v formatu 12 lokusov (DYS 393-390-19-391-385a-385b-426-388-439-389i-392-389ii) je: 13-24-16-11-14-15-11-13-13-13-11-31 in je enak bazičnemu haplotipu iz vzhodne Evrope (Poljska, Ukrajina, Belorusija, Estonija, Rusija, Litva) v starosti 2650 ± 320 let, Nemčije (2575 ± 510) in iz vse Evrope skupaj (2275 ± 380 let).

Slovensko R1b drevo je malce bolj kompleksno, saj vsebuje enega ali dva azijska R1b1b1 haplotipa. Celotno drevo vsebuje do skupnega prednika 125 mutacij na 48 haplotipih v formatu 9 lokusov. Skupni prednik R1b naj bi živel pred 4500 ± 600 leti, kar je v povprečju enako za celo Evropo. Slovenski bazični R1b haplotip (v formatu 9 lokusov) je tipični »atlantski« bazični haplotip (DYS 393-390-19-391-385a-385b-389i-392-389ii) 13-24-14-11-11-14-13-13-29.

Skupni prednik slovenske I1 naj bi glede na število mutacij na 38 lokusih 16-ih I1 haplotipov živel pred 3025 ± 410 leti. Bazični haplotip I1 v formatu 12 lokusov (DYS 393-390-19-391-385a-385b-426-388-439-389i-392-389ii) je: 13-22-14-10-13-14-11-14-11-12-11-28.

Primerjava Y-DNK haplotipov iz Slovenije s haplotipi iz drugih držav

Podatki za Slovenijo so vzeti iz YHRD, SMGF in Ysearch internetnih baz, medtem, ko se vrednosti za ostale populacije nanašajo le na podatke iz YHRD baze. 192 haplotipov, ki jih nosi 320 prebivalcev iz vse Slovenije, sva januarja in februarja 2010 primerjala z več kot 80 tisoč haplotipi iz 100 držav v bazi YHRD na devetih lokusih: DYS 19a-385a- 385b-389i-389ii-390-391-392-393. Podatkov za ZDA nisva upoštevala, ker se nama zaradi učinka »talilnega lonca« za to raziskavo niso zdeli smiselni. V Tabeli 4 so prikazana mesta z najvišjim deležem prebivalstva, ki nosi Y-DNK haplotipe, kot sva jih našla v Sloveniji.

Glede na rezultate živi v češkem mestu Karlovi Vari največ ljudi, s katerimi si Slovenci delimo enake haplotipe iz R1a1a, R1b in I2a2 skupin skupaj. V glavnem mestu Slovaške, Bratislavi, živi skoraj 40 % ljudi, s katerimi si Slovenci delimo enake haplotipe iz skoraj vseh glavnih za Evropo značilnih skupin skupaj. Homogenost Slovencev s Slovaki, Poljaki in Rusi potrjuje tudi raziskava [30]. Bratislavi sledita Hrvaška in Rusija, vendar predvsem zaradi deleža ljudi, ki nosijo haplotipe iz I2a2 (Hrvaška) in R1a1a (Rusija) skupine. Tudi Poljakom dvigujejo delež predvsem haplotipi iz skupine R1a1a skupine, vendar pa je v skoraj vseh omenjenih poljskih mestih v Tabeli 4 sicer majhen, pa vendar, tudi delež haplotipov iz skoraj vseh ostalih glavnih evropskih genetskih skupin (R1b, I2a2, I1, E1b1b1a). Enako velja za Kijev in Luhans'k v Ukrajini. Največ ljudi, ki nosi slovenske R1a1a haplotipe sva našla med Belorusi, Poljaki, Slovaki,

Ukrajinci, Rusi in Čehi. Slovenske I2a2 haplotipe nosi največ prebivalcev Hercegovine, prebivalcev beloruskega mesta Brest, Hrvatov in Srbov, R1b haplotipe prebivalci severne Španije, Velike Britanije, Belgije, Nizozemske in severne Italije, I1 haplotipe pa prebivalci Skandinavije, Nemčije, Švice in Avstrije. V Tabeli 5 so po genetskih skupinah prikazana mesta v Evropi z najvišjim deležem prebivalstva, ki nosi Y-DNK haplotipe, kot sva jih našla med 320 prebivalci Slovenije. Na Sliki 1 so ta mesta prikazana na zemljevidu Evrope.

Tabela 4: Mesta v Evropi z najvišjim skupnim deležem prebivalstva, ki nosi katerega od Y-DNK haplotipov, kot sva jih našla pri 320 prebivalcih Slovenije

Mesto	**Država**	**Število ljudi**	**Delež (%)**
Karlovi Vari	Češka	18/31	58.06
Južna Hrvaška	Hrvaška	96/220	43.64
Zakopane	Poljska	3/7	42.86
Zagreb	Hrvaška	64/150	42.67
Moravska in Šlezija	Češka	46/115	40
Bratislava	Slovaška	65/164	39.63
Belgorod	Rusija	14/37	37.86
Moskva	Rusija	32/85	37.65
Ivanovo	Rusija	15/40	37.50
Luhans'k	Ukrajina	33/88	37.50
Varšava	Poljska	143/393	36.39
Nowy Sacz	Poljska	41/114	35.96
Vzhodna Hrvaška	Hrvaška	78/220	35.45
Krakov	Poljska	72/207	34.78
Volot	Rusija	11/32	34.37
Severna Hrvaška	Hrvaška	75/220	34.09
Szczecin	Poljska	35/105	33.33
Centralna Hrvaška	Hrvaška	72/220	32.73
Nowy Targ	Poljska	17/52	32.69
Bydgoszcz	Poljska	134/411	32.60
Visočina	Poljska	13/40	32.50
Južna Češka	Češka	36/111	32.43
Pizen	Češka	20/62	32.26
Zahodna Hrvaška	Hrvaška	70/220	31.82
Kijev	Ukrajina	83/266	31.20
Tula	Rusija	13/42	30.95
Praga	Češka	196/645	30.39

Tabela 5: Mesta (prvih 13) z najvišjim deležem prebivalstva, ki nosi katerega od Y-DNK haplotipov, kot sva jih našla v Sloveniji znotraj posameznih genetskih skupin

Y-DNK genetska skupina	Mesto	Država	Število ljudi s Slovenskimi haplotipi/število ljudi v vzorcu	Število različnih slovenskih haplotipov v vzorcu	Delež (%)
R1a1a	Krupki	Belorusija	9/22	7	40.91
	Karlovi Vari	Češka	10/31	8	32.26
	Ivanovo	Rusija	12/40	7	30
	Mahilev	Belorusija	8/27	7	29.63
	Krasnodar	Rusija	16/55	12	29.09
	Zakopane	Poljska	2/7	2	28.57
	Haradok	Belorusija	10/36	10	27.78
	Nowy Sacz	Poljska	30/114	11	26.31
	Bratislava	Slovaška	43/164	17	26.22
	Varšava	Poljska	100/393	32	25.44
	Svietlahovsky	Belorusija	10/40	6	25
	Szczecin	Poljska	26/105	15	24.76
	Moskva	Rusija	21/85	11	24.70
I2a2	Mostar	BiH	16/34	7	47.06
	J. Hrvaška	Hrvaška	70/220	12	31.82
	Brest	Belorusija	8/32	7	25
	Vzh. Hrvaška	Hrvaška	45/220	13	20.45
	Novi Sad	Srbija	43/215	15	19.99
	Ivanava	Belorusija	7/35	5	19.99
	Zah. Hrvaška	Hrvaška	43/220	14	19.54
	Zagreb	Hrvaška	28/150	13	18.67
	Constanta	Romunija	6/36	5	16.67
	C. Hrvaška	Hrvaška	35/220	8	15.91
	Svietlahovsky	Belorusija	6/40	4	15
	Vlaška	Romunija	6/42	4	14.28
	Kogalnicea	Romunija	6/42	4	14.28
R1b	S. Španija	Španija	43/168	7	25.59
	Pireneji	Španija	27/134	8	20.15
	Birmingham	Anglija	18/97	7	18.57
	-	Irska	28/155	8	18.06
	Leuven	Belgija	20/114	7	17.54
	Brescia	Italija	17/106	8	16.04
	-	Belgija	18/113	9	15.93
	Leiden	Nizozemska	15/97	6	15.46
	Lombardija	Italija	26/182	9	14.28
	Strasbourg	Francija	14/99	6	14.14
	London	Anglija	40/287	14	13.94
	Zaragoza	Španija	16/120	7	13.33
	Asturija	Španija	12/90	7	13.33
I1	-	Švedska	41/400	6	10.25
	Dusseldorf	Nemčija	15/150	5	10
	-	Finska	85/909	6	9.35

	-	Islandija	9/100	5	9
	-	Danska	22/248	7	8.87
	-	Švica	12/150	7	7.99
	Salzburg	Avstrija	14/248	5	7.95
	Muenster	Nemčija	15/196	8	7.65
	J. Norveška	Norveška	6/79	3	7.59
	V. Norveška	Norveška	35/493	7	7.01
	Stuttgart	Nemčija	41/613	8	6.69
	Munchen	Nemčija	16/281	5	5.69
	C. Norveška	Norveška	18/317	6	5.68

Na sliki Evrope so prikazani kraji z najvišjim odstotkom prebivalstva, ki nosijo slovenske haplotipe iz različnih Y-DNK skupin. Najvišji odstotek ljudi s slovenskimi R1a1a haplotipi najinega vzorca živi v krajih zahodno in vzhodno slovansko etničnega naselitvenega območja. Slika je premajhna, zato ruska kraja Ivanovo in Krasnodar na njej nista označena. Slovenske I2a2 haplotipe nosi v Evropi manj ljudi kot haplotipe R1a1a (izjema je Mostar, ki ima absolutno najvišji delež). Največ ljudi s slovenskimi I2a2 haplotipi je na Hrvaškem, v Srbiji (žal je zastopana samo z Novim Sadom), nekaterih krajih Belorusije in Romunije. Slovenske R1b haplotipe nosijo Evropejci v še nižjem odstotku (le Romunija ima manjši delež v I2a2 skupini). Največ jih je med prebivalci severne Španije, Velike Britanije, Belgije, Nizozemske, severne Italije, Francije. Slovenske I1 haplotipe nosi v Evropi najmanjši odstotek ljudi. Še največ jih živi v Skandinaviji, Nemčiji, Švici in Avstriji.

Slika 1: Mesta v Evropi z najvišjim deležem prebivalstva, ki nosi katerega od Y-DNK haplotipov, kot sva jih našla v Sloveniji znotraj posameznih genetskih skupin. R1a1a (krožci - 38.44 %), I2a2 (kvadratki- 21.25 %), R1b (trikotniki - 15.94 %), I1 (križci - 10.00 %)

Primerjavo slovenskih haplotipov iz genetskih skupin E1b1b1a, J2 in G zaradi majhnega števila navajava le na splošno: V E1b1b1a smo si sorodni z Albanci, Makedonci, Bolgari, s severnimi Grki, v J2 z Italijani, Makedonci, Nemci, s Čehi, v G s Španci, Čehi, z Italijani itd. Države z najvišjim številom različnih Y-DNK haplotipov kot sva jih našla v Sloveniji so prikazane v Tabeli 6.

Tabela 6: Države z najvišjim številom različnih Y-DNK haplotipov (N=192) kot sva jih našla v Sloveniji

Država	**Število haplotipov**	**Delež (%)**
Poljska	116	60.42
Nemčija	111	57.81
Češka	92	47.92
Hrvaška	83	43.23
Rusija	77	40.10
Slovaška	63	32.81
Madžarska	61	31.77
Ukrajina in Italija	59	30.73
Norveška	58	30.21

Največ različnih haplotipov iz vseh genetskih skupin si glede na rezultate delimo predvsem s Poljaki in Nemci. Veliko tudi s Čehi, Hrvati in Rusi, malce manj s Slovaki, z Madžari, Ukrajinci, Italijani in Norvežani. Upoštevala sva vsak haplotip, ki sva ga v populaciji (baza YHRD) našla vsaj enkrat.

Države in mesta haplotipov iz Slovenije, ki so redko najdeni drugje (v še največ petih krajih) so prikazani v Tabeli 7. Največ redkih haplotipov iz skupin R1a1 in I2a2 sva našla na Poljskem, kjer izrazito prevladuje mesto Vroclav. Morda je pomenljivo, da so na Hrvaškem najdeni redki haplotipi predvsem na njenem vzhodnem in deloma severnem delu, čeprav ne v I2a2 skupini, kar bi sicer lahko pričakovali glede na geografsko bližino in območje nastanka te skupine. Nobenega nisva našla med srbskimi, bošnjaškimi, makedonskimi vzorci. To se morda sklada z ugotovitvami, da so Srbi in Črnogorci genetsko podobni zahodnim Hrvatom in Bošnjakom, se pa pomembno razlikujejo od Slovencev [31]. Več redkih I2a2 haplotipov je znotraj raziskanih populacij celo v Nemčiji in v že prej omenjenima Slovaški in Poljski.

Tabela 7: Države in mesta haplotipov iz Slovenije, ki so redko najdeni drugje

Y-DNK genetska skupina	Država	Mesto	Število oseb
R1a1a	Poljska	Vroclav	5 oseb nosi 3 različne haplotipe
	Poljska	Gdansk	1
	Poljska	J Poljska	1
	Poljska	JV Poljske	1
	Poljska	Varšava	1
	Poljska	Lisagora	1
	Poljska	Jaroslav	1
	Poljska	Szczecin	1
	Slovaška	V Slovaška	1
	Srbija	Slovaki iz Novega Sada	1
	Češka	Praga	2 osebi nosita 2 različna haplotipa
	Rusija	Borisoglebsky	1
	Italija	Videm	1
	Norveška	S Norveška	1
	Švedska	-	1
	Belgija	-	1
	Turčija	-	1
	Sirija	-	1
	Šrilanka		1
I2a2	Poljska	Vroclav	2 osebi nosita 2 različna haplotipa
	Poljska	Gdansk	1
	Poljska	Nowy Sacz	1
	Slovaška	-	1
	Romunija	Slovaki iz Bihorja	1
	Nemčija	Mainz	1
	Nemčija	Muenster	1
	Ukrajina	Kijev	1
	Madžarska	Tiszoroff	1
R1b	Hrvaška	V Hrvaška	1
	Hrvaška	S Hrvaška	1
	Nemčija	Berlin	1
	Ukrajina	Uzhgorod	1
	Avstrija	Salzburg	1
I1	Avstrija	Dunaj	1
E1b1b1a	Slovaška	Romi v V Slovaški	1
	Nemčija	Munchen	1
G	Italija	Modena	1
	Italija	S Sardinija	1
	Rusija	Kabardino - Bakaria	1
	Hrvaška	V Hrvaška	1
	Venezuela	-	1
	Španija	Asturija	1
	Kuvajt	-	1
J2	Italija	Ravena	1
	Italija	Latium	1
	Hrvaška	V Hrvaška	1
	Mehika	-	1
T	Avstrija		1
	Argentina		1
	Kolumbija		1

V Italiji so najdeni predvsem redki haplotipi iz J2 in G genetskih skupin. Za prikaz redko najdenih slovenskih haplotipov sva se odločila zato, da prikaževa tako najpogosteje in najredkeje najdene haplotipe drugje po svetu. S tem lahko primerjamo območja najdb iz obeh kategorij med seboj. Prav tako nam morda najdba slovenskega haplotipa zgolj še na nekaj krajih kaže na njun skupen nedaven izvor. Haplotip morda še ni imel dovolj časa za svojo razširitev. Največ redkih haplotipov sva našla na Poljskem, kjer izrazito prevladuje mesto Vroclav.

Izvor najpogostejših mtDNK genetskih skupin v Evropi

V Tabeli 8 so prikazani deleži najpogostejših genetskih skupin mtDNK haplotipov v Evropi [32] v %. V Tabeli 8 ni podanih deležev genetskih skupin v Sloveniji, ki so podrobno predstavljeni Tabeli 9.

Kromanjonske Evropejke so verjetno nosile mtDNK skupine HV, H in V ter U5a. Čeprav so marsikatere od njih zelo pogoste med današnjimi Evropejkami pa vsaj nekatere študije ne kažejo na prevladujočo kontinuiteto s paleolitskim prebivalstvom celine [33].

Genetska skupina H je nastala pred 30 tisoč leti na Bližnjem vzhodu ali na jugu Evrope in je daleč najpogostejša skupina v vsej Evropi (40 - 50 %) [34]. Veliko jo je tudi v severni Afriki in na Bližnjem vzhodu. Po Evropi naj bi se razširila pred 20 - 25 tisoč leti. Med ledeno dobo naj bi del pripadnic te genetične skupine našle zatočišče na Iberijskem polotoku oziroma v južni Franciji [35], [36]. V paleolitskih vzorcih so jo našli bolj na jugu Evrope, medtem ko so našli U skupino bolj v centralni Evropi ter na vzhodu in severu.

Genetska skupina U naj bi nastala v Zahodni Aziji pred 55 tisoč leti [37]. Gre predvidoma za najstarejšo mtDNK genetsko skupino v Evropi, ki naj bi prišla v Evropo pred zadnjo ledeno dobo skupaj s prvimi lovci in nabiralci preko bližnjega vzhoda in Balkana [36]. Po mnenju strokovnjakov iz »Genographic project« pa naj bi genetska skupina U prišla v Evropo iz zahodne Azije [38]. Značilne za Evropo so U5, U4 (povezava z moško skupino R1a), U3 (povezava z R1b) in U8/K. Med najstarejšimi mtDNK skupinami, ki so jih našli v paleolitskih kosteh modernega človeka v Evropi, kot tudi v mezolitskih: Anglija, Nemčija, Litva, Poljska, Portugalska, Rusija, je U5. Največ jo je (U5b) na severu Evrope, 30 - 50 % (Sami). V današnjih Evropejkah je v povprečju prisotna z 11 % in je stara približno 25 tisoč let.

Tabela 8: Deleži najpogostejših genetskih skupin mtDNK haplotipov v Evropi v %

Država/Genetska skupina	H	U	(U2)	(U3)	(U4)	(U5)	K	T	J	V
Albanija	51.5	14.5	(0)	(0)	(5)	(8.5)	2.5	6.5	7	1
Anglija	42	14	(0.5)	(0)	(3)	(8)	9.5	11	9	3.5
Avstrija	44.5	12	(1)	(1)	(4)	(7)	10.5	8.5	12	3
Belgija	40	22	(0)	(0)	(6)	(12)	13	10	4	6
Bolgarija	38	20	(0)	(10)	(6.5)	(3.5)	13	6.5	10	0
Bosna-Hercegovina	45	15.5	(1)	(0)	(4)	(6.5)	6	4.5	7.5	5
Češka	41	20	(0.5)	(1.5)	(1.5)	(15)	3	11	11	3
Danska	39.5	22	(8)	(0)	(4)	(8)	10.5	12	2.5	2.5
Estonija	43.5	24.5	(1)	(0)	(7)	(16)	2.5	8	10	4
Finska	40	25	(2)	(0)	(2.5)	(18)	3	4	5	6.5
Francija	40.5	18.5	(2)	(1)	(2.5)	(9.5)	8	11.5	6	2.5
Grčija	38	11.5	(0)	(0)	(0)	(1.5)	6	10	14.5	0
Hrvaška	44	14	(2)	(1)	(1.5)	(10.5)	5	7.5	10	5
Irska	38.5	13	(2)	(0.5)	(2.5)	(6)	11	12	10	4
Islandija	46	15.5	(0)	(3)	(2)	(9.5)	7.5	10	11	1.5
Italija	33.5	14	(1)	(3)	(2)	(7)	7	12	7.5	4.5
Latvija	45	23	(3)	(2)	(9)	(9)	2.5	9	6.5	3
Litva	46	18	(2)	(1.5)	(5)	(9.5)	2.5	10	8	4.5
Madžarska	47	17.5	-	-	-	-	2	6	12	1
Makedonija	43.5	13.5	(1)	(2)	(3.5)	(6)	4.5	11	11.5	4.5
Nemčija	41.5	15	(1)	(1)	(2.5)	(9.5)	9	11	9	3.5
Nizozemska	45	16	(1.5)	(0)	(6.5)	(7.5)	10	14	11	8
Norveška	42	16.5	(3)	(0)	(3)	(10)	6.5	11	12	4
Poljska	46	16	(1)	(0.5)	(5)	(8.5)	3.5	11.5	8	5
Portugalska	44.5	14	-	(2)	(5.5)	(3)	7.5	11	6	4
Romunija	39	10.5	(2)	(1)	(1)	(3.5)	7	8	14	2
Rusija	42	20	(1.5)	(0.5)	(6)	(12)	3	10	8	5
Adygey (S. Kavkaz)	22	32	(4)	(14)	(4)	(8)	2	14	4	0
Bashkirs (Volga-Ural)	22	25.5	(2)	(0)	(15)	(7.5)	2.5	3	6	2
Volga-Finska	20	27	(0)	(0)	(15)	(12)	3	12	3	3
Srbija	41	20.5	(1.5)	(1)	(7)	(9.5)	4.5	5	7	5
Škotska	42.5	13	(1.5)	(1)	(2.5)	(7)	6.5	11.5	14	3.5
Španija	54	10	(0.5)	(0.5)	(4)	(5.5)	5	8	6	5
Švedska	48	16	(2.5)	(0)	(7)	(6.5)	3	12.5	9.5	6.5
Švica	36.5	16.5	(1)	(0)	(5.5)	(8.5)	10	13.5	5	3
Ukrajina	39	21	(0)	(1)	(4)	(11)	3	7	12	5.5
Wales	43	10	(0.5)	(0.5)	(0.5)	(4.5)	9.5	11	9.5	1.5

Genetska skupina K je podskupina U8 in se je razvila na Bližnjem vzhodu pred 16 tisoč leti [39]. Značilna je za SZ in centralno Evropo, Anatolijo in južni del Arabskega polotoka. Iz Anatolije in Grčije se je drugam po Evropi razširila v neolitiku, najbrž skupaj z mtDNK skupinami J in T ter z Y-DNK skupinami E1b1b, J2 in T.

Ženska skupina T je nastala pred 12 tisoč leti v Mezopotamiji ali njeni bližini [40]. Veliko T1 je SV Afriki, Anatoliji in Bolgariji, T2 pa na SV Evrope in okoli Egejskega morja.

Skupina J je zelo stara, nastala je pred 45 tisoč leti na Bližnjem vzhodu ali Kavkazu [41]. Kljub temu je verjetno J najmlajša mtDNK genetska skupina v Evropi, ki naj bi prišla v Evropo po koncu zadnje ledene dobe, v času mezolitika ali neolitika, skupaj s prvimi kmetovalci z bližnjega vzhoda [35], [36]. Veliko jo je tudi v centralni Aziji, v okolici Kaspijskega in Črnega morja, zato jo povezujejo tudi s kasnejšimi migracijami predvsem »R1b« Indo-Evropejcev. J1 je veliko na Bližnjem vzhodu, centralni Aziji, Ukrajini. V Evropi je ta skupina še najbolj prisotna, medtem ko je J2 omejena bolj na mediteranski del, čeprav se nekatere njene podskupine pojavljajo tudi v Skandinaviji in Veliki Britaniji.

Pred-neolitska skupina V je verjetno nastala pred 15 tisoč leti na Iberskem polotoku in se je kasneje razširila tudi v Skandinavijo [42]. Pri Samih je prisotna v 40 %, relativno veliko jo je tudi na severu Španije, na Nizozemskem, otokih Hrvaške, Sardiniji ter v Magrebu.

Spletni viri mtDNK haplotipov

Največja podatkovna baza za mtDNK haplotipe je Mitosearch [43], v kateri je vpisanih okoli 110 tisoč oseb, veliko pa jih ima analiziranih žal le prvo območje HV1. So pa v bazi SMGF dostopni podatki za več kot 70 tisoč žensk iz 168 držav na treh območjih: HV1, 2 in 3. Slovenija je zastopana z najmanj 178 ženskami. Podatek o številu DNK vzorcev iz Slovenije na spletni strani SMGF ni točen, ker je kar nekaj slovenskih vzorcev umeščenih med avstrijske in madžarske, verjetno zaradi nekdanje umeščenosti sedanjega slovenskega ozemlja znotraj Avstro-Ogrske.

Deleži genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji

Za določitev deležev genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji je bilo najprej potrebno zbrati čim večje število mtDNK haplotipov Slovenk. Te haplotipe sva zbrala iz člankov in spletnih baz. Iz članka [8] sva vzela 104 haplotipe, iz članka [9] sva jih vzela 129 in na spletnih bazah SMGF in Mitoserach sva našla še 96 mtDNK haplotipov. Skupaj sva tako zbrala 329 nekoleriranih mtDNK haplotipov iz cele Slovenije.

Zbrane haplotipe je bilo potrebno ustrezno urediti in jih razvrstiti v genetske skupine. Na primer, haplotipi iz članka [8] niso vsebovali oznak aminokislin (A, C, T, G), zato sva morala te oznake določiti sama. Izbrala sva tiste oznake, ki so običajne za mutacije v mtDNK haplotipih iz Slovenije. Haplotipi iz članka [9] in iz spletne baze SMGF niso bili razvrščeni v genetske skupine, zato sva jih morala razvrstiti sama. Razvrstila sva jih z uporabo spletnega programa za ugotavljanje mtDNK genetskih skupin [44]. Deleži genetskih skupin mtDNK haplotipov v

Sloveniji, ki sva jih dobila, skupaj s 95 % intervali zaupanja, so prikazani v Tabeli 9.

Tabela 9: Deleži genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji

mtDNK genetska skupina	Število oseb	Delež (%)
H	147	44.7 ± 5.4
U	53	16.1 ± 4.0
J	31	9.4 ± 3.2
T	31	9.4 ± 3.2
K	19	5.8 ± 2.5
V	15	4.6 ± 2.3
HV	9	2.7 ± 1.8
W	9	2.7 ± 1.8
X	7	2.1 ± 1.6
I	7	2.1 ± 1.6
A	1	0.30 ± 0.59
Skupaj	329	100

Kot vidimo, imamo v Sloveniji veliko različnih mtDNK genetskih skupin. Najpogostejša je skupina H, v katero spada okoli 44.68 ± 5.37 % Slovenk. Druga najpogostejša mtDNK genetska skupina je U. V to skupino spada 16.11 ± 3.97 % Slovenk. Sledita ji genetski skupini J in T s po 9.42 ± 3.16 %, skupina K s 5.78 ± 2.52 %, skupina V s 4.56 ± 2.25 % in HV s 2.74 ± 1.76 %. Ostalih, manj pogostih genetskih skupin (W, X, I, A), na tem mestu ne bova podrobneje opisovala. Primerjava s Tabelo 8 kaže, da so deleži genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji razmeroma podobni kot v drugih evropskih državah. Prav tako se kaže, da so razlike v deležih genetskih skupin mtDNK haplotipov med evropskimi državami manjše kot v deležih genetskih skupin Y-DNK haplotipov.

