

*Ultima ratio*

**Вестник Российской Академии  
ДНК-генеалогии**

**Том 4, № 8**

**2011 август**

**Российская Академия ДНК-генеалогии**

ISSN 1942-7484

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

*Авторские права защищены. Ни одна из частей данного издания не может быть воспроизведена, переделана в любой форме и любыми средствами: механическими, электронными, с помощью фотокопирования и т. п. без предварительного письменного разрешения авторов статей.*

*При цитировании ссылка на данное издание обязательна.*

Составитель  
*Российская Академия ДНК-генеалогии*

Оформление издания  
*Anatole A. Klyosov*  
*Павел Шварев*

© Авторские права на статьи принадлежат Российской Академии ДНК-генеалогии, 2011. При перепечатке ссылка обязательна.

© РА-ДНК, 2011

## СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление .....	1547
Современные представления о ДНК-генеалогии: предмет, методология, иллюстрации. <i>А. А. Клёсов</i> . ....	1548
Предисловие редактора. Лаки и аккадцы древнего Шумера .....	1580
Об удивительных и неожиданных языковых совпадениях между лакским и аккадским языками. <i>Р.А. Омариева</i> . ....	1584
Послесловие-комментарий. <i>Рамазан Г. Лугуев</i> .....	1592
Отзыв на статью Р.А. Омариевой «Об удивительных и неожиданных языковых совпадениях между лакским и аккадским языками» <i>И. Рожанский</i> . ....	1594
«Угро-финская» и «южно-балтийская» ветви гаплогруппы N1c1 и их гаплотипы. <i>А.А. Клёсов</i> . ....	1604
Бельгийский ДНК-проект «Старое Брабантское герцогство» и его результаты. <i>А.А. Клёсов</i> .....	1627
Climatic correlations. <i>V.P. Yurkovets</i> . ....	1633
ОБСУЖДЕНИЕ ОСНОВНЫХ ПОНЯТИЙ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ <i>А.А. Клёсов</i> . ....	1660
-- О понятиях "базовый гаплотип", "модальный гаплотип", "предковый гаплотип", «медианный гаплотип». ....	1660
-- Как недавние (по общему предку) серии гаплотипов могут указывать на наличие древнего общего предка рассматриваемых популяций. ....	1664
-- О крайне медленных мутациях в гаплотипах. ....	1669
-- Еще раз о репрезентативности выборок гаплотипов, рассматриваемых в ДНК-генеалогии. ....	1671
ДИСКУССИИ <i>А.А. Клёсов</i> . ....	1679
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 30, письма 96-100 .....	1691

# Современные представления о ДНК-генеалогии: предмет, методология, иллюстрации

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

## РЕЗЮМЕ

Изложены основы новой научной дисциплины, формирующейся в последние несколько лет – ДНК-генеалогии. Методологической базой новой дисциплины является применение аппарата химической (биологической) кинетики к анализу картины неупорядоченных мутаций в определенных нерекомбинантных участках ДНК. Цель анализа – перевод динамической картины мутаций в хронологические, временные показатели, датировки времен жизни общих предков популяций, древних родов и племен. Иллюстрация материала проведена на примерах определения времен жизни древних предков этнических русских – восточных славян (род R1a1), западных славян (род I1 и I2), северных, или уральских славян (род N1c), которые жили – по «записям» в их Y-хромосоме – примерно 4600 лет назад (предки современных русских рода R1a1), 3650 лет назад (рода I1), 3000 и 10500 лет назад (рода I2, две основные ветви), 3525 лет назад (рода N1c) (доверительные интервалы датировок приведены в статье). Полученные величины сопоставлены с соответствующими датировками общих предков «индоевропейского» рода R1a1 в Индии, потомки которых составляют большинство (до 72%) в высших кастах Индии, особенно среди браминов (общий предок «индоевропейских» R1a1 датируется 4050 лет назад), и показано, что гаплотипы этнических русских рода R1a1 (до 62% от общего населения РФ) и индийцев-«индоевропейцев» рода R1a1 (более 100 млн человек в Индии) практически совпадают вплоть до протяженных гаплотипов (в 67 маркеров). Напротив, гаплотипы гаплогруппы R1b1, которые характерны для населения Западной Европы и составляют примерно 60% этого населения, совершенно отличаются от индийских гаплотипов (ни одного гаплотипа группы R1b1 не было среди 367 тестированных браминов). Это фактически решает двухсотлетнюю загадку, кто на самом деле были арии, пришедшие в Индостан примерно 3500 лет назад. Проведено также сопоставление гаплотипов и датировок древних предков этнических русских групп I1 и I2 с гаплотипами и датировками общих предков этих групп в Восточной и Западной Европе и в Скандинавии, и показано, что излагаемый подход фактически закладывает основы «молекулярной истории», при которой роль основного

инструментария выполняет высокотехнический анализ молекул ДНК современников и ископаемых останков.

The paper presents the basis of DNA genealogy, a new field of science which is currently emerging as an unusual blend of biochemistry, history, linguistics, chemical kinetics. The methodology of the new approach comprises chemical (biological) kinetics applied to a pattern of mutations in non-recombinant fragments of the DNA (Y-chromosome and mtDNA; the latter is not considered in this overview). This analysis aims at the translation of the DNA mutation patterns into time spans to the most recent common ancestors of the given population, tribe, to dating of ancient migration routes. To illustrate this approach, time spans to the common ancestors are calculated for the ethnic Russians, that is Eastern Slavs (the R1a1 tribe), Western Slavs (I1 and I2 tribes), and Northern, or Uralic Slavs (the N1c tribe), which were found to live around 4600 years before present (R1a1), 3650 ybp (I1), 3000 and 10500 ybp (I2, two principal DNA-lineages), and 3525 ybp (N1c) [the confidence intervals are given in the main text]. The data obtained were compared with the respective dates for the nearest common ancestor of the R1a1 "Indo-European" population in India, who lived 4050 years before present, and descendants of whom present the majority of the upper castes in India today (up to 72%), particularly among Brahmins. Furthermore, it was shown that haplotypes of the ethnic Russians of the R1a1 haplogroup (up to 62% of the population in the Russian Federation) and those of the R1a1 Indians (more than 100 million today) are practically identical to each other, up to 67 marker haplotypes. On the contrary, haplotypes of "Indo-European" Indians dramatically differ from R1b1 haplotypes, which embrace about 60% of present day Western and Central Europeans. Furthermore, not a single Brahmin among 367 tested belonged to haplogroup R1b1. This essentially solves a 200-year old mystery of who were the Aryans who arrived to India around 3500 years before present. Haplotypes and time spans to the ancient common ancestors were also compared for the ethnic Russians of haplogroups I1 and I2, on the one hand, and the respective populations in Eastern and Western Europe and Scandinavia, on the other. It is suggested that the approach described in this overview lays the foundation for the "molecular history", in which the principal tool is the high-tech analysis of the DNA molecules of both our contemporaries and excavated ancient DNA samples, along with their biological kinetics.

В данной статье речь пойдет о новой науке, которая только создается, основы которой только закладываются в последние годы. Если точнее, то основы этой новой науки уже созданы, причем стремительно, и идет прогрессивное накопление экспериментального материала. Новый материал поступает потоком, ежедневно в базы данных уходят десятки новых «экспериментальных точек», которые по принципу обратной связи корректируют методологию новой науки, что приводит к уточнению методов расчета.

Имя этой науки – ДНК-генеалогия. Ее экспериментальные данные – это картина мутаций в нерекомбинантных участках мужской половой хромосомы (на самом деле – и в митохондриальной ДНК, но в этой статье речь пойдет только об Y-хромосоме, иначе объем статьи выйдет за пределы допустимого), причем картина мутаций как в Y-хромосомах отдельных людей, так и их групп, популяций. Методология новой науки – перевод динамической картины мутаций в хронологические показатели, во времена жизни общих предков популяций, а на самом деле – общих предков древних родов и племен. То есть фактически производится расчет времен, когда в древности жили эти рода и племена.

Мутации, рассматриваемые в ДНК-генеалогии – это или одиночные (как правило) замены нуклеотидов в ДНК, как, например, аденин на цитозин, или цитозин на тимин, или вставки нуклеотидов, или делеции, или мутации более сложные, при которых ошибка копирующего фермента приводит к переносу целого блока нуклеотидов, тандемного, как его порой называют. Это дает или удлинение серии таких блоков на один (редко – сразу на два-три блока), или их укорачивание. Первые мутации – SNP (Single Nucleotide Polymorphism), или «снипы», обычно очень стабильны, и их для ДНК-генеалогии отбирают только такие, которые случаются только один раз (два раза – максимум) за историю человечества. Поэтому они являются маркерами родов человечества. Мутации второго типа – STR (Short Tandem Repeat) – значительно более быстрые, и происходят в определенных локусах ДНК раз в несколько десятков или сотен поколений. Поэтому гаплотипы ДНК выбирают так, чтобы в них таких локусов было как можно больше (но все-таки чтобы оставаться в рамках практичности), и в ранних работах использовались 6-маркерные гаплотипы, затем 12-маркерные, затем 25- и 37-маркерные, а сейчас работа рутинно ведется с 67-маркерными гаплотипами и начинают поступать данные по 111-маркерным гаплотипам (правда, в академических публикациях это обычно от 8 до 17 маркерные гаплотипы). В 67-маркерных гаплотипах, например, одна мутация происходит в среднем за 8 поколений, в 111-маркерных гаплотипах – одна мутация в среднем за 5 поколений.

Поскольку уже показано и доказано, что эти мутации в локусах происходят в основном (или исключительно) неупорядоченно, то к ним оказалось возможным применять правила и подходы химической кинетики, или биологической кинетики, кому какой термин больше нравится, суть одна. Каждому маркеру свойственна определенная константа скорости мутации, и каждому гаплотипу (состоящему из набора маркеров) – тоже свойственна определенная средняя константа скорости мутации (Клёсов, 2009а; Klyosov, 2009а, 2011). Поэтому чем древнее общий предок популяции, тем больше мутаций накапливается в гаплотипах его потомков по сравнению с ним, тем больше поколений (и лет) отделяет современных потомков от их общего предка, и это число поколений (и лет) рассчитывается методами ДНК-генеалогии.

Сразу приведем конкретный пример, чтобы показать характер исходных данных, суть расчетов, и вид получаемых результатов.

Среди этнических русских (а для данного изучения [Roewer at al, 2008] отбирались мужчины, которые считали своим родным языком русский, предки которых как минимум три поколения жили в одной из 12 областей Европейской части Российской Федерации и все эти как минимум три поколения говорили на русском языке, и среди которых не было родственников как минимум в трех поколениях) имеются три основных по численности рода, назовем их условно восточно-славянский, западно-славянский и финно-угорский. Условно – потому что это лингвистическая классификация. В классификации ДНК-генеалогии эти рода различаются по мутациям: все без исключения «восточные славяне» имеют снп M198 (rs2020857), мутация цитозина в тимин в определенном участке Y-хромосомы, все «западные славяне» - снп M170 (rs2032597), мутация аденина в цитозин в другом участке, все «угро-финны» - снп M46 (Tat, rs34442126), мутация цитозина в тимин еще в другом участке. Род «восточных славян» называется R1a1, «западных славян» I, «финно-угров» - N1c. Эти рода разошлись – от своих общих предков - десятки тысяч лет назад, и вот опять для миллионов людей сошлись в Российской Федерации.

Когда эти рода имели у этнических русских общего предка? Где эти предки жили? Когда пришли на земли, ставшие намного позже Россией?

Это – вопросы ДНК-генеалогии.

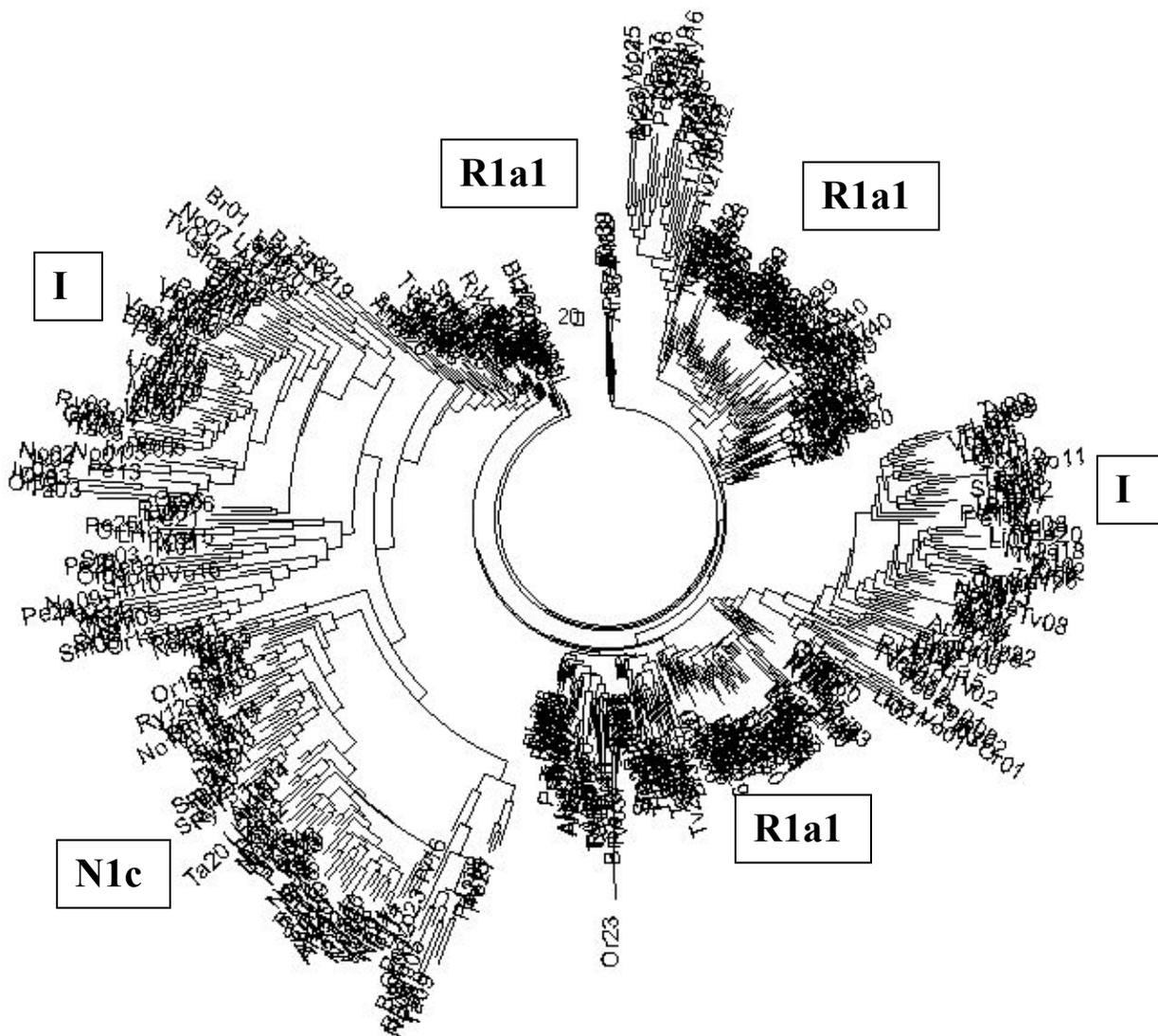
В работе (Клёсов, 2009b) приведены списки 17-маркерных гаплотипов 545 этнических русских, отобранных по описанному выше принципу. По этим данным нами было построено общее дерево гаплотипов. Программа, строящая дерево (см. Klyosov, 2009a,b), сортирует гаплотипы по принципу похожести картины мутаций, и располагает их по ветвям согласно

предполагаемой последовательности мутаций. Наиболее мутированные (по сравнению с другими) гаплотипы уходят вдаль от дерева, наименее мутированные располагаются вблизи «ствола». Исходные, немутированные, то есть «предковые» гаплотипы – их называют базовыми, «сидят» на стволе дерева. Их, как правило, остается мало в древних сериях гаплотипов, но много – в «молодых» сериях, когда гаплотипы еще не успели мутировать, например, когда общий предок жил всего тысячу - две тысячи лет назад, то есть в новой эре.

Итак, рис. 1 показывает дерево гаплотипов всех 545 этнических русских. Хотя 17-маркерные гаплотипы не обладают хорошей разрешающей способностью, свойственной более протяженным (25-, 37-, 67-маркерным) гаплотипам, видно, что основные гаплогруппы на дереве в целом разрешены; остальные небольшие, как правило, смешанные ветви, объединяют гаплотипы этнических русских из численно менее представительных гаплогрупп (родов) R1b (5%), J2 (3%), E (3%), G (2%), K (2%), F (1%), C (0.4%) [цифры округлены, проценты – от общей численности этнических русских в РФ].

Столь сложные деревья служат в основном иллюстративным целям. Для их количественного анализа выделяют отдельные ветви, тем более когда они подтверждены анализом снипов (то есть заранее известно, к какому роду относится любой гаплотип дерева), как в данном случае. На рис. 2 приведено дерево гаплотипов гаплогруппы R1a1, основной по количеству среди этнических русских. Восточно-славянской гаплогруппы.

Видно, что это дерево относительно симметричное по сравнению с совершенно «гетерогенным» деревом на рис. 1. Анализ дерева на рис. 2 проведен в работе (Клёсов, 2009b), где показано, что оно состоит из девяти отдельных ветвей, что по сути может соответствовать девяти славянским племенам, каждое из которых было объединено родственными узами. Это и должно приводить к отдельным ветвям гаплотипов. В той же работе были рассчитаны времена жизни общих предков этих племен. Но поскольку в данной статье этот пример носит иллюстративный характер, мы не будем останавливаться на деталях, а сразу перейдем к тому, как ведутся расчеты. Все 255 гаплотипов «группируются» по мутациям вокруг одного гаплотипа, расходятся от него «как круги по воде». Иначе говоря, имеется один «центральный гаплотип», минимальный по мутациям, который с наибольшей вероятностью был предковым. Аналог – сохранение части исходного химического соединения в реакционной системе. Оно и будет «минимально по мутациям», то есть по химическим превращениям.



**Рис. 1.** Дерево из 545 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 по двенадцати областям Российской Федерации (Архангельская, Брянская, Вологодская, Ивановская, Липецкая, Пензенская, Новгородская, Орловская, Смоленская, Рязанская, Тамбовская, Тверская), построено по данным (Roewer et al, 2008). Показаны ветви наиболее представленных (в численном отношении) гаплогрупп (родов) в Российской Федерации – R1a1 (47% в среднем, до 62% по территориям), N1c (14% в среднем, более представлена на севере РФ, от Архангельской до Псковской области включительно), I (22%, более представлена в Прибалтике и в западных областях РФ).

Минимизация всех 255 гаплотипов данной серии по мутациям ведет именно к этому гаплотипу, который в принятом формате 17-маркерных

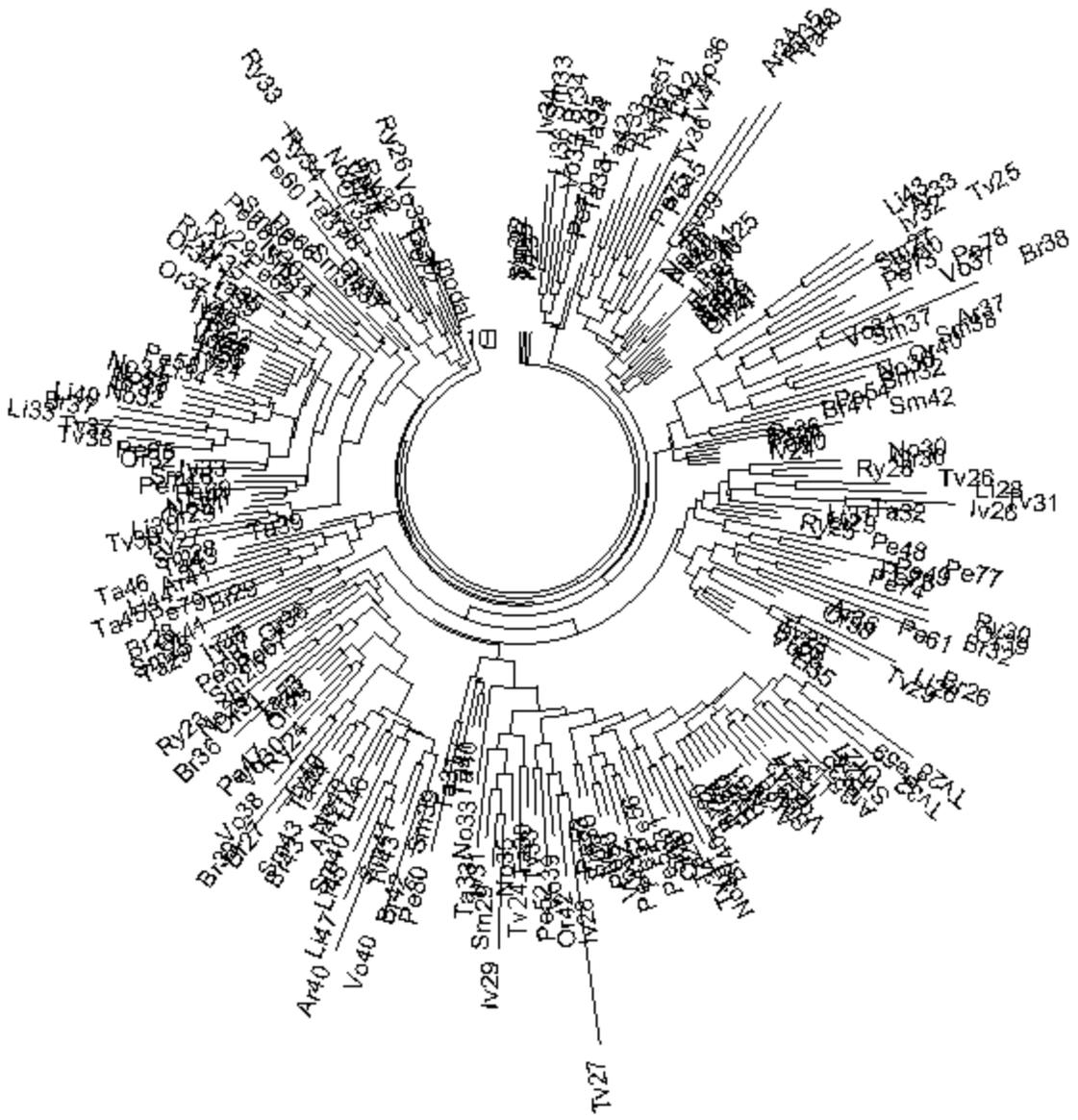


Рис. 2. Дерево из 255 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 по двенадцати областям Российской Федерации (см. рис. 1), построено по данным (Roewer et al, 2008).

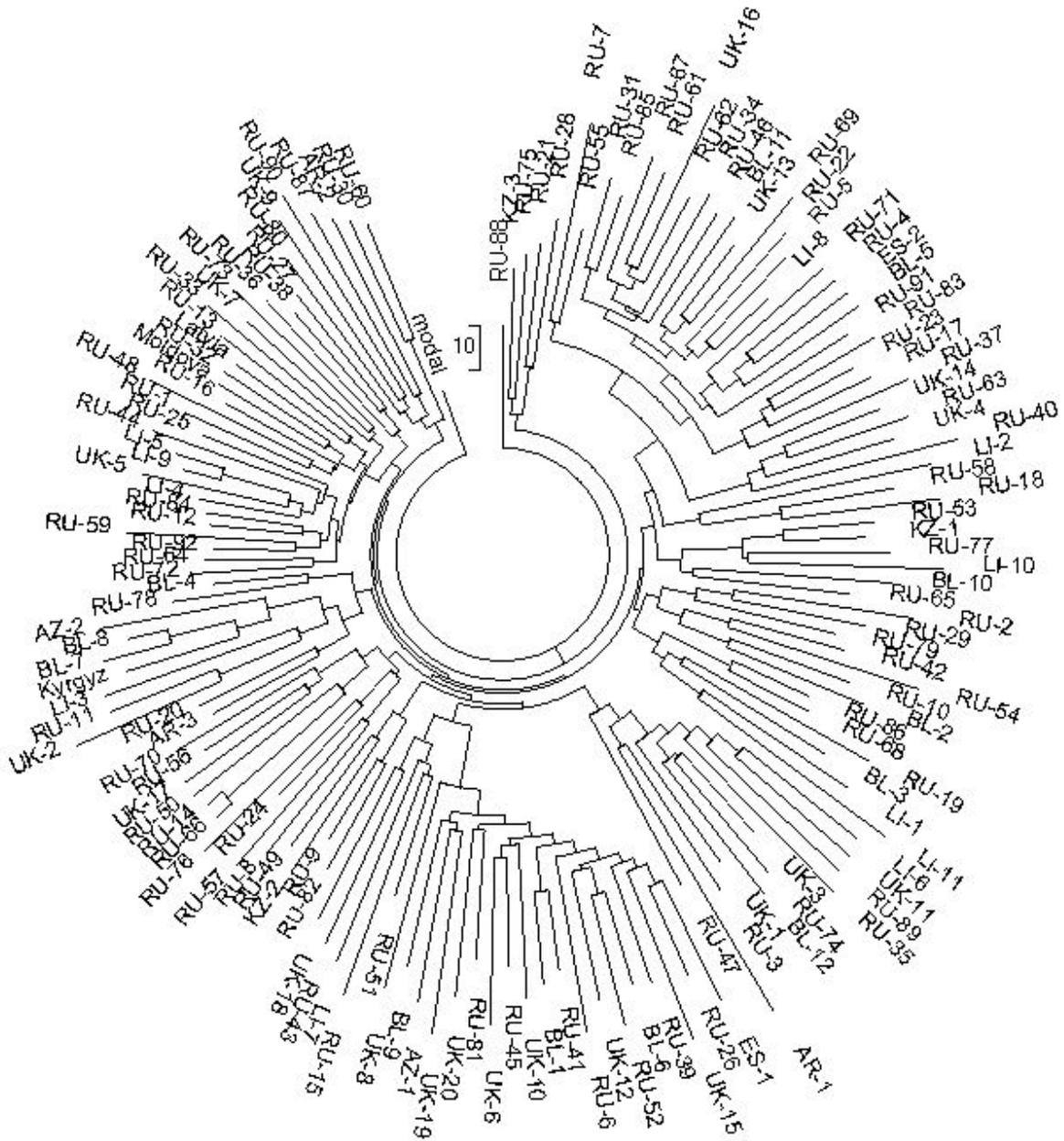
гаплотипов записывается в виде «базового гаплотипа»

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

«Базовый» - это фактически синоним понятия «предковый», но отражающий некоторую схематичность понятия, его расчетный характер. Эта запись и отражает «тандемные мутации», о которых говорилось выше. В первом маркере, или локусе (DYS19, где DYS - это DNA Y Segment, локус

номер 19), определенная последовательность нуклеотидов повторяется 16 раз. Во втором локусе другая последовательность нуклеотидов повторяется 11 раз, в третьем - 14 раз, и так далее.