Čas naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije

Najin glavni cilj je bil iz zbranih mtDNK haplotipov izračunati približni čas naselitve ženskih populacij na prostoru Slovenije. Čas naselitve sva izračunala na enak način, kot je to storil Sykes [45] za območje Irske. Vsak mtDNK haplotip iz Slovenije sva primerjala s haplotipi iz spletnih baz SMGF in Mitoserach. S primerjavo mtDNK haplotipov sva ugotovila, da ima 127 žensk iz najinega vzorca haplotipe, ki so unikatni samo za Slovenijo in jih drugje ni najti. Za vsakega od teh haplotipov sva nato preštela, v najmanj koliko mutacijah se razlikuje od vseh ostalih haplotipov iz spletnih baz. Velja, da več kot ima neka genetska skupina unikatnih mutacij, tem dlje je prisotna na določenem prostoru. Ob predpostavki, da je hitrost mutacij v povprečju ena mutacija na 20000 let na 400 analiziranih mestih HV območja [45] in ob upoštevanju števila unikatnih mutacij, sva lahko izračunala povprečni čas naselitve na prostoru Slovenije za

vsako genetsko skupino in za vse haplotipe skupaj. Hitrost mutacij, ki sva jo upoštevala, je bila določena na osnovi filogenetskih študij. Oceno hitrosti mutacij pa je mogoče določiti tudi na osnovi števila mutacij iz rodovnika populacije [46]. Izračunani povprečni časi naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije in standardne deviacije časov naselitve so prikazani v Tabeli 10.

Tabela 10: Povprečni časi naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije in standardne deviacije časov naselitve

mtDNK genetska skupina	**Število oseb**	**Povprečni čas naselitve (v letih pred sedanjostjo)**	**Standardna deviacija časa naselitve (v letih)**
H	147	4834 ± 1156	8469
U	53	8016 ± 2376	10329
J	31	4554 ± 2109	6917
T	31	6006 ± 2642	8667
K	19	6202 ± 3680	9250
V	15	2063 ± 1969	4330
HV	9	-	-
W	9	7533 ± 4888	7886
X	7	22113 ± 10516	14318
I	7	16129 ± 6668	9078
A	1	-	-
Skupaj	329	5918 ± 832	9143

Dobljeni povprečni časi naselitve so podobni tistim, ki jih je Sykes dobil za Irsko [45]. Izračuni kažejo, da naj bi se naše prednice naselile na prostoru Slovenije v povprečju pred 5900 ± 850 leti. Nekatere genetske skupine naj bi se naselile pred tem, druge pa kasneje. Pri ženskih populacijah bi lahko predpostavili, da je naseljevanje potekalo enakomerno, saj so genetske prevlade posameznic nad drugimi možne le ob večjih podnebnih spremembah ali v zelo dolgem obdobju. V tem primeru bi veljalo, da so se prve ženske naselile na tem prostoru že pred približno 12000 leti (dvakratnik povprečnega časa naselitve) in da se jih je polovica naselila pred 6000 leti, ostala polovica pa kasneje. Med prvimi naj bi se na prostoru Slovenije začele naseljevati pripadnice genetske skupine U, verjetno kmalu po zadnji ledeni dobi, v povprečju pa pred 8000 ± 2400 leti. Najpogostejša skupina H naj bi se naselila na tem prostoru v povprečju pred 4850 ± 1150 leti. Genetska skupina J naj bi prišla na prostor Slovenije najkasneje, v povprečju pred 4550 ± 2100 leti, skupina T v povprečju pred 6000 ± 2650 leti in skupina K v povprečju pred 6200 ± 3700 leti. Zaradi majhnega števila haplotipov znotraj genetskih skupin dobimo pri skupini V nerealen čas naselitve, pri ostalih skupinah (HV, W, X, I, A) pa dobimo zelo velike intervale nezaupanja. Kljub nezanesljivosti izračunanega časa naselitve za nekatere genetske skupine je skupno število haplotipov dovolj veliko, da je ocena skupnega povprečnega časa naselitve žensk na prostoru Slovenije dovolj zanesljiva. Rezultati kažejo, da so se

potomke žensk, ki so se naselile na tem prostoru kmalu po zadnji ledeni dobi, ohranile vse do danes.

Razprava

Slovenci se po časih do skupnih prednikov Y-DNK genetskih skupin ne razlikujemo bistveno od ostalih Evropejcev [16]. Izračunani časi do skupnih prednikov teh genetskih skupin kažejo, kdaj naj bi ti predniki živeli, nič pa ne povedo o tem, kje naj bi živeli in kdaj naj bi se naselili na prostoru Slovenije. Verjetno pa velja, da so povprečni časi naselitve Y-DNK genetskih skupin na prostoru Slovenije krajši kot izračunani časi do njihovih skupnih prednikov. Za bolj natančno določitev časov naselitve Y-DNK genetskih skupin na prostoru Slovenije pa bo potrebno opraviti nadaljnje raziskave.

Opozoriti je tudi potrebno, da lahko dobimo pri izračunih časov naselitve na osnovi moških Y-DNK haplotipov prenizke vrednosti zaradi genetskih prevlad posameznikov nad drugimi, ki so se v preteklosti pogosto dogajale (vojne, zasužnjevanje, itd.). Takšne prevlade zmanjšujejo pestrost Y-DNK haplotipov in posledično tudi genetske razdalje med njimi. Zaradi tega Sykes [45] svetuje, da je za ocenjevanje starosti naselitve na določenenem prostoru bolj primerno uporabiti ženske mtDNK haplotipe, saj pri ženskah takšne genetske prevlade niso tako pogoste.

Ob tem želiva pripomniti, da med genetiki še ni soglasja glede večinskega paleolitskega izvora Evropejcev. Novejše Y-DNK raziskave kažejo, da je večina sedanjih zahodnih Evropejcev potomcev iz neolitika in bronaste dobe [47], pa tudi na njihov paleolitski evropski izvor [48].

Do nedavnega je kazalo, da nosijo Evropejke večinoma paleolitske genetske skupine, ki segajo nekatere celo 25 tisoč let v preteklost in več [47]. Zadnje mtDNK raziskave vzbujajo dvom o prevladujoči kontinuiteti sedanjih Skandinavk s paleolitskimi prednicami [49]. Ali to velja tudi za preostalo Evropo ali le nekatera njena območja, bodo pokazale prihodnje raziskave.

Izračuni časov do skupnih prednikov in časov naselitve temelje na sedanjih genetskih podatkih in predpostavljenih časih mutacij in ne nudijo vpogleda v genetsko sliko sveta, denimo v kameni, bronasti ali železni dobi. Kažejo torej sedanjo sliko. Rezultati temeljijo tudi na zelo majhnih vzorcih iz posameznih držav (Srbija, Francija) z razliko od sicer številnih vzorcev iz Poljske, Češke in Rusije, kar seveda lahko izkrivlja sliko. Rezultati bi bili bolj natančni, če bi za analizo vseh Y-DNK haplotipov imela možnost primerjave na vsaj 30 lokusih.
Izračunani časi naselitve Slovenije seveda ne pomenijo, da pred tem tukaj niso bivali ljudje. Arheologi so v Sloveniji samo v zadnjem desetletju raziskali ali

zaznali 94 novih najdišč iz dobesedno vseh arheoloških obdobij, od starejše kamene dobe do zgodnjega srednjega veka, raziskanih pa je bilo tudi nekaj najdišč visokega srednjega in novega veka. Manjkajo le močnejši sledovi iz obdobja 5. in 6. stoletja, čeprav lahko med ostalinami poznoantičnega časa najdemo tudi posamične predmete tega časa [50].

Primerjava posameznih Y-DNK haplotipov iz teh genetskih skupin nas umešča v veliko evropsko družino, saj je več kot 38 % (R1a1a) Slovencev, glede na število ljudi, ki nosi slovenske haplotipe drugje, tesno genetsko povezana z zahodno in vzhodno slovanskim svetom, okoli 30 % (I2a2, J2, G, E1b1b) s prebivalci Balkana in južne Evrope, od 16 - 20 % (R1b) s prebivalci zahodne Evrope ter vsaj 10 % (I1) s prebivalci centralne in severne Evrope.

V najinem referatu sva lahko prikazala le sedanjo splošno DNK sliko Slovenije. Zanimivo bi jo bilo raziskati po posameznih regijah in krajih, saj deleži genetskih skupin niso enakomerno razporejeni po prostoru. V avstrijskem Gradcu denimo 42.9 % prebivalstva nosi skupino R1a1a (kar je celo več kot v Sloveniji na splošno), na Tirolskem pa 12.5 %. V nemškem mestu Leipzig 27.1 %, a v Muensteru le 7.8 %. V italijanski pokrajini Lombardija 0 %, v Venetu in Casarni 10 %. V francoskem mestu Strasbourg 11.8 %, a v Lyonu 5.1 %. Na Šetlandskih otokih 23 %, v Castlereji (Irska) 0 % in podobno (glej Tabelo 1) [11].

Leta 2009 odkrite podskupine R1a1a7 [12] izven Evrope praktično ni. Svoj vrh ima v južni in centralni Poljski (preko 30 %), njen delež pa pada v smeri oddaljevanja od tega območja, najbolj izrazito preko Urala in proti jugu, čeprav jo je v vzhodno centralni Ukrajini (Dnipropetrovs'k) še vedno 22.8 % (drugje manj). Razvila se je v zgodnjem holocenu verjetno na Poljskem, k nam pa je lahko najprej prišla šele pred 2600 leti. Izračunani časi skupnih prednikov celotne slovenske R1a1a (pred 3700 leti) in R1a1a7 (pred 2600 leti) kažejo na vsaj dva vala moških naselitev v zadnjih 4000 letih. Slovenska R1a1a spada v glavnem v starejšo skupino. V Sloveniji so v študiji [12] na dveh lokacijah namreč našli le 2.8 % R1a1a7. Zastavlja se torej vprašanje: Mar ne bi Slovenci, če bi prišli šele v prejšnjem tisočletju iz območja srednjega Dnepra, kamor so [51] v svoji genetski študiji postavili skupno domovino Rusov, Belorusov, Poljakov, Slovakov, Slovencev in zahodnih Hrvatov, s seboj prinesli več R1a1a7 skupine?

Zaključek

Rezultati analize Y-DNK haplotipov iz Slovenije kažejo, da med moškimi prevladuje genetska skupina R1a1a (38.44 ± 5.33 %), druga najpogostejša skupina je I2a2 (21.25 ± 4.48 %), sledijo si R1b (15.94 ± 4.01 %), I1 (10.00 ± 3.29 %), E1b1b1a (5 ± 2.39 %), G (3.13 ± 1.91 %), J (2.81 ± 1.81 %), itd. Izračuni Klyosovova kažejo, da slovenski R1a1a haplotipi spadajo v baltiško-karpatsko vejo. Skupni prednik

slovenske R1a1a naj bi živel pred 3700 ± 390 leti, prednik I2a2 pred 2325 ± 290 leti, R1b pred 4500 ± 600 leti in I1 pred 3025 ± 410 leti.

Primerjava slovenskih Y-DNK haplotipov s haplotipi iz drugih držav kaže, da slovenske R1a1a haplotipe nosi največ Belorusov, Poljakov, Slovakov, Ukrajincev, Rusov in Čehov. I2a2a haplotipe nosi največ prebivalcev Hercegovine (BiH), južne Hrvaške, nekaterih krajev Belorusije, še posebej Bresta, ostale Hrvaške, Srbije, nekaterih krajev Romunije, R1b haplotipe nosi največ prebivalcev severne Španije, Velike Britanije, Nizozemske, Belgije in severne Italije, I1 haplotipe nosi največ prebivalcev Skandinavije, Nemčije, Švice in Avstrije. V E1b1b1a smo si bolj sorodni z Albanci, Makedonci, Bolgari, s severnimi Grki, v J2 z Italijani, Makedonci, Nemci, s Čehi, v G s Španci, Čehi, z Italijani itd. Primerjava tudi kaže, da si največ *različnih* haplotipov delimo s Poljaki, Nemci, Čehi, Hrvati in Rusi. V Sloveniji najdeni haplotipi, ki so v svetu zelo redki, so večinoma iz Poljske, še posebej iz mesta Vroclav.

Analiza mtDNK haplotipov iz Slovenije kaže, da je med ženskami najbolj pogosta genetska skupina H (44.68 ± 5.37 %), sledijo si U (16.11 ± 3.97 %), J in T (9.42 ± 3.16 %) ter K (5.78 ± 2.52 %). Izračunani časi naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije kažejo, da naj bi se prednice današnjih Slovenk naselile na tem prostoru v povprečju pred 5900 ± 850 leti. Med prvimi naj bi se naselila skupina U, verjetno kmalu po zadnji ledeni dobi, v povprečju pa pred 8000 ± 2400 leti. Najpogostejša skupina H naj bi se naselila v povprečju pred 4850 ± 1150 leti, skupina J naj bi prišla na ta prostor verjetno najkasneje, v povprečju pred 4550 ± 2100 leti, skupina T v povprečju pred 6000 ± 2650 leti in skupina K v povprečju pred 6200 ± 3700 leti. Rezultati kažejo, da so se potomke nekaterih žensk, ki so se naselile na tem prostoru kmalu po zadnji ledeni dobi, ohranile vse do danes.

Genetske raziskave človeka so se zgodovinsko gledano šele začele. Veliko jih bo še napravljenih, zato je in bo potrebno slediti novim spoznanjem in jih primerjati s starimi. V nadaljnjem delu bi lahko dobljene rezultate dopolnila v skladu z novimi podatki, opravila bi lahko primerjavo mtDNK haplotipov iz Slovenije s haplotipi drugih evropskih držav in izračunala povprečne čase naselitve Y-DNK genetskih skupin na prostoru Slovenije.

Literatura

1. K. Drobnič, Ugotavljanje identitete posameznika z uporabo genetskih informacij, metode verižne reakcije s polimerazo in računalniško podprte tehnologije, *Zbornik Mednarodnega posveta Biološka znanost in družba*, Zavod RS za šolstvo, Ljubljana, **2007**, 152-163.
2. H. Šterlinko, I. Zupanič-Pajnič, J. Balažic, R. Komel, Human Y-specific STR haplotypes in a Slovenian population sample. *Forensic sci. int.*, **2001**, 120, 226-228.
3. J. Škulj, Genetske raziskave in njihov pomen za preučevanje Venetov, Jutro, Ljubljana, **2002**, *Zbornik Posveta Praprebivalstvo na tleh Srednje Evrope*, 31-39.
4. J. Škulj, Y-chromosome Frequencies and the Implications on the Theories Relating to the Origin and Settlement of Finno-Ugric, Proto -Hungarian and Slavic Populations. Jutro, Ljubljana, **2007**, *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev*, 27-42.
5. J. Škulj, Etruscans, Veneti and Slovenians: a genetic perspective, Jutro, Ljubljana, **2005**, *Zbornik tretje mednarodne konference Staroselci v Evropi*, 20-30.
6. M. Budja, Who are the europeans?, Jutro, Ljubljana, **2007**, *Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev*, 7-26.
7. V. Vodopivec, Korenine zahodnih in južnih Slovanov, Jutro, Ljubljana, **2003**, *Zbornik Mednarodnega posveta Sledovi evropske preteklosti*, 203-223.
8. B. A. Malyarchuk et al., Mitochondrial DNA Variability in Bosnians and Slovenians. *Annals of Human Genetics*, **2003**, 67, 412-425.
9. I. Zupanič-Pajnič, J. Balažic, R. Komel, Sequence polymorphism of the mitochondrial DNA control region in the Slovenian population. *Int. J. Legal Med.*, **2004**, 118, 1-4.
10. http://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml
11. K. Wiik, Where did European men come from? *Journal of Genetic Genealogy*, **2008**, 4, 35-85.
12. P. A. Underhill et al., Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics*, **2009**, 18, 479-484.
13. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_R1a_(Y-DNA)
14 http://www.eupedia.com/europe/origins_haplogroups_europe.shtml#R1a
15. A. A. Klyosov, DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. I. Basic Principles and the Method. *J. Genetic Genealogy*, **2009**, 5, 2, 186-216.
16. A. A. Klyosov, DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. II. Walking the Map. *J. Genetic Genealogy*, **2009**, 5, 2, 217-256.
17. http://www.eupedia.com/europe/neolithic_europe_map.shtml#R1b
18. L. Morelli et al., A Comparison of Y-Chromosome Variation in Sardinia and Anatolia Is More Consistent with Cultural Rather than Demic Diffusion of Agriculture. *PLoS ONE*, **2010**, 5,4,: e10419. doi:10.1371/journal.pone.0010419.

19. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_I2_(Y-DNA)
20. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_I1_(Y-DNA)
21. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_E1b1b1a_(Y-DNA)
22. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_J2_(Y-DNA)
23. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_G_(Y-DNA)
24. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_N_(Y-DNA)
25. http://www.ysearch.org
26. http://www.smgf.org
27. http://www.yhrd.org
28. http://www.hprg.com/hapest5/
29. http://members.bex.net/jtcullen515/haplotest.htm
30. E. Petrejcikova et al., The genetic structure of the Slovak population revealed by Y-chromosome polymorphisms. *Anthropological Science*, **2010**, 118, 1, 23-30.
31. M. Stevanović et al., Human Y-specific STR haplotypes in population of Serbia and Montenegro. *Forensic Sci Int.*, **2007,** 171, 2-3, 216-21.
32. http://www.eupedia.com/europe/european_mtdna_haplogroups_frequency.shtml
33. B. Bramanti et al., Genetic Discontinuity Between Local Hunter-Gatherers and Central Europe's First Farmers. *Science*, **2009**, 326, 5949, 137-140.
34. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_H_(mtDNA)
35. S. Oppenheimer, *Origins of the British: The New Prehistory of Britain*. **2006,** Constable and Robinson, London.
36. B. Sykes, *The Seven Daughters of Eve: The Science That Reveals Our Genetic Ancestry*. **2002**, W. W. Norton and Company, New York.
37. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_U_(mtDNA)
38. https://genographic.nationalgeographic.com/genographic/index.html
39. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_K_(mtDNA)
40. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_T_(mtDNA)
41. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_J_(Y-DNA)
42. http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_V_(mtDNA)
43. http://www.mitosearch.org
44. http://nnhgtool.nationalgeographic.com/classify/index.html
45. B. Sykes, *Saxons, Vikings, and Celts: The Genetic Roots of Britain and Ireland*. **2007**, W. W. Norton and Company, New York.
46. S. Sigurdardottir et al., The Mutation Rate in the Human mtDNA Control Region. *Am. J. Hum. Genet.*, **2000**, 66, 1599-1609.
47. P. Balaresque et al., A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages. *PLoS Biol.*, **2010**, 8, 1: e1000285. doi:10.1371/journal.pbio.1000285.
48. L. Morelli et al., A Comparison of Y-Chromosome Variation in Sardinia and Anatolia Is More Consistent with Cultural Rather than Demic Diffusion of Agriculture. *PLoS ONE*, **2010**, 5, 4,: e10419. doi:10.1371/journal.pone.0010419.

49. H. Malmström et al., Ancient DNA Reveals Lack of Continuity between Neolithic Hunter-Gatherers and Contemporary Scandinavians. *Current Biology*, **2009**, 19, 20, 1758-1762.
50. B. Djurić, Novosti v slovenski arheologiji na podlagi avtocestnih raziskav, Zavod Republike Slovenije za šolstvo in šport, Ljubljana**, 2004,** *Zgod. v šoli*, 13, 1/2, 21-23.
51. K. Rebala et al., Y-STR variation among Slavs: evidence for the Slavic homeland in the middle Dnieper basin. *Journal of Human Genetics*, **2007**, 52, 406-414.

НЕОРТОДОКСАЛЬНЫЕ КОНЦЕПЦИИ

Climatic Correlations

The report presented at the XIX session of the seminar "Earth system". Geological Faculty of Moscow State University - 2011. February 1.

Valery P. Yurkovets

v.yrkovets@gmail.com

A scheme of climatic events and their correlations is proposed, which determines the complex hydrological system of the Caspian Sea - Sea of Azov - Black Sea - Mediterranean Sea in the upper Pleistocene and Holocene. The scheme is given in Table 1. The main idea of the proposed scheme is that the climate on our planet is subject to periodic changes, which are based on two space factors - the precession of the Earth rotation axis and the superposition of the Earth, Moon and Sun orbits. The first factor determines the change of glacials and interglacials, and it has a period of approximately 26 thousand years. In the Table 1 it is presented in the form of large sinusoid. The second factor has a two thousand year period. It is presented in the Table 1 in the form of a sawtooth curve. It determines the change of a cooling-warming stages during the glacials and interglacials.

The first curve shows that the glacials take place in the hemisphere, which is opposite to the Sun at aphelion (due to inclination of the Earth rotation axis). As a result, the winter in this hemisphere are the most severe, that is the cause of glaciations. Over the full period of precession glacials on Earth occured twice - first in the northern hemisphere, the second in the south one.

The mechanism of small cycles (superposition of the Earth, Moon and Sun orbits) was discovered by Pettterson at the beginning of the last century, and then confirmed by archaeoclimatic reconstructions of Shnitnikov, Matyushin, Shilik, and others (Yakushev, 2008). Large and small cycles determine changes in the global sea level and inland water bodies, including the Caspian Sea. A comparison of these cycles to the chronology of archaeological cultures from the Upper Paleolithic has been done, as described in Table 2. As can be seen, the archaeological events are determined indeed by the climatic cycles.

The proposed scheme fits well to a paleogeographic reconstruction of the Caspian and Black Seas by Janina (Janina, 2009), Gorlov (Gorlov et al., 2004), Badyukova (Badyukova, 2006) and others, see Table 3.

These considerations allowed us to refine both the time and the cause of Manych Strait's formation, on which the dammed waters of Eurasia discharged to the Black sea during the glacials (Grosman, 1989), as well as the penetration of the Black Sea waters in the Caspian Sea during the warm Black Sea transgressions. The first stage was accompanied by erosion which reached the marks of -5 meters (Badyukova, 2006), and the second one, as a small circle, followed immediately after the first one, when Manych was not blocked by silt, as shown in Table 1. This also explains the two observed levels of Khvalyn transgression, which were erosional and accumulative. The first had occurred in the maximum of the glacial, when the base level lowered to the level of the Pontus regression, the second was during the maximum warming, which followed by immediately, that is when decreasing Khvalyn transgression's water met in the Black Sea which has increased the Black Sea transgressions, whose levels were equalized, gradually reducing the base level to zero values.

Based on data of Table 1, the simultaneous climatic events were:

1. Wurm III – Upper Valday Glacial in Eastern Europe - Sartanian Glaciation in Siberia - Wisconsin III Glacial in North America, during the period of 10 - 17 thousand years ago;
2. Wurm II / III Interglacial - Bryansk Interglacial in eastern Europe - Kargin Interglacial in Siberia - Wisconsin II / III Interglacial in North America, during the period of 17 - 36 thousand years ago;
3. Wurm II - Leyastsiem cold snap in Eastern Europe - Konoschel cold snap in Siberia - Wisconsin II Glacial, during the period of 36 - 43 thousand years ago;
4. Wurm I / II Interglacial - Kostenki (working title) Interglacial in Eastern Europe and Siberia - Wisconsin I / II Interglacial in North America, during the period of 43 - 62 thousand years ago;
5. Wurm I – Lower Valday Glacial in Eastern Europe - Zyryanka Glacial in Siberia - Wisconsin I Glacial in North America, during the period of 62 - 69 thousand years ago;
6. Riss-Wiirm Interglacial - Mikulin Interglacial in Eastern Europe - Sangamonian Interglacial in North America.

<u>DNA genealogical aspects</u>. The climatic history of the Upper Pleistocene and Holocene was recorded not only in the Quaternary geological chronicle and the material of archaeological cultures, as shown in Tables 1-3, but also indirectly, through the history of haplogroups, in the structure of the DNA. The right side from the precession curve in Table 1 shows the main events of the Y-

Chromosome phylogeny according to Karafet (Karafet et al, 2008) and Klyosov (2009). This comparison suggests a link between the main events in phylogeny of the DNA and the global climate changes. The reason for this is that any significant change in climate forced people to migrate, and this led to a formation of new branches on the phylogenetic tree of the Y-chromosome. Those coordinated phylogenetic and climatic events sometimes can be distinctively noted. Thus, the warming subatlantik not only led to the collapse of the great empires of the Iron Age in Eurasia (the "Great Migration of Peoples"), but had resulted in a "population bottleneck" of the people in the east part of the continent. As it turned out (Rozhanskii, 2010), at least 70% of the Mongols and Kirghiz, as well as a large percentage of the Kazakhs happen to be the direct descendants along the male lines possibly originated by only five individuals (common ancestors) who lived there at those times. This is remarkably correlated with the historical events which led to the unification of China, and then to the emergence of the empire of Genghis Khan (Yurkovets, 2011).

Table 1. Climatic Correlations

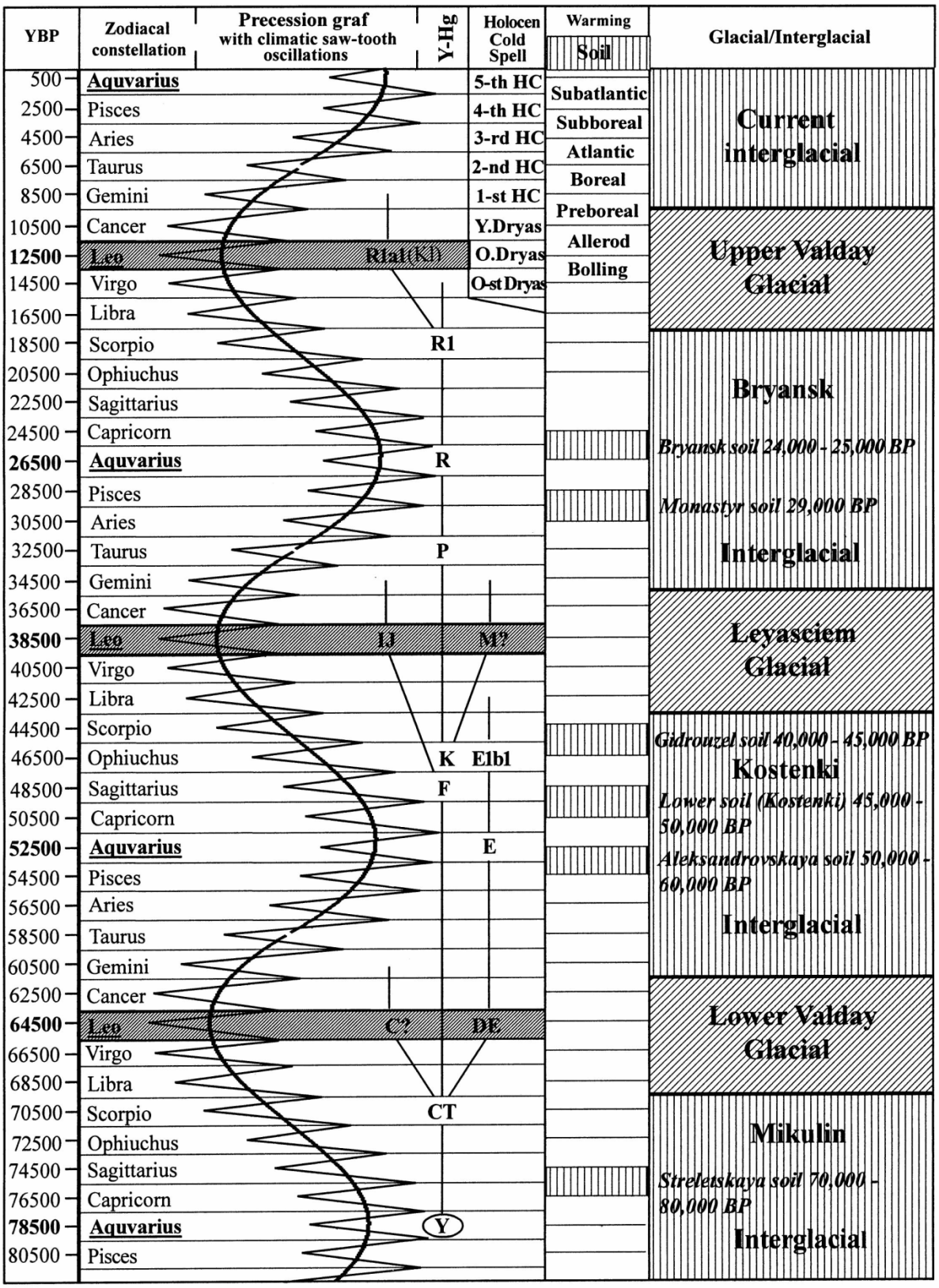


Table 2. Climatic and Archeological Correlations

t of CE max.	Millenium	Period	Climatic Event (CE)	Ecological and Historical outcome
1	2	3	4	5
+500	3	Current Interglacial (Holocen)	Current warming	**"Global warming"**. Rising sea levels by 25 meters, the desertification of the steppes, stepping of the forest-steppes. Melting Arctic ice field.
-500	2		Holocen Cold Spell 5	**The flowering of the humid zone**. Settling a man of huge spaces that have become suitable for animal husbandry and agriculture. As a result - a global population explosion.
-1500	1		Subatlantic Warming	**The collapse of the great empires** as a result of the great droughts. Global phenomenon known as the **Migration Period (Barbarian Invasions).**
-2500	1 BC		Holocen Cold Spell 4	**The flowering of the Iron Age in Europe**. Time of the great empires of Eurasia - the Persian, Roman, Mauryan in Hindustan, China Qin. Maya civilization in Mesoamerica.
-3500	2 BC		Subboreal Warmin	The **Bronze Age collapse.** Decay of the Bronze Age cultures in the humid zone of desertification steppes. **Seima-Turbino** phenomenon. Stonehenge abandoned. The collapse of ancient Egypt.
-4500	3 BC		Holocen Cold Spell 3	**The flowering of the Bronze Age**. The spread of **Corded Ware** culture, the spread of **Bell-Beaker** culture, the heyday of the **Yamna** culture. Stonehenge 1-2. The beginning of the civilization of Ancient Egypt.
-5500	4 BC		Atlantic Warming	**"Chalcolithic collaps"** – decay of the **Sredny Stog** culture and the **Cucuteni-Trypillian** culture. The decay of **Samara** culture, Agidel, Surtandin cultures. End of **Ubaid** culture. In fact - as the "**Migration Period**".
-6500	5 BC		Holocen Cold Spell 2	**Flowering Sredny Stog culture, Cucuteni-Trypillian culture** and a **Vinèa culture, the Danubian cultures**. Spreading of animal husbandry hroughout Eurasia, the beginning of the northern **Comb Ceramic** culture.
-7500	6 BC		Boreal Warming	**"Creation" of the modern world**: the end of melting glaciers, the rise of the oceans up to date, the breakthrough the Bosphorus, the formation of the Baltic Sea, the beginning of the Sahara desert. Peak of **Lepenski Vir, Starèevo** culture.
-8500	7 BC		Holocen Cold Spell 1	**The Neolithic Revolution** - the transition from hunting and gathering to agriculture and settlement. Goats, sheep, cow, pig were domesticated, horse were domesticated on the southern Urals (Mullino II). **Lepenski Vir.**
-9500	8 BC		Preboreal Warming	**The beginning of melting ice sheets**. End of periglacial – **«sandur»** - type of economy. End of **Magdalenian** as an ecological phenomenon.
-10500	9 BC	Upper Valday Glacial	Young Dryas Cold Spell	**Last phase of glaciation**. The last period of the Volga-Oka interfluves's **Ressetinskaya** culture, dominant in the central regions of the Russian Plain entire period of the Late glacial.
-11500	10 BC		Allerod Warming	**Glaciers are retreating. Magdalenian 6. Ressetinskaya** culture. Flourishing cultures of the Baltic **Magdalenian - Ahrensburg** culture, the **Federmesser** culture, **Swiderian** culture. End of **Natufian** Levant culture.
-12500	11 BC		Old Dryas Cold Spell	**Maximum glaciation. Magdalenian 5**. In Europe 11-13 thousand years BC beings only Magdalenian cultures - **Ressetinskaya** culture, **Swiderian** culture to the Centre Europe and itself **Magdalenian** in the West Europe.
-13500	12 BC		Bolling Warming	**Glaciers are retreating. Madeleine 4, Ressetinskaya** culture. End of the Hamburg culture. Start **Swiderian** culture.
-14500	13 BC		Oldest Dryas Cold Spell	**Glaciation. Madeleine 3, Ressetinskaya** culture (inherits of East Gravette), **Hamburg** ñulture (is similar to Ressetinskaya).
-15500	14 BC		Warming	**Glaciers are retreating. Madeleine 2. Ressetinskaya** culture. Start the **Hamburg** culture (culture is wholly owned by the Oldest Dryas «from heat to heat»: 13500 - 11100 BC).
-16500	15 BC		Cold Spell	**Start Upper Valday glaciation**. The beginning of the third wave of **megafauna** death. **Upper Solyutre. Madeleine 1. Ressetinskaya** culture (?).
-17500	16 BC	Bryansk Interglacial	Warming	**End of Bryansk interglacial. Badegulskaya** culture. Intermediate **Solyutre**. End of **East Gravette: Kostenki-Avdeyevo** culture (inherited by **Ressetinskaya** culture).
-18500	17 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. Lower Solyutre. East Gravette: Kostenki-Avdeyevo** culture.
-19500	18 BC		Warming	**Climatic crisis. Protosolyutre. East Gravette: Kostenki-Avdeyevo** culture.
-20500	19 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. East Gravette: Kostenki-Avdeyevo** culture.
-21500	20 BC		Warming	**Climatic crisis**. End of **Gravette, East Gravette: Kostenki-Avdeyevo** culture.

Table 2. Climatic and Archeological Correlations (cont.)

1	2	3	4	5
-22500	21 BC	Bryansk Interglacial	Cold Spell	**Climatic Optimum. Gravette, East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures, 30,000-20,000 BC (including **Kostenki-Avdeyevo** culture, 26,000-16,000 [Zaraysk] BC).
-23500	22 BC		Warming	**Climatic crisis. Gravette, East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures, 30,000-20,000 BC (including **Kostenki-Avdeyevo** culture, 26,000-16,000 [Zaraysk] BC).
-24500	23 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. Gravette, East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures, 30,000-20,000 BC (including **Kostenki-Avdeyevo** culture, 26,000-16,000 [Zaraysk] BC).
-25500	24 BC		Warming	**Max. warming. «The Flood»**. End of **Aurignacian** culture. Blossoming **megafauna** in the North. **Gravette, East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures, 30,000-16,000 BC (incl. **Kostenki-Avdeyevo** culture).
-26500	25 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. Aurignacian** culture, **Gravette, East Gravette - Kostenki-Willendorf** community of cultures, 30,000 – 20,000 BC(including **Kostenki-Avdeyevo** culture, 26,000-16,000 BC).
-27500	26 BC		Warming	**Climatic crisis. Aurignacian** culture. **Gravette, East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures, 30,000 – 20,000 BC (including **Kostenki-Avdeyevo** culture 26,000 – 16,000 BC).
-28500	27 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. Aurignacian** culture. **East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures (30,000 – 20,000 BC).
-29500	28 BC		Warming	**Climatic Crisis, analogue of Subboreal**. End of **Selet and Streletskaya** cultures. **Aurignacian** culture, **East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures (30,000 – 20,000 BC).
-30500	29 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. Aurignacian** culture. **Streletskaya** culture, **Selet, East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures (30,000 – 20,000 BC).
-31500	30 BC		Warming	**Climatic Crisis, analogue of Atlantic**. Start of **Aurignacian** culture. **Streletskaya** culture **Selet, East Gravette - Kostenki-Villendorf** community of cultures (30,000 – 20,000 BC).
-32500	31 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. Streletskaya** culture. **Selet.**
-33500	32 BC		Warming	**Climatic crisis. Analogue of Preboreal. Streletskaya** culture. **Selet.**
-34500	33 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. Streletskaya** culture. **Selet.**
-35500	34 BC		Warming	**End of Leyastsiem glaciation. Analog of the Boreal. Streletskaya** culture. **Selet.**
-36500	35 BC	Leyasciem Glacial	Cold Spell	**Glaciation. Analogue of Young Dryas. Streletskaya** culture. **Selet.**
-37500	36 BC		Warming	**Glacier retreat. Analogue of Allered. Streletskaya** culture. **Selet.**
-38500	37 BC		Cold Spell	**Maximum glaciation. Analogue of Old Dryas. "Nuclear winter" of Paleolithic Age. Aurignacian of Kostenki** and its catastrophic end («layer of ashes"). **Streletskaya** culture. **Selet.**
-39500	38 BC		Warming	**Glaciers retreat. Analogue of Bolling. Spitsynskaya** culture («pre-**Aurignacian** »). Start **Streletskaya and Selet** cultures.
-40500	39 BC		Cold Spell	**Glaciation. Analogue of the Oldest Dryas. Kostenki 14 layer IVb** (preceded by «pre-**Aurignacian** »).
-41500	40 BC		Warming	**Glaciers are retreating. Kostenki 14 layer IVb** (preceded by «pre-**Aurignacian** »).
-42500	41 BC		Cold Spell	**The beginning of glaciation.** The beginning of the second wave of the **megafauna death**. End (43,000 **BP**) of the site **Kostenki 12/ layer V and Kostenki 12/ layer IV**. Start **Kostenki 14 / layer IVb.**
-43500	42 BC	Kostenki Interglacial 62 - 43 BP	Warming	**End of Kostenki interglacial. Kostenki 12/ layer V and Kostenki 12/ layer IV** (50,000 - 43,000 **BP**).
-44500	43 BC		Cold Spell	**Climatic Optimum. Kostenki 12/ layer V and Kostenki 12/ layer IV** (50,000 – 43,000 **BP**).
-45500	44 BC		Warming	**Climate crisis. Kostenki 12/ layer V and Kostenki 12/ layer IV** (50,000 – 43,000 **BP**).

Table 3. Climatic and Paleogeography Correlations

t of CE max.	Millenium	Period	Climatic Event (CE)	Paleogeography of the Caspian Sea		Paleogeography of the Black Sea	
				Matyushin	Yanina	Arhaeological data	Yanina
1	2	3	4	5	6	7	8
+500	3	Current Interglacial (Holocen)	Current warming		New Caspian Warm Transgression		Black Sea Warm Transgression
-500	2		Holocen Cold Spell 5			Korsun Regression	
-1500	1		Subatlantic Warming			Nimphea Transgression	
-2500	1 BC		Holocen Cold Spell 4			Fanagorian Regression	
-3500	2 BC		Subboreal Warmin			New Black Sea Transgression	
-4500	3 BC		Holocen Cold Spell 3	Turalin Transgression			
-5500	4 BC		Atlantic Warming	Makhachkala Regression			
-6500	5 BC		Holocen Cold Spell 2	Gousan Transgression			
-7500	6 BC		Boreal Warming	Gelaldin Regression			
-8500	7 BC		Holocen Cold Spell 1	Dagestan Transgression			
-9500	8 BC		Preboreal Warming	Mangyshlak Regression	Mangyshlak Regression		
-10500	9 BC	Upper Valday Glacial	Yung Dryas Cold Spell	Sargas Transgression	Upper Khvalyn Transgression		Novoevksinskaya Cold Regression
-11500	10 BC		Allerod Warming	Begdash Regression	Enotaevskaya Regression		
-12500	11 BC		Old Dryas Cold Spell	Khvalyn Transgression	Old Khvalyn Cold Transgression		
-13500	12 BC		Bolling Warming				
-14500	13 BC		Oldest Dryas Cold Spell				
-15500	14 BC		Warming				
-16500	15 BC		Cold Spell				
-17500	16 BC	Bryansk Interglacial	Warming		Akhtuba-Atel Regression of Bryansk Interglacial		Surozh Warm Transgression
-18500	17 BC		Cold Spell				
-19500	18 BC		Warming				
-20500	19 BC		Cold Spell				
-21500	20 BC		Warming				

Table 3. Climatic and Paleogeography Correlations (cont.)

1	2	3	4	5	6	7	8
-22500	21 BC	Bryansk Interglacial	Cold Spell		Akhtuba-Atel Regression of Bryansk Interglacial		Surozh Warm Transgression
-23500	22 BC		Warming				
-24500	23 BC		Cold Spell				
-25500	24 BC		Warming				
-26500	25 BC		Cold Spell				
-27500	26 BC		Warming				
-28500	27 BC		Cold Spell				
-29500	28 BC		Warming				
-30500	29 BC		Cold Spell				
-31500	30 BC		Warming				
-32500	31 BC		Cold Spell				
-33500	32 BC		Warming				
-34500	33 BC		Cold Spell				
-35500	34 BC		Warming				
-36500	35 BC	Leyasciem Glacial	Cold Spell		Akhtuba-Atel Regression of Old Valday Glacial Peak		Postkaragant Regression
-37500	36 BC		Warming				
-38500	37 BC		Cold Spell				
-39500	38 BC		Warming				
-40500	39 BC		Cold Spell				
-41500	40 BC		Warming				
-42500	41 BC		Cold Spell				
-43500	42 BC	Kostenki Interglacial 62 - 43 BP	Warming				
-44500	43 BC		Cold Spell				
-45500	44 BC		Warming				

Literature

Antonova, V.M., Khomenko, A.A. On the question of novochernomorskaya transgression of the Azov-Black Sea basin. Moscow State University. Proceedings of International Symposium on "Late Cenozoic geological history of the north of the arid zone." 2006, Azov, Rostov-on-Don. P.18-20.

Badyukova, E.N. When connected the Black Sea and Caspian Sea last time? Moscow State University. Proceedings of International Symposium on "Late Cenozoic geological history of the north of the arid zone." 2006, Azov, Rostov-on-Don. P.21-24.

Badyukova, E.N. One of the evidence connecting the Caspian and Black Seas in the late Upper Khvalyn time / E.N. Badyukova / Geomorphology. - 2004. - N 2. - P. 23-31.

Badyukova, E.N. Age of Khvalyn transgressions of the Caspian Sea. Oceanology - Volume 47, № 3, May-June 2007, P. 432-438.

Gorlov, U.V., Porotov, A.V. Stolyarova, E.V. To assess changes in the level of the Black Sea in the ancient period on archaeological and paleogeographic evidence. / / Antiquities Bosporus .- № 7 .- 2004.- P.117-128.

Karafet, Tatiana M., et al, New Binary Polymorphisms Reshape and Increase Resolution of the Human Y Chromosomal Haplogroup Tree. www.genome.org on April 2, 2008.

Klyosov, A.A. Haplotypes of the southern Baltic and Russian Slavs: four tribes? RA-DNA, 2009.

Rozhanskiy, I. (2011) DNA genealogy and documented pedigrees. Alliance or conflict? Bulletin of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), Volume 4, № 1, 4-19.

Yurkovets, V.P. (2010) Climatic correlations. Bulletin of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), V.3, № 2, 301 - 325.

Yurkovets, V.P. (2011) Climatic correlations. Continued. Bulletin of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), Volume 4, № 1, 66-80.

Yurkovets, V.P. (2011) ... And again, the opening of China. Bulletin of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), Volume 4, № 3, 591-621.

Yakushev, D.I. Geoinformation modeling of space-time geophysical processes with polyharmonic structure. Dissertation for the degree of Doctor of Technical Sciences. "LETI", St. Petersburg, 2008.

Исследование «Велесовой книги» с позиции изысканий в области ДНК-генеалогии

Веда 7
О духовности Руси.

Георгий Максименко

«Истина рано или поздно всё равно выйдет на свет и ложь будет повержена в прах.

«Прославление писцов».

Содержание исследуемого первоисточника.

Исходный материал 7-й веды переложенный на кириллицу.

7.а-II
Слава Бозем нашем имемо исту виру якова не потребуе человеченска жртва. Тая седэ е врязе не убовъж до жерялию именоваше Перуна Перкуна. Тому жряша мы же смехом польна жтва даяте. Одо труды наше прсо млека туци то бо покрпишем Коляди и агнчем. О Русалиех в день Яров такожде. Красна гура то бо то дяехомо воспоминь гуре Карпенсте. Тон щас се именова род наше карпене яко же страхом сме бяше в лсэх то имено на зов древище. На поли сме бяшехом имено полени. Тако вшяко еже есе грьце уше кашети на не иже чловенкожравцове. То лужева рэнщ есь яко несте бо таково иста. Имеяхом ина повыке на то ть ки же хощашеть увранждете ина реще злая. Тому глоупен несе боре. Тако есь. Ина рэкоста. Такожде долзе се правихом родьмы. Староцве венска рода идша соудяти родице о Перунь деревы. Такожде имяи тон ден игриштя перенд очесы старьще. Силоу юну указенше юнаше ходяи борзе спэвая и плясаваи о тои тон ден огищаны идящете о мислеву прнашеща дищену строцем кии диеляше тую о пренче люды и волсви жерятву дэляи Бозем хваленице. Слву рэкоста о щасе же годе. О Яве не ворягу избряшете сен кнезе вутцове. Тои и юнаше веде нша до сэще зуре то бо ромиены

поглендаще. Замстлящете злая на нь и прошедша со возе све. Желзвена броне. Утеце на нои. Тому бранихомсе долзе о нех. Отрщахъом сме …
7.б-II
…тая од земе наше. Роме венде яко дрзи сме животе нашем. Понехъша нои на тако гръцие хотяи одерене те нои о Хорсуне. Прящехом се Зуре проти рбства нашиего. Бя боря и пра влика трдесенте ляты. Та понехъшя сен о нои тем бо Грьцие идша о тржища нашие. Рекоста намо оменете краве наше на масть. Стрибло то бо потребуще на жены. Дете. Тако сме менехомсе скород од не снеды посл едеще грьцие исащете да ослабины. То искащеше одерень взенти. Тому не ослабихомсе. Не дахом сме земе наше яко зме Трояню сме не дахом сен ромиена. Да не встане обиде носще Дажбовем внцем кие же арузех врзи дбаша. Тако днесь не похулесимо такожде оце наше се бо у море стятща до березе годь тую. Одержаща на нь победену песне хвалы. Матыря спевашет о я красна птыця якве несе пращурем нашем огнь до домыя. Такожде и агнеце прездремо до тодь. Болосте на нои одержеща сылоу. Имяхом врзи ростятешете. Гоньбу псину има не хате то гленд народе мое якове се обезпеще на нардев. Того не ошибеце есе од раны твоя. Не вржещесе до рядь. Бо сте сме врзема погонеле. Биду сен посбяваце. Житне инако имате бо сме бящехом ста града. Не оделегла од е. Тягчае поразе бенде по нои. Сме по тем тысенщ пентесент лэты смесехом многая боря и пра имяхом. Такожде сме живе дике жертве юнаше. Вевонце
7.в-II
тогдаше не бя и на косте. Днесе пребеде достяи нои межахое одразите сен од воразех. Деньмо тако се одразеньме и яхом све сева. Ова перве зовенхом до стенге вутце наше якове не суть ще збабнена. Грде(и) прихождахом се во исте на стогна све. Рещемо же инэ не буде то. Сме имаме ити на грьце якова ста венше мэлвихом воясне. Ин Тра иде за не яко шед за оце наша на Ромие до Трояне земе. Суть немо бенде колибва варензе ведле наше вое на то и акр саме можахом вендете тенсеце лэте били од ромеи годе. Сури анта якова бенде со нои нижене опоменемо яко годь соеднесеше со егунште на нои. Галаре ще северзе од полнще. Егунште о полдне. Ту плакала Руськолане Боруся Елице же егунште обрыящеша годь Ту Руссе венздвегла сва сыла. Егунштие образиша утворяи крае Онтов. Скуфь Кыеву. Дне се засеще срьдьце наше се крви оди Тра до вчер же ходястехом. Изронящехом слезы о судове нашея живота ти се нэмы во час тоне. Тако вэехм ста иже щас приде яко по зесенце сме ходящете имахом на врзи. Щи Боту грьци щи бо енгушти. Нои те Бто хомытате. Стеръжете або нь не ста намо в рза яко мрзенсть перенд ощесы наши. Голарех бо заплати за ть. Имаме пронуденте Хорсуне заплатенте за слзы дцере наши.
Уточена.
Сыны одереня взято плать бо та не србрена. Ни злата понен же о дсентьглавея на щепоту стрщемо.
7.г-II
Тако бенде мор ды ота бо бреще псицья грьцкая лис хитрощема одверне нас од трвы нашея. То имяхом ясенте яко ще суне врдяте тобь наше мета о уцеще шетеся. Не збрате сем. Ту бо за тенсец триесты лэты од исхъду Карпеньсте

Аскольд злы пренде на нои ту зегненсе народе моие од лада. Твряще любы идь до стнге нашаи. Захцень то та од врзех на Русе могуть н Сврг наш. Ни Бзи ине. Проте Сврга не имахом нище кромие смрте. Та то не страшнева есь коли же щехом сен рьщены се бо Сврга зове нои. Идехомь до нь то бо то идехом яко матыри. Сва спева писень ратьну. Имяхом ста послехнуте до нь абы све не эсте травы. Скуфе наше грьциом даяшете. Тые намо камение бо грензети еи то бо то зенбы имуще тверда. Остр. Ти то нам рькше же сьмы звржeнцы. Рыкахом в ноче стрх на люди иже суты грьци вопрощашут на се нрди што есь мы. Есва од повендхом же смы люде не умуца крае. Правяхуть нямо грьци. Врязи то ищ что оповендемо детем нашием якове намо буде ркнуть пленовениеми. До очи та и иста имуть се бо дружина соберехомста до стенга наши. А рецемо всяко не има мы эствы сен бендехомь на поли брате. Ин да оберехом од грьце эдехомь. Не оберехомь ани эдымо бо матырь све спева надо нои. Имемо стегне наше дати вятром трепате. Комоньства ступы скакашете да прх подымо воень за нои. Врзем дахом дыхенье тон то ден перва сича есь од нои. Имехом дваста убиена за Русь веща слва еста. Иде до нои люде. Не имяхом боляри да придите до нои...

7.д-II

… да справехом тризну слвну по врзех. Налетьмо сколы на Хорсуне да берехомь эдь. Добра. Скотя ниже поланяхом грьци ти бо то нас ведяи яко злых. Сем. Добри на Русь. Тьма не бенде со нои о тои коие чюже беряше рекуть же добро дають. Не будехом яко она единесь бо венде наш Ясунь. Потому птщехомся на труд наш. Победяте врзи до едина яко сколове нападьнемо на она. Вржехомся до Боря сылна то бо Матыре ства спевашеть бе Сверзи о подвигы ратны. Одеимо ода тецехом до врзи. Бехом вэдяшете имо руск меч. Сещена ясну не реще же немахом ста ина дэяте яко и те до переда на спете не имяхом рцете яко не имяхом спете не Боть переды сва. Борзо идехомь. Кие борзо иде борзо има слву. Кые по тиха иде то се врание на не кряшут. Курове кленчуть несьма говяды не боть сме Руси щиста. Тое иным на ущене. Бо ста знате яки Правь есь созны. Наве се не бояхомста яко Навь не има слы проте нои тому бо имехом молите Бозе о помоце в трудех ратнех нашех. Тщатесе тоб то Матыре Сва биящеть крыдлема о труд ратнею Слве воием якове испияхша воде живе од перунце в сеще укрутнеи. Тая перница лете до нои. Тая роуг двашеть плне воде живот вэцен Гордине нашему иже меча врзия од оста. Главу стрцену утрате тако смерти не имяхом одо сва ниже бо живот вэчен. Вожды братре о братре трудяеси.

7.е-II

Умре.

До луце Сваргова иде. Тамо перунца реще ты е бо ни кие ин ниже рус Гордин. Ни грьць. Ни вряг анмо мы слвен роду слвна. То н иде по спевех матыревых. Матыре сва нщех до луце твех Сварже влике. Реще му Сварг иде сыне моие до те красе вэшны. Тамо зряе тва денде.

Бабе.

Ти то о радощех и веслиях те зрящете плакста зела до дне се. Тедо има бяшеть возрадовастеся о животе твем вэщнем до конца конец.