Оказалось, что все 255 гаплотипов, то есть все 4335 маркеров (255x17) имеют 1320 мутаций по отношению к базовому гаплотипу гаплогруппы R1a1 этнических русских, то есть в среднем  $0.304 \pm 0.017$  мутаций на маркер с 95%-ной достоверностью.



**Рис. 3. Дерево из 148 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 пост-советского пространства. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch. Индексы гаплотипов RU, UK, BL, LI, KZ, AR, ES, AZ соответствуют русским (92 чел), украинцам (20), белорусам (12), литовцам (11), казахам (3), армянам (3), эстонцам (2), азербайджанцам (2); Kyrgyz, Latvia, Moldova (по одному гаплотипу). Количество гаплотипов на дереве отражают два фактора – относительная численность данной гаплогруппы в популяции, и число людей, решивших провести соответствующий анализ своей ДНК.**

Поскольку средняя скорость мутаций в 17-маркерных гаплотипах равна 0.002 мутаций на маркер на «поколение» (как скорость мутаций, так и поколение калибровались в расчете 25 лет на условное «поколение», и при желании константу скорости мутаций можно всегда перекалибровать при другом числе лет на поколение) (Klyosov, 2009a), то общий предок этнических русских гаплогруппы R1a1 (восточные славяне) жил  $152 \pm 16$  поколений назад (без поправки на возвратные мутации), или  $179 \pm 19$  поколений с поправкой (Klyosov, 2009a), то есть  $4475 \pm 460$  лет назад. Середина 3-го тысячелетия до н.э.

Методы расчетов, величины скоростей мутаций, калибровка, таблицы возвратных мутаций, способы расчета погрешностей даны в работе (Klyosov, 2009a).

Проверим полученную величину с помощью совершенно другого набора гаплотипов, а именно 148 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 «пост-советского пространства». Это уже не «академическая», а коммерческая выборка. В академических работах 67-маркерных гаплотипов не бывает, за исключением работ автора настоящей статьи. Причины две – дорого, и специалистам неизвестно, как их количественно анализировать. Приведенные 148 гаплотипов – это все гаплотипы гаплогруппы R1a1, которые оказались в базе данных YSearch на середину ноября 2010 года. Они были определены по заказу русских (92 чел), украинцев (20), белорусов (12), литовцев (11), казахов (3), армян (3), эстонцев (2), азербайджанцев (2), киргиза, латыша и молдаванина (по 1). Дерево гаплотипов приведено на рис. 3.

Все эти гаплотипы, независимо от того, к какой национальности относят себя их обладатели, принадлежат одному роду – R1a1, которому, как мы только что изложили, как минимум четыре с половиной тысячи лет только среди этнических русских. Естественно, за эти тысячелетия род распространился, охватив представителей многих национальностей. Действительно, гаплотипы всех перечисленных выше представителей разных национальностей практически равномерно перемешаны на дереве,

не образуя отдельных ветвей. Проверим, насколько этот «охват» соотносится с «возрастом» этнических русских гаплогруппы R1a1, восточных славян.

Базовый 67-маркерный гаплотип серии из 148 гаплотипов в соответствующем формате записывается следующим образом:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 - 11 11 19  
23 16 16 18 19 34 39 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23  
21 12 12 11 13 11 11 12 13

Это – точно такой же, какой приведен выше, для 16 из соответствующих 17 маркеров, аллели которых выделены (предпоследнего маркера для 17-маркерного гаплотипа нет в 67-маркерной панели):

**13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 - 11  
11 19 23 16 16 18 19 34 39 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13  
8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13**

Обычно для столь протяженных гаплотипов считаются мутации только для первых 25 маркеров, их и так получается много; помимо того, для первых 25 маркеров система наиболее отработана. Константа скорости мутации для 25-маркерных гаплотипов равна 0.0183 мутаций на маркер на условное «поколение» протяженностью в 25 лет (Klyosov, 2009a); как видно, она несколько более «медленная» по сравнению с 17-маркерными гаплотипами (0.0020 мутаций на маркер на «поколение»). В первых 25 маркерах во всех 148 гаплотипах имеется 1037 мутаций, что дает среднюю величину  $0.280 \pm 0.017$  мутаций на маркер, или  $153 \pm 16$  поколений без поправки на возвратные мутации, или  $180 \pm 19$  поколений с поправкой, то есть  $4500 \pm 470$  лет до общего предка. Для 17-маркерных гаплотипов это было  $4475 \pm 460$  лет. Такое практически абсолютное совпадение в данном случае, конечно, случайно, но в целом подобные совпадения, в пределах погрешности с 95%-ной достоверностью, скорее правило, чем исключение.

Попытаемся выйти за пределы 25-маркерных гаплотипов, и посчитаем мутации для всех 148 гаплотипов в первых 37 маркерах. Их там 2023 мутации. Константа скорости для 37-маркерных гаплотипов равна 0.00243 на маркер на поколение (Klyosov, 2009a) (как пояснено выше, это фактически не поколение, а промежуток времени в 25 лет, то есть «условное поколение»; истинная протяженность поколения – величина «плавающая», и зависит от многих факторов – культурных особенностей народов, исторических обстоятельств, и т.п.). Получаем  $0.369 \pm 0.016$  мутаций на маркер, или  $152 \pm 16$  поколений без поправки, или  $179 \pm 18$  поколений с поправкой, то есть  $4475 \pm 460$  лет до общего предка. Совпадение абсолютное.

Наконец, во всех 67 маркерах было 2748 мутаций, что дает  $2748/148/0.12 = 155 \pm 16$  поколений без поправки, или  $183 \pm 19$  поколений с поправкой, то есть  $4575 \pm 470$  лет до общего предка (константа скорости мутации для 67-маркерных гаплотипов равна 0.12 мутаций на гаплотип, или 0.00179 мутаций на маркер на поколение). Совпадение опять почти абсолютное. Средний «возраст» общего предка для приведенных 148 гаплотипов  $4500 \pm 60$  лет. Это, конечно, формальный расчет в отношении погрешности, но суть ясна.

Как видно, серии гаплотипов, особенно количеством в несколько сотен, образуют «робастную» систему, устойчивую к статистическим вариациям (Табл. 1).

**Таблица 1. История определений времени до общего предка гаплогруппы R1a1 на «пост-советском пространстве» по разным сериям гаплотипов**

Дата	Число гаплотипов	Общее число мутаций	Время до общего предка, годы	Ссылка
Июнь 2008	26	178	$4400 \pm 550$	Клёсов, 2008a
Ноябрь 2008	44	326	$4825 \pm 550$	Клёсов, 2008b
Январь 2009	58	423	$4725 \pm 520$	Klyosov, 2009a
Февраль, 2009	255	1320	$4475 \pm 460$	Клёсов, 2009b
Март 2009	98	711	$4700 \pm 500$	Klyosov, 2009a
Июнь 2009	110	804	$4750 \pm 500$	Klyosov, 2009a
Ноябрь 2010	148	1037	$4500 \pm 470$	Клёсов, 2011
		2023	$4475 \pm 460$	Клёсов, 2011
		2748	$4575 \pm 470$	Клёсов, 2011

Как можно рассчитать из Таблицы 1, среднее время до общего предка гаплогруппы R1a1 на пост-советском пространстве, большинство из потомков которого в выборке – этнические русские и их «родственники» по роду, составляет  $4600 \pm 150$  лет. Это заметно меньше той погрешности,

которая оценивалась по количеству мутаций и по предполагаемой погрешности в определении константы скорости мутаций в гаплотипах.

В процессе этих исследований было обнаружено, что гаплотипы большинства индийцев гаплогруппы R1a1, которых в Индии насчитывается не менее 100 миллионов человек, практически идентичны гаплотипам этнических русских той же гаплогруппы (Клёсов, 2008а, 2011; Klyosov, 2009с). Иначе говоря, половина русских и от четверти до трети индийцев – это потомки одного и того же общего предка, который у индийцев жил примерно 4050 лет назад, и тогда же у иранцев той же гаплогруппы R1a1 (Клёсов, 2009с). Базовый гаплотип, приведенный выше – одинаковый у русских, индийцев и иранцев рода R1a1, но общий предок на Русской равнине – старше примерно на 500 лет (Klyosov, 2009с). Это влечет за собой решение интереснейшей исторической задачи, которой уже не менее двухсот лет, на которой мы сейчас не будем останавливаться, предоставив подумать самим читателям. Отметим только, что эта загадка относилась к роду ариев, под этим названием они вошли в индийские веды. До самого недавнего времени наука не знала, как их обозначить в «научных терминах». Какой объективный, измеряемый параметр их объединяет? Собственно, вопрос так и не ставился. Некие «арии», пришельцы в Индостан с севера, знают снег, холода, им знакомы береза, ясьень, бук, им знакомы волки, медведи, знакома лошадь. Сейчас стало известно – это люди рода R1a1, потомками которых являются, в частности и в особенности, восточные славяне – русские, украинцы, белорусы. В особенности – потому что среди них, восточных славян, доля гаплогруппы R1a1 самая значительная, и времена жизни общих предков предшествуют переходу носителей гаплогруппы R1a1 в Индостан и на Иранское плато, что произошло, по историческим данным, примерно 3500 лет назад, в середине 2-го тысячелетия до н.э.

В качестве дополнительной иллюстрации этим исследованиям совместной истории предков на Русской равнине и в Индостане, приведем 67-маркерный гаплотип автора этой статьи, славянина гаплогруппы R1a1,

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 – 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16 16 – 11 11 19  
23 15 16 17 21 36 41 12 11 – 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23  
21 12 13 11 13 11 11 12 13

и три типичных 67-маркерных гаплотипа индийцев-«индоевропейцев», совершенно неупорядоченно взятых с индийского сайта FTDNA. Мутационные различия между ними выделены:

13 24 **17 10** 11 14 12 12 10 13 11 **32** – 16 9 10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16 – 11 **10** 19  
23 **16 16 17 20 33 34** 13 11 – 11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23  
21 13 13 11 13 11 11 12 **13**

13 24 16 11 11 14 12 12 10 13 11 **31** -- 16 9 10 11 11 24 14 20 **33** 12 15 15 16 – **10** 12 19  
23 15 17 18 **18 35 41 15** 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13** 23  
21 **12 12** 11 13 **10** 11 12 12

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

Степень сходства между гаплотипами видна сразу. Заметим, что число мутаций между индийскими гаплотипами попарно равно 27-30, и между славянским (по определению) гаплотипом автора и каждым из индийских – тоже попарно – мутационная разница равна 25-30. Иначе говоря, гаплотип автора ближе к индийцам, чем они сами между собой. На самом деле это различие в пределах погрешности, и различия практически равны друг другу.

Для примера - типичный базовый западноевропейский гаплотип (гаплогруппы R1b), который (и его производные) имеют примерно 60% западно- и центрально-европейцев, и до 90% жителей Британских островов, имеет вид (Клёсов, 2010а):

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 15 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

Число мутаций между ним и индийскими гаплотипами (и гаплотипами этнических русских гаплогруппы R1a1) приближается к 50, что не удивительно – их предков разделяют не менее тридцати тысяч лет. В Индии и Иране гаплотипов гаплогруппы R1b очень мало, почти нет. Среди ариев 3500 лет назад предков современных западноевропейцев, похоже, не было. Стоит отметить, что в высших индийских кастах в настоящее время до 72% носителей гаплогруппы R1a1 (Sharma et al, 2009).

То же самое относится к базовому гаплотипу общего предка «финно-угорского» и «южно-балтийского» ветвей гаплогруппы N1c1, который распространен к северу от Пскова, в Карелии, и составляет три четверти среди финнов и значительную часть северного русскоязычного населения, а также многих литовцев, поляков, шведов, норвежцев:



Подобные же подходы к анализу гаплотипов этнических русских гаплогруппы I («западные славяне») и N1c («финно-угры» и «южные балты») позволили построить деревья гаплотипов, которые рассмотрены ниже.

Анализ этих деревьев проведен в работах (Клёсов, 2009d,e). В исходной работе, в которой приведены гаплотипы (Roewer et al, 2008) анализ гаплотипов не проводился. Этот анализ вообще практически никем в литературе не проводится, не считая крайне приблизительных оценок в рамках подходов популяционной генетики, при которых ставятся совершенно другие задачи и используется другая методология. Популяционная генетика обычно занимается сравнительным анализом популяций путем изучения частот аллелей и их изменения под влиянием эволюционных процессов, объясняя таким образом адаптацию и специализацию в популяциях, и в итоге формулируя закономерности и законы перехода от набора генотипов к серии фенотипов в популяции. Напротив, ДНК-генеалогия – это по сути наука историческая, создаваемая на базе химической и биологической кинетики и секвенирования ДНК. В ней ярко и количественно выражена временная компонента. Иными словами, ДНК-генеалогия – это продукт слияния определения последовательностей определенных фрагментов ДНК (гаплотипов) и методов химической кинетики, количественно анализирующих динамику изменения этих последовательностей в популяциях. Генетики так таковой в ДНК-генеалогии нет, она рассматривает только негенные области ДНК.

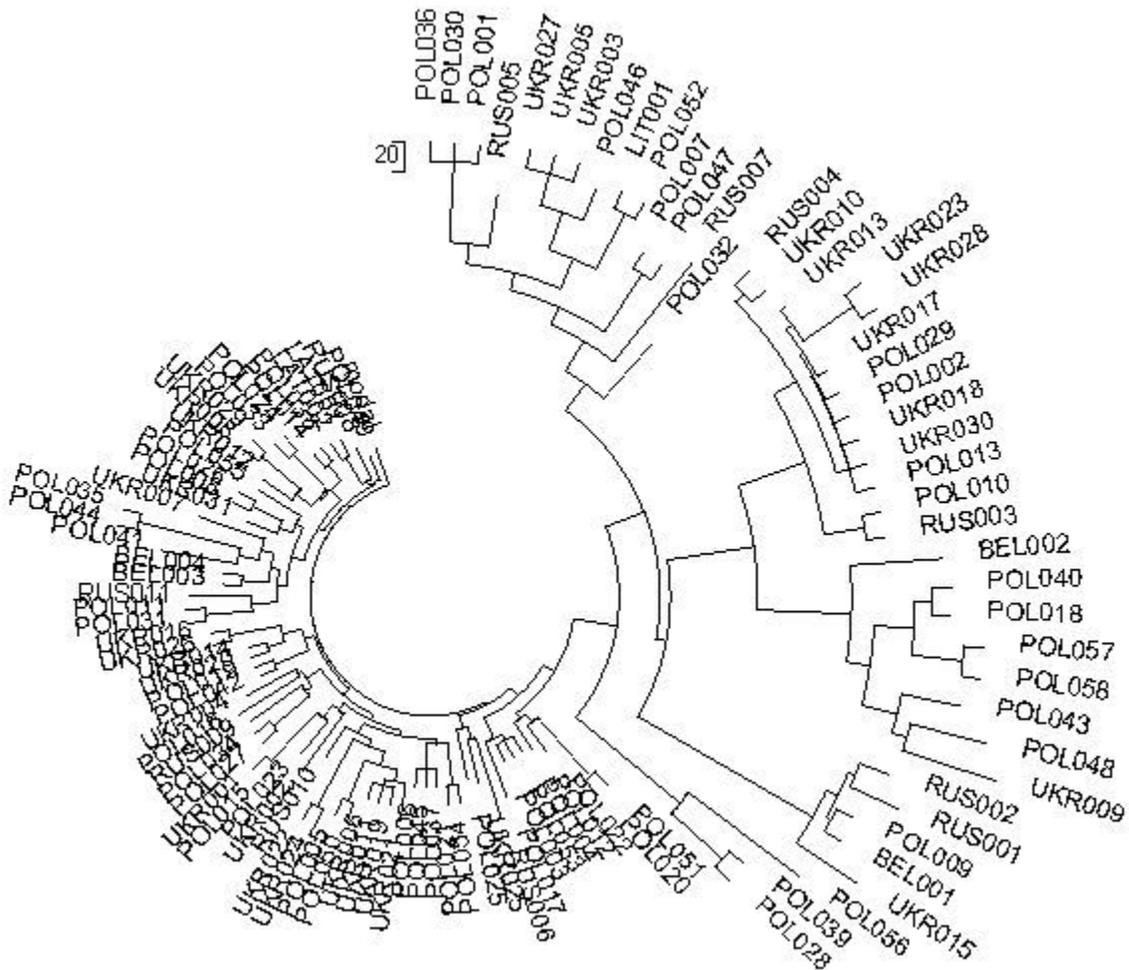
Фактически, динамика изменения мутаций в гаплотипах аналогична динамике в системах параллельных и последовательных химических или биологических реакций, причем реакций обратимых (потому что мутации в ДНК от предкового гаплотипа могут происходить «в обе стороны»). Это образует довольно сложную систему, особенно в интервалах времен в тысячи и десятки тысяч лет. Для их анализа и нужны подходы химической кинетики, применения которых не требуется в популяционной генетике. Эти подходы включают логарифмические зависимости убывания исходных, предковых гаплотипов во времени (происходящие по экспоненциальному закону в каждой ветви), накопление мутаций в гаплотипах, учет возвратных мутаций, которые накапливаются во времени, учет симметрии мутаций (увеличения или уменьшения числа аллелей), и так далее (Klyosov, 2009a; Клёсов, 2008c,d; Адамов и Клёсов, 2009).

Возвращаясь к рис. 4, отметим, что если в исходной цитированной работе (Roewer et al, 2008) все 117 гаплотипов были зачислены в общую гаплогруппу I, то дерево гаплотипов ясно показывает наличие совершенно разных ветвей, каждая со своей историей и со своими предками, жившими в разные исторические эпохи. Они действительно разошлись от одного рода

I, причем, судя по картине мутаций, это произошло не менее 15 тысяч лет назад, но образовали свои рода, I1 и I2, которые в свою очередь дали свои ДНК-генеалогические ветви. Правая ветвь гаплотипов этнических русских принадлежит гаплогруппе I2, с возрастом общего предка  $3000 \pm 380$  лет, причем предок имел гаплотип

16 14 15 13 31 24 11 11 13 15 10 13 20 15 17 23 10

в формате, использованном выше для описания гаплогруппы R1a1 (так называемый формат Y-файлера).



**Рис. 5. Дерево 25-маркерных гаплотипов Восточной Европы гаплогруппы I2. Дерево состоит из 96 гаплотипов, построено по данным базы данных YSearch. Индексы гаплотипов соответствуют России, Украине, Белоруссии, Польше, Литве, Латвии (последняя – только в «молодой» ветви).**

По сравнению с базовым гаплотипом R1a1 этнических русских, приведенным выше, он расходится на 14 мутаций, что на самом деле соответствует «латеральной» разнице во временах жизни общих предков в десятки тысяч лет.

Древняя ветвь гаплогруппы I2 этнических русских на рис. 4 (это наиболее «распушенные» и удаленные от ствола серии гаплотипов на ветви слева) имеет возраст общего предка  $10500 \pm 1100$  лет. В ней – 203 мутации на 20 гаплотипов, то есть в среднем  $0.597 \pm 0.084$  мутаций на маркер (ср. с  $0.304 \pm 0.017$  мутаций на маркер для гаплогруппы R1a1, приведенными выше). Ясно, что эта ветвь значительно более древняя, и можно рассчитать, насколько более древняя.

Опять, сравним с более протяженными коммерческими гаплотипами той же гаплогруппы I2. На рис. 5 приведено дерево гаплотипов Восточной Европы (Польша, Украина, Белоруссия, Эстония, Литва, Россия). Как видно, конфигурация дерева та же, что и у этнических русских (рис. 4), только развернута в другую сторону, что не имеет ни малейшего значения ни по сути, ни для анализа данных. Возраст молодой ветви –  $2650 \pm 320$  лет, что несколько «моложе», чем для этнических русских ( $3000 \pm 380$  лет), но совпадает в пределах погрешности расчетов. Возраст древней ветви –  $10800 \pm 1200$  лет, что практически совпадает с возрастом ветви I2 для этнических русских ( $10500 \pm 1100$  лет). То есть род I2 в Восточной Европе – это один и тот же род, с одними общими предками, независимо от нынешних государственных границ. Базовый (предковый) гаплотип один и тот же, и в 25-маркерном формате он имеет вид

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 – 17 8 10 11 11 25 15 20 32 12 14 15 15

Он точно такой же, как в 17-маркерном формате (ниже выделены те маркеры из 17-маркерного формата, которые пересекаются с 25-маркерным форматом)

**13 24 16 11 14 15** 11 13 **13 13 11 31** – **17 8** 10 11 11 25 **15 20** 32 12 14 15 15

В Скандинавии общие предки данной гаплогруппы совершенно другие, хотя возраст ветвей тот же. Дерево гаплотипов гаплогруппы I2 Скандинавии приведено на рис. 6. Правая ветвь имеет общего предка, который жил  $3025 \pm 470$  лет назад, что в пределах погрешности совпадает с временем жизни общего предка этнических русских «молодой» ветви ( $3000 \pm 380$  лет назад), и восточноевропейцев в целом ( $2650 \pm 320$  лет назад). Но базовый гаплотип этой скандинавской ветви совершенно другой

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

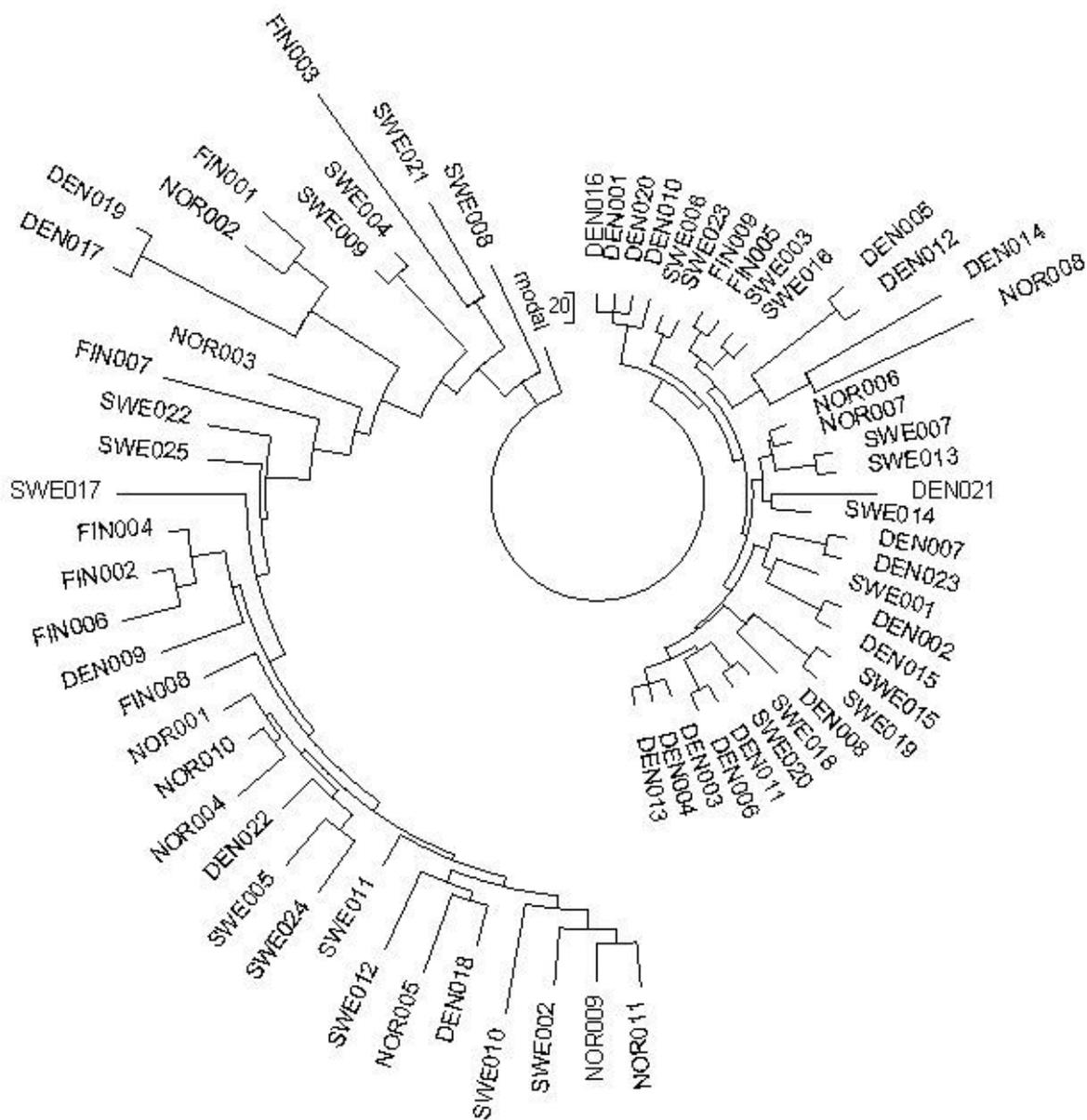


Рис. 6. Дерево 25-маркерных скандинавских гаплотипов гаплогруппы I2, построено по данным базы данных YSearch. Дерево состоит из 68 гаплотипов. Индексы гаплотипов соответствуют Швеции, Норвегии, Дании, Финляндии.