Во кращеся тамо не вемее яко вое Ясуне имяхом ина мета ниже грьци. Имяхом слву ину. Так лжде дозредемо до Ирие наше. Узржехом квенте красне. Древа. Луци. Имемо вяну вяните одо поль тех житву трудити. Яшень пълоте. Пшено прсово сбиряшете до закуте Сврожи. То бо т бгощенства ина яко зема бе прахове. Болятве. Страдне. Да бенде мирна ден его вэщна. Сме стахом на мисть го. Пряхомста Зуре. Бенде паднемо се славоу тамо идьме яко ов то бо Матыре Сва бияще крыдляма обо це сва оба пол якова возгена сяше свентем до нои. Вшяко перо ине красне чермено сине мондре жолуте. Стребне злате. Беле. Т(о) бо свящеть яко суне с Ар уме. Во колы иде па сунь таб то светящеть о седьма красы иже за вещь о Бзех ста наше. Перунь иу зряще греметь в Сверзе ясни та бо то наше щества. Сиць имяхом ста сва сыла дате да узриемо такожь. Одсенщехом стар живот наш од нова якова есь сещена в рубе дрва доми огнищан прость Матере слва бие крыдлема о палы. Идьмо до стеги нашенстве. Те бо стенги Ясуне

7.ж-II

Тухом вед те имахом да сен збиряе род русэк до десэнце до сты. Да тая напдяшет врзех. Пимете главева одтрчеца. Тамо злая поленшеть да зве же хисницы та эдця созденхноуть тещашут риеце влке на Русе. Мнга вода е журшеть спева стародавне. То и боляри якове не сен бояша до поль годе идша. Ляты мнга сен пряща о волнест руську ти то слвне нищо берьгиша. Ни животы сва тако рце о нье Берегынья. Биать крыдлема Матыр Сва слава. Жещеть тая птыця о грдыниех борусеньштех якове од Ромие падша колы Данаеве венделе Троянь валу. Тое просте трзны легьшя. Стриб веиенве плясащоуть обо оне плакачесия за овсэне. Во зимие студеиенэ гурлыхощеть оба нь. Голонбе дивонка. Таце жекошуть яко погибъша тые в слве. Ни оставе земе сва врзем. Небось масо инове такожде потомице. Ни ленщенхом сме тако земе наше врензем ни грьцем ту зоря красна иде до нь яко жена блгава. Малека даяшеть нои во силоу нашиу. Кренпосць двужила та бо то Зарыне суне вэстща. Такожде сленхщемо сенхом виэстеце комоньска скакщете до закату суне. Бо сте управенсте бящ го члн злат ко нощи. Бящь бэх воуз влоема смирнама влекуцеща по ступе сыне тамо бо легне суне спате во нещь. Тож колибва ден пшишедста до вещежь. Друге скакащець у Яве пршедь вещере. Тако рце суне же во узе. Влы есь тамо. Жде го на млещене стезэ. Ще зоря пролища во ступе позвана Мате абы Сва поспьэше на дла …

7.з - II

тако рцемо сме же имяхомь красная вэнце вире наше. Не имяхом цызя добирате се ту кнез наше речше же имахом и те до Ясуне болярове. Бехом сме то ухранялы одо вразе побенсть рано. Поздэнь щас буде оконция поздэ и да имехом сыла наши. Ноступьэ Матырь сунева стрения. Крыдлева оба пле розерщена тела во средьце. Глава Ясуне на раме наго во вендце слвне якове не ленщешуть военщие главе сва Ясуне. Убереготь иу од ова дне коли бо и щеху до закату суне соое сва хрвать бери я и све воя тодь инащесть и щеху селенще з Русева. Тако з не одэленция земе. За нихма утворе Русколане Кй бо усендесе о Кыеве. Тому смехом подлегце. З ним до целе сен Русе стрящесен. Тако будьва нои ина сыла идехом ониа со Русь по нежде тая есь,

7.э-II

тамо Перунь иде. Голаву злату тресеще молые посевахшеть до Сврзе синяе. Та твердесе одо тоие. Матыре Слва спевашеть о трудех сва ратнех. Мамехом ста посленхате. Хотящети бране зуриве за Русь наше. Прасвнтоце наша Матыре слва сящеть до блцева яко сунь. Вещашеть нои победы. Згенбель. Ни се бояхомста яко то есь живот вещен. Тому имяхомста дыбате вэщеи яко земо проть же нице сме на земе яко зги. То зъгмизехом во тъме яко не бяхомста исте никда на ни тако слва наше отеце до Матыре слве. Пребенде во нь до конца конец земстех. Инех житве тобе Сва со стен бояшети сен смрте яко смехом потомце. Дажбо нас родиве кренз Краву Замунь. То бедехщемо кравенце. Скуфе он тибе русы, борусень. Суренжецы тако сме стахом дедь русове. С Пендебе идьем. До се до Сверзи Сварозе со Инеи. За стар щас рыбьея нои остасе не хотьще идяшете до земе наши. Арце хша же бо сте имяи добля. Тако ста изгибоста сва. Не дплодщете сен з нои. Змре же, яко не плодьва нищо одень, не збенде. Не вэхомсте обце о тех костобцева. Суть она они жда помоце од Сверзи сомова не стахва се трендетесе. Такожде се и настащи. Од лирум поглцена стахва ту бо рцехом вшяко есть право же недеесен стате од обе тея. Тако лирове ста поглщена од нои. Не имяхом тоде никих тако дулебова стахва одо нои повренцена на Борусь мало забыщаше лерув. Не боть рещены илмерстие. Те се бо сендеше вендле езера ту вендештие усшедша даль. Илмерсте осташе сен тамо и тако збенде мало. Реще Сва поле нше. Бяше бие то крыдлема Матыре Сва. Спевашет песен до сеще. Та птыця суне не есь. Тая есь од она ова ста бяща

10-II

Богумиру бо Бозе даяшуть благы земная. Темо сме не имахом се… яко намо бя Инь … . Старце о роди оберещехом яко камонэзэ ижь од щасы стари суте наше вуце наимяхом раз все… то бо бящи комонэзе долгы щас. Тие то грьце не зоведця. Стае до конць яко обенстве муже тому жде од родьнье имяхом давате до потомощэ иех. Бо тие правищите нои. По Богумиру бяща Орие со сыны сва. Коли бва иегунште велика прю тэяща о утвореня велка земе све. Тако идъща вон отуду до Русе нои ни бя инь щас. Имемо се брате за ужьдя. Тенуте до преду. Не боде жещено яко сьмо оставяхом земэ нашеа. Яхом Иня но да жещуть яко сьмехом прящехом влицэ о себе то бо урусице не оставище есьте грьци на земе вашиу. Перыстаесе обо ниу … оте щасы Ра рьеце быте кромэте нои о ины земе. Днесе возжядищясе врзе наши. На нои. Имемо сен прящете овнуче нашия да удржэхом ступе наши. А не дахом земе и нам … тако бо имахом инако творящете. Не палте дубы о поля сва ниж сэнэ те по тех. Жате жниу о попели яко бо имяхом ступе травьня скоти водящете берегоуща она ото вразех …

Авторский перевод.

Слава Богам нашим!
Имеем истинную веру, которая не требует человеческих жертв. Тайна сидит в варягах, не убавляли ничего на жертвенник, именуя Перуна - Перкуном.
Жертвуя Перуну, мы же сами полно жатвы даем. От трудов наших жертвуем просо, молоко, туц. Во время Колядок подкрепляем праздник и огнищем. В дни Русалий и в день Яров поступаем также. Празднуя Красну Гору даем людям воспоминание горы Карпатской. В то время именовали род наш «Карпени», когда же со страхом сами жили в лесах, то именовались на зов «древичи». На поле живя сами себя будем именовать «полянами».
Так рассказывая о разном, ежели есть у греков уши, кашляйте в них, рассказывая которые из нас были людоеды. Про то, что были людоедами, то лживая речь греков имеется, о приношении нами человеческих жертвоприношений, так как не соответствует истина. Имеем иные повадки на то, те же которые хотят враждовать с нами, иную речь произносят - злую. Тому кто верит, глупость эту разносит бора. Такое есть. Иные разговоры ходят о нас.
Долгое время правим родами. Старейшины вендского рода шли обсуждать родичей у Перунова дерева. В те дни имели игрища перед очами старших. Силу юную показывали, юноши в беге состязались, пели, плясали тогда. В тот день огнищане ходили задумчивые, приносили дичину старцам, которые делились тою в первую очередь с людьми. Волхвы жертву приносили и Богам хваление. Славу провозглашали по времени года. О Яви, не варягу будет сказано, избирали всем нам князя вожди.
Тот и юношей наших ведет на сечу Зороастрийскую. Зуровой сечи ромеи понаблюдали достаточно. Озлобились на нас и прошли мимо с возами своими. Железная броня их подтащена будет против нас. Поэтому браниться должны на них и отлучим их тайно
от земли нашей.
Ромеи знали, как мы сами рисковали жизнью своей. Понесли нас на такое греки, которые хотели иметь дань нашу в Хорсуне. Прячем Зур против рабства нашего. Была борьба и пора великая тридцать лет. Та понесла всех на нас. Греция шла на торжища наши. Предлагали греки нам:
- Обменивайте коров своих на нашу мазь. Стрибло то потребуется для жен ваших и детей.
Так сами стали менять свой молодняк на их снедь на торжищах. Посол прибывает грецкий на переговоры, а сам слабые места разведывает наши. Искал выход как дань взять с нас. Тому не поддадимся. Не отдадим сами землю нашу, так как и землю Троянову сами не отдаём ромеям. Да пусть не встанет обида нанесенная Дажьбовым внукам, которые сами вооруженных

врагов дубасят. Так днями не поруганы будут и отцы наши. Вдоль морского берега раньше стояла годь. Одержали над ними победину, песни хвалебные Матерь Сва спевает нам:
- О я, красна птица, которая несет пращурам нашим огонь в дома. Также огнище поддерживали и до того. Билась за нас, сдерживая силы врагов. Имеем других врагов растущих. Гоньбу песенную иметь не хотелось. Видит народ мой, как всё это обеспечено у других народов. Тогда не ошибетесь, есть я с самой рани твоя. Не перепутаете тот ряд. Ибо вместе мы сами врагов погоняли. Беду всем поубавили. Жить иначе умейте, сами будем ставить города. Не одолели нас годы. Тяжёлое поражение будет у нас. Сами по тем тысяча пятьсот лет перемешаем многое в истории своей. Борьбу и пору имеем. Также сами и сейчас живем, сильно жертвуя юношами.
Достойного воеводы тогда не было у нас и выбирали наугад, кости бросая, на кого выпадут. В это время пребудет с нами воевода, доставая нас. Границами защитились от врагов. В те дни такое отражение было и имеем свои отдельные посевы. Вновь сами зовем к стягам вождей наших, которые еще не обаблены. Гордые собираемся, во истину будет сказано, на стяги свои. Говорим же сами себе:
- Иначе не быть не должно. Сами можем идти на греков, которые стали молвить воинственно в нашу сторону.
Иная Тора имеется у них, не та, что шла с отцами нашими на Ромею и к Трояновой земле. Были бы мы немо, если бы варензи вели наших воинов во главе. На то и мера акр имеется, сами можем вести войска свои. Тысячелетие отбивались от ромеев и годи, сури антов бились, которые будут с нами, нежели упомянем как годь соединилась с иегунами на нас. Галаре еще севернее сидел от нашей северной границы. Иегуны на юге были. Тут плакала Русколань и Борусия. Елица иегунов вооружала годь. Тут Русса выдвинула свои силы. Иегунов отразив, сотворили край Антов и Скуфь Киеву.
Дни эти засекли сердце наше, это кровавые оды Тора описывали, на Северо-запад ведь тоже продвигались. Изроняем слезы свои, которые в судах текут, наши животы тоже немы, во времени тонут. Так вехой всем станем, когда время придет, так как по засеченным меткам своим сами ходить умеем на врагов. Ищите Бату, греки, ищите её и иегуны. Нас те Баты окружают. Стережете их, чтобы они не стали нашими в один миг, так как маячат перед очами нашими.
Голарех заплатил за то. Вынуждены были Хорсунью заплатить за слезы дочерей наших.

Уточнение.
Сынами дань взята была. Плата та не серебряная и не золотая, на них же десятикратно отразиться потерею. Так наступит мор, от того брешет псица

грецкая - лиса хитрющая, отворачивая нас от трав наших и говоря при этом:
- Имеем ясность мы, как солнце вредит, поэтому наша метка для учета поголовья скота имеется. Не забирайте весь скот себе.

Тут за тысяча триста лет от исхода Карпатского Аскольд злой придет к нам и тоже скажет:

- Тут загнутся народы мои от такого лада.

Творя любовь свою, идет под стяги наши, говоря:

- Зачахнуть так люди от врагов на Руси могут, но Сварог наш. Не Боги другие. Против Сварога не имеем ничего, кроме смерти. Смерть не страшна, если же чехом все названы, это Сварога зовет нас. Идем к ним, то либо то выбираем, идем, так как матеревы все.

Птица Сва спела песню ратную. Имеем её и станем прислушиваться к ней, чтобы свои не утрачивать травы. Скуфь нашу грекам отдаете, а те нам в ответ говорят:

- Грызите камни ее, если зубы имеете твердые.

Остро сказано. Они нам то говоря, сами же зверьми являются. Рычим, говорят, в ночи, страх на людей наводим, которые греками являются. Спросят после этого у нас народы:

- Кто мы есть на самом деле? И придётся отвечать:

- Есть мы от поведенных нас греков и сами люди мы не имеющие края своего. Правят нами греки. Варяги нами так же правят еще. Что поведаем детям нашим, которые нас будут упрекать плевками своими?

Очевидна та и истина, так как имеется. Поэтому дружиной соберемся под стяги наши. И будем говорить разные слова, как например:

- Не имеем мы еды, все будем на поле брать.

Или иначе скажем:

- Заберем у греков еду. Не заберем, они её съедят. Матери своей спевать Славу надо нам. Имеем стяги наши, дайте ветрам трепать их. Коннице надо степью скакать, да клич подымать воинственный за нас.

Врагам даем дыхания нашего ритм почувствовать, то день первый сечи есть от нас. Имеем двести убитых за Русь, вечная Слава имеется им. Идут к нам люди. Не имеем боляр, да придите к нам и справим тризну славную по врагам.

- Налетим соколами на Хорсунь, да заберем еду их. Добрая.

Скот ежели полоняем греков, те нас видят как злых.

Всем.

Добрые все, когда приходят на Русь. Проблем не будет с нами, говорят. Молвят, что добро нам делают чужое забирая. Не будем как они объединяться, либо ведет наш Ясунь. Потому заботимся о труде нашем. Побеждайте врагов до единого, как соколовы нападая на них. Врежемся на врагов в Борее, сильна. Матерь Сва стала спевать без сибиряков о подвигах ратных.

Одержимо течем на врагов. Будут враги знать русский меч и сечь ясную, не говорите же после этого:

- Не может быть так. Иначе поступайте, как и предки ваши наступайте в начале. Спешных боёв не имеем, потому, что спешить некуда.

Боть, впереди идёт своя. Борзо идем. Который борзо идет, борзую имеет славу. Они потихоньку наступают, поэтому на них вороны и каркают. Куры кудахчут у них. Неся с собой говядину, не быть самой Руси чистой.

То иным на учение.

Почувствуете какая Правь есть сознательная. Нави не боимся, так как Навь не имеет силы против нас, не боимся её. Имеем молитвы божьи помогающие в трудах ратных наших. Тщетно Матерь Сва бьет крыльями в труде ратном, Слава воинам, которые испили воды живой, от перуницы в сече увернувшись. Тайная перуница летит к нам. Тайна рог дает полный воды жизни вечной Гордыне нашему, который от меча вражеского не увернулся. Голову свою торчавшую утратил. Смерти не имеем для своих, нежели жизнь наша вечна. Вожди братьев о братьях своих заботятся.

Умирающему.

К лугам Свароговым отойдёт. Там перунца говорит ему:

- Той Сварге никакой будешь. Иначе будет нежели у руса Гордина. Ни греки мы, ни варяги, ни анты мы. Мы славяне по вере рода славного. То он идет по спевам материным. Матери Сва нашей, к лугам твоим Сварги великой.

Говорит ему Сварог:

- Идут сыны мои к той красе вешней. Там зреют дальше твои дни.

Бабе.

Те сказы о радостях и весельях, которые наблюдаются, плакала сильно до дня этого. Тогда потомками будешь возрадоваться о жизни своей вечной, до самого конца.

В крещения там не верили, так как воины Ясуни, имеем иные метки, нежели греки. Имеем Славу иную. С чужой славой ложно дозреем до Ирия нашего.
В Ирии увидим цветы прекрасные, деревья и луга. Если имеем вину, вините, от полей тех жатву собирайте и яшень полите. Пшено просово собирайте в закрома Сварожи. То будут богатства иные, так как земля будет праховая, с болезнями и страданиями.
Да будет мирный день Сварога вечно. Сами прячем Зур и ставим на место его. Будем поднимать Славу. С Зуром идем как овцы. Матерь Сва бьет крыльями обоими, это свои обе стороны, которые возгорелись сияющим светом на нас. Всякое перо у неё иное: красное, черное, синее, оранжевое, желтое, грязно золотое и белое. Светиться как солнце с с Арии умеет. В колы наши идет по солнцу, поэтому светит в семи красотах, которые за вечностью в Богах, ставших нашими. Перун, эту красоту видя, гремит в Сиверзе ясной, та птица есть счастье наше. Сидящую птицу имеем, станем свои силы напрягать и узреем её. Отсечем старую жизнь нашу от новой, как сечём при рубке дров для домов огнищан простых. Матери Слава! Бьет крыльями в полете. Идем под стяги наши. Те стяги Ясуни.

Поганые веды те, где сказано:
- Имеем всё своё, да все забирает род русов десятками, сотнями. Да тайно нападает, враждебно на нас.
Пометив главное, отречемся от слов этих: «Там злые поляне, да зовут же их хищниками, те поедают падаль». Оставим: «текут реки великие на Руси»; «Многие воды ее журчат напевы стародавние»; «То и боляре, которые не все боятся в поля годи идя»; «Годы многие все пряталось в вольность русскую, те-то славяне ничего не берегли. Ни животы свои», - так говорит о них Берегиня.

Бьет крыльями Матерь Сва, - Слава! Журчит тайная птица о гордынях борусинских, которые от Ромеи пали, так как колы Данаевы обведены Троянь валами. Те просто трижды легли. Скользко, воинственно пляшут на них, плача поле осени. В зиме студеной громыхают, спотыкаясь об них. Скользят на них и летают как голуби дивные. Тащась назад ругаются, и врут как погибали те в Славном бою.
Не оставили земли своей врагам. Мы ведь и много иного, также потомки. Не лишимся земли нашей на которой были воронженцами и не будем мы никогда греками. Тут заря красная идет к ним, как жена благая. Молоко дает нам для силы нашей. Крепость наша двужильная то Зарыня солнцу вещая. Слышится всеми извещение это: конница скачет на запад. Вместе управляемый был его челн золотой к ночи. Был бэх воз волами смирными влечен по степи синей, там ляжет солнце спать в ночи. Тогда день близится к вечеру. Другой скачет, у Яви пришел вечер. Так говорим:

- Солнце находится в узде. Волы есть там. Ждут его на млечной стезе. Еще заря пролиться в степи позвана, чтобы Матерь Сва поспешила на дела.
Так говорим:
- Сами имеем прекрасный венец веры нашей.
Не нуждаемся в чужом дополнении к вере своей. Князя тут своего имеем, те были у нас до Ясуни боляровой. Былое сами охраняли от врагов, побеспокоившись заранее об этом. Позднее время будет и окончится поздним, да имеем силы свои. Наступает Матерь солнечного строения. Крылья в обе стороны разведены, тело в середине. Голова Ясуни на площади земли голой, в венце славном, головы которой не лишат войнами, голова своя у Ясуни. Уберегутся землёю этой от новых дней. Если о чехах говорить, к западу собственно тоже свои, хорват бери – такие же как и мы, свои среди воинов. Если говорить не только о воинах, тогда надо говорить иначе. Так как чехи селились за пределами Руси, на западе. Так за ними отдельная земля. Рядом с ними Русколань. Кий уселся в Киеве. Тому сами племена подлегли. С Кием до целого всем Русь строилась. Так будит у нас иная сила, идет она с Русью. Неожиданная тайна есть, там Перун идет. Головою золотую трясет, молнии посевает от Сварги синей. Та твердеет оттого. Матери Слава, спевает о трудах своих ратных. Моментально остановитесь и послушайте! Хотите брани зороастрийской за Русь нашу? Просвещенность у нас имеется, Матери слова сияют отточенными до блеска и светят как солнце. Вещает нам победы она.

Погибель.
Не погибели боимся, как-то есть жизнь вечная. Разговору этому имеются дебаты вещие, так как земное против вечности ничто, сами мы на земле пребываем как искры. Сгинем во тьме, как будто не были истинно никогда на ней, так слова наши текут до Матери слов. Пребудем в них до самого конца земного. Иные жизни - то будут уже без Сва, со стен на которых всё начертано. Боятся все смерти, так как сами имеем потомков.
Дажьбо нас родил через Корову Замунь. Оттого будем кравенцы. Скуфе он же тебе будет русом и борусью. Суренжецами сами станем, это тоже деды русов. С Пенджеби идем.
До этого шли к Сибири Сварожьей, с Инеи.
За старое время рыбье нас оставили, не хотели идти к земле наши. Арии хотели же идти, так как вместе имели доблесть. Так стали изгибаться свои.
- Не будут плодиться все за нас. Вымрут же, так как не плодиться ничто одно, не забывайте.
Не вспоминают вообще о тех костобоких. Суть она проста, они ждали помощи от Сибиряков самих, не став на себя надеяться. Так это и произошло. От лиров поглощаться стали, тут можно говорить по всякому:
- Есть право надеяться стать от обеих теми или другими.

Так лиры стали поглощаться нами. Не имеем теперь никого, так дулебами став от нас повернули на Борусь, забыв о том, что были лирами. Не ботью наречены, а ильмерцами. Те сидели на озёрах и видели свою ушедшую даль. Ильмеры остались все на озёрах и поэтому забылись меньше.

Речи свои, поле наше.
Былое бьет крыльями - Матерь Сва. Спевает песню к сечи. Та не является птицей солнца. Тайна в этом есть, от птицы матерь Сва вновь станет былое.
Богумиру Боги дают блага земные. Того блага сами не имеем себе, так как нам была тогда Инь землёю своей. Старцев в роду оберегаем как княжество, которые от времени стары, ведь наши вожди назывались разве все старцами, то были князьями долгое время. Того греки не завели. Правили до конца, как обещано мужу тому было. Ждёт по наследству от рождения. Умеют греки передавать престол потомкам своим по наследству, чтобы те правили нами.
По Богумиру был Орей с сынами своими. Кола была иегунов велика, порою затевалась в сотворении великой земли своей. Так шли вон от Ини к Руси и нас не будет там в другое время. Умели это, брать за узда и тянуть вперед. Не будет рассказано как сами оставляем земли наши. Имеем Иня, но да скажут как сами прячем многое в себе. То урусицы не оставили есть грекам на земле вашей. Перестали о ней заботиться. В те времена Ра реке быть, кроме нас, и в иной земле. Днями возжаждали враги земли нашей и налезли на земли наши со словами:
- Имеем все своё, прячете овец наших, да удержим степи ваши. А не дадите овец, земли и нам достанутся.
Так умели иначе поступать. Не палить дубы в полях своих, нежели сено между тех. Жали жниву, в пепле, так как мы имеем степи травные, чтобы скотину пасти, береглась земля наша от врагов.

Комментарии и выборка тем для исследования.

Веда затрагивает вопросы духовности Руси, её бытность и преданность ариев славянской вере. Она раскрывает исторические события происходящие в жизни славян-ариев и других племён. Заслуживает внимания информация о первых славянских игрищах, которые проводились ещё до появления на свет популярных в древней Греции Олимпийских игр.

Описывается период зарождения на территории ариев Зороастризма и войн на религиозной почве с ромеям. Ромеи не давали покоя ариям, греки хотели обложить ариев данью на Крымском полуострове, захватив Хорсунь. Была тридцатилетняя борьба за торжища выстроенных ариями торговых

городищ на Западном Причерноморье и Черноморском побережье Кавказа. Данное описание приходится на время захвата Хорсуни в период греческой колонизации Черноморского побережья и переименование Хорсуни в Херсонес, основанный 2540 лет назад греками выходцами из Гераклии Понтийской. В наиболее ранних слоях Херсонеса археологами было найдено значительное число черепков архаической чёрнофигурной керамики, датируемой не позже VI в. до н. э.

Колонизации и захвату выстроенных ариями торговых городищ предшествовала активная торговля ариев со средиземноморьем, производился обмен выращиваемых коров на средиземноморские продукты потребления, благовония, масла для жён и детей, другие товары. Вслед за торговцами на Черноморское побережье потянулись послы, прощупывающие слабые места ариев, чтобы обложить их данью. Выход был найден путём силового захвата торговых городищ и образования на их месте греческих колоний. Места эти были оставлены ариями не охотно. В результате оказанного сопротивления они понесли потери. Приходилось утешать себя тем, что до ариев на побережье располагалась годь, уступившая данные территории ариям при освоении ими Б.Кавказа. Не последнюю роль в данном вопросе сыграло и то, что во время постройки торговых городищ для обучения строительному делу допускалась и греческая молодёжь. Это в последствии было признано ошибкой, которая привела к тяжёлому поражению. Так была перевернута вторая страница истории пребывания ариев на Б.Кавказе. Напомню, что первой её страницей был приход славян ариев на Б.Кавказ около 5200 лет назад и их исход спустя 1500 лет истории пребывания на этих землях, из-за произошедших на Б.Кавказе природных катаклизмов. Этот период истории был описан в Вестнике РА академии ДНК-генеалогии т.2 №2 за 2009 и т. 3 № 7 за 2010.

В веде имеется упоминание о неком Галаре, которого предварительно удалось идентифицировать как Гулареха (Галарреха), князя берендеев образовавшего общий союз берендеев с годью и иегунами. Жил 2500 лет назад. За двадцать лет они перессорились между собой и Гуларех оттеснил иегунов со своих земель, расположенных на Южном Урале, в низовье реки Вороненца (р.Урал). С конца XI века берендеи упоминаются в Киевском княжестве, где они осели вдоль реки Рось с обязанностью принимать участие в походах киевских князей. В XIII веке берендеи частично ассимилировались с Золотой ордой и частично осели в Болгарии. Свою столицу берендеи называли Переяславлем, которую учёные отождествляют с украинским городом Переяслав-Хмельницкий, который был основан великими киевскими князями для борьбы с половцами. В XVI - XVII веках город стал одним из центров формирования запорожского казачества

Войска Запорожского Низового. Берендеи в XII веке упоминаются во Владимирской Руси в районе между Москвой и Переславлем-Залесским, в пос. Берендеево. Память о них сохранилась и в названии города Бердичев на Житомирщине. **(Н.Карамзин, О. Сулейменов).**

Обращают на себя внимание такие топонимы как Скуфь Киевская, Антия, Русса, Борея, Русколань, Борусия, Баты, Елица, Ясунь, Хорсунь требующие своих исследований и пояснений. Характерной чертой данной веды является ряд советов своим потомкам. Описываются такие понятия как смерть и рождение, их суть и их значение .
Показано, как надо относится к ведам своим и ведам, враждебно описывающим славянскую историю. Не следует доверять всему что пишется в истории, надо уметь всё это анализировать и распознавать.

Для исследования мной были отобранные две темы:

1. Первые славяно-арийские состязания и спортивные игры.
2. Образование Скуфи Киевской и края Антов.

Тематические исследования.

Первые славяно-арийские состязания и спортивные игры.

Очевидно, что идея проведения спортивных игр в виде состязаний на скорость, силу и ловкость была у славян-ариев древней традицией и первоначально начали проводить их во время славянских религиозных праздников. Состязания, как видно из славянских вед, проходили на глазах своих соотечественников и сопровождались плясками и песнопениями. Большую роль в этих празднествах и состязаниях играли волхвы, сопровождавшие праздник жертвоприношениями и хвалениями богов.

Долгое время правим родами. Старейшины вендского рода шли обсуждать родичей у Перунова дерева. ***В те дни имели игрища перед очами старших. Силу юную показывали, юноши в беге состязались, пели, плясали тогда.*** *В тот день огнищане ходили задумчивые, приносили дичину старцам, которые делились тою в первую очередь с людьми. Волхвы жертву приносили и Богам хваление. Славу провозглашали по времени года. О Яви, не варягу будет сказано, избирали всем нам князя вожди.* (ВК-7)

Теперь давайте посмотрим как проходили первые Олимпийские игры в древней Греции и воспроизведём историю их возникновения. Существует

немало легенд о зарождении Олимпийских игр. Они так же как и у ариев привязаны к прославлению древнегреческих Олимпийских богов и героев. Легенда гласит: *царь Элиды Ифит, видя, что его народ устал от бесконечных войн, отправился в Дельфы, где жрица Аполлона передала ему повеление богов: устроить общегреческие атлетические празднества. После чего Ифит, спартанский законодатель Ликург и афинский законодатель - реформатор Клиосфен установили порядок проведения таких игр и заключили священный союз. Олимпию, где надлежало проводить это празднество, объявили священным местом. Согласно другому мифу, сын Зевса Геракл привез в Олимпию священную оливковую ветвь и учредил игры атлетов в ознаменование победы Зевса над его свирепым отцом Кроном.* (Википедия).