Он отличается от восточноевропейского (включая и этнических русских) на 26 мутаций на 25 маркерах (!), что разводит их общих предков на 29 тысяч лет. Это означает, что обнаруживаемая в гаплотипах молодой ветви гаплогруппы I2 картина мутаций – только «верхушка айсберга», то, что биологи называют «прохождением бутылочного горлышка популяции». От древнего общего предка остались только (чудом) выжившие потомки, которые тысячи лет назад дали побег новой «молодой» ветви в Скандинавии, другой ветви в Восточной Европе, и только по ним, обрывкам древней популяции, можно выявить, что сама ДНК-линия гаплогруппы I2 ведет от предка той же гаплогруппы, который жил более 20 тысяч лет назад, видимо, в Европе. Это – времена неандертальцев.

Другим обрывком той же древней ветви является ветвь I2 возрастом примерно 10 тысяч лет (10500±1100 лет у этнических русских и 10800±1200 в Восточной Европе в целом). В Скандинавии эта древняя ветвь (левая ветвь на рис. 6) тоже совершенно другая, чем у восточноевропейских I2. Их базовые гаплотипы соответственно равны:

13 23 14 10 14 15 11 14 11 12 11 28 – 16 8 9 8 11 24 16 20 28 12 14 14 15

13 23 15 10 15 15 11 13 11 13 12 29 – 16 8 9 11 11 24 14 20 27 12 14 15 16

В первой, скандинавской ветви, в среднем 0.509±0.065 мутаций на маркер, что дает 9575±1140 лет до общего предка. Во второй, восточноевропейской ветви – 0.556±0.045 мутаций на маркер, что дает 10800±1200 лет до общего предка.

Между их базовыми гаплотипами – 13 мутаций, что помещает их общего предка примерно на 15 тысяч лет назад. Это всё – тоже «обрывки» древней линии гаплогруппы I2, а до того – I, древнейшей гаплогруппы в Европе.

Здесь следует отметить, что по виду «молодая» ветвь гаплогруппы I1 на рис. 4 действительно оказывается самой «молодой» в сводной гаплогруппе I. Ее базовый гаплотип в формате Y-файлера

14 14 14 12 29 22 10 11 13 16 10 11 20 14 15 22 10

и общий предок ветви жил 3650±800 лет назад. Практически этот же базовый гаплотип (в 25-маркерном формате, одинаковые аллели выделены, а неодинаковые отличаются всего на доли единицы)

**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**

был найден для западно-, центрально-, и восточно-европейской серий гаплотипов, и отдельно Германии (Клёсов, 2010b), с «возрастом» общего предка, соответственно,  $3425 \pm 350$ ,  $3425 \pm 350$ ,  $3225 \pm 360$ , и  $3225 \pm 330$  лет. При этом для анализа и расчетов использовались довольно большие серии гаплотипов, а именно 857, 284, 74, и 276 25-маркерных гаплотипов. Но есть небольшая серия гаплотипов, все европейские (Франция, Англия, Швейцария, Греция, Германия и Польша), которые разбегаются по мутациям настолько, что необходимо примерно 21400 лет для такого разбега. Это и есть минимальный возраст общего предка гаплогруппы I1 в Европе. Общий же предок гаплогрупп I1 и I2, то есть общий предок гаплогруппы I, уходит вглубь более чем на 30 тысяч лет назад, и, вероятно, более 40 тысяч лет назад.

Перейдем к этническим русским «угро-финского» происхождения, гаплогруппа N1c. Здесь надо подчеркнуть, что это – такие же этнические русские, как и упоминались выше, и отбирались для тестирования по тем же критериям, что и остальные. Это – славяне, как и «западные» и «восточные». По аналогии их можно назвать «северными славянами», или «прибалтийскими славянами». Основная разница в происхождении древних предков в том, что древние носители гаплогруппы N1c мигрировали тысячелетия назад из Южно-Сибирского региона, видимо, с Алтая, и их язык был реконструирован как принадлежащий алтайской языковой семье, и далее уральской группе языков. Гипотеза об урало-алтайской семье языков существует с 18-го века. Так что носители гаплогруппы N1c скорее уральцы, чем угро-финны.

На рис. 7 приведено дерево гаплотипов этнических русских гаплогруппы N1c. Его анализ показал, что все гаплотипы происходят от одного общего предка, с базовым гаплотипом (в формате 17-маркерных гаплотипов, как отмечено выше)

14 11 13 14 30 23 11 14 14 14 10 10 19 14 17 22 11

Тот факт, что данный гаплотип отличается на 18 мутаций от базового гаплотипа R1a1, и на 23 мутации от базового гаплотипа I2, свидетельствует о том, что общие предки перечисленных родов жили на десятки тысячелетий «врозь», как территориально, так и по времени, и о том, что филогенетически гаплогруппы N1c и R1a действительно ближе, чем N1c и I2.

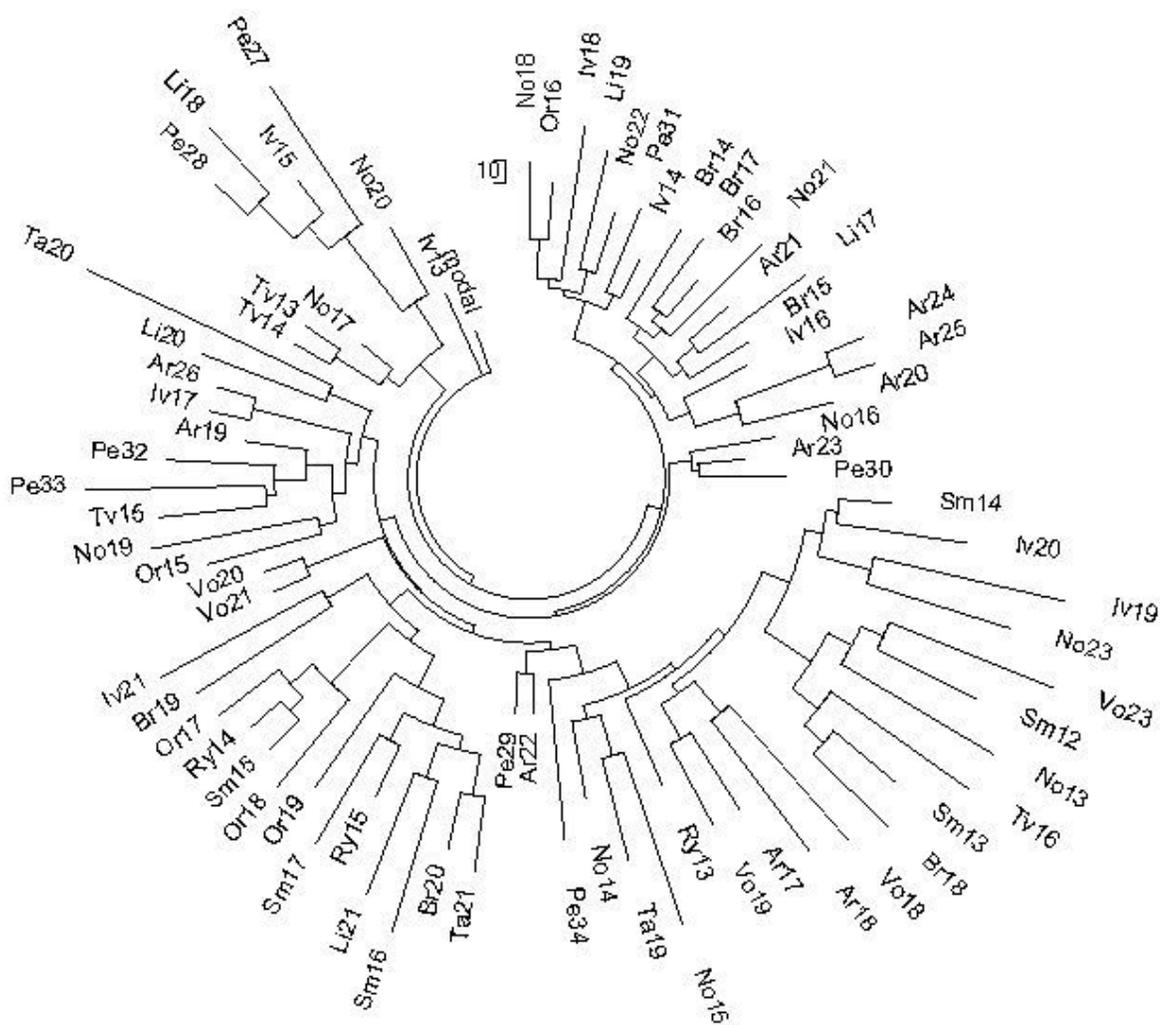


Рис. 7. Дерево из 76 17-маркерных гаплотипов этнических русских гаплогруппы N1c по двенадцати областям Российской Федерации, построено по данным (Roewer et al, 2008). Индексы при гаплотипах соответствуют сокращенным названиям 12 областей Российской Федерации (см. подпись к рис. 1) [Клёсов, 2009е].

Все 76 гаплотипов на рис. 7 содержат 317 мутаций от показанного базового гаплотипа, что дает в среднем относительно небольшое число  $0.245 \pm 0.028$  мутаций на маркер, и соответствует  $3525 \pm 400$  лет до общего предка этнических русских гаплогруппы N1c. Это - середина 2-го тысячелетия до н.э. В это время арии (гаплогруппа R1a1) уже уходили в Индостан и на Иранское плато. Впоследствии их назвали «индоариями» и «авестийскими ариями».

\* \* \*

Попытаемся осмыслить то, что обрисовано выше. На самом деле автор имеет в своем распоряжении сотни примеров ДНК-генеалогических деревьев, которые он строил и изучал в последние годы, изучал с помощью подходов биохимии, молекулярной биологии, химической и биологической кинетики, разрабатываемых в ходе этой работы. Настоящая статья только набрасывает контуры роли, которую ДНК-генеалогия может играть в понимании происхождения, динамики и миграции человеческих родов, племён, генеалогических линий, а также языков человечества – в пространстве и во времени. В отличие от антропологии, истории, археологии, которые оперируют памятниками прошлого, ДНК-генеалогия имеет дело с молекулами, извлекаемыми из нашего организма. Путём серии отработанных физико-химических операций, доступных грамотному технику-лаборанту и почти полностью автоматизированных, исследователь получает сведения о мутациях, накопившихся в определённых участках ДНК и может сравнивать характер (рисунок) этих мутаций у конкретных людей или их коллективов, популяций, этнических групп, народов. Это позволяет получать сведения о передвижениях предков современных (и ископаемых) носителей анализируемых молекул ДНК, опять же в пространстве и во времени, вплоть до времён 50 – 80 тысяч лет назад и на любой территории. На самом деле, вплоть до любых времён жизни предков человека, до сотен тысяч и миллионов лет назад, но наука на таких временах пока имеет слишком малую базу.

Помимо того, любая человеческая популяция в определённые моменты времени проходила то, что генетики называют «бутылочным горлышком» популяции. Это означает, что популяция, будь то род, племя, или просто группа родственников, сокращается в размере настолько, что или прекращает свое существование, генеалогическая линия прерывается (не прошли «бутылочное горлышко»), или сокращается до нескольких, или буквально до одного человека, потомство которого в итоге выживает и увеличивается в числе. В таких случаях этот человек и оказывается «общим предком» выжившей популяции. Методы расчёта времени жизни общего предка данной, выжившей популяции ведут именно к тому человеку, картина мутаций в ДНК его потомков сводится именно к нему, потому что «разбег» мутаций в ДНК потомков отсчитывается именно от этого, выжившего предка. Он становится, в рамках понятий ДНК-генеалогии, общим предком данной популяции.

«Буквально до одного человека» здесь – это в понятиях ДНК-генеалогии, то есть скорее «до одного гаплотипа». Людей, оставшихся в данной популяции, могло быть несколько, это могли быть отец и сын, или братья, группа родственников, у которых гаплотип мог и не различаться, или

различаться несколькими мутациями, но в итоге выжил только один гаплотип, и именно от него пошёл «разбег мутаций» у потомков.

Методы ДНК-генеалогии позволяют узнать, когда жил общий предок, и, значит, – когда имело место «бутылочное горлышко» популяции на абсолютной шкале времени. При этом при наличии умеренной статистики, а именно при рассмотрении всего нескольких десятков или (лучше) сотен, а иногда и тысяч образцов ДНК потомков, можно идентифицировать времена жизни общих предков с точностью, близкой к 10% при 95%-ной достоверности полученных абсолютных значений времени. Так, если общий предок данной популяции жил 5000 лет назад, то при наличии (путём тестирования) сотни гаплотипов, то есть определённых фрагментов Y-хромосомы современников, потомков данного общего предка, время жизни общего предка определится с точностью  $5000 \pm 530$  лет до настоящего времени (для сотни 25-маркерных гаплотипов). Это означает, что время жизни общего предка данной популяции попадает в указанный интервал, между 4470 и 5530 лет назад, с надёжностью 95%.

Такая точность вызвана тем, что в сотне 25-маркерных гаплотипов (то есть когда в каждом гаплотипе имеется по 25 нуклеотидных маркеров, и каждый мутирует с определённой средней скоростью на протяжении этих тысяч лет) в распоряжении исследователя есть 2500 «экспериментальных точек», в которых на протяжении  $5000 \pm 530$  лет произойдёт, как исследователь знает, примерно 770 мутаций. Эта величина жестко завязана на среднюю скорость мутаций, установленную и калиброванную (Klyosov, 2009a). Если мутаций меньше, то общий предок жил более недавно, и опять можно вполне надёжно установить, когда он жил. Например, при рассмотрении 750 19-маркерных гаплотипов басков (Пиренеи), рода (гаплогруппы) R1b1b2, оказалось, что все они содержат 2796 мутаций от гаплотипа, равноудалённого от всех (это и есть предковый гаплотип, так как мутации происходят в подавляющем большинстве совершенно неупорядоченно, со степенью симметрии 0.5 в любую сторону, «вверх» или «вниз» по значению аллелей). Это означает, что общий предок всех 750 басков жил  $3625 \pm 370$  лет назад. На самом деле носители той же гаплогруппы прибыли на Пиренеи примерно 4800 лет назад, и пронесли в континентальную Европу археологическую культуру колоколовидных кубков. По-видимому, пиренейские баски прошли бутылочное горлышко популяции, поскольку общий предок их современной популяции на тысячу лет «моложе» времен прибытия носителей гаплогруппы R1b1b2 на Пиренеи.

Можно вообще не обращать внимание на число мутаций и просто посчитать, сколько среди этих 750 гаплотипов есть «равноудалённых», причём идентичных друг другу. Это и есть предковые гаплотипы, и их число задаётся законами химической кинетики, то есть физической химии.

Примерно такими же законами задаётся скорость радиоактивного распада, хотя после превращения стабильный изотоп не может стать обратно радиоактивным нуклидом, эти процессы необратимы. Мутация же может вернуться обратно, потому что мутации, как мы отмечали, полностью неупорядочены. Иначе говоря, мутированному гаплотипу всё равно, в какую сторону мутировать в следующий раз, мутации обратимы. Это вносит усложнения в расчёты по сравнению с простыми процессами радиоактивного распада, но проблема с успехом решается.

Среди отмеченных 750 гаплотипов басков 16 оказались предковыми. То есть за прошедшие  $3625 \pm 370$  лет в полном соответствии с теорией вероятности 16 гаплотипов из 750 так и не успели мутировать, они – «на хвосте» кривой вероятностного распределения мутаций. Если бы считать по законам радиоактивного распада (физико-химики говорят – по законам кинетики первого порядка), то из 750 гаплотипов 16 останутся неизменными за  $\ln(750/16)/0.0285 = 135$  поколений, прошедших со времени жизни общего предка, то есть за 3375 лет (продолжительность поколения в 25 лет заложена в константу скорости мутации 0.0285 мутаций на гаплотип на поколение).

Но при этом расчёте не учитывается обратимость мутаций. Учёт этой обратимости, опять в строгом соответствии с теорией вероятности, сдвигает число поколений со 135 до 156, то есть до 3900 лет до общего предка. Для введения подобных поправок есть детальные таблицы расчётов (Klyosov, 2009a). Как мы видим, эта величина, 3900 лет, попадает в интервал 95%-ной надёжности расчётов  $3625 \pm 370$  лет до общего предка.

Очевидно, что считать мутации, или считать предковые гаплотипы (если от времени жизни общего предка прошло не так много лет) – не имеет большого значения или большой разницы. Величины получаются примерно те же самые, если расчёт ведётся правильно, и используются надёжные константы скоростей мутации, подтвержденные экспериментально, то есть с учётом известных генеалогий или известных исторических событий. Эта работа проведена, и в работе (Klyosov, 2009a) приведены значения констант скоростей мутаций для 22 типичных гаплотипов, применяемых в ДНК-генеалогии, от 5-маркерного до 67-маркерного. В последнее время эта таблица расширена уже до 32 типичных гаплотипов (Клёсов и Тюняев, 2010).

Чтобы показать, насколько массивными бывают расчёты, и насколько точными получаются данные, приведём ещё один пример – выборку из 857 25-маркерных гаплотипов Англии, род I1, то есть 21425 «экспериментальных точек» (Klyosov, 2009a, c). Эти гаплотипы содержали 4868 мутаций от предкового гаплотипа, который в ДНК-генеалогии часто называют «базовым». Такое название принято потому, что во многих

случаях нет полной уверенности, особенно с очень древними гаплотипами, что «равноудалённый» – это непременно предковый гаплотип. Это может быть хорошее приближение, но не более того. Назвать его «предковым» было бы натяжкой. Потому – «базовый».

Такое число мутаций позволяет определять среднее число мутаций на маркер (а именно это среднее число фактически используется для расчёта времени жизни общего предка) с точностью до 2 – 3% с 95%-ной надёжностью. Это потому, что для несимметричных мутаций точность расчётов (среднеквадратичное отклонение) средней величины мутаций на маркер задаётся обратной величиной квадратного корня из числа мутаций, а для симметричных отличается лишь немногим (Klyosov, 2009a). Для 4868 мутаций это отклонение – с 95%-ной надёжностью – составляет 2.87%. Но поскольку точность средних скоростей мутаций в гаплотипах обычно не ниже 5%, то для 95%-ной надёжности расчётов времени жизни общего предка предельной точностью может быть только плюс-минус 5%, то есть 10%-ный интервал.

Поэтому для английских гаплотипов определено, что общий предок всех 857 человек в данной выборке жил  $3425 \pm 350$  лет назад (см. также выше, обсуждение гаплотипов гаплогруппы I). Это – относительно недавнее время, относительно молодые европейские популяции. Хотя для некоторых европейских родов общие предки – по данным ДНК-генеалогии – жили 16 – 23 тысяч лет назад. Для ряда азиатских родов общий предок рода жил 16 – 21 тысяч лет назад, для африканских родов – 28 – 37 тысяч лет назад. Здесь имеются в виду предки, потомки которых выжили до настоящего времени.

Эти примеры здесь даются для того, чтобы читатель осознал, что ДНК-генеалогия – это не просто нарождающаяся наука с зыбким фундаментом (что характерно для новых областей наук). За последние несколько лет ДНК-генеалогия практически закончила формировать расчётный базис, платформу, и временные расчёты проводятся теперь с достаточной надёжностью. Было экспериментально показано, с использованием геномов многих популяций людей, а также геномов шимпанзе, что мутации представляют собой действительно «молекулярные часы», скорость которых в ДНК неизменна на протяжении по меньшей мере последних двух миллионов лет (Sun et al, 2009).

Было экспериментально показано на тысячах пар «отец-сын», что мутации в гаплотипах действительно равновероятны по «направлению», и тандемные, повторяющиеся блоки нуклеотидов, называемые в ДНК-генеалогии маркерами, могут укорачиваться или удлиняться на блок (то есть менять чисто аллелей) с одинаковой вероятностью. На этих системах было показано что «двойные» или более мутации в гаплотипах (маркерах)

происходят редко, на уровне единиц процентов, и практически не влияют на получаемые расчёты времён до общих предков популяций или серий гаплотипов (Клёсов, 2010с).

Сложнее с географической привязкой, с выявлением того, где именно жил общий предок, так как время его жизни (то есть сколько поколений или лет назад он жил) о географии не говорит. Для выявления того, где, на каких территориях жили общие предки популяции, приходится привлекать независимые данные археологии, антропологии, лингвистики, понимая частую условность их сведений, поскольку о том, что те ископаемые предки действительно дожили в потомках до наших дней, приходится только гадать.

Именно потому союз антропологии, археологии, лингвистики с ДНК-генеалогией так важен. Как уже отмечалось выше, ДНК-генеалогия предоставляет в их распоряжение жёсткую привязку в виде «метки» рода, определённую и однозначно определяемую мутацию, снип, в Y-хромосоме ДНК, которая (мутация) всегда сопровождает каждого члена рода. Эта мутация не ассимилируется в популяциях, как ассимилируются языки, культуры, религии, физические черты, антропологические показатели.

Эта мутация, снип, одна и та же в смешанных популяциях, позволяет отличить члена рода через тысячи и десятки тысяч лет. Она позволяет проследить миграции родов и отдельных представителей рода. Она позволяет понять, останки представителей каких родов находятся в археологических раскопах, и как археологические культуры связаны друг с другом – не только через материальные, культуурообразующие носители, но и через людей, через конкретные рода, понять генезис, динамику археологических культур, добавить важнейшую компоненту к динамике человеческих популяций и их материальных носителей.

Похоже, что в ряде случаев потомки обитателей древних стоянок 50 – 45 тысяч лет назад действительно дожили до настоящего времени. Но это может быть верифицировано только путём анализа ДНК ископаемых останков. Технически это возможно – определением нуклеотидной последовательности фрагментов костной ДНК, глубоко упрятанной в костях и частично пережившей тысячелетия. Эти исследования пока немногочисленны, фактически единичны, эта работа очень трудна и очень дорогостояща.

Следует ещё раз подчеркнуть – ДНК-генеалогия наших современников «докапывается» только до «бутылочных горлышек» популяций, родов, племён, генеалогических линий, связывающих современников с их предками. «Бутылочное горлышко» – это далеко не обязательно результат

мора, эпидемий, войн, природных катаклизмов в прошлом. Хотя все эти факторы непременно имели место и оказали влияние на состав современных популяций. Трудно представить, насколько чума середины 14-го века, которая выкосила четверть европейцев, терминировала генеалогические линии, гаплотипы и, возможно, целые гаплогруппы, рода. Много генеалогических линий начинаются именно в середине 14-го века. Это – выжившие люди, поведшие линию популяции опять сначала, ставшие «общими предками» многочисленных групп наших современников.

Геноцид – худший враг ДНК-генеалогии, не говоря обо всём человечестве. Сколько генеалогических линий прервала резня в Армении второго десятилетия прошлого века, геноцид евреев, цыган, других национальных, религиозных групп и популяций – об этом можно только догадываться. Сколько генеалогических линий прервалась в мировых войнах 20-го века, прерывается сейчас... Любая война вносит необратимый вклад в уничтожение генетического «материала». Галльские войны Юлия Цезаря, по данным Плутарха, привели к гибели более миллиона жителей Центральной Европы, и ещё миллион был угнан в рабство. Опять, можно только гадать, как это изменило ландшафт гаплотипов и гаплогрупп в Европе.

Но не только войны и эпидемии создают «бутылочные горлышки», но и переезд, переход, миграция носителя гаплогруппы и гаплотипа на новое место. Если миграция массовая или даже нескольких человек, то эти люди «переносят» мутации своего общего предка на новое место, и, с точки зрения ДНК-генеалогии, общий предок мигрантов как был тысячелетия назад, так и остался. Так, например, общий предок англичан в Англии и в США – один и тот же. Как и русских, восточных славян в США, например. Это вовсе не означает, что восточные славяне жили также и в Северной Америке 4500 лет назад, как на территории современной России. Тем не менее, подобные заключения – типичная ошибка начинающих в области ДНК-генеалогии. Так, Исландия была заселена только в 9-м веке нашей эры, а общий предок исландцев практически по всем родам – тысячелетия назад, как и в континентальной Европе.

С другой стороны – общий предок гаплогруппы R1b1 по расчётам ДНК-генеалогии (по мутациям в гаплотипах) жил в Центральной (Средней) Азии 16 тысяч лет назад; на территории современной России, среди этнических русских – 6775 лет назад; на Ближнем Востоке (в частности, среди евреев, а также в Ливане) 5500 – 5200 лет назад, на Пиренеях – 4800 лет назад, в Ирландии – 3800 – 3400 лет назад. Вот такой шлейф даёт обоснованное представление о временах и направлении миграций рода R1b1, более того – даёт основания связать этот род с определенными археологическими

культурами (иногда – с серией культур, горизонтом, культурно-исторической общностью).

Отсюда и новый термин – молекулярная история, то есть создание исторических реконструкций, исходя из молекулярных характеристик ДНК потомков, а порой и (ископаемых) предков. Поскольку далёкие предки, передвигаясь, несли в новые края языки, то, прослеживая миграции предков, происходившие сотни, тысячи и десятки тысяч лет назад, можно получать сведения о миграции языков во времена столь глубокой древности. Сопоставление этих реконструкций с данными лингвистики, полученными принципиально другими методами, может позволить получать более обоснованные сведения в области языкознания, проверять существующие концепции и приходиться к новым, совершенно неожиданным концепциям и идеям.

Так биохимия повернулась своей неожиданной и непредсказуемой ранее гранью к наукам гуманитарным, историческим, лингвистическим. Хотелось бы – чтобы и в отношении установления и укрепления мира на планете. Все мы, независимо от расовых и религиозных отношений, потомки одних и тех же, не очень удаленных общих предков. Анализ гаплотипов разных популяций показывает это опять и опять, что все люди в конечном итоге – родственники. Более того, сейчас уже можно довольно надежно рассчитывать степень этого родства, и биохимия в этом играет важную роль.

В заключение следует подчеркнуть, что автор вовсе не приписывает себе роль первопроходца в новой области науки. Скромная задача автора состояла в привнесении количественных подходов в анализ картины мутаций в гаплотипах, в количественном – по возможности – анализе деревьев гаплотипов, расчете хронологических, временных показателей исторических событий по мутациям в гаплотипах их участников. Естественно, в задачи данной статьи не входит давать исчерпывающий обзор истории создания и развития ДНК-генеалогии, хотя для справедливости следует отметить, что ДНК-генеалогия вырастает из дисциплины под названием популяционная генетика, которая была заложена трудами многих специалистов. Приложение популяционной генетики к ДНК человека в 1990-х годах – заслуга в первую очередь таких имён (хотя в данном списке, безусловно, отражаются личные предпочтения авторов), как Cavalli-Sforza L.L., Feldman M.W., Goldstein D.B., Hammer M.F., Jobling M.A., Kayser M., de Knijff P., Nebel A., Nei M., Oppenheim A., Semino O, Stoneking M., Thomas M., Underhill P., Walsh B., Wells R.S., Л.А. Животовский, Т.М. Карафет и многих других, которые здесь поместить просто невозможно (см. список литературы).

Трудами этих и десятков других исследователей были проведены тщательные отнесения сніпов к принципиальным родам человечества и их подчинённым родам и отдельным генеалогическим линиям рода, имеющим свои мутационные метки в ДНК, называемым субкладами. Сніпы тщательно идентифицируют и выбирают для классификации, так, чтобы рода (в терминах ДНК-генеалогии) были максимально чётко дифференцированы. Здесь можно было бы упомянуть, что всего на Земле насчитывают 20 родов, именуемых по буквам латинского алфавита (от А до Т), хотя сніпов, применяемых в ДНК-генеалогии, известно уже несколько сотен, и их количество приближается к тысяче. Всего же сніпов – миллионы. Но объём данной статьи ограничен, поэтому на этом придется остановиться.

## Литература

Адамов, Д.С. и Клёсов, А.А. (2009) Практические методы определения возраста больших выборок STR гаплотипов Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, № 3, 422-442.

Клёсов А.А. (2008а) Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Ответ дает ДНК-генеалогия. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, 400 – 477.

Клёсов А.А. (2008b) Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 1, 947 – 957.

Клёсов, А.А. (2008с) Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, 252-348.

Клёсов, А.А. (2008d) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, 812-835.

Клёсов А.А. (2009а) Понятия и определения ДНК-генеалогии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, 1264 – 1330.

Клёсов А.А. (2009b) Гаплотипы восточных славян: девять племен. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, 232 – 251.

Клёсов А.А. (2009с) Еще одно доказательство перехода ариев (гаплогруппа R1a1) в Индию и Иран с Русской равнины. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, 1217 – 1229.

Клёсов А.А. (2009d) Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племён. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, 801 – 815.

Клёсов А.А. (2009e) Гаплотипы угро-финских русских (северных) славян: семь племен. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, 370 – 389.

Клёсов А.А. (2010a) Гаплогруппа R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, 249-299.

Клёсов А.А. (2010b) Гаплогруппа I. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, 96-158.

Клёсов, А.А. (2010c) Мутации в гаплотипах Y-хромосомы в парах отец-сын и их значение для ДНК-генеалогии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, 1853-1860.

Клёсов, А.А. и Тюняев, А.А. (2010) Происхождение человека. Белые Альпы, 2010, 1021 стр.

Клёсов, А.А. (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия, 76, №5, 634-651.

Cordaux, R., Bentley, G., Aunger, R., Sirajuddin, S.M., Stoneking, M. (2004) Y-STR haplotypes from eight South Indian groups based on five loci. *J. Forensic Sci.* 49, 1-2.

Goldstein, D.B., Linares, A.R., Cavalli-Sforza, L.L. and Feldman, M.W. (1995). Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 92, 6723-6727.

Hammer, M.F., Redd, A.J., Wood, E.T., Bonner, M.R., Jarjabazi, H., Karafet, T., Santachiara-Benerecetti, S., Oppenheim, A., Jobling, M.A., Jenkins, T., et al. (2000). Jewish and Middle Eastern non-Jewish populations share a common pool of Y-chromosome biallelic haplotypes. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*. 97, 6769-6774.

Heyer, E., Puymirat, J., Dieltjes, P., Bakker, E., de Knijff, P. (1997). Estimating Y chromosome specific microsatellite mutation frequencies using deep rooting pedigrees. *Human Mol. Genetics* 6, 799-803

Jobling, M.A., Tyler-Smith C. (1995) Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution. *TIG* 11, 449 – 456.

Karafet, T.M., Zegura, S.L., Posukh, O., Osipova, L., Bergen, A., Long, J., Goldman, D., Klitz, W., Harihara, S., de Knijff, P., et al. (1999). Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes. *Am. J. Hum. Genet.* 64, 817-831.

Kayser, M., Roewer, L., Hedman, M., Henke, L., Hemke, J., Brauer, S., Kruger, C., Krawczak, M., Nagy, M., Dobosz, T., et al (2000). Characteristics and frequency of germline mutations at microsatellite loci from the human Y chromosome, as revealed by direct observation in father/son pairs. *Am. J. Hum. Genet.* 66, 1580-1588.

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

Klyosov A.A. (2009b) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. *Human Genetics.* 126, 719 - 724.

Klyosov, A.A. (2009c) 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. (2011) The mutation rate constant for the 111 marker haplotype panel. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*, v. 4, No. 7, 1535-1539.

Nebel, A., Filon, D., Weiss, D.A., Weale, M., Faerman, M., Oppenheim, A., and Thomas, M. (2000). High-resolution Y chromosome haplotypes of Israeli and Palestinian Arabs reveal geographic substructure and substantial overlap with haplotypes of Jews. *Hum. Genet.* 107, 630-641.

Nebel, A., Filon, D., Brinkmann, B., Majumder, P.P., Faerman, M., and Oppenheim, A. (2001). The Y chromosome pool of Jews as part of the genetic landscape of the Middle East. *Am. J. Hum. Genet.* 69, 1095-1112.

Nei, M. (1995). Genetic support for the out-of Africa theory of human evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 92, 6720-6722.

Roewer L., Willuweit S., Kruger C., Nagy M., Rychkov S., Morozowa I., Naumova O., Schneider Y., Zhukova O., Stoneking M., Nasidze I. (2008) Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high

diversities but non-significant genetic distances between populations. *Int. Legal Medicine*. 122, 219 - 223.

Semino, O., Passarino, G., Oefner, P.J., Lin, A.A., Arbuzova, S., Beckman, L.E., De Benedictis, G., Francalacci, P., Kouvatsi, A., Limborska, S., et al. (2000). The genetic legacy of Paleolithic *Homo sapiens sapiens* in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science* 290, 1155-1159.

Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, A.J.S., Tiwari, P.K., Bamezai, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1\* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. *J. Human Genetics*, 54, 47-55.

Sun J.X., Millikin J.C., Patterson N., Reich D.E. (2009) Microsatellites are molecular clocks that supports accurate inferences about history. *Mol. Biol. Evol.* 26, 1017-1027.

Takezaki, N. and Nei, M. (1996). Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* 144, 389-399.

Underhill, P.A., Shen, P., Lin, A.A., Jin, L., Passarino, G., Yang, W.H., Kauffman, E., Bonne-Tamir, B., Bertranpetit, J., Francalacci, P., et al. (2000). Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nature genetics* 26, 358-361.

Walsh, B. (2001) Estimating the time to the most common ancestor for the Y chromosome or mitochondrial DNA for a pair of individuals. *Genetics* 158, 897-912.

Wells, R.S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P.A. Evseeva, I., Blue-Smith, L., Jin, L., Su, B., Pitchappan, R., Shanmugalaksmi, S., Balakrishnan, K., Read, M., Pearson, N.M., Zerjal, T., Webster, M.T., Zholoshvili, I., Jamarjashvili, E., Gambarov, S., Nikbin, B., Dostiev, A., Aknazarov, O., Zallous, P., Tsoy, I., Kitaev, M., Mirrakhimov, M., Chariev, A., Bodmer, W.F. (2001) The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. US* 98, 10244-10249.

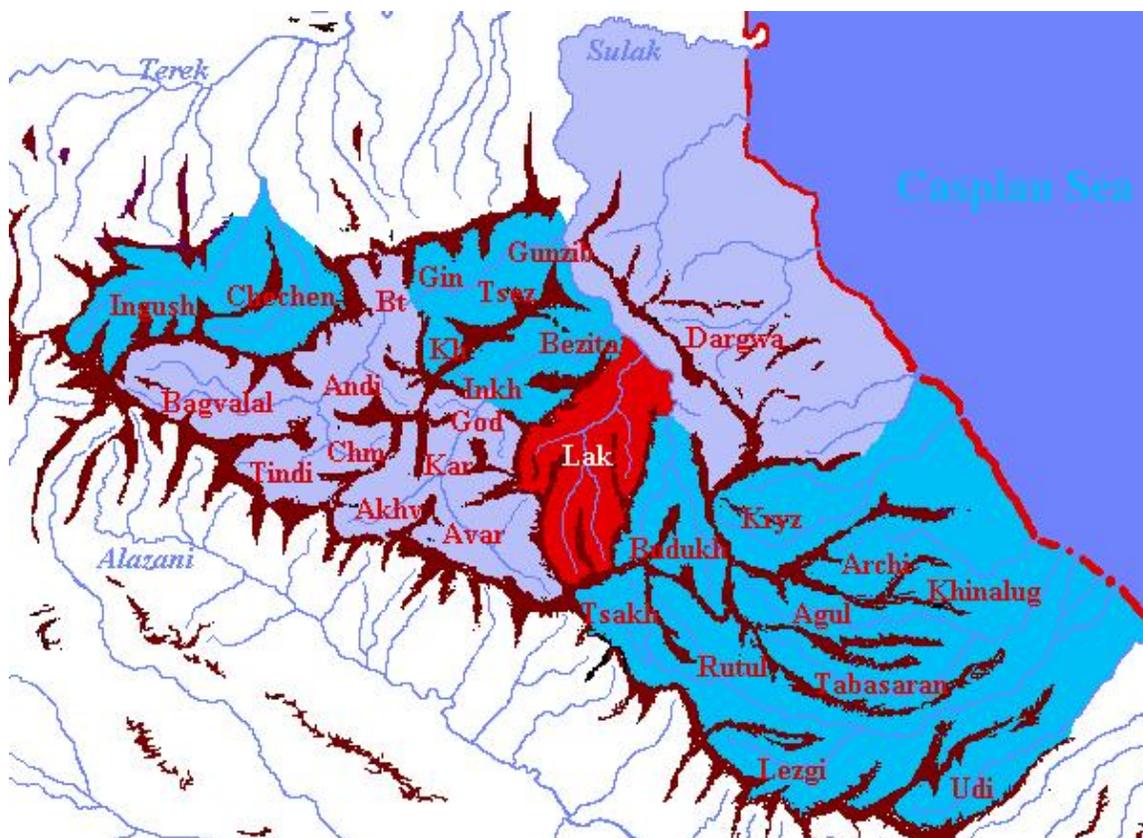
YSearch, <http://www.ysearch.org>

Zhivotovsky, L.A., Feldman, M.W (1995) Microsatellite variability and genetic distances. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 92, 11549 - 11552.

## Предисловие редактора

### Лаки и аккадцы древнего Шумера

На мой взгляд, Разият Омариева сделала удивительное открытие. Ее материал дан ниже, и из всего изложения ровно половину занимает выдержка из книги Али Каяева «История лакцев». Это – интересное чтение, да и кто из нас, не лакцев, до этой книги добрался бы? Но главное не в том, а в обнаруженном Р. Омариевой удивительном сходстве языка лакцев, жителей Дагестана, и древнего аккадского языка. Более того, как рассказывает ниже Разият, даже многие имена жителей современных лакских селений так и остались аккадскими, были пронесены через тысячи лет, из древней Месопотамии.



Дагестан

Как могло так получиться, что лингвисты это не обнаружили? Да потому что никому и в голову не могло прийти. Потому, что лакцев осталось по численности как население небольшого города – 170 тысяч человек, то есть, например, в четыре раза меньше, чем в Пензе. И то большинство их живут не на своих исконных землях, а в городах России и Северного Кавказа. В горах Дагестана осталось всего 20 тысяч лакцев, к тому же разбросанных по полусотне селений в основном Лакского и Кулинского районов горного Дагестана, в среднем по несколько сотен на селение. Наверное, никто из них и не читал словарь аккадского языка, который к тому же издан на английско-аккадском языке. Никто, кроме Разият Омариевой, которая живет в Калининградской области.

Небольшая справка. Лакцы – европеоиды («кавказионский антропологический тип», как сообщают справочники). Язык, по данным лингвистов, относится к нахско-дагестанской группе северокавказской языковой семьи.

А аккадский язык? Он же ассиро-вавилонский? «Вымер к началу 1-го тысячелетия нашей эры», сухо сообщают энциклопедии. Афразийская макросемья. Письменность – словесно-слоговая шумерская клинопись. Древнейшие аккадские памятники датируются 4500 лет назад. Из аккадского языка заимствовали шумеры свои слова и личные имена. В итоге шумерский язык был вытеснен аккадским (примерно 4000 лет назад), который разошелся по всей Месопотамии. Собственно, через расшифровку аккадского языка лингвисты и вышли на шумерский язык. Об этом рассказывается в интереснейшей книге Самюэля Крамера «Шумеры», переведенной и изданной на русском языке в 2010 году. Аккадцев Шумера называли «вавилонскими скифами», а их язык в середине 19-го века считали «скифским или тюркским». Практически до 20-го века шумерский язык называли аккадским, хотя еще в 1869 году было отмечено, что заголовок «Царь Шумера и Аккада» в надписях времен ранних правителей говорит о том, что это были разные народы.

Вернемся к лакцам. Что известно об их гаплотипах-гаплогруппах? Видимо, единственная статья, в которой были определены гаплотипы ряда лакцев – это работа Tofanelli и др. под названием «J1-M267 Y lineage marks climate-driven pre-historical human displacements» (Eur. J. Human Genetics 17, 1520 – 1524, 2009). Но в этой работе определяли только гаплогруппу J1. Известно, что среди лакцев есть и гаплогруппа R1b1a2, причем характерного для Кавказа и Месопотамии субклада L23, с характерным же маркером DYS393=12. Например, у одного из лакцев этой гаплогруппы (YSearch, GJVS6) гаплотип такой (на первых 25 маркерах):

12 24 14 11 11 14 12 12 12 12 13 28 – 15 9 9 11 11 25 14 19 30 14 15 16 18

А для субклада R1b1a2-L23 базовый гаплотип следующий:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 **13** 13 **29** – **16** 9 **10** 11 11 25 **15** 19 30 14 15 16 18

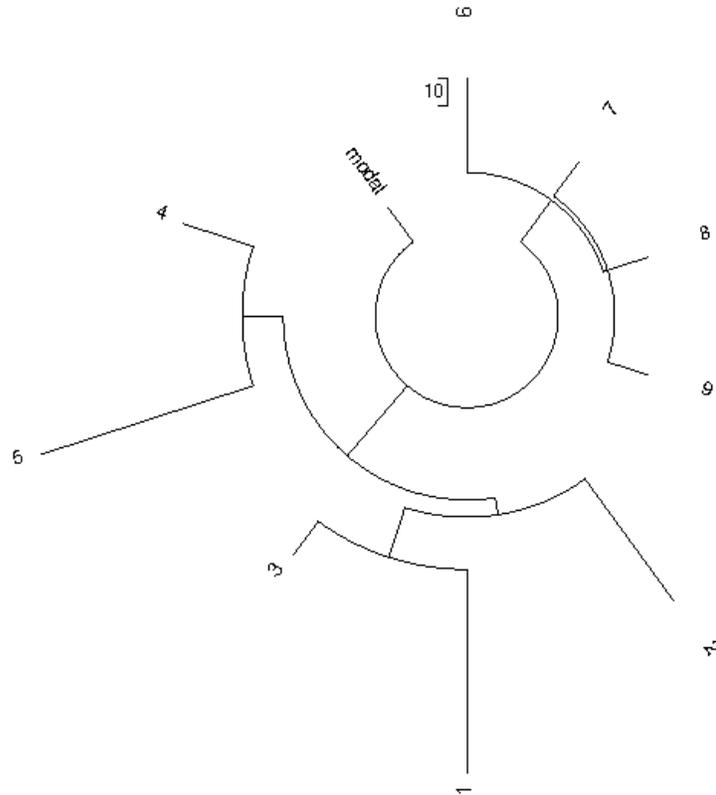
Всего четыре мутации на 25 маркерах (одна мутация здесь дублируется, потому не считается), что помещает этот гаплотип в пределах 2400 лет от предкового. Общий предок субклада L23 жил  $5475 \pm 680$  лет назад (Клёсов, Вестник, 2010 февраль, стр. 292). Это – древнее, чем гаплогруппа R1b1a2 в Европе, и это среднем и соответствует временам R1b1a2 на Кавказе, в Месопотамии, и стыкуется с временами шумеров в Междуречье.

Перейдем к гаплогруппе J1-M267 по данным Тофанелли. У него десять 20-маркерных гаплотипов лакцев, которые довольно четко делятся на две ветви (рис. ниже), с базовыми гаплотипами

12 23 15 10 12 12 X 13 11 14 11 30 – 19 14 22 11 20 22 15 10 21

12 23 **14** 10 12 **18** X 13 **12** 14 11 30 – 19 14 **21** 11 20 22 15 10 21

Здесь после первой панели гаплотипов указаны маркеры DYS458, 437, 448, GATA H4, YCAIIa,b, DYS456, 438, 635.



**Дерево девяти гаплотипов лакцев гаплогруппы J1-M267, построено по данным Тофанелли (ссылка в тексте).**

Ветвь справа наверху – совсем молодая, там на 80 аллелей всего три мутации, что помещает общего предка этих четырех человек на 375 лет назад. Двойная ветвь слева содержит 16 мутаций, и определяет общего предка этих пяти человек на 1700 лет назад, то есть в начало нашей эры. Но это две совершенно разные ветви лакцев, и их общий предок уходит на 3900 лет назад, в начало 2-го тысячелетия до нашей эры. Это – раньше царствований Саргона II (2700 лет назад), Ашшурнасирапалы II (2900 лет назад), Тиглатпаласара I (3100 лет назад), Салмансара I (3300 лет назад). Это – шумерские времена.

Вот в какие временные глубины уходят предки современных лакцев. Вот откуда у них корни и варианты аккадского языка. А какие – прочитаем статью Р. Омариевой.

Анатолий А. Клёсов

# Об удивительных и неожиданных языковых совпадениях между лакским и аккадским языками

Р.А. Омариева

Предлагая вниманию читателей «Вестника» данный материал, автор просит снисходительного отношения, если будут замечены неточности с точки зрения наук исторической либо лингвистической. Я не являюсь ни историком, ни лингвистом. Материала по теме слишком много, это 21 том достаточно сложных англоязычных текстов для моего посредственного, не совсем достаточного для работы английского, - о последнем я сожалею очень.

Говоря о неожиданных языковых совпадениях, я имела в виду, что совершенно не ожидала получить то потрясение и шок, которые пришлось испытать при просмотре томов Чикагско-Ассирийского словаря. Работа над словарем блистательной группы ученых, европейцев и американцев, длилась 90 (!) лет. То есть 90 лет назад начался сбор материалов из текстов глиняных табличек из музеев и библиотек всего мира, таблички эти хранятся в музеях Европы и Америки, в Ираке и Турции. На основании расшифрованных клинописей выпускались тома словаря с переводом текстов древних документов на английский язык. Словарь этот особенный, там приведены все возможные варианты письма и смысла слова на основе цитируемых документов, толкование одного слова может занять несколько страниц - это воистину титаническая работа, надо отдать должное энтузиазму этих ученых. Чикагским словарь называется потому, что систематизацией и изданием томов словарей занималась группа ученых-востоковедов Чикагского университета. Так вот, последний том, а их всего 21, был выпущен в июне текущего года, об этом торжественно сообщили западные СМИ, также русский сайт ВВС.

Поскольку я являюсь носителем языка Лаков, лакским, а они, как гласит наука история - я читала версию ученого-историка Али Каяева - в историческом прошлом являлись жителями северной Месопотамии, района рек Евфрата (Пуратгу) и Тигра (Диялы), я тоже проявила интерес к событию и к самому словарю. Не хочу никого утомлять историческими экскурсами, но приведу довольно протяженный отрывок из «Истории лакцев» Али Каяева, с изложением событий, подтверждающимися текстами из глиняных табличек древней Месопотамии.

... «Термин „лаки" (леки) впервые встречается в анналах ассирийских царей до VIII века до н. э. Под этим племенным названием была известна самостоятельная страна, расположенная, по мнению исследователей, на северной части Месопотамии по среднему течению реки Евфрат, к югу от современного города Мелетены. Эта же страна известна в источниках под именем царского города Куммуха (Кутмуха), расположенного в этом же районе. Гипотетичность внешнего совпадения этого этноса с дагестанскими лаками может быть вероятным и парадоксальным. Но в районе, заселенном этим племенем, локализируются и другие топонимические названия дагестанских языков. Из клинообразных пунктов надписей ассирийских царей, о которых будет еще идти речь, известными городами, населенными пунктами или местностями лаков (леков) являлись Тилули, Кибаку, Куба и Шереши. Более того, этимология этих слов легко объясняется из словообразования в лакском языке. Например, название Куба - „двадцать"; Кибаку: „ки"-„два", „баку"-„гора" (холм); "Шереши" - источник, родник. О классических лаках Междуречья имеются и другие исторические сведения. Так, после ослабления могущественного хеттского царства, на историческую арену Малой Азии выступают ассирийская держава и Урарту. Из Ассирии, многолетнего соперника Урарту, дошло значительное количество письменных источников, говорящих о военных столкновениях ассирийских царей с правителями царства лаков.

Подробные сведения о стране лаков дают также надписи ассирийских царей. Так, во введении к надписям Ададнирари говорится, что „Ададнирари... истребитель мощных племен касситов, кутиев, лулумеев... покорившего страну Турунки и Нигимхи до пределов ее всех правителей гор и холмов обширных пределов кутиев, покорившего страну Кутмухи и всех его союзников, полчища ахлалиев (арамеев) и их страны, расширившего границы и пределы. В надписи Салманасара I (серед. XIII в. до н.э.) сказано, что «после того кутти, которым нет счета, как звездам на небе, обученные истреблению, восстали против меня, стали мне неприятелями, повели вражду». Собрав войско, он направился на них "от границы страны Урутри до Кутмуха в отпавшей стороне, краю далеких беру и пролил их кровь как воду, телами бойцов их наполнил широкую степь. Полон его (войско), скот его и богатство его и доставил в мой город Ашшур". Войны с этими народами продолжались и в царствование Тиглатпаласара I (1115-1077 гг. до н.э.). Об этих событиях подробно сказано в надписи на глиняном цилиндре: "В начале моего царствования 20000 человек мушкинцев и 5 царей их, которые вот уже 50 лет как захватили страны Алзи и Пурулумзи, приносившие ранее дань и подать богу Ашшура, моего владыки груди которых ни один царь не мог усмирить в битве и которые полагались на свою силу, спустились с гор и захватили страну Кутмухи... В надежде на Ашшура, моего владыку, мои колесницы и войска, воистину я собрал, остальных не ожидая: горы Кашияр, трудную местность, я преодолел с 20000 их бойцов и 5 царями их в стране Кутмухе и

померялся силами, и нанес им поражение, тела их воинов в сече битвы я смел в кучи".

С конца XII в. до н.э. на протяжении нескольких столетий до царствования Ашшурнасирпалы II (884/3 859 гг. до н. э.) в ассирийских источниках ничего не слышно о Лаке и Кутмухе (Куммухе). Однако на основании этого нельзя заключить, что объединение лаков-кутмухов распалось или значительно ослабело. Отсутствие сведений в ассирийских источниках объясняется тем, что после Тиглатпаласара Ассирия скоро ослабевает, в продолжение нескольких столетий ей приходится вести тяжелые оборонительные войны против арамейских племен. Ассирийские цари в это время были лишены возможности осуществлять активную политику по отношению к таким далеким странам, как Лаки или Кутмух. В IX же веке до н. э., когда Ассирия выходит из упадка и приобретает былое могущество, она начинает крупные походы против северных племен. В ассирийских источниках вновь появляются сведения о Лаке или Кутмухе (Куммухе).

В период этих трех столетий Лаки (Кутмухи) успели приобрести самостоятельность. Поэтому Ассирия снова начала войны с Кутмухом с целью его подчинения. Ассирийский царь Ашшурнасирпал II рассказывает, что он "переправившись через Тигр, подошел к стране Кутмухи, принял дань страны Кутмухи и страны Мушни – бронзовые сосуды, крупный и мелкий рогатый скот и вино". В другом месте дается более подробное описание того же похода. "Переправился через Тигр, вошел в страну Кутмухи, освятил дворец Титула, принял дань страны Кутмухи... вошел на Перевал богинь, переночевал в поселении Кибаку, принял дань Кибаку – крупный и мелкий рогатый скот, вино и бронзовые сосуды... вышел из Кибаку, подошел к поселению Матиату, покорила и далее".

В надписи приводится перечень стран, подчинившихся Ашшурнасирпалу. "Покоривши страну Наири до крайних пределов ее, от перевала Киррури до Гильзану, от истока реки Субиат до страны Шибре все страны покорила моя рука; от той стороны Тигра до страны Лаки, до пределов его, Суху до Рапику (пограничная с Вавилонией область) перевала Бабиту до Хашмара".

Из приведенного видно, что Кутмух представлял в то время значительное племенное объединение, лежащее на территории населенной лаками в Междуречье, точнее в долине реки Евфрат к югу от современного Мелитены"

По мнению Дьяконова и Меликишвили Кутмух был расположен в верхней части долины реки Тигр. На наш взгляд, такая локализация представляется ошибочной, т. к. она не подтверждается вышеприведенными сообщениями о походах ассирийских царей. Почти все приведенные сообщения подтверждают, что ассирийские цари каждый раз предпринимали свои походы на страну Кутмух, переправившись только через р. Тигр. Следовательно, Кутмух был расположен не на правом берегу

р. Тигр, а за его пределами, по обеим сторонам долины реки Евфрат. Трудно предположить, что из себя представлял этноним Лаки в культурно-историческом отношении. Анналы ассирийских царей, дающие подробные сведения о военных столкновениях с Кутмухом и другими племенами, бывшими в союзе с Урарту, дают много данных о характере собранной дани, которые позволяют сделать некоторые выводы об экономике этих племен: лаки занимались хлебопашеством и скотоводством. Было развито и ткачество. Ассирийцы в качестве дани в Кутмухе брали крашенную в пурпур шерсть. Пурпурная шерсть упоминается также, как дань страны Хамата и цитадели Хиндану, куда лаки перегоняли свои стада на пастбища.