Обязательной частью античных Олимпийских игр были религиозные церемонии. По установившемуся обычаю, первый день Игр отводился для жертвоприношений: *атлеты проводили этот день у жертвенников и алтарей своих богов-покровителей. Подобный обряд повторялся и в заключительный день Олимпийских игр, когда вручались награды. Первые Олимпийские игры были однодневными до V в. до .н.э. Сами же первые Олимпийские игры состоялись в 776 году до н.э. и олимпийский праздник сразу же получил общегреческое признание. Этот год явился первой летописной страницей Олимпийских игр. Поначалу в Играх участвовали атлеты лишь двух городов Элиды - Элиса и Писы. Позже место их проведения заменила Олимпия расположенная на юго-западе Греции, в долине реки Алфей, которая впадает в Ионическое море. Отсюда и название игр – Олимпийские. Это был город, посвященный богам. Здесь жили только священники, хранители захоронений и сокровищ. Вокруг долины зеленел священный пояс - Альтис. В этой священной роще росли платаны, кипарисы, оливы. За рощей белели храмы Зевса, Геры, Деметры, храмы прекрасных и чистых линий, шедевры греческой архитектуры. Между всеми этими строениями находилось около семидесяти алтарей, на которых приносили жертвы многочисленным богам, почитаемым в Древней Греции.*

Интерес в этой работе вызывает и то, что в то время не все могли принимать участие в Играх. По закону к ним не допускали рабов и варваров. А так же запрещалось присутствие под страхом смерти женщин. Вот собственно то, что привлекает наше внимание к вопросу были ли Олимпийские игры самыми древними на планете состязаниями и заслуженно ли это первенство приписано древним грекам, связывающим игры как части религиозного культа в далёком 776 г. до н.э. или же они были заимствованы у других народов, у кого именно и к какому году их можно отнести. В этом ключе и проводится данное исследование по ранее изученным материалам **Плутарха, Геродота, Пиндара, Лукиана, Павсания, Симонида** и других античных авторов и сверяя их с имеющимися данными описанными в седьмой славянской веде.

Когда и как информация о проведении ариями игрищ на религиозных праздниках могла просочиться в древнюю Грецию? Предположительно, это относится к событиям появления славян-ариев на Большом Кавказе. В предыдущих работах было выявлено, что арии появились на Б.Кавказе около 5200 лет назад (Вестник РА ДНК-генеалогии т. 3 № 9 за 2010 г.), а образование Антии (Антлани) относится к периоду, упадок которого приходится на возраст около 3500 лет назад, когда в результате природных катаклизмов арии в массовом порядке покинули Б.Кавказ. В этой же работе отмечается, что древнегреческий философ Платон описал данную территорию как остров Атлантиду. В трудах **Платона «Диалоги, Критий»** отмечается:

В этом храме они собирались то на пятый, то на шестой год, попеременно отмеривая то четное, то нечетное число, чтобы совещаться об общих заботах, разбирать, не допустил ли кто-нибудь из них какого-либо нарушения, и творить суд.

Как видим, данная информация хорошо сочетается с изложенной в ведах. Теперь давайте вернёмся к периоду проведения первых Олимпийских игр. Они приходятся на 776 год до н.э. Один из мифов связывает начало проведения игр с Гераклом, сыном Зевса, который привез в Олимпию священную оливковую ветвь и учредил игры атлетов в ознаменование победы Зевса над его свирепым отцом Кроном. Это по времени совпадает с периодом путешествия аргонавтов в Колхиду за Золотым руном. Из мифа об аргонавтах известно, что они при своём путешествии были в гостях у Титана (атлантов). На Форуме Академии ДНК-генеалогии уже обсуждался данный вопрос и было выявлено, что путь аргонавтов во время бегства пролегал с самого начала от Колхидской долины через двенадцатидневную переволоку судна в Каспий по рекам Риони и Кура, по сравнительно пологому ущелью с перевалом в районе Хашури. Далее по Куре в Каспий и по Кумо-Манычской впадине в Азов и Чёрное море. На этапе между Каспием и Азовом они и побывали в гостях у Титана, где и могли услышать рассказ о проводимых в древности состязаниях и играх, который привезли домой в древнюю Грецию. До этого периода ни о каких играх и спортивных состязаниях в древней Греции в мифологии не упоминается.

Я далёк от мысли, чтобы делать на основе столь немногих данных, какие-либо окончательные выводы, но счёл необходимым обозначить данную проблему для её дальнейшего тщательного исследования, в меру схожести изложенной в ней информации. Её актуальность вызвана ещё и тем, что мы находимся на пороге проведения XXII Зимних Олимпийских игр, которые состоятся в 2014 г. в городе Сочи. Возможно, получится так, что они впервые

пройдут на родине древнейших состязательных игр когда либо проводимых на земле, приносимых мир и спокойствие на Б.Кавказе.

Образование Скуфи Киевской и края Антов.

Галаре еще севернее сидел от нашей северной границы. Иегуны на юге были. Тут плакала Русколань и Борусия. Елица иегунов вооружала годь. Тут Русса выдвинула свои силы. Иегунов отразив, ***сотворили край Антов и Скуфь Киеву****.*
Дни эти засекли сердце наше, это кровавые оды Тора описывали, на Северо-запад ведь тоже продвигались. Изроняем слезы свои, которые в судах текут, наши животы тоже немы, во времени тонут. Так вехой всем станем, когда время придет, так как по засеченным меткам своим сами ходить умеем на врагов. Ищите Бату, греки, ищите её и иегуны. Нас те Баты окружают. Стережете их, чтобы они не стали нашими в один миг, так как маячат перед очами нашими.
Голарех заплатил за то. Вынуждены были Хорсунью заплатить за слезы дочерей наших. (ВК 7).

Скифы. Давайте попробуем разобраться кто такие скифы и анты. Этому вопросу посвящены труды многих исследователей: **Рыбакова Б.С., Агбунова М.Б., Гракова Б.Н., Смирнова А.П., Гавриленко О.А.** и многих других авторов пытавшихся из полученных греческих первоисточников, таких как труды Геродота исследовать и понять кто такие скифы. Этой теме посвящены фундаментальные академические монографии цикла «Археология СССР» (Степи европейской части СССР в скифо-сарматское время. 1989; Степная полоса азиатской части СССР в скифо-сарматское время. 1992; Славяне и их соседи в конце I тысячелетия до н. э. — первой половины I тысячелетия н. э. 1993). Но, несмотря на все эти труды, стоило появится на свет новой информации о скифах и антах как многие из них начинали выглядеть довольно неубедительно, несмотря на полномасштабность проводимых исследований.

Исследователи в основном отталкиваются от нескольких описаний скифов **Геродотом** у которого сказано:

IV.7. Так рассказывают скифы о происхождении своего народа. Они думают, впрочем, что со времен первого царя Таргитая до вторжения в их землю Дария прошло как раз только 1000 лет (примерно 1514 – 1512 гг. до н. э.; комментарий). Упомянутые священные золотые предметы скифские цари тщательно охраняли и с благоговением почитали их, принося ежегодно богатые жертвы. Если кто-нибудь на празднике заснет под открытым небом с этим священным золотом, то, по мнению скифов, не проживет и года. Поэтому скифы дают ему столько земли, сколько он может за день объехать на коне. Так как земли у них было много, то

Колаксаис разделил её, по рассказам скифов, на три царства между своими тремя сыновьями. Самым большим он сделал то царство, где хранилось золото. В области, лежащей ещё дальше к северу от земли скифов, как передают, нельзя ничего видеть и туда невозможно проникнуть из-за летающих перьев. И действительно, земля и воздух там полны перьев, а это-то и мешает зрению.
8. Так сами скифы рассказывают о себе и о соседних с ними северных странах. Эллины же, что живут на Понте, передают иначе. Геракл, гоня быков Гериона, прибыл в эту тогда ещё необитаемую страну (теперь её занимают скифы). Герион же жил далеко от Понта, на острове в Океане у Гадир за Геракловыми столпами (остров этот эллины зовут Эрифией). Океан, по утверждению эллинов, течет, начиная от восхода солнца, вокруг всей земли, но доказать этого они не могут. Оттуда-то Геракл и прибыл в так называемую теперь страну скифов. Там его застали непогода и холод. Закутавшись в свиную шкуру, он заснул, а в это время его упряжные кони (он пустил их пастись) чудесным образом исчезли.
11. Существует ещё и третье сказание (ему я сам больше всего доверяю). Оно гласит так. Кочевые племена скифов обитали в Азии. Когда массагеты вытеснили их оттуда военной силой, скифы перешли Аракс и прибыли в киммерийскую землю (страна, ныне населенная скифами, как говорят, издревле принадлежалакиммерийцам). С приближением скифов киммерийцы стали держать совет, что им делать пред лицом многочисленного вражеского войска.
12. И теперь ещё в Скифской земле существуют киммерийские укрепления и киммерийские переправы; есть также и область по имени Киммерия и так называемый Киммерийский Боспор. Спасаясь бегством от скифов в Азию, киммерийцы, как известно, заняли полуостров там, где ныне эллинский город Синопа. Известно также, что скифы в погоне за киммерийцами сбились с пути и вторглись в Мидийскую землю. Ведь киммерийцы постоянно двигались вдоль побережья Понта, скифы же во время преследования держались слева от Кавказа, пока не вторглись в землю мидян. Так вот, они повернули в глубь страны. Это последнее сказание передают одинаково как эллины, так и варвары.

Этноним «скифы» в научных кругах принято считать греческого происхождения, по причине описания скифов Геродотом, применяющийся к группе народов, обитавших и в Восточной Европе, и в Средней Азии и в Сибири в античный период. К ним относят кочевников ираноязычных племён населявших в прошлом территории Украины, южной части России, Казахстана и Сибири. Правда, как правило, с оговоркой, что это не исключает иную этническую принадлежность некоторых из племен, которых античные авторы также называли скифами. Для обоснования этой гипотезы приводятся результаты археологических раскопок на вышеперечисленных территориях от Дуная до Сибири включая и Алтай. При этом утверждается, что язык скифов входит в северо-восточную ветвь иранских языков на что указывают скифские имена в греческой

мифологии. При этом отмечается, что начиная с эпохи великого переселения народов понятие «скифы» перемешалось с различными народами Евразийских степей, включая северное Причерноморье и территорию Б.Кавказа. В III-IV веках н.э. «скифами» стали уже называть и готов, восточные тюркоязычные племена хазар, печенегов, а также ираноязычных алан.

Если говорить о периоде возникновения скифов, то сторонники курганной гипотезы археологической культуры скифов относят их возникновение к VII веку до н. э. При этом одни сторонники, ссылаясь на Геродота, утверждают, что скифы пришли с востока, другие - утверждают, что скифы к тому времени обитали на территории Северного Причерноморья несколько веков, выделившись из срубной археологической культуры. Имеются и учённые, такие как **М.Гамбутас** утверждающие образование пращуров скифов в 5- 4 тыс. до н. э. У некоторых учёных они представлены потомками носителей срубной культуры с XIV века до н.э. продвигавшихся с территории Поволжья на запад. Другие полагают, что основные скифы вышли тысячи лет назад из Средней Азии и смешалось с населением Северного Причерноморья.

Когда речь заходит об образовании государственности скифов - Скифии, то её относят к VIII веку до н. э., с местом образования в Северном Причерноморье, которое до этого веками было заселено киммерийцами. Считается, что киммерийцы были вытеснены скифами из Северного Причерноморья к VII веку до н. э. переселением скифов и вторжением их в Малую Азию. По сведениям Геродота: скифы делятся на царских скифов, кочевников, земледельцев, пахарей, эллино-скифов и алазонов-скифов. При этом отмечается что у скифов существовал союз племён, который постепенно приобретал черты своеобразного государства раннерабовладельческого типа. *Истории известен ряд причин послуживших образованию союза скифов. Одна из них – война с персидским царём Дарием 1 в 512 году до н.э. На рубеже V-IV вв. до н. э. было окончательно сформировано объединение Скифии от Азова до Дуная.*

Просуществовало Скифское царство в Крыму до второй половины III в. н.э. и было уничтожено готами. Скифы окончательно потеряли свою самостоятельность и этническое своеобразие, растворившись среди племен во времена Великого переселения народов. Так, или примерно так, описывается история появления скифов в целом, если проанализировать труды современных исследователей. При этом трудно не заметить нестыковок по таким направлениям этих исследований как истории возникновения скифов, образования скифского союза, миграций этого народа, не говоря уже о причастности скифов к тому либо иному этносу

или группе племён. К кому их только не относят: к сакам, сарматам, сколотам, аланам, готам, эллинам. Создаётся впечатление некой недоисследованности данного вопроса.

В Вестнике РА ДНК-генеалогии т. 3 №12, 2010 частично затрагивался этот вопрос в теме: «Исследование славянских вед «Велесовой книги». Веда 4.» (**Максименко Г.З.**) рассматривая альтернативные по данному вопросу материалы. Во время исследований были рассмотрены материалы готского историка **Иордана**, у которого сообщается: *В Скифии первыми с запада прибывает народ гепидов, который окружён великими и славнейшими реками: Тисия (Тиса), Данувий (Дунай), Флутавсий впадающий в Истр.* По сведениям Иордана племена, населявшие этот регион, именовали себя преимущественно славянами и антами. Изучая греческие первоисточники, относящиеся к экономической тематике, присутствие славян там можно обнаружить намного раньше, уже к 4 в. до н.э. Не составляет труда проследить развитие земледелия и растениеводства на чернозёмных землях в районе Западного Причерноморья. Анализируя изложенную древними греками информацию, становится ясно, что появление славян имеет место быть уже в 4 веке до н.э., в период греческой колонизации Черноморского побережья. Теперь посмотрим что известно на сегодня о таком народе как анты, период их образования и места проживания.

Анты. Их относят к полиэтносу, происходящему в основном из античных венедов (вендов) как и славян. В исследованиях, изложенных в электронных средствах информации говорится о том, что анты частично унаследовали киммерийско-скифскую и сарматскую культуры. Археология свидетельствует, что в V-VII вв. анты были отдельной этноплеменной группировкой славянства, сформировавшейся в III-IV вв. в составе Черняховской культуры в условиях взаимодействия славян с ираноязычным населением. Представители Пеньковской и ипотешти-киндештской культур идентифицируются с антами. К этому времени анты жили на территории современной Украины, в междуречье Днепра и Днестра примыкающих к Черному морю.

В период наивысшего расцвета занимали территорию от Дона до Румынии и дальше на Балканию. Во время раскопок археологи обнаружили укреплённые пункты, где нашли оружие, ценные украшения. Это свидетельствует, что кроме гражданского населения, здесь жили воины. Анты были закалёнными воинами. Каждый воин имел на вооружении два небольших копья, деревянные луки и стрелы.

Анты находились на стадии разложения первобытного общества. У них уже была частная собственность, что повлияло на имущественное расслоение. Возглавлял антские объединения военный вождь. Ближайшее окружение военного вождя

составляли старейшины племён. Военные вожди имели дружины, из которых со временем выделялись зажиточные люди. Пленных превращали в рабов.

С нападением аваров в значительной мере связывается исчезновение с исторической арены антов. В последний раз анты упоминаются в 602 году. (**Википедия. Анты**).

Традиционной считается версия, отождествляющая антов со славянами. Она основана на свидетельствах Прокопия Кесарийского, а также на анализе антских имен. В то же время распространено мнение, что этноним анты - иранского происхождения. В религиозном аспекте отмечается, что самым почитаемым у антов был славянский Бог Перун.

Из того же источника информации мы получаем следующие сведения:
Имеется и нетрадиционная версия, что анты являлись северокавказским племенем, предками современных адыгов. Местный историк XIX века Ш.Ногмов пришёл к такому выводу на основе преданий кабардинцев о своём прошлом. По его словам, адыги (кабардинцы и черкесы) называли себя в древности антихе, позднее перешедшем в адыге. Ногмов, ссылаясь на предания, утверждал, что антихе обитали от Терека до Волги и Дона. Согласно преданиям, предки адыгов воевали с готами и аварами около восточной окраины Чёрного моря, о миграции к другому концу Чёрного моря на Дунай предания ничего не сообщают. Известна надпись с упоминанием антов относящаяся к III веку и Боспорскому царству, то есть местам обитания предков адыгов.

По мнению историка Фёдоровой М.С. анты - союз разноэтнический и разноязыковой, а ведущим этнолингвистическим компонентом антов являлись ханты. Анты двигались от Причерноморья и Приднепровья к Волго-Донско-Окскому междуречью. Какие-то группы антов двинулись севернее, другие остались на месте, сливаясь с местным населением, третьи двинулись к востоку. С ними двигались и бианты (протоюгра, предки обских угров), которые от Волго-Донско-Окского междуречья двинулись на восток и север. Здесь в движении частично участвовали косоги, мокша, мещера и эрзя). Этим может объясняться появление в мокшанском и эрзянском языках категории объектного спряжения, характерного только для угорских языков, а также сокращение количества падежей как результат тесных контактов с биантами. По мнению Федоровой М.С. сам этноним 'ханты' пришёл в греческий от керкетов/касогов в форме 'анты', что было обусловлено особенностями языка касогов. В адыгейском и кабардинском фольклоре упоминается народ с именем "ханты". В кабардинской национальной кухне присутствует блюдо, традиционно называемое 'хантхубс', что дословно означает "хантская просяная похлёбка". В работе Федоровой делается вывод, что нет лингвистических и исторических оснований для отождествления славян и антов.

В целом наблюдаются всё те же недоисследованности и противоречия в вопросе истории жизни скифов и антов. Попробуем разобраться в этих вопросах с использованием нового источника информации – славянских вед.

В древности Антия была по Русколани и древнее будем русами пребывать в себе. Это в Волынь идет впереди Антии. Это бьёт врагов, так как храбрость есть. В той Волыни наипервейшие роды наши есть. Это в Осеренце станем по новому величаться - антами и Антия Мезенмиру одержит победы над годью, расколов их племена на две части. Это по них текут егуны окровавленной славы жаждущие. Та борьба за Зур была. Это годь объединилась с иегунами и с неме, на отцов наших налезли, были разбиты ими и пленены.
Самостоятельно шли обры на княжение и забыли про него. Это сыны моря отошли от Руси.

Тот Орей, по вендам - отец нашим, такова будет наша борьба за житие и витязенства многие века назад. Сегодня верим, что было всё не так и доходит Тиверсия до Синего моря. Суренж наш, говорим вам, так как ведаем сами о той земле:
- Стародавние это земли наши. О полянстве Антиевом также есть разговор за многие земли, которые называли по разному. Кровь проливали. По Антии Руса будет, как Руд у ляхов. Таково перемешивали эту землю без конца и будут оттого земли наши. (ВК-2)

В более ранних работах в Вестнике ДНК-генеалогии был исследован такой топоним как Русколань. В исследовании первой веды был упомянут топоним «Русколань», который идентифицировать по данной веде не удалось из-за недостаточности информации о нём. Там было сказано: «*Предрешено было старым временем, когда с полей имеем веды о Ини. Творя землю Великую, от родов тех имеем Русколань нашу в Голуне.*» *ВК-1.* И опять сталкиваемся с данным топонимом уже во второй веде: «*В древности Антия была по Русколани и древнее будем русами пребывать в себе. Это в Волынь идет впереди Антии*».

Где искать Русколань по которой «сидела» Антия? Русколань является топонимом охватывающим такие территории как район побережья Северного моря (Голландии), Волыни и Антии. Для этого придётся проверить с какими регионами связан данный топоним в последующих ведах, без временной привязки. Исследования показали – Русколань является территориальным образованием славян-ариев. Обитали они по Русской равнине, от её западных границ до Уральских гор. Образована была в период расселения племён по Русской равнине. Из исследования гаплотипов гаплогруппы R1a1 девяти племён восточных славян Русской равнины известно, что примерно 5000±200 лет назад жил общий предок

славянских R1a1 гаплотипов, от которого и пошли девять генеалогических линий, каждая из которых могла образоваться в самостоятельное племя. Этот период и соответствует периоду расселения славян-ариев по Русской равнине.

Вернёмся к ранее проведённым исследованиям в Вестнике ДНК-генеалогии и освежим в памяти исследования проведённые по топонимам «Антия» и «Руса».

Устоявшиеся в науке энциклопедические трактует антов так, **БСЭ**:
(греч. Ántai), название восточнославянских племён в 4 – 7 вв., применявшееся византийскими писателями 6 – 7 вв. Впервые встречается в керченской надписи 3 в. н. э. Основные сведения по истории А. содержатся в трудах писателей 6 – 7 вв. (Прокопия, Иордана, Агафия, Менандра, Феофилакта и др.). А. занимали зону лесостепи между Днестром и Днепром и к востоку от Днепра. Они знали пашенное земледелие, оседлое скотоводство, отделившееся уже от сельского хозяйства, ремесло, добычу и обработку железа, высокоразвитое гончарство, ювелирное ремесло, обработку камня, кости, ткачество и т.д. По мнению некоторых исследователей, у А. существовала внутренняя торговля, связанная с развитием ремесла, и внешняя (в частности, с Римом); возникло денежное обращение, для которого могли быть использованы серебряные римские монеты.

Для антского общества была характерна сельская община. Археологам известны остатки обширных поселений А., состоявших из ряда отдельных домохозяйств, ремесленных мастерских. Имущественное расслоение у А. прослеживается по многочисленным кладам монет и драгоценных вещей. Большого развития достигло рабовладение. Византийские историки пишут о многих десятках тысяч военнопленных, захватывавшихся А. с целью превращения их в рабов, но форма рабской зависимости у А. была мягче, чем в Византии. В 3 – 4 вв. у А. складывается государство. В письменных источниках 6 – 7 вв. упоминаются политические деятели А.: цари – Бож, Ардагаст, Пирагаст; вельможи – Идарий, Келагаст; полководцы – Хильбудий, Доброгаст; дипломат Межамир и др.

Большинство научных работ так или иначе вращаютсявокруг темы по антам изложенной в БСЭ и информации изложенной в трудах писателей 6—7 вв. Прокопия, Иордана, Агафия, Менандра и Феофилакта:

АНТЫ
применявшееся византийскими писателями VI -VII вв. название восточнославянских племен в IV – VII вв. Возможно, что это – видоизменение общеславянского имени «венты», «вяты». Впервые название «ант» встречается в одной из керченских надписей III в. Основные сведения по истории антов содержатся в работах писателей VI – VII вв.: Прокопия, Иордана, Агафия, Менандра, Феофилакта, Псевдо-Маврикия, Феофана. Точные географические

границы применения наименования «ант» нельзя определить; наиболее важной исторически была область лесостепи от Карпат до Северского Донца, где известна т. н. «черняховская культура», которую, по мнению многих исследователей, можно в основной части связывать с актами. Антские племена лесной зоны жили в IV – VI вв. в условиях первобытнообщинного строя, а в лесостепной зоне у антов, вероятно, уже возникали классовые отношения. (Русская цивилизация).

Ничего нового исследователи данной темы предложить за последние годы не смогли. Посмотрим на эту тему с новой точки зрения: вот гипотеза, основанная на данных исследуемой веды и некоторых других первоисточниках, хорошо известных науке, но не рассматриваемых ранее. Во второй веде сказано, что Антия была по Русколани. Русколань мы идентифицировали как Русскую равнину имеющую свои границы до предгорий Северного Кавказа с южной стороны. Антия, по ведам, была образована позже Волыни, о чём сказано в ведах. Т.е. на территории между Днестром и Днепром, к востоку от Днепра она не могла быть образована, т.к. данная территория к Русской равнине не относится. Искать её следует на территории Б.Кавказа с северной его стороны. И поможет в этом ещё один топоним под названием «Руса» упоминаемый в исследуемой веде: «*говорим вам, так как ведаем сами о той земле:- Стародавние это земли наши. О полянстве Антиевом также есть разговор за многие земли, которые называли по разному. Кровь проливали. По Антии Руса будет, как Руд у ляхов.*» (ВК-2)

Из сказанного видно, что Руса это было название столицы Антии (территориального образования Антлани). Что нам известно о Русе из первоисточников?

Сведения о русах и славянах, живущих на «острове» в ар -Русийи, имеются в арабо-персидской литературе. Несмотря на их разрозненность и повторения авторов, они, по описаниям, говорят об одном и том же «острове руссов» и их столичном городе Русе (Руссе, Русийи). Вот эти сведения от Ибн Русте:
«*Что же касается ар-Русийи, то она находится на острове, окружённом озером. Остров, на котором они живут, протяжённостью в три дня пути (около 600 км. По Кумо-Манычской впадине, от Каспия до Дона, авт.), покрыт лесами и болотами, нездоров и сыр до того, что стоит только человеку ступить ногой на землю, как последняя трясётся из-за обилия на ней влаги.*
Есть у них знахари, из которых иные повеливают царём как будто бы они их начальники …» **(BGA. T.VII. P. 145-147; Новосельцев. 1965. С. 397-399)**

По словам Ибн Русте русы разделены на несколько племён, но по отношению к внешним врагам поступают единодушно. Между собой они

мало доверяют друг другу и не расстаются с оружием. Из самых подробных описаний известно, что это был союз не нескольких, а десяти княжеств, объединившихся воедино на «острове» (Б. Кавказе). Составляли эти княжества в основе племена славян – ариев.

Следующий рассказ об «острове руссов» - в сочинениях персидского историка XI века **Гардизи** «Зайн ал-ахбар», составленном в Афганистане в начале 50-х годов XI века. Его ценность в том, что он представляет собой географический и этнографический обзор, посвящённый тюркским народам. Его рассказ несколько видоизмененно совпадает с рассказом Ибн Русте. Цитаты:

Что же касается руссов, то есть остров, расположенный в море, и остров этот протяжённостью в три дня пути в длину и ширину и весь покрыт лесом. Почва его такая влажная, что если поставить ногу, то она погрузится в землю по причине её влажности. И есть у них царь (князь, авт.), называемых хакан-е рус. …
И одежда людей руссов и славян из льна …
(Гардизи/Бартольд. С. 39; Новосельцев. 1965. С. 399-400).

Разница в рассказах лишь в том, что у одного - остров окружён озером, а у другого - морем. Речь идёт о Каспийском море и Кумо-Манычской впадине, расположенных с азиатской стороны «острова». Дело в том, что Б.Кавказ окружён со всех сторон водным пространством - тремя морями, Чёрным, Азовским и Каспийским, и водоразделом Кумо-Манычской впадиной. По природе своей это напоминает «остров», имеющий сухопутную связь между Большим и Малым Кавказом на очень малом расстоянии, около 60 км.

Интересные сведения добавляет египетский историк и географ **Ибн Ийса** (1448-1524 г.г.) в свом труде «Аромат цветов из диковинок округов»:

«… Это большая и обширная земля и в ней много городов. Между одним городом и другим большое расстояние. В ней большой народ из язычников…
В их страну не входит никто из чужестранцев, так как его убивают. Земля их окружена горами, и выходят из этих гор источники проточной воды (целебные Минеральные источники в районе Минвод и всего Пятигорья) впадающие в большое озеро (Каспий). В середине большая гора (Эльбрус, авт.), с Юга её выходит белая река (Риони, авт.), пробивающая себе путь через луга к конечному морю Мрака (Чёрному морю), затем текущая на север Русийи, затем поворачивающая в сторону запада и больше никуда не поворачивающая (Кубань, авт.).» (Новосельцев. 1965. С. 402.)

Обратимся к греческим первоисточникам. Им тоже было известно об «острове». Историю «острова» ариев подробно описал **Платон.** Об «острове» – государстве, как можно заметить по древнегреческим первоисточникам, человечество впервые узнало от древнегреческого ученного Аристокла, известного под именем «Платон Афинский». Он описал этот остров 2367 лет назад в диалогах «Тимей», «Критий» и «Государство». Тут следует пояснить, что прадедом Аристокла по линии матери был законодатель Солон (640-559 г. до н.э.). Солон 2584 года назад провел десять лет в Египте, среди жрецов, хранителей древних тайн. Там, в г. Саисе, он и познакомился с документами, относящимися к древнейшей истории Греции, Египта и некоего острова. Аристокл получил письменные свидетельства по наследству. Отсюда подробное описание «острова», столицы, размеры, быт государства. Платон пересказал их в том виде, в котором они были засвидетельствованы Солоном.