В Лаке было развито и ремесленное производство. Среди ремесленных изделий больше всего была распространена медная утварь, в связи с удобством её применения в кочевом и полукочевом хозяйстве. Поэтому в списке стран, присылавших медные изделия, числится Лак (Кутмух). Например, один из правителей Кутмуха преподносит Тиглатпаласару 60 медных сосудов, большой бронзовый чан и бронзовый котел, а также рогатый скот, как „дань и подать“. В анналах ассирийских царей среди отдельных районов, имеющих наиболее значительные запасы свинца, указаны лаки, которые были богаче им, чем соседние племена.

О социальном строе страны Лаки (Кутмуха) нам ничего не известно. Ассирийские источники на этот счет нам ничего не сообщают, если не считать отдельные упоминания об их „царях“. В этом отношении интересно свидетельство Тиглатпаласара о том, что он захватил в плен Кутмухского правителя и его сына Кали-Тещуба, а также „...его жен и сыновей-произведение его утробы – его родню“.

После падения Урарту лаки (кутмухи), потеряв в лице Урарту своего союзника, были оттиснуты сильной ассирийской державой на север Кавказа. Подтверждением для такой вероятной гипотезы могут служить ассирийские источники. В так называемой „Торжественной надписи Саргона“ рассказывается, что после разгрома Урарту Муталлу кутмухский, злой глупец, не спрашивающий слова богов, замышлявший зло, готовивший злодейский заговор, положился на Аргишту, царя Урарту, помощника, не спасшего его и прекратил доставку дани и подати страны своей, задержал свое приношение. «В ярости сердца моего, с личной моей колесницей и всадниками... я направил путь против него. Увидев приближение моего похода, он вышел из своего города, и место его не было найдено. Этот город (Кутмух) вместе с остальными 62 его укрепленными городами я осадил и покорил его жену, его сыновей, его дочерей, имущество, богатство, все драгоценности из сокровищницы его дворца вместе с его людьми страны я полонил и никого не оставил, эту область я заселил заново». Эти события произошли в конце VII в. до н. э., т.е. в конце царствования Саргона II (722-705 г. до н.э.).

Вообще в этот период наблюдается массовое передвижение народов на Восток. В начале VII в. происходит передвижение хайасов (арменов) и

других народов из западных районов Верхнего Евфрата Хеттского государства. Передвижению этих народов дало толчок нашествие киммероскифов, которые основательно осели к западу от Евфрата, обосновавшись главным образом в центральных областях хеттской государственности. Эти скифы и киммеры способствовали ослаблению Урарту и продвижению не только армян-хайсов но и других заевфратских народов. По-видимому период миграции лаков с их первоначальной родины падает на конец VIII в. до н. э. Из источников явствует, что в районе заселения лаков уже в VII в. мы не встречаем больше кутмухов-лаков. Значит ли это, что они исчезли бесследно? Отнюдь нет. Ряд классических авторов говорят нам об их появлении позже в северной части Кавказа вслед за падением Ванского царства...»

Этот экскурс в историю, очень возможно, со спорными моментами, но верную в общих чертах, необходим для понимания темы. Вернемся к нашему Чикагско-Ассирийскому словарю, известному под аббревиатурой CAD. Итак, просматривая словарь, я стала находить слова, буква в букву совпадающие со словами лакского языка, совпадающие также по смыслу – кроме позднейших заимствований, в основном из русского и через русский язык. Объем слов в лакско-русском словаре (я ссылаюсь на словарь Хайдакова издания 1962 года, он есть в Интернете) скромный – всего 13000 слов, из них – изрядная доля заимствований, это – все, что сохранилось. Да и самих лаков осталась горсточка, с натяжкой 150 тысяч человек, что неудивительно, такой им выпал исторический путь. О том, что в аккадском языке обнаружена лексика лакского, я сообщила известному ученому, занимающемуся происхождением и миграцией народов путем изучения гаплогрупп и их мутаций. Мое «открытие» его не удивило, наоборот, служит подтверждением его научных теорий, для него это скорее закономерность. В самом деле, исторически лакский этнос проживал на территории, где в течение примерно 300 лет языком переписки, ведения дел, общения разных народов был аккадский. Значит, он мог быть основным носителем языка, для которого аккадский – родной язык, в отличие от завоевателей-ассирийцев, для которых аккадский – язык заимствованный, язык завоеванных территорий, наложенный на субстрат своего, ассирийского языка. Удивительно точные языковые совпадения между лакским и аккадским подтверждают это. И все неточности, нелепости словарей, которых очень много, свидетельствуют о том же: клинописные тексты не могли быть переведены, основываясь на семитских – ассирийском или арабском языках. Поэтому работа над словарем длилась по времени столько лет. По моему мнению, то, что вся лексика лакского языка сокрыта в текстах CAD или Чикаго-Ассирийского словаря, это потрясающий факт. Очень большой пласт слов просто утерян безвозвратно – это названия растений, которые росли в ареале Месопотамии, и основанные на их применении медицинские снадобья; слова, связанные с

богами, культурами, обрядами, т.е. лишившиеся применения в силу исторических событий, изменения среды обитания. Меняя место обитания, народ сохраняет топонимику прежней среды обитания, поэтому в топонимике лаксов видны созвучия названиям мест, оставленных некогда их предками. Лаккиялу, ККулалу, Кума, Кумух, названия гор и долин – в каждом названии отражена древняя Месопотамия. Имена людей, приведенные в аккадском словаре – в любом лакском селе они есть, некоторые значимые слова сохранились в виде родовых имен. Так, родовые имена Аьмат1у, ККуллат1у, Ишт1ар, Ахъушан, Анту, Къапуда, женские имена Умму, Амму, Тамари, Къишт1у, Шаме, Издаг, Бани, Избат, Самур, П1уме, Х1юри, Пат1у; мужские имена Аьду, Ирба, Ахъу, Аьлил, – есть в моем родном селе Кули. Все эти личные имена, их гораздо больше, чем перечисленные, и они есть у лакцев, имели смысловую нагрузку, это становится ясным из словаря. Согласно составителям словаря САД, «city», населенный пункт по аккадски – alu, alum. У лакцев к любому топонимическому названию добавляется –алу, когда указывают его как «place», место. Ккул- Ккул-алу, Вих1ли-Вих1ли-ялу, Суммат1-Суммат1-алу, Гъумук- Гъумуч –алу, и т.д. Это весьма кратко. Чтобы долго не испытывать терпение уважаемых читателей, особенно тех, кому лакский язык является родным, говорящих на лакском языке, – привожу список «лакских» слов из САД:

Ersetu 1,2,3,4, т. 4 Е 1958 г. 6- изд. 2004 года, Чикаго, Иллинойс, стр.309-313. «земля, территория». Лак. Аьрци - земля, производные - аьрщарабу, аьрщарая и т.д.

Arku 3, т. А-1 1964г. 4-изд. 1998 года Чикаго, Иллинойс, стр.290, - «аномальное развитие ног». Лак. Аьркку - хромой, хромоногий, аьрчат1ун - хромать.

Asabu, wasabu 1, там же, стр.386.- «сесть, сидеть» Лак. Щябик1ан - сидеть, щябик1у-сядь, связанное с щя-лу -низ, земля, пол.

Asru, asaru, -там же, стр.456- «расположиться, стать на постой».Лак. Ац1ан-стоять на месте, стать на постой.

Asu (wasu) 1,2,3,4,5 там же, стр.356 –«движение, передвижение». Лак. Ачин, ачу – двигаться, передвигаться.

Atartu, A1- там же, стр.486.- «чрезмерный рост, повышение уровня». Лак. Аьтартту – потоки воды при резком повышении уровня речек после осадков.

Atudu (etudu) там же, стр.521,- «баран». Лак. Ятту-бараны.

Nahu, т. 6 H, 1956 г., переиздан в 1995 г. Чикаго, Иллинойс, стр. 30 - «кашлять». Лак. Хъа -ат1ун, хъу-ут1ун- кашлять.

Nahhu - там же, стр.28, «выходец из города Nahhu». Лак. Топонимика в селе Кули - гора Хъахъия - зунтту, речка под ней - Хъахъия рат1 и ферма под горой - Хъахъияц1-алу.

Nummanu - там же, стр.233-234, -«социальный класс или профессия». Лак. Хъумма - старший, руководитель, от корней: хъум-, хъун-, большой, старший, главный.

Naitu - там же, стр.32, «ночной сторож». Лак. Къаитту - тот , который не пускает, от къа-итан- не пускать, не пропускать.

Huballu, hubalttu - там же, стр. 212- «волчья яма, рытвина». Лак. Къуби, къубаллу - яма, рытвина.

Hulu - там же, стр.231, - «дорога». Лак. Ххуллу. - дорога.

Izuzzu -т. 7 I-J 1960 г. 4 - издание 2004 года, Чикаго, стр.319, - «встать». Лак. Изан, изу - встать, встань.

Kanu -A1,2,3, т. K 1971 г. 4-изд. 2008 года, стр.159 - «место, местность». Лак. К1ану - место, местность, стул. Лакку к1ану -территория Лаков.

Karsu, karsannu - там же, стр.223, перев. как часть тела. Лак. Карч1и -ляжка.

Karru A, 1,2,3,4, - там же, стр.221, -« ручка двери», Лак. Кару - руки - часть тела.

Nahu 1,2,3,4,5 - т.11N 1980 г. 3-изд. 2008 года, стр.143. - «успокоить». Лак. Нагъ –масло, нах1усса -вкусный, нах1у махъру - утешительные слова.

Ratu- т. 14 R 1999 года, стр.219 - «ручей, канава». Лак. Рат1 -ручей, в топонимике Кули -Хъухъала рат1, Амьубу рат1, Къуллабу рат1.

Qannu- A, т. 13 Q 1982 г. 2-е издание 1995 года, стр. 81 -«окрестности, места». Лак. К1анну, к1антту, к1ани - к1антурду - места, окрестности.

Sabu -т. 17 S-3 1962 г. 5-издание 2004 года, стр.46 -«группа людей». Лак. Ч1ябу - множество, ч1ябусса- много.

Sahu - там же, стр.102 - какое-то животное, предположения. Согласно Malku sarru, аккадскому толковому словарю, - etudu =sahu. Лак. Чахъу- овца.

Sitru -там же., стр. 134, «текстиль». Лак. Чит -ситец, читру- ситцы, ткани.

Sartu 2.-там же, стр.127 –«волосы». Лак. Ч1ара, ч1артту -волос, волосы.

Tarasu A1, т. 18 Т-1 2006 года, стр.217 - «раскладывать, расстилать».  
Лак. Ттарац1 - алу - место для молотьбы, где разложенные зерновые размельчаются упряжью волов, с погонщиком, таскающими по кругу «ччинну»- деревянные молотильные плиты с каменными шипами внизу.

Dababu 1, т. 3 D 1959 г. 5-е издание 2004 года, стр.3 - «слово, высказывание».  
Лак. Дяъбабу - словесное порицание, отчитывание. Дяъбан, дяъби бан -ругать.

Banu A 1,2,3,4,5,6 т.2В 1965 г. 4-е издание 1999 года, стр.83-84, «делать, строить» Лак. Къатга бан -дом построить, о1рч1 бан - ребенка родить.

Здесь изложена лишь малая часть слов, для представления общей картины. Есть в словаре интересные моменты заблуждений толкователей, когда на основе лакского языка можно было найти верное значение. Например, стр.62 т.8К, идет толкование слова kalakku, с) приведен математический текст с повторами слова kalakku, Толкователь делает среди прочих предположение, что это геометрический термин. Речь же идет о пояснении задачи, «ккал»- означает «счет» по- лакски, «ккалан»- считать, «ккалакку»- считай (это в современном лакском, а в аккадском, возможно, это означало «считаем»).

Среди забытых лаками слов – аккадское Kakkullu, kakkulttu-, «ккаккултту», глазное яблоко. От «ккаккан», смотреть.

Аккадское Tarbasu- загон для овец, «ттарбац1у», от слова «ттар бан»,- загонять овец, «ттар бац1ай к1ану». Аккадское Sassinnu- орнамент, «щацинну», от «щациан»- соткать.

Далее, очень интересное слово Тему. Среди многих толкований, означает приказы, ордонансы Саргона Великого. По лакски «т1ему»- сказанное, приказанное для исполнения. Хороший, исполнительный ребенок – тот, который исполняет «т1ему» взрослых.

Совершенно неожиданной оказалась находка в словаре словосочетания Uzul likiru, стр.395 т. 20 V-W. Перевод – лишь предположения. У Лаков «Узул Ликри» -название травы зверобоя. В детстве, держа в руках жесткие стебли зверобоя, я думала о бедной Узу (женское имя) ножки которой уподобили грубым стеблям («ликри» - ножки) этой травы...

Также весьма любопытные факты, почерпнутые мной из словаря: «Kullar»- это гора в районе озера Urmia. Словом же «Lakku» аккадцы называли серебряную посуду. Есть в приводимых в словарях текстах и упоминание о Kutuh, Кумухе. Кстати, без всякой буквы «т» в середине.

Данный текст предлагается для ознакомления заинтересованных лиц и далее будет дополнен в части разбора аккадской лексики и уточнения смысла слов на основе лакского языка. Работы много, но Чикагский университет и западные востоковеды создали великолепную основу, исходный материал, с которым можно работать в дальнейшем. Я же с полной уверенностью смею утверждать, что ошибочно переведенные или вообще не нашедшие объяснения аккадские слова из словаря CAD объяснимы на основе лексики лакского языка.

## ПОСЛЕСЛОВИЕ-КОММЕНТАРИЙ

**Рамазан Г. Лугуев**

Аккадско-лакские лингвистические соответствия – уникальное открытие Разият Омариёвой. Мы, лакцы, представители небольшого кавказского народа, с детства привыкли слышать, что наши древние предки пришли когда-то в Дагестан с юга, из Месопотамии. Изучая лакскую историю и язык, я бывал озадачен, обнаруживая удивительные артефакты в лакском языке, происхождение которых невозможно было объяснить простым заимствованием из языков Передней Азии. Это и мужское имя Санасар (ассирийское Салманасар), аналогия арабских слов Арз - земля и лакского Арци, арабское "Ана-Я" и лакского " На-я" и многих других. Относительно месопотамского происхождения лакцев – можно было бы продолжать говорить, что это обычные мифы, коих много среди народных сказаний, если бы не последние открытия ДНК-генеалогии.

Данные этой науки говорят, что лакцы, как и многие другие дагестанцы, в основной своей массе имеют Y-хромосомные (мужские) гаплогруппы J1, J2, E. Это свидетельствует о том, что лакцы и другие народы Дагестана по своей мужской гаплогруппе близки, если не идентичны населению Ближнего Востока и прежде всего Месопотамии, где встречается наибольшее разнообразие субкладов данных мужских гаплогрупп. Уникальное открытие Разият Омариёвой как недостающий пазл ставит всё на свои места. Вся исконная лакская лексика, а за тысячи лет она в значительной степени утеряна, многие исконные слова вытеснены

иранизмами, тюркизмами и арабизмами, обнаруживается в аккадском словаре, изданном Чикагским университетом.

Надо отдать должное феноменальной интуиции Разият Омариевой, которая обнаружила и открыла данный факт. Да именно факт, так как большинство исконных лакских слов обнаруживается в аккадском языке. Это вызов официальной лингвистике, он ставит перед ней множество вопросов, на которые необходимо дать ответ. По современной классификации языков лакский и аккадский языки принадлежат к совершенно разным языковым семьям. Аккадский относят к семитским, лакский к дагестанско-нахским языкам. При чтении аккадского словаря и его поразительном соответствии лакскому словарю, которое наглядно показывает исследование Разият Омариевой, создается впечатление, что аккадский язык, при наличии фактов, которые позволяют отнести его к семитским языкам, находится в некоем симбиозе с несемитской языком – основой, из которого берет начало и лакский язык. Если выразиться точнее, лакский язык - реликт аккадского языка, вследствие географической изоляции сохранившийся в Нагорном Дагестане. Это шокирует. Надеюсь лингвисты дадут ответ на данный факт. Специалисты по дагестанско-нахским языкам не могут пока ответить на вопрос о месте распада дагестанско-нахского праязыка. Не могут ответить, произошло ли выделение отдельных языков из дагестанско-нахского праязыка еще Передней Азии, на путях миграции на Кавказ, или непосредственно на территории современного ареала данной языковой семьи. Думаю, что открытие Р. Омариевой проливает свет на данное обстоятельство, и наводит на мысль, что распад языка-основы произошел еще в Передней Азии.

Прочитав статью, хочу поделиться своими замечаниями. В статье аккадскому "SARRU"- город, дается соответствие лакского "ShahRu"-город, последнее слово в лакском скорее заимствовано из среднеперсидского языка и более уместное и точное соответствие лежит в исконно лакском "ShARR"-поселение, село, населенный пункт. Относительно злака "У", то в современном лакском языке это название сорта голозерного ячменя, мука из него используется при приготовлении традиционного пива - Х1ан, приготавливаемого в ночь на Навруз, 21 марта. Возможно данный злак был принесен в Нагорный Дагестан из Месопотамии древними предками лакского народа.

И в конце, выражаю благодарность Анатолию Алексеевичу Клесову за оказанную поддержку, и с нетерпением ждем новых публикаций аккадско-лакского словаря на страницах Вестника.

## **Отзыв на статью Р.А. Омариевой «Об удивительных и неожиданных языковых совпадениях между лакским и аккадским языками»**

**И. Рожанский**

Перед нами статья, написанная не профессиональным лингвистом или историком, а человеком, глубоко увлеченным историей своего народа. К сожалению, сохранилось крайне мало письменных свидетельств, где бы прямо описывались события, затрагивавшие лакцев - небольшой народ, живущий в центральной части Дагестана. По большей части, это какие-то обрывки, которые приходится так или иначе интерпретировать с неизбежной в таких случаях долей субъективизма, вплоть до откровенных фантазий. К чести автора, она не пошла легким путем придумывания истории, чем грешат, увы, даже вполне маститые историки из республик Северного Кавказа. Вместо этого она решилась на нелегкий труд по поиску первичного материала, и стала анализировать фундаментальный словарь аккадского языка, недавно ставший доступным для любого пользователя Интернета. Выбор, действительно, был не случайным, но об этом чуть ниже.

В том, что за такую работу взялся не профессиональный лингвист, есть как минусы, так и плюсы. Минусы в том, что любитель видит в словарных статьях лишь то, что лежит на поверхности и то и дело ловится на случайные созвучия, плюсом же в такой ситуации оказывается то, что грамотный любитель подметит слова, мимо которых профессионал пройдет, не глядя, потому что они заведомо не вписываются в известную ему концепцию. Примерно по той же причине астрономы-любители с их слабенькими телескопами открывают астероиды, кометы и сверхновые, до которых у профессионалов не доходят руки - они озабочены поисками грантов, планом публикаций и боязнью потерять лицо в глазах коллег.

Рецензируемая статья состоит из длинного вступления с предполагаемой историей лакского народа и сравнительно небольшой по объему основной части - списка лакско-аккадских параллелей. Оставлю без каких-либо комментариев первую часть, это дело историков, а остановлюсь на предмете работы - «удивительных и неожиданных языковых совпадениях».

Видимо, ввиду недостаточного знакомства со стилем научных статей, автор представила список лексики в несколько неупорядоченном виде, с не всегда точными ссылками и неоправданно упрощенной транслитерацией аккадских слов.

Так что я взял на себя труд внести некоторую систему в эти данные, и представить их в виде таблицы. Ссылки в квадратных скобках отмечают том, часть тома (если необходимо) и страницу Чикагского Аккадского словаря (CAD). Поскольку в стандартной латинской транслитерации аккадской клинописи используются буквы с диакритическими значками, которые могут исказиться при просмотре, они заменены буквосочетаниями из стандартной клавиатуры. Это *s'* (tsade), *t'* (tet) *sh* (shin) и *x* (het). Первые 2 звука – это т.н. эмфатические согласные, что произносятся с напряжением голосовых связок, аналоги эжективных согласных в северокавказских языках, следующие 2 примерно соответствуют русским *ш* и *х*. Апостроф после гласных обозначает гортанную смычку, долгота гласных отмечена подчеркиванием. Для аккадских слов выписаны все их основные значения, чтобы у читателей не создавалось впечатления, что они вырваны из контекста, и на деле обозначают совсем не то, что в лакском. Лакские слова оставлены без изменений. Раскраской отмечены те слова, по которым, с точки зрения рецензента, не имеется достаточных оснований для родства с точки зрения семантики. Подробнее об этом ниже, после таблицы.

**Таблица 1. Список слов, совпадающих в аккадском и лакском языках.**

Аккадский	Лакский
<b>Arku</b> [CAD 1 (2), 286]: 1 будущий, второй, нижестоящий, задний; 2 поручитель (за должника).	<b>Аьркку</b> : хромой, хромоногий, <b>аьрччат1ун</b> : хромать.*
<b>As'u</b> (was'u, was'a'u, us'a'u, us'u) [CAD 1 (2), 356]: 1 уходить, покидать; 2 выходить, восходить (о небесных телах); 3 исчезать; и т.п.	<b>Ачин, ачу</b> : двигаться, передвигаться.
<b>Ashabu</b> (washabu) [CAD 1 (2), 386]: 1 сидеть (во всех стилистических оттенках); 2 проживать, селиться; 3 быть заселенным; 4 селить, наделять землей; 5 переселять.	<b>Щябик1ан</b> : сидеть; <b>щябик1у</b> : сядь, связанное с щя-лу -низ, земля, пол.
<b>Ashru A</b> (asharu, ishru) [CAD 1 (2), 456]: 1 место; 2 район, страна, город, комплекс зданий, священное место, небеса; 3 используется в идиомах.	<b>Ац1ан</b> : стоять на месте, стать на постой.**
<b>Atartu</b> (watartu) [CAD 1 (2), 485]: 1 излишек, чрезмерный рост, уровень; 2 ложь, преувеличение.	<b>Аьтартту</b> : потоки воды при резком повышении уровня речек после осадков

<b>Atudu</b> (etudu, dudu) [CAD 1 (2), 521]: дикий баран.	<b>Ягту</b> : бараны.
<b>Banu A</b> [CAD 2, 83]: 1 строить, изготавливать, конструировать; 2 быть причиной, производить; 3 создавать (о божестве); 4 строить планы.	<b>Къатта бан</b> : дом построить; <b>o1рч1 бан</b> : ребенка родить.
<b>Dababu</b> (dabību, dabūbu) [CAD 3, 2]: 1 слова, речь; 2 рассказ, сплетня; 3 соглашение; 4 жалоба, судебный иск.	<b>Дяъбабу</b> : словесное порицание, отчитывание; <b>дяъбан, дяъби бан</b> : ругать.
<b>Ers'etu</b> [CAD 4, 308]: 1 Земля (планета); 2 нижний мир; 3 земля, территория, район; 4 земля, почва, твердь	<b>Аърци</b> : земля, производные - аърщарабу, аърщарая и т.д
<b>Хахху</b> [CAD 6, 29]: из города Хахху, в контексте «я заплатил 1 шекель серебра за (шерстяное изделие?) из Хахху»	Топонимика в селе Кули – гора <b>Хъахъия-зунтту</b> , речка под ней- <b>Хъахъия рат1</b> и ферма под горой – <b>Хъахъияц1-алу</b>
<b>Хаху</b> (іахху) [CAD 6, 30]: кашлять, закашливаться.	<b>Хъа-ат1ун, хъу-ут1ун</b> : кашлять
<b>Ха'it'u</b> [CAD 6, 32]: ночной сторож; (эпитет богов и демонов); чиновник, ответственный за взвешивание серебра.	<b>Къаиту</b> : тот , который не пускает, от <b>къа-итан</b> - не пускать, не пропускать.
<b>Xuballu</b> (xubaltu, xubullu) [CAD 6, 212]: волчья яма, ловушка.	<b>Къуби, къубаллу</b> : яма, рывтина.
<b>Xulu</b> [CAD 6, 231]: дорога.	<b>Ххуллу</b> : дорога.
<b>Xummanu</b> [CAD 6, 234]: Разовое упоминание, возможно, в качестве «фамилии». Значение неизвестно.	<b>Хъумма</b> : старший, руководитель, от корней: хъум-, хъун- большой, старший, главный.
<b>Kanu A</b> (kuanu, kunnu) [CAD 8, 159]: 1 оставаться на месте, быть неподвижным, быть постоянным, послушным, надежным и т.п.; 2 подчиняться; 3 возводить (монумент и т.п.), устанавливать законы, организовывать, назначать на должность, награждать, править; 4 свидетельствовать в суде.	<b>К1ану</b> : место, местность, стул; <b>Лакку к1ану</b> : территория Лаков.
<b>Karru A</b> [CAD 8, 221]: ручка/рукоятка (кинжала, двери, кресла), шляпка декоративного гвоздя.	<b>Кару</b> : руки - часть тела
<b>Karshu</b> (karashu, karshanu) [CAD 8, 223]: 1. живот, утроба, тело; 2. ум, сердце, намерение, желание; 3. нижняя или внутренняя сторона (пальцев, ушей, дома и т.п.).	<b>Карч1и</b> : ляжка.

<b>Na<u>xu</u> A</b> (nu <u>xu</u> ) [CAD 11 (1), 143]: 1 быть спокойным; 2 успокаиваться, затихать; 3 отдыхать; 4 смиряться (о богах демонов); и т.п.	<b>Нагъ</b> : масло; <b>на<u>x</u>лусса</b> : вкусный; <b>на<u>x</u>лу</b> махъру: утешительные слова.
<b>Q<u>annu</u> A</b> [CAD 13, 81]: 1 граница, окрестности; 2 снаружи; 3 как только (союз).	<b>К<u>l</u>анну, к<u>l</u>антту, к<u>l</u>ани, к<u>l</u>анттурду</b> : места, окрестности
<b>R<u>a</u>t'u</b> (ratu) [CAD 14, 219]: (ирригационный) канал, ручей, струя.	<b>Ра<u>t</u>1</b> : ручей, в топонимике Кули -Хъухъала ра <u>t</u> 1, Аьмубу ра <u>t</u> 1, Кьуллабу ра <u>t</u> 1.
<b>S'<u>a</u>bu</b> [CAD 16, 46]: группа людей, бригада работников, отряд солдат, армия, народ, и т.п.	<b>Ч<u>l</u>ябу</b> : множество; <b>ч<u>l</u>ябусса</b> : много.
<b>Sh<u>a</u>xu</b> [CAD 17 (1), 102]: 1 свинья; 2 (рыба); 3 название созвездия.	<b>Ча<u>x</u>ъу</b> : овца.
<b>Sh<u>a</u>rtu</b> (shertu) [CAD 17 (2), 125]: 1 волос; 2 волосы; 3 борода у козла.	<b>Ч<u>l</u>ара, ч<u>l</u>артту</b> : волос, волосы.
<b>Sh<u>i</u>tru</b> [CAD 17 (3), 134]: некий штучный (?) товар, упомянутый в ранних ассирийских источниках в контексте «6 sitaram за 20 шекелей серебра», «1 шекель за 1 siitri», «sitaram, платок и 10 шекелей олова» и т.п. Точное значение слова неизвестно.	<b>Ч<u>i</u>т</b> : ситец; <b>Ч<u>i</u>тру</b> : ситцы, ткани.
<b>T<u>a</u>ras'u A</b> [CAD 18, 208]: 1 растягивать (мерную) веревку, привязывать; 2 расстилать; 3 вытягивать (руки и т.п.); 4 отправлять, направлять; 5 ставить на место.	<b>Т<u>a</u>ра<u>t</u>1-алу</b> : место для молотъбы, где разложенные зерновые размельчаются упряжью волов, с погонщиком, таскающими по кругу «ч <u>l</u> инну»- деревянные молотильные плиты с каменными шипами внизу.
<b>U<u>z</u>uzu</b> (ushuzu, <b>izuzu</b> , uzezu, itussu) [CAD 20, 373]: 1 вставать, выпрямляться; 2 останавливаться; 3 быть на месте, быть видимым (о небесных телах); 4 занимать место; и т.д., всего 31 значение.	<b>И<u>z</u>ан, и<u>z</u>у</b> : встать, встань

\*) Как пример употребления, приведено сочетание «задние ноги/лапы у животных» (hind legs): «это был обычный лев, стоящий на задних лапах», «у него было 3 ноги 2 передние как у птицы, задняя как у быка». Значение явно производное от основного; к хромоте и какому-либо дефекту отношения не имеет.

\*\*) Употребление в качестве глагола в аккадском не указано. Предположение о родстве с лакским глаголом, видимо, отталкивается от примера,

иллюстрирующего это существительное в его общем значении (стр. 456, правая колонка, 9-я строка снизу): «я разбил свой лагерь на этом месте». Вполне очевидно, что никакого специфического смысла слово «место» в этой фразе не несет.

Рецензент не ставил своей целью дать полный анализ приведенных пар слов, и лишь отметил раскраской те, по которым не имеется достаточных оснований для родства с точки зрения семантики. Это слова с неоправданно большими семантическими сдвигами в духе чеховской «лошадиной фамилии» (Овсов, кто не помнит), слова с неизвестным значением в аккадском, звукоподражательные слова, явно маргинальная лексика и, наконец, следствия неправильно переведенных с английского примеров. Оставшиеся 16 пар – это не так уж мало, тем более они включают такие слова из базовой лексики, как «двигаться», «сидеть», «стоять», «дорога», «волосы».

Следующий этап – это проверка этимологий слов в соответствующих языковых семьях, семитской и нахско-дагестанской. Здесь важно установить, сочетаются ли найденные созвучия с регулярными фонологическими соответствиями, и не возникают ли они по причине того, что в одном из языков слово составное, а в другом это целый корень. Например, русское «восток» и немецкое «Ost» (то же) чисто внешне кажутся родственными. Однако, в русском «вос-» – это приставка к корню «ток», от «течь, теку». В немецком приставок нет, и слово восходит к протоиндоевропейской лексике, так что родственными ему оказываются латинское «аутога» и литовское «ау́тра» (заря). Скорее всего, после подобного анализа число пар сократится, но вряд ли такие слова исчезнут совсем, и вот почему.

Ближний Восток по праву считается колыбелью цивилизации. Здесь были одомашнены самые важные в хозяйстве животные, выведены основные сорта зерновых, и здесь же начался первый в истории человечества быстрый демографический подъем, вызванный переходом к производящему хозяйству. Если обратиться к анализу ДНК, то этот подъем хорошо просматривается в виде целого набора различных генеалогических линий, у которых предки по прямой мужской линии жили в период с 6,5 по 5,5 лет назад, а их потомки составляют основу современных народов региона. Говоря языком ДНК-генеалогии, на Ближнем Востоке в настоящее время наиболее распространены Y-хромосомные гаплогруппы E1b1b, G1, G2, J1, J2, R1a и R1b. Судя по филогении этих гаплогрупп, представители, как минимум, первых 5-ти из них жили в районе Плодородного Полумесяца в эпоху зарождения первых цивилизаций.

Поскольку все эти гаплогруппы расходятся друг с другом на десятки тысяч лет и, скорее всего, они пришли в тот район из разных мест, мы вправе ожидать, что в те времена они принесли с собой сильно различавшиеся

Востоке, в идеале, должны сосуществовать, как минимум, 5 больших языковых семей, что брали бы начало от языков тех первых поселенцев. Что мы имеем в действительности? Пустынный ландшафт: всего 3 языковые семьи, причем две из них (индоевропейская и тюркская) утвердились в регионе в исторически недавнее время. Первая из них представлена фарси, курдским и рядом местных западноиранских языков, и надежно связывается с миграциями ариев R1a1 не ранее 4000 лет назад. Тюркские языки в лице турецкого датируются еще более недавними временами Средневековья, а их первыми носителями, скорее всего, были выходцы из Центральной Азии с минорными для Ближнего Востока гаплогруппами C3, N, Q и R1b1a1. Единственная языковая семья, которую можно было бы считать по-настоящему местной, семитская, также не блещет разнообразием. Разные диалекты арабского, искусственно возрожденный иврит и почти вышедший из употребления арамейский – вот и всё. Семитские, как ветвь афразийской макросемьи, с достаточной надежностью можно связать с языками, что принесли с собой в древности носители субклада E1b1b1.

Каков «сухой остаток»? Не слишком утешительный для многомиллионной армии носителей G1, G2, J1, J2 и R1b1a2 – повороты истории и наследие великих ближневосточных империй стерли из их памяти языки, на которых они когда-то говорили. Было ли так всегда? Нет, некогда Ближний Восток был чрезвычайно многоязыким, что осталось в памяти людей в виде мифа о Вавилонской Башне. Уже в более поздние времена в городе-государстве Митанни, не самом большом по тамошним меркам, одновременно велась деловая переписка на 7-ми языках, как отметил академик В.В. Иванов в телевизионной лекции. Вот неполный список языков, не оставивших ни прямых потомков, ни «племянников», но известных по письменным памятникам: шумерский, эламский, хаттский, хеттский, лувийский, ликийский, карийский и несколько языков хуррито-урартской группы. Еще от нескольких сохранились лишь горстки личных имен в чужой передаче, а сколько сгинуло, не оставив следов, не знает никто.

Если сопоставить имеющиеся данные, то логично допустить, что какие-то из этих вымерших языков относились к семьям, о существовании которых мы косвенно можем судить из данных ДНК-генеалогии. Поскольку носители упомянутых выше гаплогрупп доминируют по численности на Ближнем Востоке, а их основные генеалогические линии показывают равномерный рост в течение более, чем 5-ти тысячелетий, вряд ли языковые переходы их носителей сопровождались массовыми истреблениями и освоением языка-победителя «с чистого листа». Значит, переходы, видимо, были относительно плавными, через стадию двуязычия и сохранения какой-то части своей исходной лексики. Этот процесс более-менее изучен в случае с заимствованиями из шумерского в семитские языки

и обратно, но дальнейшее выявление субстратной лексики осложняется тем, что о языках, ее оставивших, известно крайне мало. Как правило, речь идет о субстратах в семитских языках, доминирующих в регионе в течение последних 3000 лет. По этой причине, основная масса семитологов придерживается негласного правила, что все слова в семитских языках, что не доказаны по письменным источникам как заимствования, имеют семитскую и, далее, афразийскую этимологию. Фонетические и семантические совпадения с языками других семей (теми же кавказскими) объявляются или случайными, или следами контактов древних семитов с носителями тех семей. Вариант с третьим языком, из которого лексемы могли независимо попасть в оба сравниваемых языка, как правило, не рассматривается по вполне понятной причине – принципу Оккама. При отсутствии дополнительных данных гипотеза о третьем языке – классический вариант ввода сущности без необходимости. Так что с позиций исторической лингвистики такой «семитоцентризм» – оптимальное решение, опирающееся на почти 5000-летнюю письменную традицию этой группы языков.

Однако, с недавних времен появились независимые данные, которые позволили связать вымершие языки Ближнего Востока с живыми языками ближайших к нему регионов – Закавказья и Северного Кавказа. Связь не буквальная, что видно из анализа языков, а опосредованная – следствие того, что у жителей всех трех регионов оказались один и тот же набор предков, живших во время с 6300 до 4200 лет до настоящего времени, почти все из тех самых «безъязыких» гаплогрупп. В недавней работе, посвященной исследованию Y-ДНК народов Северного Кавказа [Balanovsky et al., 2011], эти генеалогические линии были идентифицированы как G2a3b1, R1b1a2, J2a4b, J1, R1a1 и G2a1, в порядке убывания «возраста». В этом исследовании не проводили тестирование лакцев, но по ним есть данные из другой работы, посвященной гаплогруппе J1 [Chiaroni et al., 2010], а также из коммерческих баз данных. Они показывают, что среди лакцев распространены те же самые генеалогические линии, что и среди их соседей: аварцев, даргинцев и лезгин. Это ветвь J1 (DYS388=13), имеющая общего предка 5200±600 лет назад, и ветвь R1b1a2a (L51-) “возрастом” около 4600 лет. Репрезентативные количественные данные пока недоступны, но качественная картина выглядит вполне достоверно. Маловероятно, чтобы близкие по языку и культуре народы, говорящие на языках дагестанской группы, очень сильно различались по своей генеалогии. Поиск в базах показал, что за пределами Дагестана те же самые линии оказываются одними из ведущих у армян (32 % от участников армянского проекта FTDNA) и ассирийцев (25 % от участников ассирийского проекта FTDNA), т.е. народов, живущих недалеко от региона, где 4000-5000 лет назад происходил этногенез древних ассирийцев и становление аккадского языка.

Среди других народов доля этих двух линий падает до единиц и долей процентов.

Таким образом, ДНК-генеалогия однозначно свидетельствует, что не менее 2/3 современных носителей дагестанских языков (включая лакцев) и около 1/3 армян с ассирийцами являются потомками двух человек, живших около 5200 и 4600 лет назад, соответственно. Разумно предположить, что общая история этих народов не могла не оставить след в их языках, особенно, если принять во внимание, что современные ассирийцы, ныне говорящие на разновидности арамейского языка – прямые потомки древних ассирийцев, говоривших на аккадском. Иными словами, в этногенезе древних ассирийцев участвовали, наряду с другими, те же самые народы, что положили начало дагестанцам. Выбор автора, продиктованный в основном знанием своего родного языка, оказался на удивление удачным – лакский считается одним из самых архаичных в семье дагестанских языков, и вероятность встретить там слова, общие с аккадским, должна быть выше. Рецензируемая работа, при всех пока имеющихся вопросах, это продемонстрировала. Очень желательно, чтобы исследование развивалось дальше как вширь, захватывая больше лексем, так и вглубь, путем детального анализа этимологий.

За скобками обсуждения остался вопрос, что это был за язык, оставивший следы как на аккадском, так и в дагестанских, и к какому из вымерших языков Древнего Востока он был ближе. Можно предположить из чисто таксономических соображений, что это был протонахско-дагестанский, но это несколько противоречит датировкам распада северокавказской макросемьи, да и среди нахских народов доминирует совсем другая генеалогическая линия – J2a4b. Некоторую подсказку дает древо северокавказских языков, составленное лингвистами А. Дыбо и О. Мудраком [Balanovsky et al., 2011, Supporting Files]. Оно показало на удивление точное совпадение с датировками ДНК-генеалогических линий северокавказских народов, напомним, весьма разнородных. Возможно, в этой разнородности и таится ответ на вопрос, существовал ли в действительности протосеверокавказский язык – общий предок сильно различающихся западной и восточной ветвей. Данные ДНК-генеалогии согласуются с гипотезой, что такой язык существовал, но основным механизмом его распространения были языковые переходы этносов, изначально не родственных друг другу, и внесших в него большие пласты субстратной лексики и морфологии. То есть, это было нечто среднее между классическим распадом диалектов и языковым союзом, и именно эта промежуточность и озадачивает лингвистов.

В применении к дагестанским языкам и лакскому, в частности, это означает, что с большой долей вероятности этнос, давший начало

дагестанцам, утратил некогда свой исходный язык и перешел на предполагаемый *lingua franca* северокавказского региона, подобно своим южным собратьям, перешедшим на аккадский. Слова, найденных автором в САД, вполне могли остаться с тех давних времен. Таким образом, мы возвращаемся к сценарию с неизвестным третьим языком, но уже без нарушения принципа Оккама, поскольку имеем на руках независимые данные ДНК-генеалогии. Эта гипотеза наверняка вызовет возражения у специалистов по языкам Древнего Востока, потому что у них давно все по полочкам разложено, кто, у кого, как и когда заимствовал. Однако они не учитывают, что по сути работают с самодостаточной конструкцией, избыливающей скрытыми логическими кругами («Мюнхгаузен в болоте»), и легкий ветерок со стороны может ее сдуть, как карточный домик. Дело за малым – добиться, чтобы в кругах лингвистов и историков ДНК-генеалогии воспринимали всерьез. Пока что мы видим суетливое заигрывание популяризаторов с модными историческими гипотезами, не добавляющее авторитета ни тем, ни другим.

Позволю завершить рецензию загадкой, на которую пока нет однозначного ответа, но которая, возможно, даст подсказку, кто говорил на том загадочном «третьем языке» - носители J1 или R1b1a2? Или в лакско-аккадском списке следы сразу двух языков?

**Таблица 2. Числительные в лакском и китайском языках.**

	Лакский	Классический древнекитайский	Сино-японское чтение	Стандартный пекинский
1	ца	*ʔit	ichi	yī
2	кИи	*nić	ni	èr
3	шам	*səm	san	sān
4	мукъ	*slić	shi	sì
5	ххю	*ŋhā	go	wǔ
6	рях	*rhuk	roku	liù
7	арул	*shit	shichi	qī
8	мяй	*prēt	hachi	bā
9	оьрчI	*kwə	ku	jiǔ

Явное сходство древнекитайских и лакских названий для цифр 3, 5 и 6, - один из многих примеров подобных пересечений сино-тибетских и северокавказских языков, что послужило основой для смелой гипотезы С.А. Старостина о существовании сино-кавказской макросемьи. Большинство

лингвистов оспаривает эту гипотезу, считая ее слишком слабо обоснованной, да и в смежных дисциплинах она пока не находит убедительного подтверждения. Возможно, углубленное изучение языков и ДНК-генеалогии Северного Кавказа прольет свет и на эту проблему?

В заключение хотелось бы пожелать Р.А. Омариевой дальнейших успехов в освоении этого непростого, но интересного материала.

## **ЛИТЕРАТУРА**

Balanovsky, O., et al. (2011) "Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region" *Mol. Biol. Evol.*, doi: 10.1093/molbev/msr126.

Tofanelli, S., et al. (2009), "J1-M267 Y lineage marks climate-driven pre-historical human displacements", *Eur. J. Hum. Genet.*, **17**, 1520–1524

## **СЕТЕВЫЕ РЕСУРСЫ**

The Assyrian Dictionary of the Oriental Institute of the University of Chicago  
<http://oi.uchicago.edu/research/pubs/catalog/cad/>

Этимологическая база данных «Вавилонская Башня»  
<http://starling.rinet.ru/cgi-bin/main.cgi?flags=wygnn1>

FTDNA Caucasus Project  
<http://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx>

Assyrian Heritage DNA Project  
<http://www.familytreedna.com/public/AssyrianHeritageDNAProject/default.aspx>

Armenian DNA Project  
<http://www.familytreedna.com/public/ArmeniaDNAProject/default.aspx>

## **«Угро-финская» и «южно-балтийская» ветви гаплогруппы N1c1 и их гаплотипы**

**А.А. Клёсов**

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

К написанию этого материала были несколько причин. Во-первых, желание разобраться с ветвями, входящими в данную гаплогруппу, поскольку среди них – наши ближайшие соседи: финны, литовцы-латыши-эстонцы, поляки, и часть северных прибалтийских народов – норвежцы, шведы. Какие родовые взаимоотношения между ними, а также вкраплениями в эту гаплогруппу по территории Европы – часть румын, испанцев, португальцев, и даже далеких мексиканцев?

Вторая причина была в том, чтобы проиллюстрировать на примере этой гаплогруппы, или скорее, субклада, приемы ДНК-генеалогии. Показать, как строя разные деревья гаплотипов из гаплотипов разного формата, а также из гаплотипов «медленных» и «быстрых» в отношении скоростей их мутаций, можно подходить к анализу серий гаплотипов с разных сторон. Среди неглубоких специалистов в ДНК-генеалогии, в основном популяционных генетиков, царит убеждение, что короткие гаплотипы являются неинформативными для анализа хронологии и состава популяций. В этой работе показано, насколько информативными могут быть даже четырехмаркерные гаплотипы.

Третья причина была в том, что администраторы ряда Проектов под эгидой FTDNA, прикрываясь именем этой известной компании, не умеют классифицировать гаплотипы по группам, по ветвям, по родству, что и должно быть их главной задачей. Люди для того и «отдают» свои гаплотипы в Проекты, веря, что администраторы люди знающие, и расскажут владельцам гаплотипов что-то новое, о чем носители гаплотипов и не знают. Вместо этого некоторые администраторы просто «складируют» гаплотипы, совершенно бездумно, если не сказать «тупо», разделяют их на группы по простому территориальному признаку. Пример – проект N1c1, <http://www.familytreedna.com/public/N1c1/default.aspx> в котором администратором Е. Матюшонок. Ну что толку испанцам или португальцам узнать, что их гаплотипы поместили в «Атлантическую» группу. Что они, и так этого не знают, что они с Атлантики? Что это дает?

что мой гаплотип – «бостонской группы R1a1». А на самом деле их гаплотипы – южно-балтийского происхождения. Вот им что надо и интересно узнать. Короче, чтобы эту ошибку выправить, и была третья причина описать это небольшое исследование.

Была, впрочем, и четвертая причина. Некоторые популяционные генетики, которые не понимают, что правильное решение – это часто изящное решение, оно же решение простое (это обычно знают физики), злоупотребляют усложнением решения системы гаплотипов, привлекают искусственные, всегда неточно определяемые «веса», внося этим дополнительные искажения в систему. В итоге получается некая малочитаемая конструкция, пример которой дан на рис. 1. Как уверяет автор, Е. Матюшонок, «в самом центре медианная точка разделения на большую "Финнскую" (верхняя половина) и большую "Балтийскую" (нижняя половина) ветви» (ссылка дана в подписи к рис. 1). Понять, где эта самая «точка», непросто. Португальские и испанские гаплотипы сидят опять же в районе центра, и понять, кто они, «финны» или «балтийцы», или и те и другие, опять же невозможно. Но в Проекте они «Атлантическая ветвь». Все эти детали на диаграмме, кто там якобы от кого происходит, на самом деле лишены этого конкретного смысла, потому что при каждом варианте мутации эти происхождения перескакивают. Но популяционным генетикам представляется, что эти детали важны.

А вот как выглядит та же самая серия гаплотипов с того же «Проекта» на рис. 2.

### **Проект N1c1, анализ дерева гаплотипов «четверок» DYS464a,b,c,d**

На дереве рис. 2 четко выделяются две крупные ветви из 127 и 43 гаплотипов, в сумме составляющих 80% всего дерева. Первая – южно-балтийская ветвь (базовые гаплотипы 14-14-15-15), в ней всего 19% финнов (см. подпись к рис. 2), вторая – угро-финская (базовые гаплотипы 13-13-14-14), в ней 70% финнов. Столько же финнов (73%) в переходной ветви 13-13-15-15. Как видно, представление простое, изящное и наглядное. Сравните опять с рис. 1, который представляет кашу из гаплотипов. Никакой простоты и изящества.

Итак, большинство финнов имеют четверку 13-13-14-14 и 13-13-15-15, это – основание к отнесению к финно-угорской ветви при наличии типирования на гаплогруппу N1c1. Второй гаплотип – результат палиндромной однократной мутации, по сути это та же ветвь. Дополнительный характерный признак ветви – пара 10-10 в DYS459, что мы рассмотрим ниже.

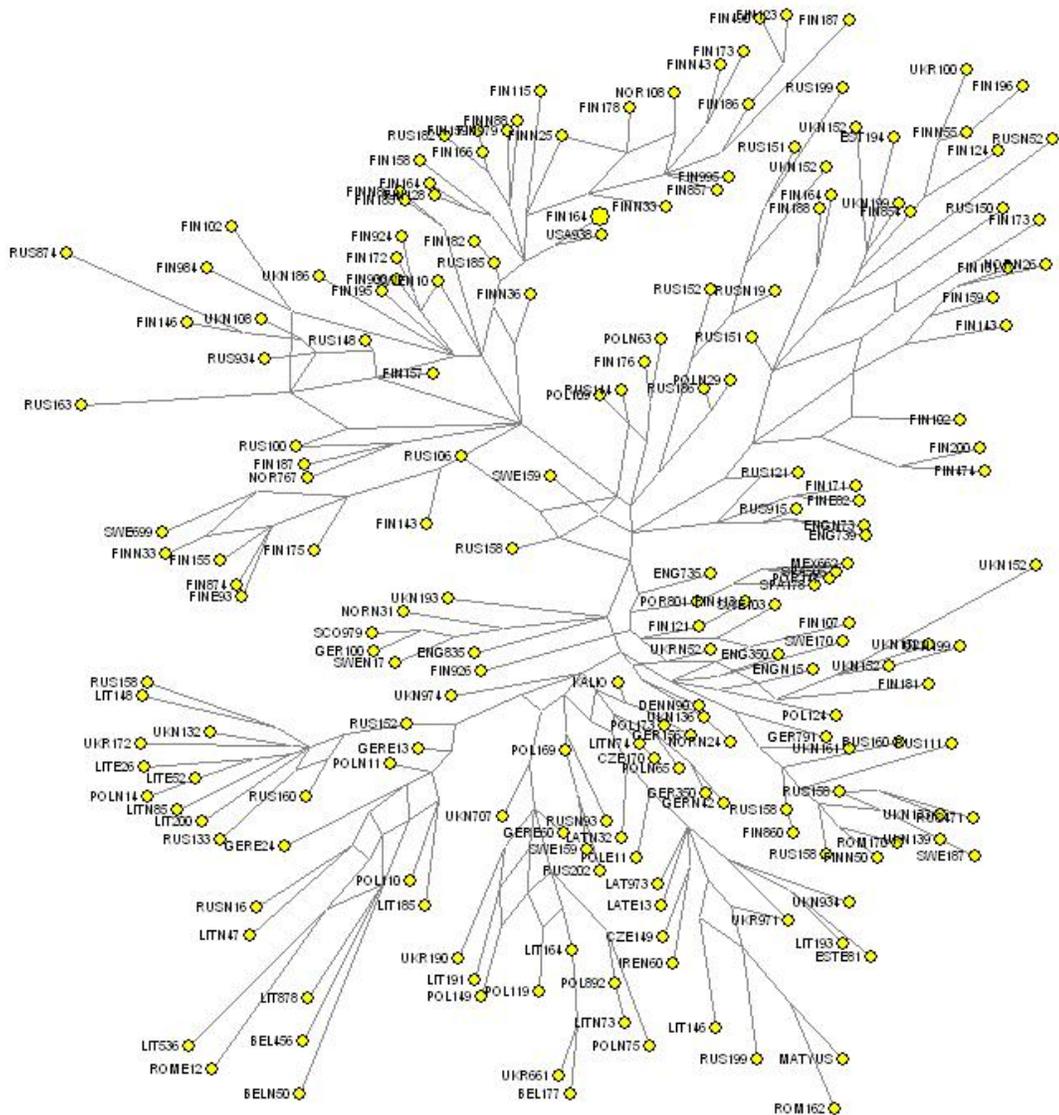
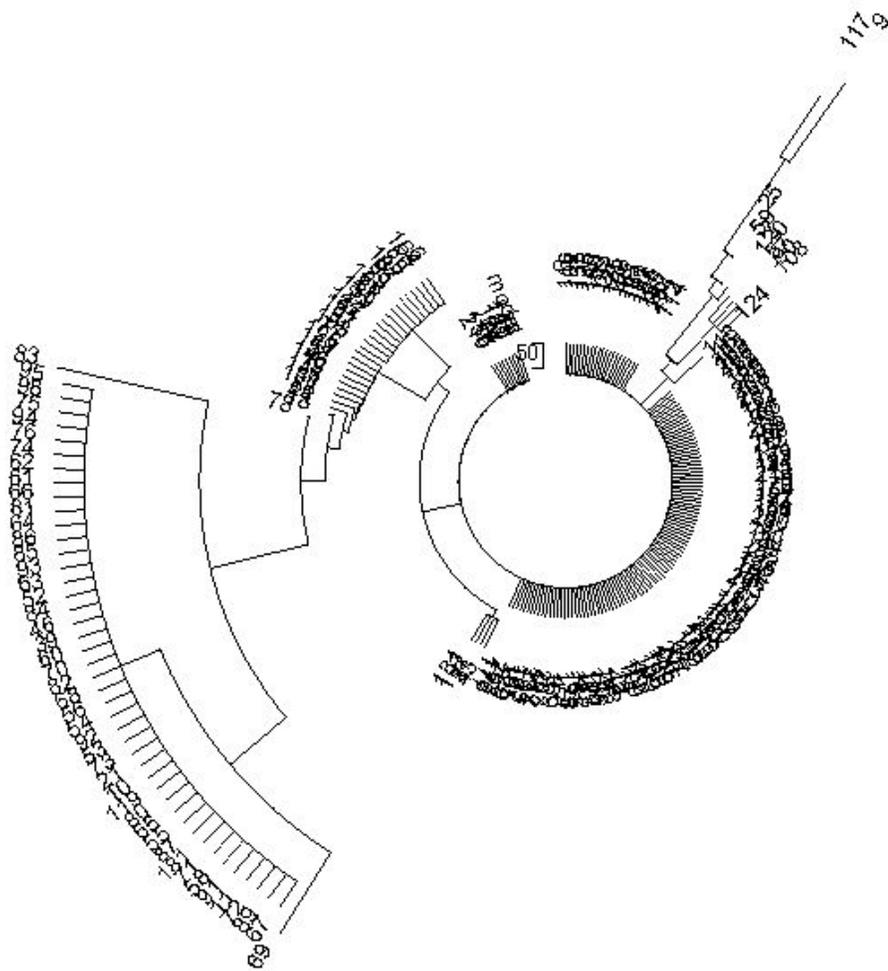


Рис. 1. «Медианное» дерево 202 гаплотипов проекта N1c1 (линк дан в тексте). По данным автора, Е. Матюшонка, «дерево построено с учетом весов для медленной 22-маркерной панели», и «в самом центре медианная точка разделения на большую "Финнскую" (верхняя половина) и большую "Балтийскую" (нижняя половина) ветви».