Столь подробно я описал историю появления информации об этом острове повторно потому, что древнегреческий автор наиболее подробно описал Б.Кавказ, также обозначив его как «остров» с оговоркой о наличии сухопутной связи с Малым Кавказом (Закавказьем), и дав ему не только чёткие привязки, но и размеры. А также указал культуру, быт этого народа, и описал подробно его центральную часть - столицу.

Платон описал Антлань (Антию) под греческим названием «Атлантида», что не позволило ранее исследователям усмотреть в данном первоисточнике информацию об антах и углубить историю образования данной территории не ранее чем 2584 года назад.

Обратимся к архивам Российской государственной библиотеки представившей на всеобщее обозрение книгу **Мавро Орбина** «Историография початия имени славы и расширения рода славянского» в переводе с итальянского, опубликованной в 1722 году в С-Петербурге. На 22 стр. о славянах сказано (в дословном переводе):

И оттуда отплыв своими кораблями прошли внутрь к западу и далее вошли в устье реки Мозы и остановились там на некоторое время близ деревни Вландирге, построили фортецию сильно крепкую, которую от имени своего наименовали Славенбург за 900 лет прежде пришествия Христова.»

Т.е. 2900 лет назад славяне существовали как этнос. На стр. 24-25 имеется упоминание о ведении переговоров послов славянских с Александром Македонским (356 — 323 гг. до н. э.) и упоминания о вере славянской и их богах:

А ещё бы ***боги*** *восхотели, чтобы возраст твоего тела был бы равен желанию мысли твоей, тоб весь свет не мог тебя вмещать, ты одною рукою касался Востока, а другою бы Запада.*
и далее в тексте:
Сии вещи употребляем и с приятелями и против неприятелей; жито нажитое трудом, быков наших мы даём приятелям, с ними мы в чашках вино ***жертвуем богам****, а неприятелей издалека стрелами встречаем и вблизи копьём поражаем.*

События эти происходили более чем 2300 лет назад и арии в те времена веру свою имели и по вере славянами себя величали. Имеются и упоминания славянских богов когда славяне – арии антами себя величали. На стр.31 того же первоисточника сказано:

Анты больше всего между богов признавали единого только Перуна [т.е. строителя громостреляния] (громовержца, авт.) Господа Единого вселенной … Они не признавали фортуны госпожи над человеком … ; они же поклонялись лесам и нимфам [т.е. русалкам] (духам, авт.) и прочим демонам, которым жертвуя, воспринимали свои признательности добрые и злые.
Более подробно данный вопрос рассматривался в предыдущих работах, отражённых в **Вестнике ДНК-генеалогии (т.3 №12 за 2010).**

Рассмотрев всесторонне тему кто такие скифы и анты, с учётом новой информации, можно сделать вывод, что информация о скифах и антах изложенная в данной славянской веде, отражает правдивую информацию о времени и месте образования края Антов (Антлани) в качестве союза 10 княжеств в Северной части Б.Кавказа, преимущественно из славяно-арийских племён. Скуфь Киевская была образована в виде союза ряда славяно - арийских племён на базе Киевского княжества в районе Западного Причерноморья. Образованы союзы были для отражения натиска врагов, с севера – годи (для чего была образована Антия), а с юга - натиска средиземноморских племён, преимущественно греков. События эти происходили уже после продвижения славян-ариев по Русской равнине (4800 лет назад, **А.Клёсов 2009**) и приходятся на период образования Антии более чем 2500 лет назад и Скуфи Киевской около 2500 лет назад и совпадаеи с периодом начала греческой колонизации славяно-арийской части Западного побережья Чёрного моря. Относятся эти события преимущественно к истории славяно-арийских племён.

Изучаемые историками и археологами следы скифов и скифские захоронения на Дунае, Днепре, Б.Кавказе, Ю.Урале, в Казахстане и Сибири есть ничто иное как продвижение ариев гаплогруппы R1a1 от Балкан по данному маршруту продвижения. Столь большое расхождение между образованием скифского и антского союзов у исследователей наблюдается,

вероятно, по причине существующего временного барьера в традиционной истории, просматриваемого на такие даты как период образования Киева. Это, в свою очередь, не позволяет признать образование Скуфи Киевской в периода образования славян, образовавшимся по славянской вере не позднее 6200 лет назад. Негласно принято историю образования славян за 6 век н.э. «не пускать». Поэтому датировки которые привязаны к исследования антского периода, связанного со славянским народом рассматриваются во временных рамках новой эры. Отсюда же и нежелание видеть образование антов в глубокой древности уходящей своими корнями за 2500 лет назад.

В славянских ведах имеются уточнения и более подробная информация о событиях происходящих в период образования Скуфи Киевской. Греки пытались хитростью завладеть западной и северной частью Черноморского побережья. Для чего были использованы экономические, политические, религиозные и силовые методы воздействия на славян-ариев. Так хитрость и «двойные стандарты» греков позволили им в конечном итоге колонизировать Черноморское побережье, а славян-ариев представить как «Варваров рычащих по ночам» и дикие племена, отторгнув их от своих земель. Спустя многие столетия им пришлось силой возвращать свои родные земли.

Литература.

Античная мифология. Энциклопедия. Сост. Королев К. СПб, 2004

Анты. Энциклопедический словарь Брокгауза и Ефрона. СПб.

Геродот. История. IV. 7-12

Граков Б. Н. Каменское городище на Днепре, МИА, No 36, М., 1954.

Граков Б. Н. Скифы. — М. 1971

Геродот. История. Скифы: Хрестоматия. М.

Клёсов А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Т. 1 № 3 2008

Клёсов А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник

Российской Академии ДНК-генеалогии, Т. 1 № 4 2008

Клёсов А.А. Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племен? (дополненная и исправленная версия). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии т. 2 №5 2009

Ковпаненко Г. Т., Рычков Н. А. Курганы эпохи бронзы на юге Киевщины. Археологія, № 1 2004.

Кун Н.А. Легенды и мифы Древней Греции. СПб, 2001

Латышев В. В. Известия древних писателей греческих и латинских о Скифии и Кавказе. Т. 1-2. 1893-1906. С-П

Максименко Г.З. Велесова книга. Веды об укладе жизни и истоке веры славян Изд.2 НОУ «Академия управления», М., 2010

Максименко Г.З. Исследование славянских вед «Велесовой книги». Веда 4. О вере славянской в античный период греческой колонизации Черноморского побережья
(конец VII-IV век. до н.э.)Т. 3 №12, 2010 ISSN 1942-7484

Максименко Г.З. Как сочетается информация в славянских ведах с последними изысканиями в области ДНК-генеалогии? «Велесова книга» - веды славян. Ч. 3 Период образования Киева на Днепре. (Дополненная и исправленная версия). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии Т. 3 № 4, апрель 2010

Максименко Г.З. Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного
источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии. Веда 2. Об основателе Славянской веры и землях славяно – арийских племен R1a. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии Т. 3 №9, 2010

Рожанский И., Клёсов А. Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии т.2 №6, ноябрь 2009

Очерки по истории физической культуры. Под ред. Е.Н.Петрова. М., 1938

Олимпийские игры в древности. М., 1967

Павсаний. Описание Эллады. М., 2002

Рыбаков Б. С. Геродотова Скифия. М. 1979

Равкин Б.И. В долине Алфея. Олимпийские игры в искусстве Древней Греции. М., 1969

Скржинская М. В. Скифия глазами Эллинов. — СПб., 1998

Слатин Н.В. Влесова книга. М.-Омск, 2003

Соколов Г.И. Олимпия. М., 1980

Столбов В.В. История физической культуры. М., 1989

Смирнов А. П. Скифы. М., 1966

Федорова М. В. Славяне, мордва и анты: к вопросу о языковых связях.Воронеж, 1976
Черников С. С. Загадки золотого кургана. Где и когда зародилось скифское искусство. М., 1965.

Шилов Ю.А. Прародина ариев, Киев, Синто, 1995

Шабель Г. Олимпия и ее игры. Пер. с нем. Лейпциг, 1971

Шанин Ю.Б. Олимпия. История античного атлетизма. М., 2001

НАЧИНАЮЩИМ

С какими вопросами приходится сталкиваться начинающим генеалогам, интересующимся ДНК-генеалогией

Георгий Максименко

Разговоров и слухов о новой науке ДНК-генеалогии ходит немало. Сегодня об этой науке говорят много и разное. Одни утверждают, что с помощью ДНК-генеалогии уточняют родство детей и родителей, вычисляют возраст того или иного этноса земли, датируют археологические находки. Имеют место высказывания, что лучше ДНК-генеалогии в прошлом не разбирается никто. В общем имеется вокруг этой науки множество разных кривотолков и даже легенд о якобы превосходстве ДНК-генеалогии перед такими науками как лингвистика, археология, история и некоторыми другими науками.

Давайте попробуем разобраться в этом вопросе по порядку. Генеалогия на Руси, занимающаяся изучением родословной и своих корней существовала издревле и её данные передавались из поколения в поколение. Само понятие генеалогия на Руси употреблялось ещё с XI века н.э., в виде «родословия», а как практическая дисциплина сформировалась в средневековье, при разработке законов наследования земли, имущества, титулов и прочих наследственных причастностей. Если же говорить о ДНК-генеалогии, это действительно новая самостоятельная наука.

Название этой науки «ДНК-генеалогия родилось в кругу учёных и исследователей, живущих в разных странах, в том числе и России. Для исследований в этой области образована Российская Академия ДНК-генеалогии, результатами труда которой и пользуются сегодня читатели данного Вестника. Так что же такое ДНК-генеалогия? Эту науку часто представляют себе как одну из отраслей генетики, что не совсем верно отражает суть данной науки. У каждого из нас в негенных областях ДНК имеются участки, в которых хранится память о своём роде и его ответвлениях, отражённая происходящими в них мутациями. Эти мутации расположены в виде набора особых последовательностей нуклеотидов. В них и записана история наших предков которую ДНК-генеалоги научились считывать и «отматывать» на многие тысячелетия назад. Мутации, просчитываемые временными факторами позволяют путём их привязки к

данным истории, археологии, лингвистики, картографии, и других научных дисциплин помочь этим наукам более точно восстановить и понять историю как отдельного человека, его рода, так и человечества в целом. Это и вызывает тот самый эффект, который позволяет считать, что ДНК-генеалогия находится на передовых позициях в исследовании генеалогии, особенно там, где имеются пробелы или отсутствуют архивные сведения. Т.е. ДНК-генеалогия является связующим звеном, позволяющим ликвидировать многие нестыковки между выше перечисленными науками и привести их к единому знаменателю.

Несколько слов о том, как можно использовать ДНК-генеалогию для определения степени родства между людьми и разными народами. Считываемый «язык» ДНК символичен и содержит в себе информацию, благодаря расчётам которой определяется личная родовая принадлежность конкретного человека. В научном мире она рассматривается в двух взаимно дополняющих понятиях – гаплогруппа и гаплотип. Сравнивая гаплотипы разных людей можно выявить степень родства между ними и вычислить период жизни их общего предка. Если эти гаплотипы совпали полностью, это говорит о том, что данные люди находятся в прямом родстве между собой (при ряде других выполненных условий). Следовательно, гаплотип человека является его «визитной карточкой», своего рода «хромосомным паспортом», который передаётся по наследству.

Сравнивая гаплотипы большой группы людей можно выделить их родовые признаки, которые, по мере накопления информации, делятся в свою очередь на ветви рода и его подветви. Таким образом можно определить, к какому роду принадлежит человек, когда родился его первопредок и в сочетании с другими науками проследить пути миграций данного рода от его зарождения до нашего времени. В этом заключается ценность данной науки, позволяющей ликвидировать тёмные пятна нашей истории, а порой исправить некоторые её фрагменты там, где другие науки зашли в тупик и не могут самостоятельно справиться с некоторыми артефактами истории.

В народе имеется расхожая поговорка: *«Поскреби русского, татарина найдешь».* Должен заметить, совсем несправедливая поговорка. Скорее получается наоборот, если не пользоваться слухами и поговорками, а посмотреть статистику гаплогрупп татар. Статистика вещь упрямая и показывает обратное. Славянский этнос, состоящий из гаплогрупп R1a и N1c, среди татар составляет около 52 %. Из них гаплогруппа R1a, относящаяся к ариям-русичам, составляет 34% от всей численности татар. Остальные рода татар представлены гаплогруппами N2 (4.8%), R1b (4%), I (4% в которой тоже есть доля славян), Q (0.8%) и C (1.6%), на долю которых приходится в общей сложности 19.9% остальных родов татар. Из этого

можно сделать простой вывод: данная поговорка хоть и является расхожей в народе, но не находит своего подтверждения в научных исследованиях. Из пяти основных родовых гаплогрупп татар существенно преобладающей является именно «русская» (в отношении прямого соседства) гаплогруппа. Поэтому правильней было бы сказать: «Поскреби татарина, русского найдёшь». Из имеющихся данных ДНК-генеалогии можно сделать вывод, что контакты древних племен с предками татар не ограничивались исключительно войнами и торговлей, а имели весьма тесные межродовые отношения и ассимиляция татар шла в обратном порядке.

Если учесть, что у большинства народов планеты род ведётся по мужской линии и определяется в ДНК-генеалогии Y- хромосомой, существующей только у мужской части населения, а Y-хромосома передаётся от отца к сыну неизменно, кроме мутаций, которые происходят в среднем раз в тысячелетие, то по мужской линии он и остаётся неизменным на протяжении поколений. Другое дело, что при рождении ребёнка участвует и женская половина со всеми вытекающими последствиями. Поэтому с начала расселения от Балкан 6000 лет назад гаплогруппа R1a, разошлась по всему Евразийскому континенту и перемешались настолько, что найти анклавы с проживанием на таком отрезке времени без перемещения и без контактов с другими родами найти будет крайне сложно.

Ко всему прочему генетические часы не стоят на месте и мутации в хромосомной ряду периодически происходят, что не позволяет генотипу оставаться полностью не тронутым.

Вот пример того, во что могут вылиться исследования истории с подключением данных ДНК-генеалогии на примере русского народа, и как кардинально они могут отличаться от ранее известных фактов истории.

Если говорить о русском народе, проведённые исследования информации изложенной в славянских ведах «Велесовой книги», в совокупности с другими первоисточниками и изысканиями в области ДНК-генеалогии, археологии, картографии, лингвистики и других научных дисциплин позволили сложить пока ещё не окончательную, мозаичную картину о предках русского народа. На сегодня она выглядит примерно так. Славяне – арии, прибывшие примерно 11200 лет назад на Карпаты и Среднедунайскую низменность, в постледниковый период, 6500 лет назад, первой волной расселения продвинулись на Карпаты и к верховьям Дуная, после чего - второй волной расселения 6200 лет назад, одной своей частью продвинулись ариями – вендами, ведомые отцом Ореем, и скотичами, ведомыми князем Кисеком, к Северному морю. Скотичи продвинулись с низовий Рейна на Британские острова и основали там Скотлань, известную

сегодня под названием Скотланд или Шотландия. Племена вендов отца Орея, так он обозначен в ведах, пройдя вдоль Рейна и расселяясь на его пути, с низовий Рейна отправились в сторону современных Нидерландов и образовали там своё княжество под названием Голунь, спустя многие века получившую ныне известное название Голландия.

Другая часть ариев, ведомая сыном отца Орея, князем Кием, 6200 лет назад с Балкан спустилась, маневрируя между Днестром и Припятью, на Днепр, где и был основан г. Киев. На Днепр они шли будучи уже Славянами по вере и ариями – русичами по арийской ветви рода. Спустя тысячелетие, 5200 лет назад, Днепровская часть ариев переместилась к южным границам Русской равнины, в степи Б.Кавказа, основав в районе Пятигорья Русколань со столицей Русой. Под натиском годи с севера и греков с юга были созданы союзы арийских племён: Антия на Северном Кавказе, Скуфь Киевская (отсюда пошло понятие о скифах) и Днепроборея на территории Западного Причерноморья и Черноморского побережья Кавказа от Днепра до Бореи, основанной ариями – борусичами (бореянами). Пересечение славян-ариев с годью постоянно сопровождаемое враждой и столкновениями, впервые состоялось, предположительно, на Б.Кавказе по разным оценкам 5200 – 4300 лет назад.

Расселение ариев-русичей по территории Русской равнины началось 4800 лет назад и достигло других племён у оз. Ильмень, куда примерно 4300 лет назад проникли арии-венды продвинувшиеся вдоль Северного и Балтийского морей и арии –русичи, замкнувшие круг и образовавшие на месте г. Словенска Новгород. Сам Словенск был образован несколько раньше, 4419 лет назад, первыми прибывшими туда племенами ветви ариев – ильмерцев. 4000 лет назад арии освоили Ю.Урал во главе с ныне археологическими объектами известными под названием Аркаим, Синташта, и Страна городов, где было организовано металлоплавильное производство орудий труда и обороны, которые послужили предметов торговли вплоть до Средиземноморья, и к ним (объектам) были проложены водные маршруты по р.Урал в Каспий и далее по Кумо-Манычской впадине в Азов – Чёрное море – Мраморное и Средиземное моря. 3800-3600 лет назад в результате природных катаклизмов арии основной своей частью покинули Б.Кавказ и Ю.Урал, уйдя в Индию и Иран.

Под давлением древней Греции 2600-2400 лет назад начался захват Черноморского побережья и его колонизация. Удерживая колонизированные территории, греки 1800 лет назад пропустили вдоль Черноморского побережья на С. Кавказ ромеев, основавших на месте Русы город Суренж и Суренжский край, простиравшийся от Солдайя (Крымского Сурожа) до Кавказского Суренжа. Спустя 400 лет (1400 лет назад) на С.Кавказе был основан Хазарский каганат, владения которого распространились до Крымского полуострова, где расселились булгарские

племена. Арии-русичи собрали свои войска и вытеснили булгар к низовьям Дуная.

В середине IX в. н.э. произошёл перехват власти на Руси, в результате заговора варягов и греков – Аскольда и Дира, захвативших престол в Киевском княжестве. В тот же период в Новгородском княжестве был осуществлён переворот варягами во главе с воеводой Рюриком. Захват власти состоялся в Киеве и Новгороде в одном и том же году, 864 г. н.э. Несколько позже, написав историю образования Руси на свой лад, авторы скрыли правду о древности русской истории, её возникновение было отнесено к IX в. н.э., и заслуги были приписаны династии Рюриковичей. Дальнейшая история общеизвестна и достаточно описана в разных летописях.

Как видим из вышеизложенного, славянская цивилизация существовала ещё в допотопный период и была участницей тех далёких событий, что внесли свою лепту в её историю. По предварительным исследованиям, одной из причин переселения послужил ряд землетрясений, вызвавших извержение вулкана Санторин в Средиземном море с последующей серией землетрясений в районе Б.Кавказа, что вызвало затопление Кавказской низменности со стороны Северного, Кавказа вдоль Кумо-Манычской впадины. Это и заставило ариев покинуть свои территории.

К слову сказать, последнее время Б.Кавказ испытывает повышенное напряжение и участились слабые толчки земной коры и кто знает, может именно так всё и начиналось в те далёкие времена. Судя по активности сейсмически опасных зон и начавшейся волны землетрясений в Японии, прогнозы не утешительные и мы можем стать свидетелями природных катаклизмов.

Одним из часто встречающихся является вопрос, может ли ДНК-генеалогия показать в каком месте зародился первый человек.

Такое место ДНК-генеалогии известно. По современным представлениям им является Африканский континент. Самая древняя Y-хромосомная гаплогруппа «А» на земле обнаружена преимущественно в Южной Африке с возрастом около 75-60 тысяч лет назад. Примерно в этот период времени жил тот самый первопредок, что дал жизнь всему ныне живущему потомству на земном шаре. Это не значит, что он был самым первым человеком на земле. Это значит лишь то, что он является единственным выжившим потомком, которому удалось сохранить и продолжить свой род на территории Африки. По сведениям из наших ДНК все остальные его

потомки вышли из Африки, нравится это кому-то или нет. Более древних гаплогрупп на земле и других континентах пока обнаружено не было. Но это не значит, что не будет найдено и в будущем. Наука развивается динамично, и кто знает, какие сюрпризы она может преподнести в будущем. В данный момент, например, на форуме Российской Академии ДНК-генеалогии ведутся активные дискуссии и исследования по вопросу является ли гаплогруппа «А» по отношению к «В» родительской или же у них есть свой общий предок. Если дополнительные исследования и данные покажут их родительскую расходимость, то возраст их общего предка может оказаться на 200 тысяч лет древнее, и вполне может оказаться так, что жил он совсем на другом континенте. Пока же этот вопрос рассматривается больше как недоразумение, нежели гипотетическое предположение. Но в науке бывают всякие неожиданности.

Часто задают вопрос, кто такие на самом деле славяне и откуда образовалось это понятие. Когда мы говорим о славянах, надо понимать, что изначально арии стали славянами по вере, образовав 7519 лет назад свою веру вместе с началом отсчёта нового славянского календаря. С тех пор эта вера стала носить своё название как славянская. В Велесовой книге сказано следующее: «Мы славили своих Богов от того и есть суть – славяне». Позже эта вера стала распространяться на другие рода соприкасающиеся с ариями, образовав единый славянский этнос. К таким родам относятся славяне гаплогруппы I2a, обитающие преимущественно в Европе, и финно-угорские племена с гаплогруппой N1c. У каждого из этих родов с древности до слияния в единый этнос была своя история, которую позволяет отследить ДНК-генеалогия. Так, например, если арийские племена в период своего зарождения располагались в районе Балкан, то финно-угорские племена пришли в Европу из-за Урала и до встречи с ариями говорили на угорских (уральских) языках. Финно-уграми эту родовую группу назвали лингвисты. На самом деле это один из самых молодых родов появившихся на севере и берегах Балтийского моря. Правильней было бы назвать его «уральцами». Благодаря тесному контакту с ариями этот род приобрёл со временем европеоидные черты лица.

Развитие человечества не стоит на одном месте. Можно предположить, что в будущем могут произойти значительные этнические изменения. Цивилизации, как нам известно из истории, рождаются и умирают. Им на смену приходят другие, более жизнеустойчивые. Иногда эта смена зависит от войн и междоусобиц, иногда по причине природных катаклизмов, разрушающих целые цивилизации, как это происходило не раз на земле. Известны и случаи падения целых империй от ведения паразитического образа жизни и разврата людей мнимыми ценностями. Поэтому этносы, состоящие из группы родов, более подвержены изменениям чем сами роды,

в которых генетический код менее подвержен мутации, но всё же подвержен. Значит и изменения будут проходить, разделяя род на отдельные ветви. Но происходит это деление внутри рода, Какие-то из них будут активно развиваться, а какие-то чахнуть и умирать. Всё зависит от того, кто управляет родом, какие ценности выставляются на передний план, а какие признаются мнимыми. Сегодня складывается такое впечатление, что мир сошёл с ума и природа в ближайшее время приступит к его очищению.

Давайте рассмотрим данный вопрос на примере России. Большинство этнических славян обычно понятия не имеют, кто они по прямому мужскому происхождению. Но для этого плавного перемешивания трёх родов в славянский этнос понадобились три тысячи лет. Но тем не менее по геному различия между этими родами просматриваются до настоящего времени. Так что, несмотря на совместное проживание, эти рода на самом деле не перемешались и до этого события ещё очень далеко. Хотя судите сами, прошло 3000 лет контактов с одним родом и не менее 6000 лет с другим. Так что разговоры о том, что всё человечество давно перемешалось, и различия стёрлись, практически не подтверждается. Да и смешанные браки скорее являются исключением, а не нормой, если заглянуть в статистику.

В заключение хочу отметить что данный материал написан по наиболее часто встречающимся вопросам, задаваемым, как правило, новичками в области ДНК-генеалогии. Постарался изложить ответы на них в наиболее простой и популярной форме, с использованием и переложением трудов академиков, действительных членов Российской Академии ДНК-генеалогии, изложенных в данном Вестнике. В частности были использованы работы членов Академии РА ДНК Анатолия Клёсова и Игоря Рожанского.

Африка и язык
ПРЕДИСЛОВИЕ РЕДАКТОРА

Помещаемая ниже статья не имеет прямого отношения к ДНК-генеалогии. По самому текста тоже есть немало вопросов. Но подобные материалы стимулируют мышление, и в этом уже их ценность.

В связи с тематикой этой публикации стоит упомянуть о совсем недавней статье Q. D. Atkinson в журнале Science под названием Phonemic diversity supports a serial founder effect model of language expansion from Africa (Science 15 April 2011, vol. 332, No. 6027, pp. 346-349). В этой работе Аткинсон пишет о том, что как показатели ДНК, так и фенотипические показатели становятся менее «вариабельными» (diversity) по мере удаления от Африки, что, по его мнению, подтверждает теорию, что современный человек вышел своими предками из Африки. Более того, по данным Аткинсона и человеческая культура, и языки становятся также менее разнообразными по мере удаления от Африки. В статье Аткинсона это показано на примере анализа фонем 504 языков. В итоге К. Аткинсон приходит к выводу, что и распространение языков также поддерживает теорию «африканской прародины» современного человечества.

Гипотеза о первичной лексике палеолитического африканского охотника

А. Маловичко
ale-malovichko@yandex.ru
В. Козырский
kozyrski@ukr.net

I

Историю человечества нельзя написать без создания истории его языка. Эта история остается до нашего времени очень неопределенной. Поэтому появляются нерешенные пока вопросы: Когда мог появиться первичный язык Человека? Кто обладал этим языком и когда? Был ли этот язык у всех тех, кто был потомком первых людей? Или же более поздние потомки первых людей

забыли язык своих предков и позднее освоили какой-то другой язык, отличавшийся от первоначального?

Ответов на эти вопросы в настоящее время нет. Не решает эти проблемы даже универсальное академическое издание ЛЭС [1]. В этой энциклопедии ([1], стр. 604), пишется такое: "Под языком прежде всего имеют в виду естественный человеческий (в оппозиции к искусственным языкам и языку животных), возникновение и, существование которого неразрывно связано с возникновением и существованием человека – *Homo sapiens*".

Таким образом, лингвисты, которые занимаются проблемой происхождения языка, а надо думать, что речь должна идти о первоначальном языке, по-видимому, считают, что пока не появился *Homo sapiens*, его предки (т. е. архантропы вида *Homo erectus* и *Homo ergaster*), были немыми, или, как считают некоторые лингвисты (включая авторов ЛЭС), обладали каким-то "неестественным языком". (При этом, в этом издании нет объяснения, что же такое "неестественный язык").

Принимая такую модель появления языка Человека, надо было бы подумать о том, каким образом можно было бы объяснить тот огромный разрыв во времени между временем, когда Человек начал осваивать палку или камень, и временем, для которого был придуман срок появления *Homo sapiens*, 100 тыс. лет назад.