<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showtopic=1993&pid=76100&st=0&#entry76100>



**Рис. 2. Дерево 213 четырехмаркерных гаплотипов (DYS464a,b,c,d) Проекта N1c1, <http://www.familytreedna.com/public/N1c1/default.aspx> . По кругу на стволе дерева - 127 идентичных друг другу базовых гаплотипов «южно-балтийской ветви» дерева 14-14-15-15. Среди них - все пятеро «атлантической группы» (испанцы, португальцы и мексиканец), и 24 финна (19% от ветви, треть от всех финнов в выборке). Слева - ветвь из идентичных друг другу 43 гаплотипов 13-13-14-14 «угро-финской ветви», в которых из 40 известных этнических отнесений предков 28 финнов (70% от всей ветви), 7 русских, два шведа, и по одному немец, норвежец, румын. Две небольшие ветви слева вверху (15-15-15-15 и 13-13-15-15) из 15 и 11 гаплотипов, соответственно, включают: в первой - недифференцированный состав из четырех финнов, трех англичан, двух русских, двух поляков, украинца, чеха, литовца и латыша (15-15-15-15), и во второй - почти исключительно финнов (8 из 11, то есть 73%) с добавлением норвежца, литовца и ирландца (13-13-15-15). Выброс справа вверху в ветви из 10 гаплотипов включает шестерых русских, двоих финнов, шведа и англичанина. Большинство из них не типированы как N1c1, это или N1-N1b, или просто необычные мутации в четверках. 20 гаплотипов из 213 были типированы позитивно на L550, из них 18 (среди них три финна) находятся среди базовых гаплотипов справа, как и единственный типированный португалец,**

имеют 14-14-15-15 и относятся к южно-балтийской ветви, один (финн) имеет палиндромную мутацию 15-15-15-15 (верхняя левая ветвь), и один (румын) был, видимо, неверно типирован, поскольку имеет типичную угро-финскую последовательность 13-13-14-14 и находится в левой длинной ветви.

Характерный признак южно-балтийской ветви - четверка 14-14-15-15, и пара 9-9 в DYS459. В нее входят почти все поляки (15 гаплотипов из 18), литовцы (12 гаплотипов из 16), немцы (6 гаплотипов из 7), украинцы (6 гаплотипов из 7), англичане, норвежцы, румыны, эстонцы, словаки, латыши, чехи, белорусы, половина шведов (остальная половина - в угро-финской ветви), испанцы с португальцами, датчане. В угро-финскую ветвь входят, помимо доминирующих финнов, немного шведов, норвежцев, отдельные немцы и румыны.

Здесь следует отметить обстоятельство, касающееся записи пар 9-9 и 10-10 в маркерах DYS459a,b, и 13-13-14-14 и 14-14-15-15 в маркерах DYS464a,b,c,d. По сообщениям специалистов компании FTDNA, в этих маркерах в гаплогруппе N в древние времена произошла делеция, и фактически определяется только одна аллель в парном маркере DYS459, и две аллели в четверном маркере DYS464. Поэтому в записи 9-9 и 10-10 - искусственное удвоение аллели, которое на самом деле 9-X и 10-X, как и в записи 13-13-14-14 или 14-14-15-15, которые на самом деле 13-X-14-X и 14-X-15-X. Но поскольку это никакого влияния на расчеты и обсуждение материала не имеет, мы будем сохранять традиционную запись парами и четверками.

Стоит остановиться на группе из двух испанцев, двух португальцев и мексиканца. В их 67-маркерных гаплотипах суммарно 335 аллелей, и на всех только 13 из них мутированы от базового гаплотипа группы

13 23 12 11 11 13 11 12 10 14 14 30 - 17 **9 9** 11 12 26 14 19 28 **14 14 15 15** -- 11 11 18  
20 14 15 16 17 36 36 14 10 - 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7 13 20  
21 16 12 11 10 11 11 12 11

Это дает  $13/5/0.12 = 22 \pm 6$  поколений, или примерно 550 лет до общего предка. В 37-маркерных гаплотипах 9 мутаций, что дает  $20 \pm 7$  поколений, что то же самое. Сам гаплотип - характерный для южно-балтийской группы N1c1.

Из 37 русских гаплотипов в данном проекте 27 гаплотипов (73% от всех) имеют вид 14-14-15-15 (или одношаговую мутацию типа 15-15-15-15, 14-15-15-15, 14-14-14-15, 14-15-15-15), то есть относятся к южно-балтийской ветви. Всего 6 человек (16%) относятся к угро-финской ветви (13-13-14-14), еще несколько человек, как указано в подписи к рис. 2, уходят в древнюю ветвь, видимо, уральского происхождения.

После того, как с ветвями четырехмаркерного дерева мы разобрались, становится ясно, что «атлантическая ветвь», «скандинавская ветвь» в Проекте FTDNA N1c1 – это фантомы. Нет таких. Есть две основные ветви, которые можно назвать угро-финская и южно-балтийская, остальные вкрапления расходятся между ними. Есть, естественно, «примеси» более древних субкладов, как N1b, но их мало. Можно было бы ожидать, что с древними булгарами и уграми с Урала и Поволжья в Европу могли бы прибыть другие ветви гаплогруппы N1, но их не видно, или очень мало даже в Венгрии. Язык в Венгрии остался, гаплотипов этой гаплогруппы почти нет. Видимо, не выжили, ассимилировались, погибли.

Особенность четырехмаркерного дерева гаплотипов, приведенного на рис. 2, в том, что оно «медленное», то есть четверка DYS646a,b,c,d мутирует редко, с константой скорости мутации 0.0044 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет) [Клёсов, 2010]. Иначе говоря, одна мутация происходит в четверке в среднем раз в  $227 \rightarrow 260$  поколений, или раз в 6500 лет (здесь дана поправка на возвратную мутацию с коэффициентом 1.1425 для одной мутации на четверку, то есть для 0.25 мутаций на маркер). Естественно, для 213 четверок мутации происходят значительно чаще, но то, что мы видим на дереве – это не так много случайных мутаций, потому и дерево бедное. Но это как раз удачно для выявления ветвей данной гаплогруппы. Для расчетов времен жизни общих предков ветвей оно не подходит, но ясно, что общие предки ветвей жили сравнительно недавно. Как недавно – определим ниже.

### **Проект N1c1, анализ «медленно мутирующего» 22-маркерного дерева гаплотипов**

Константа скорости мутации для 22-маркерных гаплотипов (Клёсов, 2011a) равна 0.006 на гаплотип на поколение, то есть мутация в таком гаплотипе происходит в среднем раз в 167 поколений (с поправкой на возвратные мутации 1.023), то есть раз в 4250 лет. Для сравнения, мутаций в 67-маркерном гаплотипе происходит в среднем раз в 8 поколений, или раз в 200 лет. Понятно, что для столь молодой гаплогруппы, как N1c1, мутации в 22-маркерных базовых гаплотипах ветвей будут происходить редко, что поможет эти ветви довольно надежно выявлять.

Так и оказалось. В 213 гаплотипах Проекта в 22-маркерном формате оказалось всего основных три ветви, с базовыми гаплотипами

11 12 14 – 11 12 – 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

11 12 15 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 18 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

В первой ветви 171 гаплотип, из которых 128 базовых. Во второй ветви 24 гаплотипа с 16 базовыми. В третьей - 18 гаплотипов, с 13 базовыми. Распределение этнических групп (или национальностей) по ветвям приведено в подписи к рис. 3.

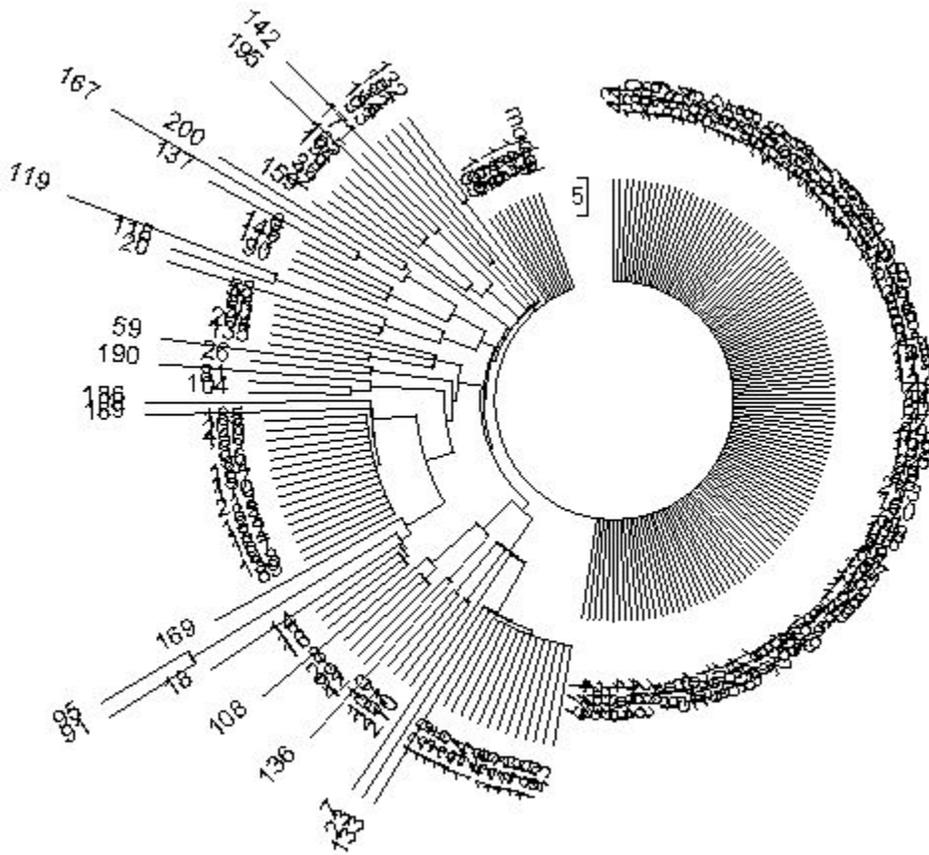


Рис. 3. Дерево из 213 22-маркерных гаплотипов Проекта N1c1, <http://www.familytreedna.com/public/N1c1/default.aspx>. По кругу на стволе дерева

справа и вверху - 128 идентичных друг другу базовых гаплотипов дерева

11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

Слева - еще несколько серий базовых гаплотипов ветвей, из которых наиболее многочисленными являются (16 базовых гаплотипов)

11 12 15 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

и (13 базовых гаплотипов)

11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 18 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

В первую, доминирующую ветвь дерева входят 63 финна из 69 (то есть 91%). Там же 25 русских из 37, то есть 68%. Там доминирует четверка DYS464 13-13-14-14.

Во второй ветви 4 финна, 5 русских, 7 литовцев, 2 англичанина, швед, поляк и латыш. Доминирует четверка 14-14-15-15 (всего три 13-13-14-14 из 24 гаплотипов ветви. 20 гаплотипов из 213 были типированы позитивно на L550, из них 13 (среди них три финна) и единственный типированный португалец находятся среди базовых гаплотипов справа и относятся к южно-балтийской ветви, остальные семь гаплотипов разбросаны с мутациями в ветвях в левой части дерева.

В третьей ветви 2 финна, 7 русских, 2 поляка, норвежец, швед и румын. Доминирует четверка 14-14-15-15 (ни одного 13-13-14-14 из 18 гаплотипов ветви, и всего четыре мутированных гаплотипа 14-14-16-16, 14-15-15-15, 14-15-15-15, 14-14-14-14).

Как и ожидалось, все три ветви очень близки друг к другу, в них только две мутации суммарно. Это означает, что общий предок всех трех ветвей гаплогруппы N1c1 жил за  $2/3/0.006 = 111$  поколений, или 2800 лет до того, как ветви разошлись по этим трем основным ДНК-генеалогическим линиям. При этом первая линия в основном «угро-финская», в соответствующей группе – 91 финн из всех в выборке. Там немало и тех, кто указали себя русскими, но здесь, понятно, грань между самоназваниями этносов размыта. Две последующих линии объективно существуют, и в обеих доминирует четверка 14-14-15-15 южно-балтийской ветви, но по этносам они не разделяются, кроме того, что там финнов почти нет (см. подпись к рис. 3).

Взглянем на возраст всех трех линий. В 171 гаплотипах первой, самой многочисленной линии, 68 мутаций, что помещает ее предка на  $68/171/0.006 = 66$  поколений, то есть  $1650 \pm 260$  лет назад. Это – начало-середина 1-го тыс нашей эры. Надо учесть, что эти 171 гаплотипов отбирались «вручную», то есть те, в которых третий и десятый маркер (по порядку) были 14 и 17. Это – неточный подход, поскольку в эти 171 гаплотипов могли попасть мутированные гаплотипы других групп, но погрешность будет невелика. Логарифмический метод здесь дает  $\ln(171/128)/0.006 = 48$  поколений, то есть  $1200 \pm 160$  лет до общего предка. Эти величины почти перекрываются в зонах погрешностей, но это не так важно. Видно, что общий предок «угро-финской» ветви жил в 1-м тыс нашей эры, то есть действительно относительно недавно.

Вторая ветвь, с базовым значением DYS392=15, имеет всего 9 мутаций на 24 гаплотипа, что дает  $9/24/0.006 = 64$  поколений, то есть 1600 лет до общего предка, то есть примерно то же самое, что и в первой линии-ветви. Это показывает, что оба общих предка, возможно, были среди одной группы мигрантов в середине 1-го тыс нашей эры. Поскольку среди 24 гаплотипов линии 16 базовых, это дает  $\ln(24/16)/0.006 = 68$  поколений, то есть 1700 лет до общего предка. Здесь оба способа расчетов дали почти один и тот же результат.

Третья линия, из 18 гаплотипов, имеет 8 мутаций от базового, что дает  $8/18/0.006 = 74$  поколения, то есть 1850 лет до общего предка, то есть опять 1-е тыс нашей эры. Это показывает, что все три общих предка, возможно, были среди одной группы мигрантов в середине 1-го тыс нашей эры, тем более что логарифмический метод дает  $\ln(18/13)/0.006 = 54$  поколения, то есть 1350 лет до общего предка. Опять, поскольку гаплотипы по линиям разделялись вручную, здесь важна не точность данных, а принципиальная картина. Она показывает, что все три линии имеют примерно один и тот же возраст, средняя величина которого по логарифмическим расчетам дает  $1420 \pm 260$  лет до общего предка всех трех линий, а по линейному способу дает  $1700 \pm 130$  лет при формальном усреднении. Это помещает общего предка всех трех линий (добавляя 2800 лет, см. выше) примерно на 4200-4500 лет назад. Разница внутри этого диапазона – всего 7% от самого значения.

Попытка расчета по всем 213 22-маркерным гаплотипам показывает некорректность такого расчета. Базовый гаплотип всей серии оказывается таким же, так и доминирующей, «угро-финской» ветви (первый базовый гаплотип выше), с небольшим количеством мутаций по 20 маркерам – от нуля мутаций по пяти маркерам, 1-2-3 мутации для семи маркеров, 4-7 мутаций еще по пяти маркерам, но 27 и 30 мутаций по двум маркерам, выделенным выше. Это показывает, что в этих маркерах происходит ветвобразование, что и подтвердилось выше. Поскольку эти три линии имеют разный «размер», то в таких коллективных расчетах «поперек выборки» доминирует одна молодая ветвь, что и приводит к понижению кажущего «возраста» всей системы гаплотипов. Такой «фантомный» результат дал 2475 лет для всех 213 гаплотипов линейным методом, и 2125 лет логарифмическим методом, что почти в два раза ниже более корректно рассчитанных результатов.

### **Сопоставление вида деревьев 22-маркерных гаплотипов гаплогрупп N1c1 (213 гаплотипов) и R1a1 (148 гаплотипов «постсоветского пространства»)**

Поскольку на форумных обсуждениях время от времени бездоказательно высказывается, что гаплогруппе N1c1 (по гаплотипам проекта N1c1) более 5 тысяч лет, что она связана по происхождению с ямочно-гребенчатой

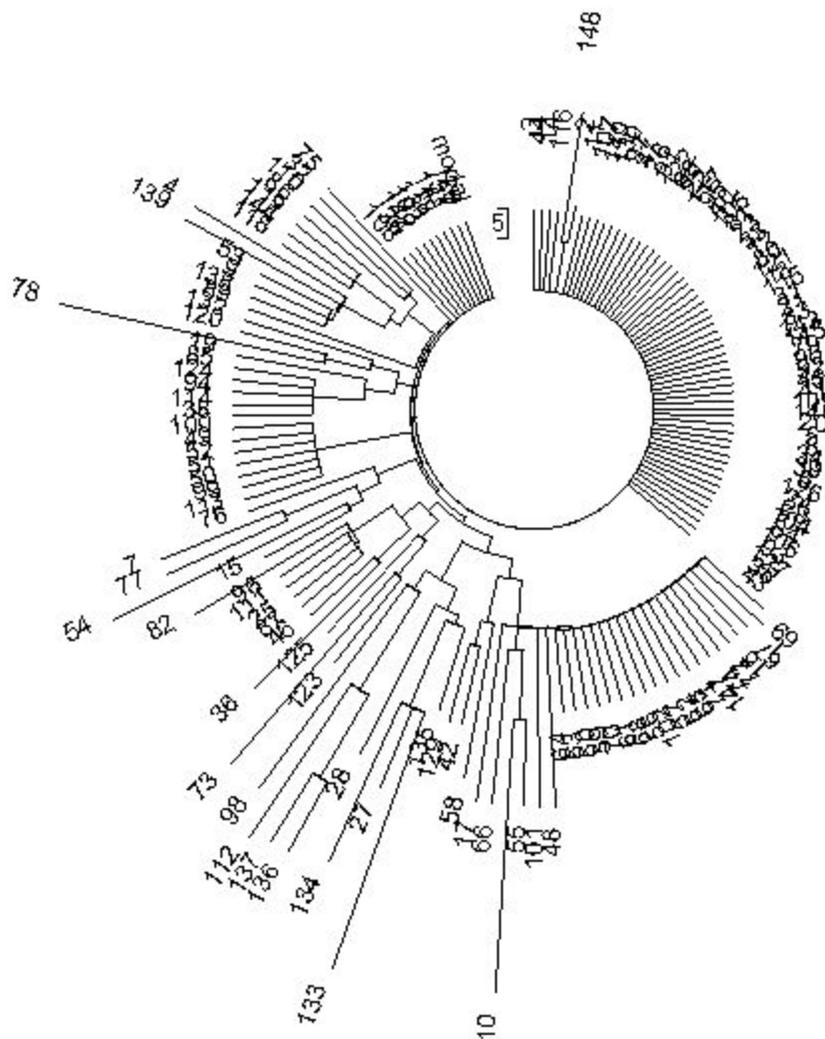


Рис. 4. Дерево из 148 22-маркерных гаплотипов группы R1a1 «постсоветского пространства». По кругу на стволе дерева справа и вверху – 64 идентичных друг другу базовых гаплотипов дерева

12 12 11 – 11 11 – 11 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12

На дереве тоже есть несколько ДНК-генеалогических линий, помимо основной линии, представленной базовыми гаплотипами (Клёсов, 2011b).

керамикой (начиная от конца 4-го тыс до н.э., то есть более 5 тысяч лет назад), покажем, что это не так. Собственно, выше мы это уже показали, но на дискусантов, плохо владеющих методологией, расчеты обычно не действуют. Поэтому дополнительно дадим сравнительную иллюстрацию, сопоставив два дерева 22-маркерных гаплотипов – то, что на рис. 3, и подобное дерево для гаплотипов гаплогруппы R1a1 «постсоветского пространства». По многочисленным расчетам – последним 4600 лет от

общего предка (Клёсов, 2011с). Если бы гаплогруппе N1c1 для состава гаплотипов «Проекта» действительно было более 5000 лет, то число базовых гаплотипов на их дереве было бы меньше, чем на соответствующем дереве R1a1 (рис. 4).

На самом деле на дереве N1c1 значительно больше базовых гаплотипов, их 128 из 213 (рис. 3), то есть 60%. Формальный подсчет дает  $\ln(213/128)/0.006 = 85$  поколений, то есть 2125 лет до общего предка. Мы уже показали выше, что это число занижено из-за наличия других ветвей на дереве, но в данном случае нас интересует сопоставление с другим деревом, гаплогруппы R1a1 (рис. 4). На нем – 64 базовых гаплотипа из 148, то есть 43%. Формальный расчет дает  $\ln(148/64)/0.006 = 140$  поколений, то есть 3500 лет до общего предка. Как видно, основная линия на дереве R1a1 значительно старше, чем на дереве N1c1. Да и по мутациям «поперек дерева» выборка рис. 4 гаплогруппы R1a1 дает 3625 лет (Клёсов, 2011b), выборка дерева N1c1 дает 2475 лет (см. выше).

Подводя итог, получаем, что общий предок гаплогруппы N1c1 по имеющимся в наличии гаплотипам жил 4000-4200 лет назад, на тысячу и более лет ближе к нам после начала археологической культуры ямочно-гребенчатой керамики (ЯГК). Это не исключает, что ЯГК могла быть основана носителями гаплогруппы N1b, больше свойственной Уралу и Зауралью, и уже носители N1c1 могли принести технологию изготовления характерных керамических изделий в Прибалтику. Собственно, это и есть – от Зауралья до Прибалтики – зона распространения ЯГК вплоть до середины 2 тыс до н.э., то есть до периода примерно 3500 лет назад. Впрочем, не исключено, что в создании культуры ЯГК не менее важную роль могли играть носители гаплогруппы I, которые часто перемешаны в популяциях. Этот вопрос в науке, видимо, не проработан.

### Типирование гаплотипов Проекта N1c1 на снип L550 (субклад N1c1d)

20 участников Проекта из 213 были типированы на указанный снип (см. диаграмму ниже), и почти все оказались в южно-балтийской ветви (см. подписи к рис. 2 и 3). По заявленному этническому или национальному составу среди этих 20 человек четыре финна, четверо русских, украинцев и белорусов (вместе), три поляка, по двое норвежцев и немцев, по одному датчанин, литовец, латыш, румын и португалец.

**N** M231, Page56

- **N1** LLY22g\_1, LLY22g\_2
- • **N1a** M128
- • **N1b** P43

- • • **N1b\*** -
- • • **N1b1** P63
- • **N1c** M46/Tat, P105
- • • **N1c1** M178, P298
- • • • **N1c1a** P21\_1, P21\_2, P21\_3
- • • • **N1c1b** P67\_1, P67\_2, P67\_3
- • • • **N1c1c** P119
- • • • **N1c1d** L550
- • • • • **N1c1d1** L149.2, L551
- • • • • **N1c1d2** L591

Ветви слева, в которые входят выявленные гаплотипы с L550+, добавляют еще 45 гаплотипов к 128 базовым, приводя к предположительно минимальному количеству 173 гаплотипа субклада N1c1d южно-балтийской ветви из 213 гаплотипов на дереве. Это дает верхнюю границу возраста субклада (ближе к нашему времени) как  $\ln(173/128)/0.006 = 50$  условных поколений, то есть 1250 лет до общего предка, опять 1-е тысячелетие нашей эры. Таким образом, при любом методе расчета из описанных выше – по протяженным гаплотипам, по «медленным» 22-маркерным, по «четверкам» DYS464, линейным методом или логарифмическим – мы видим «угро-финскую» ветвь, с негативным L550 (четверкой 13-13-14-14 и двойкой 10-10), и «южно-балтийскую» ветвь (субклад N1c1d) с позитивным L550+ (четверкой 14-14-15-15 и двойкой 9-9) . В «угро-финской ветви» доминируют финны, южно-балтийская более разнородна по происхождению.

### Проект N (262 гаплотипа), анализ «поперек дерева»

Есть еще один родственный проект FTDNA, под названием «Гаплогруппа N» <http://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project/default.aspx?vgroup=N+Y-DNA+Project&section=yresults> В нем на середину августа 2011 года было 262 67-маркерных гаплотипа, среди них несколько гаплотипов других гаплогрупп, и несколько гаплотипов, относящимся к более древним субкладам гаплогруппы N. Как обычно в таких Проектах, многие гаплотипы, порой большинство, типированы только на основную, «входящую» гаплогруппу, поэтому вместо N1c1 там обычно записано N или N1. Но дерево гаплотипов обычно расставляет по местам, какие гаплотипы определенно выпадают от общего ряда.

После удаления двух инородных гаплотипов, дерево из 260 гаплотипов приобрело следующий вид (рис. 5).