Большинство лингвистов считают, что язык у Человека появился сравнительно недавно, в эпоху верхнего палеолита, и очень неожиданно, то есть, как бы "одномоментно". По представлениям этих лингвистов, его истоки находились в разных частях Земли. Таким образом, среди ученых до сих пор преобладает теория полигенеза, как Человека, так и его языка. Даже такое представление о появлении *Homo sapiens* и его языка 100 тыс. лет назад еще не предел. Все современные теории происхождения Человека основаны на том предположении, что язык появился не раньше, чем 30 тыс. лет назад [2]. При этом большинство лингвистов и не думают о том, чтобы каким-то образом "заселить" огромный временной интервал между очень приблизительным сроком начала языка Человека, в эпоху нижнего палеолита, и IV тыс. до н. э., которое, согласно первоначальной теории Т. В. Гамкрелизе и В. В. Иванова, считается временем, когда на Южном Кавказе так называемый праиндоевропейский язык начал делиться на диалекты [3]. Поэтому создается впечатление, что современная компаративистика может "отчитаться", всего лишь за 10-15 тыс. лет "существования", забывая про то, что Человек за это огромное время, от начала нижнего палеолита, продолжал быть немым. При этом он, не имея языка, "изобрел" колоссальную каменную индустрию. Появляется и такой технический вопрос: как он мог создать за какие-то 20 или

30 тыс. лет, свыше шести тысяч языков. Спрашивается также, а что было до того, как Человек начал обрабатывать каменные орудия?

В книге С. А. Бурлак и С. А. Старостина "Сравнительно-историческое языкознание" [2, стр. 108], в главе "Макрокомпаративистика", авторы пишут следующее: "В литературе часто фигурирует цифра 8–10 тысяч лет как абсолютный предел возможности установления языкового родства, .., хотя обычно не говорится, откуда эта цифра берется. На самом деле она восходит к стандартной глоттохронологической формуле М. Сводеша (см. [2], стр. 131), согласно которой за десять тысяч лет в двух родственных языках должно сохраниться всего 5-6% общей лексики – ситуация, при которой непосредственное сравнение языков уже не может дать положительных результатов и нельзя отличить исконно родственные морфемы от случайных совпадений (при расхождении порядка 16000 лет, согласно формуле Сводеша, языки вообще должны утратить абсолютно все сходство)". Вот и намечается в современной компаративистике полный тупик. И он продолжает благополучно существовать.

Интересно было бы узнать, о каких сроках появления языка идет речь в приведенной выше цитате? И что об этом думают лингвисты? Может быть, речь идет о конце компаративистики, как науки? Или же надо продолжать говорить о том, что язык у человека появился от силы 20-30 тыс. лет назад?

Наверное, было бы разумнее всего срочно менять отношение к современной компаративистике: неужели компаративисты думают, что то количество лексики, которую предложил В. М. Иллич-Свитыч в своем Словаре ОСНЯ [4], человек создал всего-то за каких-то 10-16 тыс. лет? То есть по их представлениям только 16 тыс. лет назад было произнесено первое слово, а уже через эти 16 тыс. лет на всей Земле появились полностью оформленные 6 тыс. языков. Разумеется, ответов на эти вопросы нет. Поэтому большая часть лингвистов не представляет себе, разговаривал ли Человек 1-2 миллиона лет назад, или он был все это время немым.

По-видимому, было бы разумным подумать о том, что язык Человека в действительности появился не 16 тысяч лет назад, а на несколько сот тысяч лет раньше.

Есть еще одно необходимое условие продолжения построения нашего здания генезиса языка. В настоящее время можно сказать окончательно, что все языки, которые в настоящее время существуют в мире, это языки одного генеалогического древа языков. Даже, если когда-то существовали другие языки, они, скорее всего, не дожили до нашего времени – наши сведения о других языках отсутствуют.

II

Мы пока не знаем, когда появился язык у Человека. Мы можем только предположить, что язык появился там, где появился и сам человек – в Экваториальной Восточной Африке. Мы не знаем, сколько времени прошло с того времени, как человек научился произносить первые слова. Мы думаем, что такое узнать невозможно. Но мы можем предположить, что, какие-то слова могли появиться первыми, а какие слова - вторыми. Мы, например, знаем, что слово ‘собака’ появилось намного позже, чем другие, более нужные для жизни палеолитического Человека слова. Таким образом, мы имеем возможность, исходя из интуиции и опыта, определить расположение слов в первичном языке (правильнее, в первичной лексике). Исходя из этого положения, необходимо руководствоваться **главным принципом естественного развития лексики человека: от простого к сложному.**

То есть, надо понимать, что человек начал издавать простейшие слова-звуки, которые, вероятно, были близкими к словам-звукам, которые произносили развитые приматы. Разумеется, нельзя забывать про то, что язык животных был тем чудом, которое, как мы считаем, помогло сориентироваться в звуках на пороге начала человеческой речи. Поэтому он, с самого начала “изобретения” этих первых слов не мог придумать какие-то особые звуки, которые в дальнейшем превратились в лексику первичных слов. Примером этих простых звуков служит, по нашему мнению, формы слов: ‘вода’- zi, zie, si, c’i; ‘рыба’- sa, si, se, ze, zo; ‘ребенок’- ba, be; ‘мясо’- nama, niama), которые в совершенно разных языках (мы нашли их в первую очередь в Конго-Кордофанских и Америндских языках), имеют одинаковый “вид”.

Мы, возможно, фантазируем на данную тему, но все же мы предполагаем, что эти первые слова-звуки должны были быть простыми в произношении. Примерами этих слов могут служить слова, которые существуют в наиболее древних языках, которые в наше время имеют название Конго-Кордофанских языков (из книги Дж. Гринберга [5]). Составляя следующую таблицу, мы, за отсутствием данных по Конго-Кордофанским языкам, заменили эти данные из языков Суахили (Swahili, Sw.) и Лоома (Looma, Lm.). Разумеется, мы не приводим названия отдельных Конго-Кордофанских языков, а приводим только формы, полученные Дж. Гринбергом [5]. (Более полная информация будет рассмотрена в таблице ниже).

ТАБЛИЦА 1
1)‘вода’- zi, zie, zia (из яз. Lm.);
2) ‘Я’- ŋi, ni, na;
3) ‘язык’ - li, lem, яз. Lefana–(u)nyemi;

4) ‘солнце’- la, ola, ela, (см. следующее за ним слово ‘огонь’);
5)‘огонь’- la, ela, (другая форма – Sw. mota, ota);
6) ‘глаз’– ne, ni, nia;
7)‘резать’– te, de, ta;
8) ‘хватать’– Sw. – kamata, Lingala – kamata;
9) ‘есть’- li, le, ri;
10) ‘бить’- boa, boro;
11) ‘знать’- ma, manya;
12) ‘ребенок’- ba, be;
13) ‘рыба’- sa, si, se, ze, zo;
14) ‘кора - кожа’- kwa, kua, koto;
15) ‘много’– moimoi, moinmoin;
16) ‘камень’- ta, tal, tade;
17) ‘соль’– to, tom;
18) ‘два’– ba, bala, bola;
19) ‘живот’– po(l), puli;
20) ‘большой’ – ba, boi, boli, Lm. boolo, bola;
21) ‘мясо’- nama, niam, nen, nena;
22) ‘черный’– te(g), tei(g);
23) ‘собака’– ba, bwa;
24) ‘говорить’- ti, te, ta;
25) ‘длинный - (далекий)’– le, ala.

Со временем (а такого времени у архантропа было достаточно), человек нижнего палеолита улучшил артикуляцию и одновременно увеличил словарный запас своего языка. Но самое интересное в этой истории следующее: за время перехода на новый язык, который произошел, по нашему мнению, после потери “популярности” первичного языка, произошли качественные изменения, которые поставили в тупик лингвистов, занимающихся глобальной компаративистикой.

Давайте поразмыслим об обстановке, которая существовала после появления человека в периоде нижнего палеолита. Если прислушаться к мнению академика РАН, Анатолия Пантелеевича Деревянко, изложенному в статье “Древнейшие миграции человека в Евразии и проблема формирования верхнего палеолита” [6], для понимания явления смены лексики, которую мы назвали “единообразной”, стоит обратить внимание на следующее. Автор пишет: “Наиболее древние стоянки человека с каменными орудиями, …дислоцируются в основном в Восточной Африке, в районе Восточно-Африканского рифта, тянущегося в меридиальном направлении от впадины Мертвого моря, через Красное море и далее по территории Эфиопии, Кении, Танзании. В бассейне реки Када Гона, на местонахождениях на поверхности и в слое, обнаружено более 3 тыс. артефактов. Каменные орудия извлечены из слоя

ниже уровня туфа, возраст которого составляет 2,5 млн. лет". А. П. Деревянко, пишет далее: "Около 2 – 1,8 млн. л. н., *Homo ergaster – erectus*, покинул свою "колыбель" и двинулся за пределы Африки, что положило начало первому Великому переселению, ознаменовавшему событие величайшей важности – заселение человеком планеты".

Как далеко на восток, после выхода из Африки, человек заселил юг Азии, и сколько ему времени понадобилось на это продвижение, сказать пока сложно. Были заселены территории современных Пакистана, Индии, Юго-Восточной Азии и юга Китая. По мнению археологов, человек заселил эти огромные территории не позднее, чем 1 млн. лет назад. Далее автор пишет: "Северная миграционная волна древних популяций человека через Ближний Восток проникла на территорию Ирана и далее на Кавказ и, возможно, в Малую Азию. Убедительным свидетельством этого расселения является местонахождение Дманиси (Восточная Грузия) – одно из выдающихся в Евразии [7, 8]". И далее: "Несомненно одно: человеку потребовалось около миллиона лет, чтобы постепенно заселить огромные пространства от Африки до Тихого и Индийского океана. **Но вся история и развитие культуры человека происходили в одной видовой среде *Homo erectus*".** По мнению автора, этот первый поток двинулся и через Среднюю Азию, Казахстан и Алтай, до территории Монголии.

"Около 450 – 350 тыс. л. н., с Ближнего Востока в Евразию начал двигаться второй миграционный поток… **На многих территориях новая популяция человека встречала представителей первой миграционной волны, и поэтому там происходило смешение двух индустрий – галечной и позднеашельской".**

Таким образом, между человеком *Homo ergaster-erectus* и появлением новой миграционной волны пролегал огромный временной интервал, величиной не меньше одного миллиона лет.

Надо было убедиться в том, что между языками первой миграционной волны и языками новой миграционной волны (или волнами), действительно существовал языковый интервал. И надо было заполнить этот временной интервал, языком носителей, так называемого, второго миграционного потока.

III

Хотя по нашему мнению, человек научился говорить с тех пор, как начал изготовлять каменные орудия, нас отделяют от этого события два миллиона лет, то есть, со времени нижнего палеолита (нет никакого свидетельства для сопоставления палеоархеологических культур и языка архантропа).

По нашему глубокому убеждению, лингвистика до нашего времени еще не избавилась от начальных, полуэмпирических этапов развития - естественный процесс её развития с самого начала был нарушен. Почему же мы считаем, что языкознание до нашего времени использует неправильный метод изучения языков? И, какие методы можно считать правильными, а какие ошибочными? И что обусловило использование этих неправильных методов? Какое начало новой науки можно было бы назвать естественным?

Давно уже стоило бы задать вопрос, с какой лексики должен был начать разговаривать первый человек, и, какая разница между этими списками и списками, которые придумали исследователи, занимающиеся более поздними языками, то есть, с начала компаративистских исследований в середине XX века. Вполне естественно, что изучение первоначального языка надо было начинать с исследования простейшей, элементарной лексики. Это: 'глаз', 'видеть', 'кусать', 'есть', 'хватать', 'язык', 'бить', 'резать', 'огонь', 'солнце' и, т. д. - именно, с этой лексики надо было начинать любую науку. Однако оказалось, что изучение элементарной лексики человека, т.е., задача составления списков первоначальной лексики, далеко не из простых.

Почему же так непросто сделать это? Для осуществления аргументированных компаративистских исследований, т.е., для осуществления процедуры этих исследований только в 60-х годах прошлого века, Морис Сводеш предложил 100 и 200-словные списки первоначальной лексики (разумеется, для любых языков), которую часто называют базисной. Было бы правильнее говорить, что базисная лексика, так, как ее предложил в начале 60-х годов М. Сводеш, частично отличается, и по составу и по количеству, от более поздних списков, например, списков Аарона Борисовича Долгопольского и Сергея Евгеньевича Яхонтова.(См. об этом [2]).

Ясно, что такие большие списки, которые предложил М. Сводеш, могли появиться только в эпоху развитого человека и его языка. В эпоху же нижнего палеолита, архантроп не мог еще знать такого количества слов. На начальном этапе появления языка человек научился применять только отдельные слова. Эти слова, несомненно, были связаны со словами, помогающими добывать пищу, защищаться от зверей и растить детей. Поэтому исследователям следовало бы ограничиться короткими списками крайне необходимых слов.

Вообще говоря, правильно было бы говорить о двух списках и двух методах изучения языка Человека - именно об этом сказал, в интервью журналу "Знание - сила" [9], выдающийся лингвист нашего времени, Сергей Анатольевич Старостин: "Есть в принципе два подхода. Один – это глоттогенез: думать, как мог возникнуть язык, какие могут быть его истоки, как соотносится человеческая коммуникация с коммуникацией животных, и т. д. Это вполне

легитимная тема, но, к сожалению, здесь мало, на что можно рассчитывать, кроме ответов общих и, может быть, даже спекулятивных. Другое – это движение сверху вниз (от нашего времени вглубь истории), то, что делаем мы, то есть постепенное сравнение всех языковых семей и пошаговое продвижение вглубь. Мы, может быть, никогда и не дойдем до истоков, но зато максимально продвинемся вглубь и даже попытаемся восстановить первые стадии развития человеческого языка. Это сравнительно-исторический метод, сравнение языков, реконструкция"). Как ни странно, эту мысль, С. А. Старостин высказал очень поздно, лишь в начале XXI века, в 2003 году.

Что можно сказать в настоящее время про эти два подхода? По нашему мнению, речь должна идти о существенно разных представлениях при исследовании лексики языков, несмотря на то, что может создаться впечатление, что речь идет об очень близких подходах. Когда Владислав Маркович Иллич-Свитыч в начале шестидесятых годов заложил основы второго подхода из перечисленных выше, речь о первом подходе, по-видимому, еще не шла. Именно этот, второй подход, разрабатывают современные лингвисты-компаративисты. И это вполне естественно. Исследования языков с самого начала надо было начинать "со стороны нашего времени". А большинство лингвистов, с самого начала и, до недавнего времени интересовались, исключительно современными языками, и, языками, на которых люди разговаривали в недавнем прошлом. При этом большая часть времени и усилий уделялось главным языкам, таким, каким считался, и, пока остается, индоевропейский. Если же представить себе то время, когда древнейший человек начал говорить, то, наверное, про его язык можно было бы сказать уж совсем немного.

Говоря про достижения исследователей такого подхода, т. е., разработчиков глоттогенеза первичного языка, можно сказать, что этот подход начали разрабатывать совсем недавно, после успехов, полученных палеогенетиками. Последние доказали, что начало человечества началось в Африке, после чего, человек и его язык начали распространяться, в начале по территории Африки, а позже и, вне этой территории, начиная с территории Южной части Евразии. Таким образом, оба эти подхода разнятся в первую очередь "качеством" и количеством сравниваемой лексики, которую, исходя из опыта, давно можно было, и необходимо было выделить. О какой сравниваемой лексике тут может идти речь?

Мы понимаем, что речь должна идти про специфическую область – лингвистику (правильнее, лексику) первичного языка. Ее, наверное, в начале XX века пытался определить (найти) французский лингвист Жозеф Вандриес, когда попытался восстановить этот первичный язык. Он писал: "Мысль о том, что путем сравнения существующих языков можно восстановить первичный язык - химера" [10]. К сожалению, эта мысль полностью выражает идею,

которая позволила лингвистам надолго закрыть эту тему и забыть её. Хорошо, что не навсегда.

Однако сам Ж. Вандриес в той же книге высказал идею, которая помогла нам понять, что первоначальный (первичный) язык - это какое-то другое явление, которое обладает уникальными свойствами. Он писал: "Когда говорят, что проблема происхождения языка не относится к языковедению, это всегда вызывает удивление. Однако же это истина. Непонимание ее вводило в заблуждение большинство писавших о происхождении языка за последние сто лет. Главная их ошибка в том, что они подходили к своей задаче со стороны лингвистической, смешивая происхождение языка с происхождением отдельных языков. Языковеды изучают как устные, так и письменные языки. Они изучают их историю, пользуясь наиболее древними документами, имеющимися на этих языках. Но в какие бы древние времена ни проникал исследователь, он всегда имеет дело только с языками уже высоко развитыми, имеющими за собой большое прошлое, о котором мы не знаем ничего". И далее: "…языковед всегда имеет дело только с организмом, давно сложившимся, созданным трудами многочисленных поколений в течение долгих веков. Проблема происхождения языка лежит вне его компетенции.

В действительности, эта проблема сливается с проблемой происхождения человека и с проблемой человеческого общества: она относится к первобытной истории человечества. Язык возникал по мере того, как развивался человеческий мозг и создавалось человеческое общество".

Рассматривать лексику первоначального языка, которую предложил А. Б. Долгопольский: 'вошь', 'гнида', 'снег', 'зима', 'слеза', 'ноготь', 'ветер' и др., по нашему мнению было бы неверно, или, скорее всего, "преждевременно". В то же время, в его списке отсутствуют такие важнейшие слова: 'огонь', 'рыба, 'рука', 'бить', 'резать', 'нос', 'хвост', 'два' и т. д., без которых человек не смог бы прожить. Ведь нужно было думать, в первую очередь о еде и о сохранении потомства. По-видимому, надо согласиться с тем, что, имея для "маневра" всего 30 слов, для архантропа было бы слишком расточительным "использовать" ("изобретать") эту, нецелесообразную, для палеолитического времени, лексику.

Нам кажется, что мы составили, вместе с уже известными ранее списками, такую лексику, на которую следует обратить внимание. Какая это должна быть лексика? Ясно, что она должна быть такой, чтобы удовлетворяла самым простым требованиям древнейшего человека: 'вода', 'мясо', 'рот', 'огонь', 'солнце', 'камень', 'бить', 'хватать', 'есть', 'глаз', 'видеть', 'знать', 'рыба', 'женщина', 'ребенок', 'много', 'ты', 'язык', 'говорить', 'соль', 'черный'. По

нашему мнению, ‘собака’ была приручена позже. Когда человек осознал себя как личность, появились слова, ‘Я’, ‘ты’ и т. д.

Предложенную нами первоначальную лексику мы назвали “единообразной”, позаимствовав этот термин у палеоархеолога, Джона Д. Кларка [11]. Автор назвал каменную индустрию, созданную палеолитическим человеком, “единообразной”, потому, что она на протяжении нескольких сот тысяч лет была распространена на территории Африки и южной части Евразии. Кроме того, автор, по-видимому, считал эту эпоху нижнепалеолитической [12].

IV

В результате наших исследований мы пришли к выводу, что изобретенные первым человеком первые слова (правильнее, формы первых слов), как это ни удивительно, очень долго оставались неизменными, а их количество - ограниченным. Ниже мы поясним это предположительное сохранение до наших дней некоторых форм слов “единообразного” языка, которые были придуманы (изобретены) архантропом на территории, предположительно - Экваториальной Восточной Африки, еще в эпоху нижнего палеолита. Мы назвали это явление “стабильностью единообразного языка”.

Таким образом, первый поток по территории Африки и за её пределами в южной части Евразии, продолжался довольно долго – свыше 1,5 млн. лет. Мы склоняемся к мысли, что язык человека этого первого вида, то есть *Homo ergaster–erectus*, имел язык наиболее ранних языковых групп, которые в наше время называются языками Конго-Кордофанской макросемей. За эти 1.5 млн. лет человек указанного вида, позже, после выхода из Африки, расселился по территории южной части Евразии, и на востоке, на побережьи Тихого Океана.

Прямых доказательств этих гипотез, а именно про язык *Homo ergaster-erectus* и его длительное неизменное сохранение на территории Африки и южной части Евразии, на самом деле нет. Если говорить конкретно, то надо сказать, что эти Конго-Кордофанские племена (правильнее говорить, этносы, т. к. эти люди уже имели язык), на протяжении свыше 1,5 млн. лет двигались не сплошными группами, а, видимо, распространились равномерно по всей Африке и по южной части Евразии (разумеется, за исключением тех территорий, которые не были приспособлены для жизни). Считается, что синантроп, который 300 тыс. лет назад жил недалеко от современного Пекина, был человеком вида *Homo erectus*. А это значит, что до появления из Африки новых потоков людей, его язык ничем не отличался от носителей языка, который называется в наше время языком Конго-Кордофанских макросемьи.

Доказательством такой модели распространения языка *Homo erectus*, является довольно странное этноязыковое явление, которое, наверное, никто не замечал. Речь идет о сильном совпадении Конго-Кордофанской базисной лексики с базисной лексикой Америндских языков. Объяснить это явление можно так. С начала появления у древнего человека (архантропа) первых слов, и до полумиллиона лет назад, он пользовался одной лексикой, о которой мы говорили выше, и, которая, как не странно, продержалась до нашего времени неизменной.

В Африке, как об этом говорит А. П. Деревянко [6], примерно 350 - 450 тысяч лет назад появился человек нового вида. Его популяция, как и его язык, отодвинула на периферию носителей древнего "единообразного" языка. На периферии оказался, таким образом, человек вида *Homo erectus (ergaster)*, а территорию северной части Экваториальной Африки и западной половины Евразии заселил ("передовой") поток человека нового вида.

Примерно 70–60 тысяч лет тому назад человек вида *Homo erectus*, который продолжал жить в восточной части Евразии, смешавшись с человеком нового вида, переправился по Беринговому перешейку на американский континент. Как наверное заметил читатель, мы пока нигде не уточняем, о каком человеке нового вида идет речь.

"ГЛУБИННОЕ" ИССЛЕДОВАНИЕ АФРИКАНСКИХ ЯЗЫКОВ

В 1963 году американский исследователь Джозеф Гринберг создал замечательный труд "Языки Африки" [5]. Вполне естественно, что с лексики африканских языков, которая рассматривается в этой книге, должна была бы начаться история языка Человека. К большому сожалению, со времени создания этой книги никто из серьезных исследователей не обращался к этому величайшему труду, хотя бы для того, чтобы убедиться, что начало языка нужно искать на территории Восточной Африки, среди Конго-Кордофанских языков, а не на территории появления Семито-Хамитских языков, которые многие исследователи считают первичными. Такую точку зрения на материал, который находится в этой книге, видимо не поддерживал и сам Джозеф Гринберг. Иначе он сосредоточил бы свое внимание на материале Конго-Кордофанских языков, не забывая про то, что языки Банту, и особенно, язык Суахили, мог бы решить многие задачи, поставленные в этой книге. Кстати, современные языки Банту, как мы думаем, с самого начала возникновения языка находятся там, где находилась территория человека *Homo ergaster-erectus*, то есть, в Экваториальной Восточной Африке.

Разумеется, тот огромный лексический материал, который находился (или находится) в языках Африки, наверное, пока не позволяет обработать его с

точки зрения традиционный компаративистики. И, если такое возможно, только после того, как будут исследованы Конго-Кордофанские языки, и только после этого, будут сформулированы соответствующие выводы.

Учитывая ситуацию, которая сложилась в связи с необходимостью обработки лексического материала Африки, Джозеф Гринберг предложил метод обработки лексики, который называется "методом массового сравнения". Об этом методе можно прочитать ниже, и в книге [2]. Но в начале определим смысл этого метода. Обычно компаративисты реконструируют лексику языка какой-то одной языковой семьи и таким путем получают реконструированные древние формы исследуемых слов. Это правильный путь при исследованиях лексики внутри отдельной ("более поздней") языковой семьи. Но Джозеф Гринберг, не особенно доверяя методу реконструкции, предложил сравнивать все формы лексики существующих в наше время языков (разумеется, с одинаковыми, или, очень близкими значениями). Про этот метод, который, в английском языке получил название mass comparison, а в более поздних работах, multilateral comparison–"многостороннее сравнение", авторы работы [2], пишут: "Этот метод заключается в том, чтобы сравнить как можно большее число из как можно большего числа языков (не приводя этимологического анализа и не устанавливая регулярных фонетических соответствий) – чем больше между языками похожих слов, тем больше их родство".

Наверное, специалисты сравнительно-исторического метода будут убеждать в том, что так поступать неправомочно. Об этом же говорил С. А. Старостин, про метод массового сравнения: "На наш взгляд это такая эвристика, определение на глазок" [9]. На наш же взгляд только "метод массового сравнения" способен "справиться" с огромным количеством африканских языков, которые стали "наследниками языка" древнейшего архантропа. Таким образом, к решению главной задачи проблемы первичного языка африканского архантропа, мы применили предложенную нами модификацию "метода массового сравнения".

К большому сожалению, лексикой первичного языка, а следовательно, в первую очередь Конго-Корофанских языков, мало кто занимается и в настоящее время. В 1994 году John D. Bengtson и Merritt Ruhlen, в цикле статей под общим названием Global Etymologies, составили список лексики из 27 слов, считая этот список первоначальной лексикой (In M. Ruhlen: On the Origin of Languages: Studies Linguistic Taxonimy. Stanford. Stanford Univercity Press. 1994) [13]. Этот список начинался с лексики африканских языков (правильнее было говорить про лексику языков африканских макросемей: Нигер-Конголезских, Койсанских и Нило-Сахарских языков). Если рассмотреть лексику Нигер-Конголезских языков, то можно заметить, что эти языки в новой Генетической классификации языков мира, которую предложили С. А. Бурлак

и С. А. Старостин, в книге “Сравнительно – историческое языкознание” (М., 2005 год. [2]), являются частью самой древней макросемъи языков мира - Конго-Кордофанской макросемьи. Поэтому авторы не выделили Нигер-Кордофанскую семью в отдельную макросемью.

Можно сказать, что эта рассмотренная выше работа - первая работа, в которой исследуются “отдаленные” от нашего времени языки. Но давайте посмотрим, какая лексика, по мнению авторов работы [13], является наиболее древней.

ТАБЛИЦА 2
1) mother, older female;
2) **knee, to bend;**
3) **ashes, dust;**
4) **nose, to smell;**
5) hold (in the hand);
6) arm;
7) bone;
8) hole;
9) **dog;**
10) who;
11) **women;**
12) child;
13) to suck (nurse, breast);
14) **to stay** (in a place);
15) man;
16) to think (about);
17) what?;
18) two;
19) **to fly;**
20) arm;
21) vulva;
22) leg, foot;
23) **finger one;**
24) **earth;**
25) leg, foot;
26) **hair;**
27) water.

Как и в случае списков А. Б. Долгопольского, мы не можем сказать, что в вышеприведенном списке присутствует наиболее древние слова, поскольку в этом списке нет главных по нашему мнению слов: огонь, глаз, бить, резать, есть, рот, рыба, кора, много, камень, соль, говорить, мясо, большой, живот, и т. д. Кроме того, если мы хотим начать с наидревнейшей

лексики, то, по-видимому, надо использовать лексику Конго-Кордофанских языков, которая присутствует в книге Дж. Гринберга. Исследуя первичную лексику наиболее древних африканских языковых семей, каковыми, по нашему мнению, являются в первую очередь Конго-Кордофанские, Нило-Сахарские и Койсанские языки, мы обнаружили интересное языковое явление, которое позволило нам объединить большинство языков мира. Однако стоит посмотреть, из каких форм языков африканских макросемей получены в статье [13] наиболее древние праформы. То есть надо выяснить, в состав каких макросемей они входят. Получается, что наиболее древние праформы получены главным образом из Нигер-Конголезкой макросемьи (мы следуем классификации, которая используется в работе [2]). Но, если посмотреть внимательно, и воспользоваться классификацией, которую дают С. А. Бурлак и С. А. Старостин, то можно заметить, что те этносы, которые входят в таблицу, представляют собой этносы групп Bantu, и которые в новой классификации можно отнести к Конго-Кордофанской языковой семье. Кроме того, если бы в работе [13], авторы правильнее подобрали бы лексику первичного языка, который мы называем "единообразным", и который больше подходит к первичному языку, то они, наверное, получили бы совсем иную картину.

С большим сожалением, мы должны отметить факт, который Джозеф Гринберг тоже не заметил. В силу каких-то причин он относился недостаточно последовательно к Конго-Кордофанскиим языкам. В чем заключается эта непоследовательность?

Рассмотрим таблицу лексики, которую мы подготовили в сентябре 2007 года, после того, как американские лингвисты, Джозеф Гринберг и Мерритт Рулен, опубликовали в Интернете интереснейшую книгу, "Этимологический словарь Америндских языков" (ЭСАЯ) [14]. (Джозеф Гринберг, скончался в 2001 году, и книга была опубликована после его смерти).

Эта книга позволила нам сравнить языки Африки с америндскими языками. Можно было бы подумать, что для качественного сравнения этих языков необходимо было сравнить большую часть рассматриваемой лексики языка. Но, оказывается, не обязательно использовать всю лексику. Для сравнения понадобилась бы только базисная лексика. Именно эта базисная лексика оказалась сходной во многих языках мира, включая и африканские, и америндские языки, не говоря про ностратические языки.

Что же привело к обнаружению этого странного языкового явления, а именно связи между лексикой Конго-Кордофанских и америндских

языков? Надо признаться, что, изучая лексику америндских форм языков по книге [14], мы вначале убедились, что америндские формы какого-то слова совпадают с некоторыми формами разных языков, в том числе и с африканскими и ностратическими. Для объяснения состава америндских языков, в словаре Дж. Гримберга и М. Рулена каждое слово имеет несколько форм. Например, в слове ‘вода’ в америндских языках существует 16 праформ. При этом мы не касались в полной мере лексики Конго-Кордофанских языков. Например: ‘рыба’ в форме kala в Конго-Кордофанских языках не найдена. Зато в одном из этих языков, а именно, в языке Looma, такая форма существует. Эта же форма существует во многих ностратических языках, и в ряде других. Второй пример: в Конго-Кордофанских языках существует слово ‘соль’- tom. Эта же форма найдена и в америндских языках, что говорит о том, что эта форма не выходила за пределы Конго-Кордофанских языков, а через некоторое время очутилась в америндских языках. Таким образом, при сравнении Конго-Кордофанских языков с америндскими языками следует учитывать дивергенцию первоначальной лексики.

ТАБЛИЦА 3

	K-Kord	N-Sah	Nostr.	Amerind
(1)‘вода’	zi, zie, zia			Am 856 *si
				Am 863 *c’i
(2)‘Я’-	ŋi, ni	(n)i, (n)e;	St 559 *na	Am. 397 *na
(3)‘язык’	li, lem, Lefana – (u)nyemi;			Am 797 *nem
(4)‘солнце’	la, ola, ela	akol, koloη	Il-Sv 68 *dila	Am 729 *ali~*ala
	(‘день’)		Il-Sv 148 *jela	Am 730 *k(w)al (?)
			Dr. el(a)-светлый	
	(см. следующее слово ‘огонь’);			
(5)‘огонь’	la, ola, ula (см. предыдушее слово ‘солнце’)			

Swahili: moto, woti, ot, uto . Il-Sv 343 *qot'i . Am. 272 *(?)oti

. St 81 *ōt'V

(6)'глаз' . ne, ni, nia . St 21 *ńiā . Am. 251 *nak

(7)'резать' . te, de, ta . Niagungule time, . Am. 168 *t'an (?),

. Dinka tem . 170 *t'ek (?)

(8)'знати' . ma, manya, . Il-Sv 281*manu-'думать' . Am 423 *ma(n)

~*ma(k)

(9)'есть' . li, le, Swahili –li ('еда' – chakula) . Am 229 *kuli

(10)'бить' . boa, boro . Am 386 *pak

(11)'рот' . na, nia, nu (?) . Mahas ag, Niangia ak . Am 507 *yaq

(12)'ребенок' . ba, be, bi, bia . bi . Il-Sv 32 *b/\r/\ . Am 131 *pam (?)

314 *bāldV . Am 128 *pan (?)

(12')'ребенок' . man, maŋku, maŋgo . Am 127 *mako

. Am 132 *man

(13)'риба' . Looma kala (арх.) . Il-Sv 155 *kal/\ . Am *k'al'~*kal

(14)'кора' . koro, kor . koro, kaur . Il-Sv 217*Kar'ä

(15)'кожа' . kwa, okwo, kua, kpa . Am 657 *k'(w)ati

(16)'чорный' . Looma tei . titi, tetodo . Am 73 *teteu

(17)'много' . moin, moinmoin . St 45 *mānV . Am 475 *moni

(18)'камень'- . ta, tal, tale . St 68 *tiola (dal) . Am 721 *tak (?)

(19)‘соль’ . tom, to(m), dom . Am 616
*tam
(20)‘два’ . bala, bele . ball, baare; . Ur. Dr. pāl – ‘half’ . Am 821
(ne)pale
(21)‘живот’ . puli, puri, bulu . bulV . St 3 *päjlV . Am 57
*pali
(22)‘большой’ . boli, ba . bol, bo, bu; . Il-Sv 350 *wol(a) . Am 62
*pala
(23)‘м’ясо’- . nama, nem, num . neno, ne . Il-Sv 114*Homsa . Am 482
*nena
Ur. Нганасан namsu
(24)‘говорить’ . ti, te, ta . Am 618
*ti
(25)‘хвост’ . kula . kel, kila . Am 753
*?ala
(26)‘длиный’ . ala . Am 454
*ali
(26’)‘длиный’ . da, dai, dada, didi . Il-Sv 66 *did/\ . Am 427
*ta(k)-

‘большой’
(27)‘собака’ . ba, bwa, bvo . wos, wasi . Am 199
*waš
(28)’колено’ . (ka)dyun . Am 417
*kati
(29)’грудь’ . bi, bil, mi . Am 96
*pin
(30)’зола’ . bur . Am 32 *pok(-
us)~

*pul
(31)’слышать’ . (ke)nu, (k)öni, (g)öni . Am 220
*ka
. Am 212
*kana
(32)’черепаха’ . kuŋ, kure, kudu . Am 820
*kuli
(33)’хватать’ . Swahili kamata . Am 137 *q’apa
–

‘сжимать’, ‘закрывать’

[эта последняя форма очень продуктивна, особенно в ностратических языках, в значении ‘хватать’, ‘сжимать’, ‘закрывать’. Возможно, она попала в Конго-Кордофанские языки из ностратических].

Отсутствие заинтересованности в исследованиях древнейших Конго-Кордофанских языков объясняется тем, что многие лингвисты интересуются более развитыми языками, какими являются Афроазиатские языки, с которых, по их мнению, начался глоттогенез. Видимо, они считают, что Конго-Кордофанские и Нило-Сахарские языки - это вторичное явление. То есть носители этих языков позаимствовали свою первоначальную лексику у Афроазийских языков. Мы же придерживаемся противоположной точки зрения: лексика, которая появилась в Экваториальной Африке, на территории, на которой в наше время живут носители Конго-Кордофанских языков, появилась значительно раньше других, в том числе и раньше ностратических языков.

Наше объяснение этого явления следующее: “единообразная” лексика человека долго оставалась в “единственном числе”, наверное, более миллиона лет. Эта лексика в дальнейшем стала основой Конго-Кордофанского языка. Кроме того, мы считаем, что эта лексика находилась в основе языка *Homo ergaster-erectus* – это был, скорее всего, единственный язык человека, доживший до нашего времени. Вполне возможно, что существовали и другие языки, которые уже исчезли. Кроме того, хотим напомнить, что язык - это то, что позволяет общаться и, человеку, и, животному. Этот “единообразный” язык за долгое время расселился по Африке и южной части Евразии. Какая-то часть населения Африки и Евразии продолжала продвигаться по всей этой территории, достигнув примерно 60-70 тыс. лет назад территории Американского континента. А пока этот язык не “общался” с другими языками (пока он был “передовым”, ему никто не мешал). Когда же появился какой-то другой, новый язык, то **смешанные** в результате этого языки, заимствовали часть “единообразного” языка. Поэтому, например, Нило-Сахарские языки, были **менее** близки к первоначальному, “единообразному”, по сравнению с “далекими” и, во времени и, в расстоянии, Америндскими языками.

Л И Т Е Р А Т У Р А

1. Лингвистический Энциклопедический Словарь. М., 1990.
2. С. А. Бурлак, С. А. Старостин. Сравнительно-историческое языкознание. М., 2005.

3. Т. В. Гамкрелидзе, В. В. Иванов. Индоевропейский язык и индоевропейцы. Тб. 1984.
4. В. М. Иллич-Свитыч. Опыт сравнения ностратических языков. Т 1-3. М., 1971, 1976, 1984.
5. J. H. Greenberg. The Languages of Africa. Bloomington, Indiana. 1963.
6. А. П. Деревянко. Древнейшие миграции в Евразии и проблема формирования верхнего палеолита. // Археология, этнография и антропология Евразии. № 2 (22), 2005.
7. Dzaparidze V., Bosinski G., и др. Der altpaläolithische Fundplatz Dminisi in Georgian (Kavkasus) // Jahrbuch des Römisch-Germanischen-Zentralmuseums. – 1991/ - Bd. 36. – S. 67 – 116.
8. Габуния Л., Вукуа А., Лордкипанидзе Д. Новые находки костных останков ископаемого человека в Дманиси (Восточная Грузия) // Археология, этнография и антропология Евразии - 2001. - № 2 (6). – С. 128 - 139.
9. С. А. Старостин. Интервью в журнале "Знание - Сила", № 8, 2003.
10. Ж. Вандриес. Язык. М., 1937.
11. Дж. Д. Кларк. Доисторическая Африка. М., 1977. (J. D. Clark. The prehistori of Africa. London, 1970.).
12. А. В. Маловичко, В. Г. Козырский. Мог ли сохраниться первобытного охотника? (Моногенез Языка - III). // Происхождение языка и культуры Т. 1, - № 4, 2007.
13. J. D. H. Bengtson and M. Ruhlen. Global etymological. On the Origin of Languages. Stanford University Press. 1994. 277-336.
14. J. H. Greenberg, M. Ruhlen. En Amerind Etymological Dictionary. – Stanford University. 2007.

ДИСКУССИИ

Для всех любителей характерно стремление к грандиозности, широким необоснованным обобщениям, ссылкам на сомнительные авторитеты и неуважение к специалистам и накопленным знаниям.

Для всех профессионалов характерны стремление к мелкотемью, боязнь широких обобщений, ссылки только на устоявшиеся авторитеты, чинопочитание и чрезмерное уважение к общепринятым догмам.
(Из сети)

Опять про сравнение двух (67-маркерных) гаплотипов
(из дискуссии на Форуме «Родство»)

В 67-маркерном гаплотипе одна мутация происходит в среднем один раз на 8 поколений (точнее, на 8.33 поколения). Но это в среднем, то есть при рассмотрении десятков и сотен гаплотипов и усредняя данные по всей серии. Например, если в 200 67-маркерных гаплотипах имеется 500 мутаций, то общий предок этих пяти человек жил 500/200/0.12 = 20.8 условных поколений назад, округленно и с расчетом доверительного интервала 21±2 условных поколений назад, то есть 525±50 лет назад. Как видите, я здесь делю не на 2, а на 200.

Можно считать и по другому, основываясь на той величине в 8.33 поколения на мутацию. Тогда 500 мутаций соответствуют 500x8.33 = 4165 поколений, но деля на 200 получаем те же самые 20.8 условных поколений, с погрешностью около 11%, откуда и получается доверительный интервал.

Если вы делите на 2, то это значит, что Вы сравниваете два 67-маркерных гаплотипа. Это ОЧЕНЬ неточно, о чем я уже много раз писал. Из этого, как правило, можно делать только качественные выводы, например, если между двумя 67-маркерными гаплотипами 1 мутация, или две, то общий предок жил намного ближе у нашему времени, чем когда там 20 мутаций. С учетом погрешностей, при 1 мутации между двумя гаплотипами общий предок жил 104±104 лет назад, то есть между 1803 годом (минус усредненный возраст сравниваемых) и настоящим временем (минус усредненный возраст сравниваемых). Если там 2 мутации, то общий предок жил 208±149 лет назад, то есть примерно между 1654 и 1952 годом (минус усредненный возраст сравниваемых). 3 мутации - 312±183 лет назад, и так

далее. Но на самом деле распределение еще шире, поскольку доверительный интервал уже, чем 100%-ная вероятность. А вот 20 мутаций на двух 67-маркерных гаплотипах дадут общего предка 91 условное поколение назад, то есть 2275±560 лет назад, наиболее вероятно - до нашей эры. И то, при 20 мутациях погрешность равна примерно 25%.

То есть ясно, что при 20 мутациях и мысли нет о близком родстве, и это и есть основной вывод сравнений. К сожалению, люди продолжают сравнивать пары гаплотипов, даже 37-, 25- и 12-маркерные, что вообще никакого смысла не имеет.

Эту же ошибку постоянно делал И. Карцев в своей статье «Актуальные вопросы генетической генеалогии русских князей» (Вестник, апрель 2011). Он сравнил пары гаплотипов, и у него оказалось в одной случае 2 мутации, в другом 8 мутаций. Более того, он решил, что эти гаплотипы должны непременно идти от одного общего предка. Он так РЕШИЛ, понимаете? И так он пришел к "выводу", что ДНК-генеалогия никуда не годится, и что прав Кубарев, который нас "критиковал". То есть о том, что он сделал грубое допущение (об общем предке) и грубую ошибку, не подумав о статистике, у него мысли не возникло. Я понимаю, это - типичные ошибки новичка, и ничего страшного в этом нет, просто результат неправильный. Про «критику» Кубарева и говорить не приходится. Потому я и не мог допустить дискредитации Вестника, поместив там статью, изобилующую грубыми ошибками и неверными выводами. Потому я и сопроводил статью подробными комментариями.

Я понимаю, что буду возвращаться к вопросу о "делении на два" опять и опять, но тут ничего не попишешь. Люди делают и будут продолжать делать ошибки. Приходится объяснять.

On “Cohen Modal Haplotype”

The term “Cohen Modal Haplotype” is a misnomer indeed. It was poorly (in fact, incorrectly) defined, and it was wrongly calculated in terms of a timespan to its common ancestor, and wrong conclusions had been made. In fact, I believe that nobody among experts takes it seriously.

A question is – How Come? How could it had happened?

A number of answers can be offered. One, that was an early time of DNA genealogy, and Scorecki et al (1997) and Thomas et all (1998, 2000) made an honest mistake. They did not know how to calculate TMRCAs from non-

uniform, heterogeneous, complex lineages. Another, a desire of a sensation in the new field.

You have asked – "why is there such a difference in how the CMH is defined?". The answer is simple: The "CMH" just cannot be defined in those terms which are currently in use. Cohens belong to many various lineages in many various haplogroups. Of course, we can pick the most "representative" one, the predominant one, and declare that it to be "the CMH". The problem is that there is no any. "Conventional wisdom" might whisper to our ear that it should be either J1 or J2, however, "either, or" is not science. On some (political, or self-serving, or whatever) reason J1 was declared since the end of 1990-s as the true "Cohen haplogroup" and J2 was (intentionally) ignored, however, it is not science either.

In order to bring the issues into one picture, let's consider the history of the J1 haplogroup related to the "Cohen modal haplotype" and/or the "Cohen lineage". In fact, the "CMH", that is 14-16-23-10-11-12 (DYS 19-388-390-391-392-393), is just a "core" of a "cloud" of a multitude of mutated haplotypes grouped around the "CMH" and coalesced to it as a "ancestral haplotype". In the 12 marker FTDNA format this "CMH" splits into two different lineages, with base (conditional ancestral) haplotypes as

12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30

and

12 23 14 10 13 **17** 11 16 **11** 13 11 **31**

which differ in four mutations in the two haplotypes. It approximately corresponds to 5550 years between their common ancestors. Therefore, one of them cannot be possibly "Aaron" to be qualified as the Conen's ancestor. However, both of them are called the "Cohen modal haplotypes".

If to trace down an ancestor of the "CMH", it the 37-marker format it occurs 9,000±1400 years before present, being a Bedouin of the Arabia (Klyosov, J. Genet. Geneal. 5, 217-256, 2009).

Now you see the picture much more clearly. The "CMH" lineage was already in existence ~ 9000 years ago, around 4000 years ago it split onto the Jewish and Arabic populations (Klyosov, Nature Precedings, 2010, the reference and the link is on my site http://aklyosov.home.comcast.net) and the Jewish lineage continued to carry that "CMH" further on. That is why the "CMH" presents in great many Arabs and Jews, including Palestinian Arabs, and other Bedouin

descendents for many thousand years, and it has nothing to do with the Cohens as its principal bearers. Plenty of Ashkenazim and Sephardim carry that "CMH Lineage", not being the Cohens by their heritage.

Now, actual Cohens has appeared in this lineages only 1050±190 years ago (Klyosov, Human Genetics, 2009), and the whole multitude of the J1 Cohen coalesce to that date. The date of ~ 3600 years ago calculated by Thomas et al, 1998) was calculated incorrectly. They did not realize that the pattern of mutations they have calculated split into two lineages, one of 4000 ybp, another 1050 ybp. They got somewhat in between, somehow averaged value. This is like to measure an average patient temperature in a hospital, including a hospital ward and a morgue. It would be meaningless, first, and would reflect how many people is here and there, that is one can get any between, say, 30 and 100 F. However, it is measurable.

Now, Lemba. This becomes funny. Thomas et al (2000) apparently did not know how to calculate TMRCA, and did not know how to analyze patterns of mutations in haplotype datasets. Alas. If they would have done it, they founded that most of the J Lembas have very similar with each other "CMH" haplotypes. They coalesce to the around 14th century AD, 650±200 years before present. It could have been the brother Arabs, it could have been some Jews, it could have been whoever having one of those haplotypes. It has nothing to do with the Cohens, and/or with the Jewish Patriarchs.

The more detailed analysis of Lemba haplotypes is given in (Klyosov, 2009, J. Genet. Geneal).

A similar story goes with J2 haplotypes. There are many J2 Cohens, and their common ancestor goes to ~ 3500 years ago (Klyosov, 2009, in Human Genetics, 2010, in Nature Precedings). THIS could have been Aaron, if he existed in the first place.

I hope it helps.

The initial letter:

I cannot understand something and I am unable to find an answer on my own. If you have a moment, I would appreciate it if you could help me.

In a book titled "Human Biological Variation" by Mielke, he explains that the CMH is found in many populations. He defines the CMH by three

polymorphisms (YAP, sY81, and 92R7). When defined this way, he says that *all* Senas have the CMH:

"*Table 8.7 also shows us that the term Cohen modal haplotype is a misnomer as this haplotype is found in all of the sample considered in the table, including Israeli and Palestinian Arabs, Northern Welsh, South African Bantu speakers, and non-Cohen Jews…Further, all of the Sena chromosomes are the Cohen modal haplotype, yet all of these individuals are Hadramut (Arab Muslims). It would appear then that the Cohen modal haplotype is really a Semitic haplotype…*" p. 218

In the same table, Mielke lists the CMH as being present in 70% of Palesinian Arabs.

The data for the Sena comes from the Thomas paper titled "Y Chromosomes Traveling South: The Cohen Modal Haplotype and the Origins of the Lemba—the "Black Jews of Southern Africa". In that paper, the CMH is defined as being the values of repeats at 6 loci (YAP, SRY4084, sY81, SRY465, 92R7, tat: 14-16-23-10-11-12). When defining the CMH in this way, Thomas says this about the CMH and it's presence in the Sena and Palestinian Arabs:

"*Haplotype 34 (CMH) is present in varying frequencies in Ashkenazic Israelites, Sephardic Israelites, Yemeni, and Lemba but is* absent *from both the Bantu population and the Sena population....Furthermore, in an unpublished study of Palestinian Arabs…the CMH was present at only very low frequency (<.025).*"

My question is: why is there such a difference in how the CMH is defined? If you say the CMH is defined one way, one author says that it is present in *all* Sena. When defined in another way, another author says that the CMH is *absent* in Sena. What is correct?

I would appreciate any help you could give me.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 27

Анатолий Клёсов

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

LETTER EIGHTY-NINETH

I need assistance, please. I have there members in my genealogy research. All three belong to the same haplogroup (R-M269).
Participant A has a proven lineage prior to 1500. His DYS449=32; DYS458=17.
Participant B has a proven lineage to about 1775. His DYS449=31; DYS458=17.
Participant C has a proven lineage to about 1650. His DYS449=31; DYS458=18.
All their other 40 markers are the same. Can you help me predict when they may have shared a common ancestor. Currently, their relationship has not been proven.

MY RESPONSE:

All the three individuals have only two mutations between them. Participant B keeps the same haplotype as that of their common ancestor. Therefore, an average number of mutations per marker in all three participants is 2/3/43 = 0.0155. Since the mutation rate constants in 43 marker haplotypes equals to 0.002, their common ancestor lived 0.0155/0.002 = 8±6 generations back. Such a high margin of error is because there are only two mutations. With two mutations there could have been easily 1 or 3, or even 4. Try to toss a coin twice, can you predict a number of heads and tails?

In other words, their common ancestor lived anywhere between 50 and 350 years ago, and with the 95% confidence between nowadays and 475 years ago. Their proven lineages go back to 511, 236 and 361 years. As you see, all of them fall into the outlined time span, except Paricipant A who allegedly lived (born?) 511 year ago. 475 years ago he was 36 years of age.

LETTER NINETY

I am from Finland and I am a chairman of a local ancestral sosiety. We have made DNA tests for five men with the same last name and who live in the same area. Three of them are I1 (one of these three has a deep clade test made and he is I1d P109), one is R1a1a-M198, and one is N1c1-M178.

We here are surprised how come that they all have the same name and lived at the same place but have different DNA lineages. Can you tell us more about this?

Best regards…

MY RESPONSE:

The situation you are describing is a very common one as soon as you start considering haplogroups and haplotypes. Of course, you are familiar with NPE, that is a Non-Paternity Event. On some accounts, it constitutes about 5-10% of all birth events. "Classical" genealogy can only guess or suspect, however, DNA genealogy faces them upfront.

Another explanation is that the bearers of other two (R1a1 and N1c1) lineages came from elsewhere and did not belong to the same family in the first place.

Again, the situation is not unusual. They might all belong to the same family, according to documents and/or church records. However, in fact, they were born to three different fathers, one of them belonged to R1a1, another to N1c, and third to I1 haplogroups.

Let us consider WHEN a nearest common ancestor of the three "I1" folks lived. Luckily, all of them have 67 marker haplotypes. They all three summarily have 7 mutations in three haplotypes. This gives 7/3/0.12 = 19 "conditional" generation ago, that is around 475 years ago. Here "generation" is just a mathematical value equal to 25 years. It is not a real generation. 0.12 is the mutation rate constant for 67 marker haplotypes.

That is, their common ancestor (of haplogroup I1) lived in about 1536, in the 16th century. Since then, their DNA-lineage was evolving, and by now it accumulates as many as 7 mutations in their haplotypes.

CONTINUATION:

Thank you, this cleared something out. We think that all the these I1 and R1a1 ancestors have been born in that area, but N1c1 ancestor moved from elsewhere. We are planning to run more DNA tests.

This is a very interesting information that a common ancestor to all these three I1 persons lived around 1536. I got information from one finnish genealogist two of them had a common ancestor born at about 1575. He counted those mutations (I don't know the pattern) and told that common ancestor born 390 years back. He counted the time back from the tested person date of the birthday year.

Do you know what separates DYS values to each branch?

MY RESPONSE:

If the N1c1 ancestor had moved to that area from elsewhere, it explains, of course, that he was from a different DNA lineage. However, it does not explain why he has the same last name. People adopt different names, though.

Regarding 1536 or 1575, that is 475 or 390 years back, it is practically the same thing from a point of view of DNA genealogy. I did not bother you with margins of error calculations (though, as you might notice, I calculate them every time in scientific publications), since I have described what those 7 mutations mean. In fact, simple statistics tells us that when you have 7 random mutations, it can easily be 7±2, which means 19±5 "generations", that is 475±125 years back. It means in turn that the common ancestor of the three I1 individuals was born between 600 and 350 years ago. That 390 years back is within the margins of error.

As you see, when a number of tested people is small, and their number of mutations is small too, you will get a large margin of error. Still, it helps to built a general picture, but would not place a common ancestor exactly when he actually lived. It would always have a margin of error. As you see, to calculate, as you put it "He counted the time back from the tested person date of the birthday year", from the birth year or from this year (2011) practically does not make a difference, with a margin of error of 125 years.

> Do you know what separates DYS values to each branch?

I think I do know, since I work with branches of various haplogroups. It is because a pattern of mutations, particularly in so-called "slow markers" is involved. Those changed (mutated) haplotypes form a different pattern, which sometimes can be easily seen. In other cases one needs to compose a haplotype tree to see a different branch. European I1 are "young", they are "only" ~3500 years "old", and they do not split into different distinct branches. If they do, they are very "weak" branches, not as in I2, or R1a1, or N on that matter.

Regards,
...

LETTER NINETY FIRST (Cont. of Letter 81, February 2011)

Letter 81 has started as follows:

I have attached herewith a copy of my certificate from FamilyTreeDNA showing my 67 marker haplotype. I could propose a blind test method, where you analyze these reports, determine ethnic specifics as you can. …

Because I can actually trace my name as a Siberian tribe, I can only be "one" version of tribal splits as me, even if many tribal splits spreads this name all over the planet. …

MY RESPONSE to Letter 81:

You are all set, mainly. I would only suggest you to run a test for the M458 subclade (SNP) which is performed by the same company, FTDNA. It costs around $29.

… You almost certainly do belong to a so-called "Western Slavic" branch of R1a1. Its common ancestor lived 2900±350 years ago, at the very beginning of the 1st millennium BC, plus-minus a few centuries. At that time this WS branch split from "Central European" branch, and THEIR common ancestor, of the both branches, lived either on the Russian Plain around 4,500 years ago, or in Europe around 5200 years ago.

However, an ancestor of YOUR LINEAGE lived, as I have said, around 2900 years before present. Your 67 marker haplotype points at your branch quite decisively.

…All members of the WS branch carry R1a1-M458 mutation. If you have it, your search is closed on that level. I would have ordered it, being in your shoes.

CONTINUATION (April, 2011)

You were quite right. Following your advice, I have ordered the deep clade test with FTDNA, and it returned to me with an indication that I have M458 specific mutation/subslade. Now I know better my DNA-genealogical affiliation.