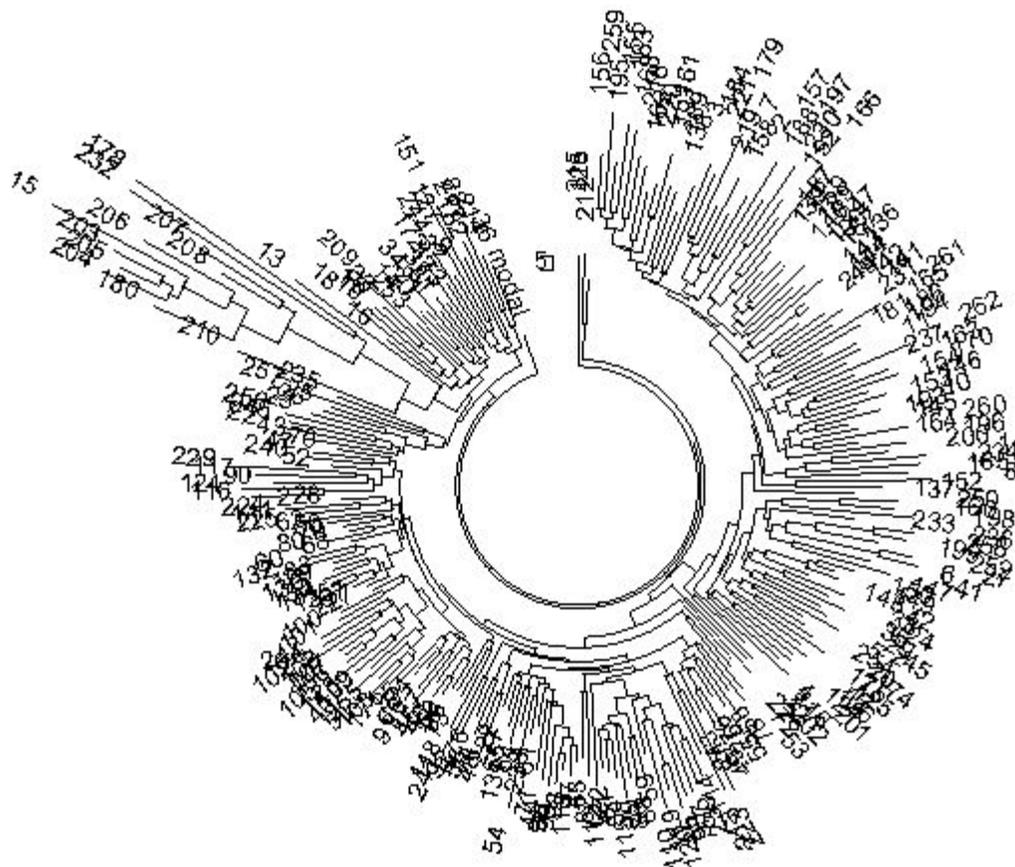


Рис. 5. Дерево из 260 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы N1c1 с несколькими гаплотипами предположительно гаплогрупп N1 и N1b (характерная ветвь слева). На дереве заметна крупная ветвь справа, отходящая «крылом» в верхнюю часть.

Если снять ветвь справа, которая, видимо, представляет собой гаплотипы в основном N1 и/или N1b, то оставшиеся 249 гаплотипов группируются по мутациям вокруг следующего базового гаплотипа дерева:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 – 17 10 10 11 12 25 14 19 30 14 14 15 15 -- 11 11  
 18 20 14 15 18 19 36 36 12 10 – 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7 13  
 20 21 15 12 11 10 11 11 12 11

Как мы уже убедились при рассмотрении гаплогруппы N1c1, это – некий результирующий базовый гаплотип, ведущий к фантомному общему предку. Фантомному – потому что составляющие ветви этого дерева разные по величине, и суперпозиция этих ветвей дает некую результирующую величину, часто заниженную по числу мутаций.

Действительно, расчет по всему дереву дал 1361 мутацию от указанного выше базового гаплотипа на первых 25 маркерах, что привело к кажущейся величине  $1472/249/0.046 = 129 \rightarrow 148$  поколений, то есть 3700 лет до фантомного общего предка всей выборки, заниженного по сравнению с более корректной величиной 4200 лет (см. выше). Впрочем, разница составляет всего 13%, что часто попадает в погрешности расчетов.

Можно попытаться разделить это дерево на ветви, выделяя повторяющиеся базовые гаплотипы. Если ограничиться только первыми 12 маркерами, то во всем дереве выявляются пять групп базовых гаплотипов, примерно в равных количествах, кроме пятого, которого много. Уже ясно, что это отдельные ветви. Эти базовые гаплотипы следующие (число их во всей выборке указано справа в скобках):

14 23 14 11 11 13 11 12 10 <b>13</b> 14 29	(10)
14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30	( 9)
14 23 <b>15</b> 11 11 13 11 12 10 14 14 30	(10)
14 23 <b>15</b> 11 11 <b>14</b> 11 12 10 <b>13</b> 14 29	(13)
14 <b>24</b> 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30	(42)

Видно, что они все близки друг другу, мутации в них выделены. На все пять базовых гаплотипов - только 6 мутаций от базового гаплотипа всего дерева, который такой и получается (см. выше 67-маркерный базовый гаплотип дерева):

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30

6 мутаций на пять гаплотипов дает  $6/5/0.022 = 55 \rightarrow 58$  поколений, то есть 1450 лет вглубь от усредненного возраста всех этих пяти базовых гаплотипов ветвей. Их средний возраст примерно 2700 лет, что дает примерно 4150 лет до общего предка всего дерева.

То же самое имеем, если расширим все это до 25-маркерных гаплотипов. Они тоже очень похожи друг на друга, различаясь обычно по одной мутации. То есть вся выборка молодая, ветви расходятся очень мало. Различие в основном в палиндромных мутациях, в том числе в медленном DYS459a,b, в котором половина ветвей имеет 9-9 (111 гаплотипов), другая половина - 10-10 (138 гаплотипов):

14 23 14 11 11 13 11 12 10 <b>13</b> 14 29 -- 17 10 10 11 12 25 14 19 <b>29</b> 14 14 15 15	(3)
14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 -- 17 10 10 11 12 25 14 19 30 14 14 15 15	(1)
14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 -- 17 10 10 11 12 25 14 19 30 <b>15 15</b> 15 15	(1)
14 23 <b>15</b> 11 11 13 11 12 10 14 14 30 -- 17 <b>9 9</b> 11 12 25 14 19 <b>28</b> 14 14 15 15	(4)
14 23 <b>15</b> 11 11 13 11 12 10 14 14 30 -- 17 <b>9 9</b> 11 12 <b>26</b> 14 19 <b>28</b> 14 14 15 15	(5)

14 23 **15** 11 11 **14** 11 12 10 **13** 14 29 -- 17 **9 9** 11 12 25 14 19 **28** 14 14 15 15 (3)  
 14 **24** 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 -- 17 10 10 11 12 25 14 19 30 **13 13 14 14** (8)  
 14 **24** 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 -- 17 10 10 11 12 25 14 19 **31 13 13 14 14** (9)

В этих восьми 25-маркерных гаплотипов - 25 мутаций (включая палиндромные), что дает  $25/8/0.046 = 68 \rightarrow 73$  поколения, то есть 1825 лет вглубь от усредненного возраста всех этих восьми базовых гаплотипов ветвей. Их больше, чем пять 12-маркерных базовых гаплотипов, их средний возраст примерно 2300 лет, что дает примерно 4125 лет до общего предка всего дерева. Это то же самое, что и при анализе 12-маркерных гаплотипов.

10 гаплотипов боковой ветви слева содержат 112 мутаций от базового гаплотипа ветви

**13** 23 14 **10** 11/**12** 13 11 12 10 **13** 14 29/**30** -- **16 9 9** 11 12 **28** 14 **18 28 13** 14 15 15/**16**

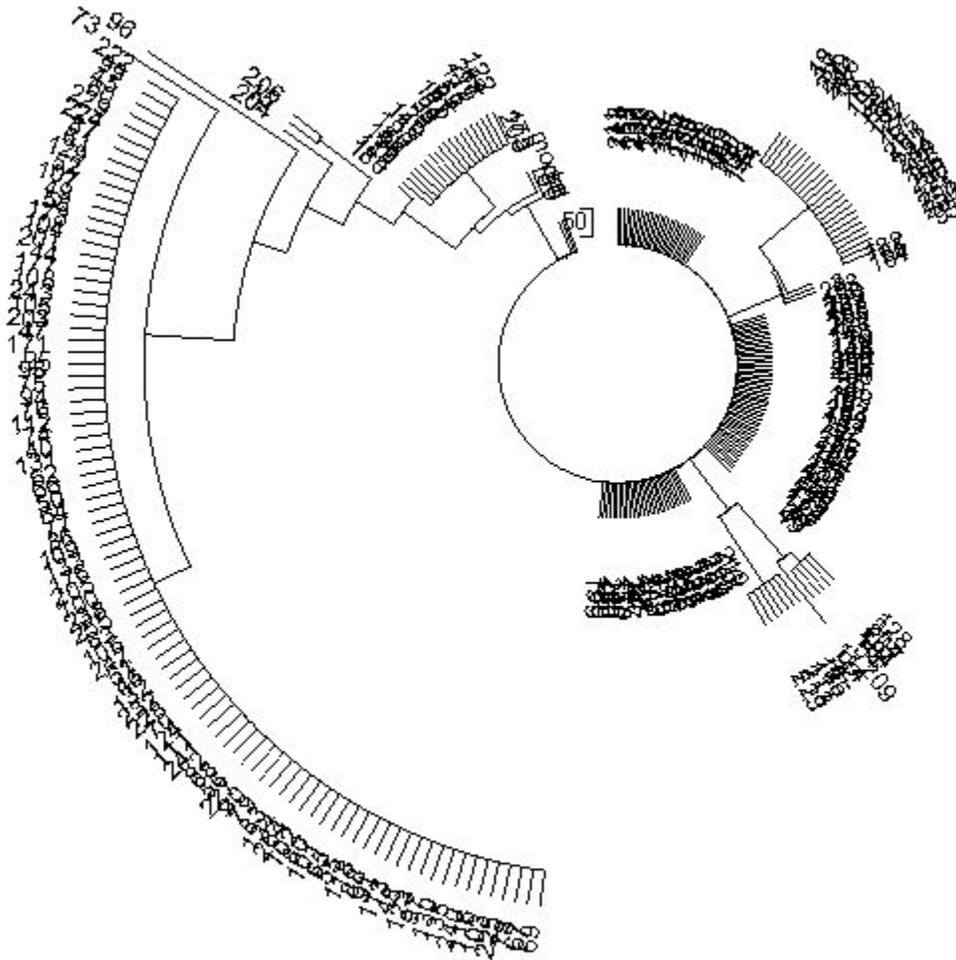
что дает  $112/10/0.046 = 243 \rightarrow 322$  поколений, или 8050 лет до общего предка ветви. Между базовыми гаплотипами этой ветви (предположительно N1b) и всего дерева (N1c1) 13.5 мутаций, что разводит ИХ общих предков на  $13.5/0.046 = 293 \rightarrow 410$  поколений, то есть на 10,250 лет, и помещает ИХ общего предка на  $(10250+8050+4200)/2 = 11,250$  лет назад.

Итак, анализ всего 67-маркерного дерева гаплотипов (с расчетами по первым 25 маркерам) показывает, что общий предок гаплогруппы N1c1 по имеющимся в наличии гаплотипам жил примерно 4200 лет назад. В гаплогруппу входит большая и сравнительно недавняя угро-финская ветвь. Она занимает основную часть крыла на правой стороне 67-маркерного дерева гаплотипов на рис. 5, в этой группе в основном гаплотипы с DYS390=24 (кроме относительно немногих мутантов 25→24 и 23→24 в этом маркере), таких в общем списке 110 гаплотипов, и из них 93 (85%) имеют пару 10-10 в DYS459a,b. Это все - признаки угро-финской группы, признаки не абсолютные, но характерные. Основную часть гаплогруппы N1c1 составляют финны, русские, шведы, норвежцы, поляки, эстонцы, литовцы с латышами, и более минорные популяции.

## **Проект N, рассмотрение четырехмаркерного дерева из 262 гаплотипов (DYS464a,b,c,d)**

Подобное дерево рассматривалось на рис. 2 для 213 гаплотипов из другого Проекта, и все выводы распространяются и на данную выборку из 262 гаплотипов. На дереве на рис. 6 четко выделяются две крупные ветви из 106

и 88 гаплотипов, в сумме составляющих 74% всего дерева. На рис. 2 это было 80% всего дерева. Первая – южно-балтийская ветвь (базовые гаплотипы 14-14-15-15), в ней всего 20% (21 из 106 гаплотипов ветви, см. подпись к рис. 6), на рис. 2 это было 19% финнов, то есть то же самое. Вторая – угро-финская ветвь (базовые гаплотипы 13-13-14-14), в ней 78% финнов, 68 из 88 гаплотипов ветви (на рис. 2 в ней было 70% финнов). Переходная ветвь слева вверху (13-13-15-15) почти вся состоит из гаплотипов финнов (16 из 19, 84%), см. подпись к рис. 6.



**Рис. 6.** Дерево 262 четырехмаркерных гаплотипов (DYS464a,b,c,d) Проекта N, <http://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project/default.aspx?vgroup=N+Y-DNA+Project&section=yresults>. По кругу на стволе дерева – 106 идентичных друг другу базовых гаплотипов «южно-балтийской ветви» дерева 14-14-15-15. Среди них – 21 финн (из 124 в выборке), 10 русских (из 28 в выборке), 12 литовцев (из 16 в выборке), 12 поляков (из 21 в выборке), 5 шведов (из 10 в выборке), 3 из 7 норвежцев, двое из трех англичан, все

три белоруса, оба эстонца, единственный датчанин. Слева – ветвь из идентичных друг другу 88 гаплотипов 13-13-14-14 «угро-финской ветви», в которых из 69 финнов (56% от всей ветви), 8 русских, 4 шведа. Небольшая ветвь из 19 базовых гаплотипов слева вверху (13-13-15-15) состоит почти полностью из гаплотипов финнов (16 из 19), еще – русский, немец и поляк.

Повторим вывод предыдущей части по подобному дереву «четверок». Большинство финнов имеют четверку 13-13-14-14 и 13-13-15-15, это – основание к отнесению к финно-угорской ветви при наличии типирования на гаплогруппу N1c1. Второй гаплотип – результат палиндромной однократной мутации, по сути это та же ветвь. Дополнительный характерный признак ветви – пара 10-10 в DYS459, что было показано выше.

Характерный признак южно-балтийской ветви – четверка 14-14-15-15, и пара 9-9 в DYS459. Это – основная ветвь справа на рис. 6, из 106 базовых гаплотипов. В той же половине дерева есть еще две ветви – двойная, с базовыми гаплотипами 14-14-14-14 и 14-14-16-16, и одиночная, 15-15-15-15. Первая может быть образована палиндромной мутацией как из угро-финской ветви (13-13-14-14) так и из южно-балтийской (14-14-15-15). Поскольку там из семи гаплотипов три финских (еще двое русских, литовец и англичанин), то вопрос спорный, к какой ветви она должна относиться по исходной четверке. То же самое и по второй подветви (14-14-16-16) – хотя это может быть одна палиндромная мутация от южно-балтийской ветви, но две – от угро-финской ветви, в ней из шести гаплотипов два финских (еще трое русских и поляк). В ветви 15-15-15-15 из 25 гаплотипов только 9 финнов. Расчеты показывают, что для разных вариантов отнесения этих трех малых ветвей возраст правой половины дерева (со 106 базовыми гаплотипами южно-балтийской ветви) составляет 1200 лет, 1500 лет или 2000 лет до общего предка. Последний вариант – если все малые подветви зачислить в южно-балтийскую ветвь, что маловероятно. В любом случае получается, что общий предок южно-балтийской ветви жил в 1-м тыс нашей эры. Это согласуется со всеми предыдущими расчетами данной работы.

Правая ветвь состоит из 88 базовых гаплотипов и 27 гаплотипов мутированных ветвей по соседству. Если посчитать, что все они принадлежат угро-финской ветви, то получаем  $\ln(115/88)/0.0044 = 61$  поколение, то есть  $1525 \pm 220$  лет до общего предка. Опять середина 1-го тыс нашей эры. Поскольку из всех 115 гаплотипов этой половины дерева 87 финнов (78% от базовых гаплотипов и 76% от всей половины дерева), то прилагая тот же логарифмический подход получим  $\ln(115/87)/0.0044 = 63$  поколения до общего предка, то есть  $1575 \pm 230$  лет до общего предка

финнов в этой ветви. Иначе говоря, по всем критериям ветвь в основном финская, и пошла в развитие начиная с середины первого тыс нашей эры.

## Проект N, анализ «медленно мутирующего» 22-маркерного дерева гаплотипов

Дерево гаплотипов на рис. 7 (262 гаплотипа) очень похоже на дерево 22-маркерных гаплотипов на рис.3. Выше уже отмечалось, что при снятии гаплотипов групп N1 и N1b остается 249 гаплотипов гаплогруппы N1c1. В них оказалось пять ветвей, с базовыми гаплотипами

11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12  
11 12 **15** - 11 12 - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12  
11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 **16** 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12  
11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 **18** 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12  
11 12 14 - 11 12 - 10 -- **12** 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

В численном отношении этих базовых гаплотипов 167, 12, 7, 6 и 6 единиц. Если считать, что первый гаплотип и есть предковый для всего дерева, то его исходный носитель жил  $\ln(249/167)/0.006 = 66$  поколений, то есть 1650 лет до общего предка. Выше мы уже показывали, что такой расчет не является корректным, так как занижает возраст общего предка всего дерева. Он скорее показывает возраст основной ветвь, доминирующей на дереве.

В пяти базовых гаплотипах, показанных выше, всего 4 мутации, что дает  $4/5/0.006 = 133$  поколения, или 3325 лет вглубь от среднего возраста всех пяти ветвей. По оценкам, их возраст варьируется от нескольких сот лет до 1700 лет, и в среднем составляет около тысячи лет. Таким образом, общий предок гаплогруппы N1c1 жил примерно 4200 лет назад. Ту же датировку мы получили выше.

В целом, практически все выводы при рассмотрении более расширенной выборки те же самые, что были сформулированы выше. Общий предок гаплогруппы прибыл на Балтику (или находился на миграционном пути между Уралом или Поволжьем и Балтикой) примерно 4200 лет назад, и эта миграция расщепилась на несколько ДНК-генеалогических линий, все примерно одинакового «возраста», попадающего на 1-го тыс н.э.

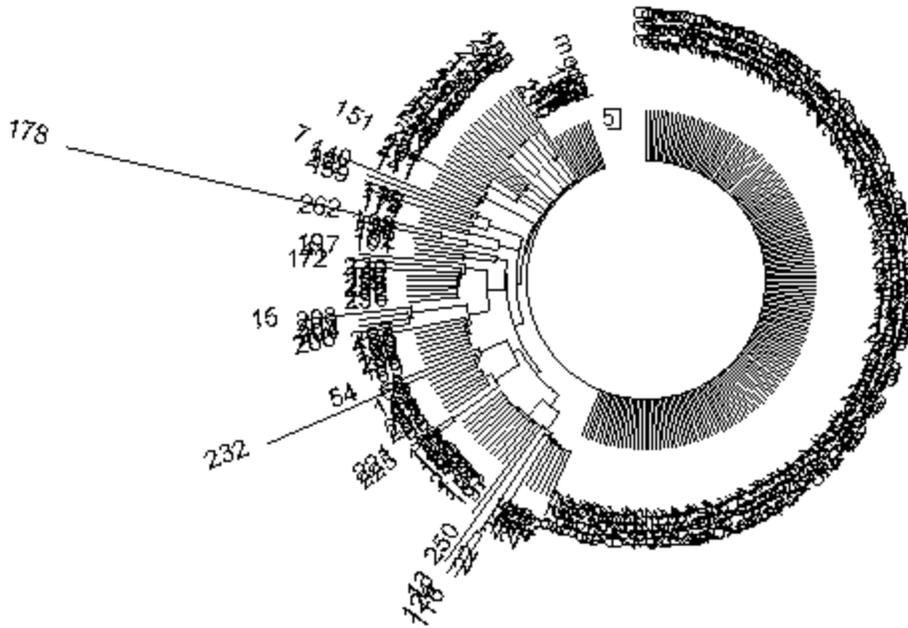


Рис. 7. Дерево из 262 22-маркерных гаплотипов Проекта N, <http://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project/default.aspx?vgroup=N+Y-DNA+Project&section=yresults>.

По кругу на стволе дерева справа и вверху - 167 идентичных друг другу базовых гаплотипов дерева

11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

Слева - еще несколько серий базовых гаплотипов ветвей, из которых наиболее многочисленными являются

(12 базовых гаплотипов)

11 12 **15** - 11 12 - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

(7 базовых гаплотипов)

11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 **16** 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

(6 базовых гаплотипов)

11 12 14 - 11 12 - 10 -- 11 8 15 **18** 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

и (6 базовых гаплотипов)

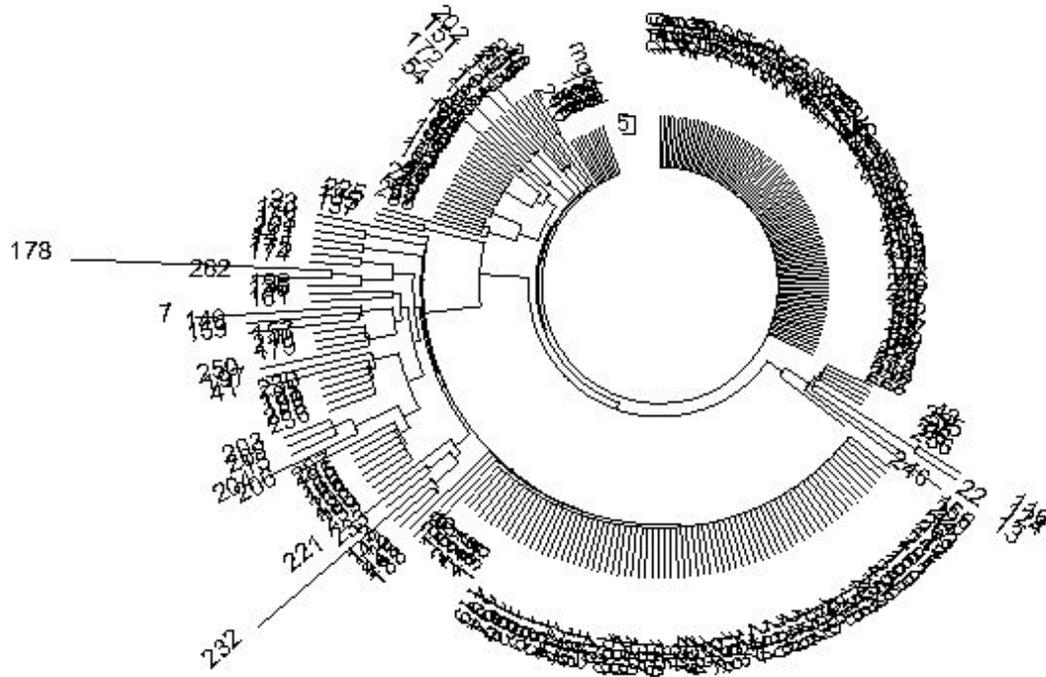
11 12 14 - 11 12 - 10 -- **12** 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

Гаплотипы 178 и 232 (слева) типированы как принадлежащие гаплогруппе N1.

### Проект N, анализ «медленно мутирующего» нестандартного 22-маркерного дерева гаплотипов (с заменой DYS455 и DYS454 на DYS459a,b)

На рис. 8 приведено дерево той же самой серии из 262 22-маркерных гаплотипов, но маркеры DYS455 и 454, которые одинаковы (11-12) для 255

гаплотипов из 262 (только у семи гаплотипов они отклоняются, как правило, у принадлежащих другим субкладам, как N1 или N1b) заменены на DYS459a,b, которые являются характерными для разделения ветвей на угро-финскую (в основном 10-10) и южно-балтийскую ветви (в основном 9-9).



**Рис. 8. Дерево из 262 нестандартных 22-маркерных гаплотипов Проекта N,** <http://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project/default.aspx?vgroup=N+Y-DNA+Project&section=yresults>.

в которых маркеры DYS455 и 454 заменены на DYS459a,b (пояснение в тесте). По кругу на стволе дерева справа и вверху – 98 идентичных друг другу базовых гаплотипов дерева

11 12 14 - **10 10** - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

Слева – еще несколько серий базовых гаплотипов ветвей, из которых наиболее многочисленной является ветвь из 73 базовых гаплотипов

11 12 14 - **9 9** - 10 -- 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12

В первую, доминирующую базовую ветвь дерева входят 75 финнов из 124 человек (то есть 60% финнов) и из 98 базовых гаплотипов ветви (77%). Там же 12 русских из 28, то есть 12% от ветви и 43% от всех русских

Во второй ветви с 73 базовыми гаплотипами 17 финнов (23%), 12 литовцев (из 16), 11 поляков (из 21), 3 русских (из 28).

Это дерево опять иллюстрирует вполне определенное (хотя и не абсолютное) разделение гаплогруппы N1c1 по ветвям угро-финской и южно-балтийской группы. В этом случае между ними всего одна мутация,

от 9-9 до 10-10 (или наоборот), а точнее, как отмечалось выше, мутация между аллелями 9 и 10.

Взглянем более детально на большие ветви дерева. Там, где 98 базовых гаплотипов - там в ветви 131 гаплотип, ровно половина от всех 262 гаплотипов в дереве (включая 11 гаплотипов древних линий, N-N1-N1b). В этой ветви полностью доминируют финны. Их 75 человек среди 98 базовых (77%), плюс 22 финна добавляются в остальной части ветви. Всего 97 финнов из 124 финнов в выборке (78% финнов в данной ветви от всего их количества). Возраст ветви  $\ln(131/98)/0.006 = 48$  поколений, то есть 1200 лет (поправка здесь не нужна). Здесь мы используем константу скорости мутации для обычных 22-маркерных гаплотипов, но поскольку мутации в DYS459 тоже редки, погрешность будет невелика. Кстати, интересно посчитать по финнам -  $\ln(97/75)/0.006 = 43$  поколения, то есть 1075 лет возраст финнов в этой ветви, почти тоже, что и возраст их ветви. Остальные в базовом гаплотипе - 12 русских (из 28 русских), 4 шведа, 4 норвежца, и по одному - эстонец, белорус и турок, всего  $75+12+11 = 98$  базовых гаплотипа. Так что это вполне можно считать за финскую ветвь, с примесью 12% русских.

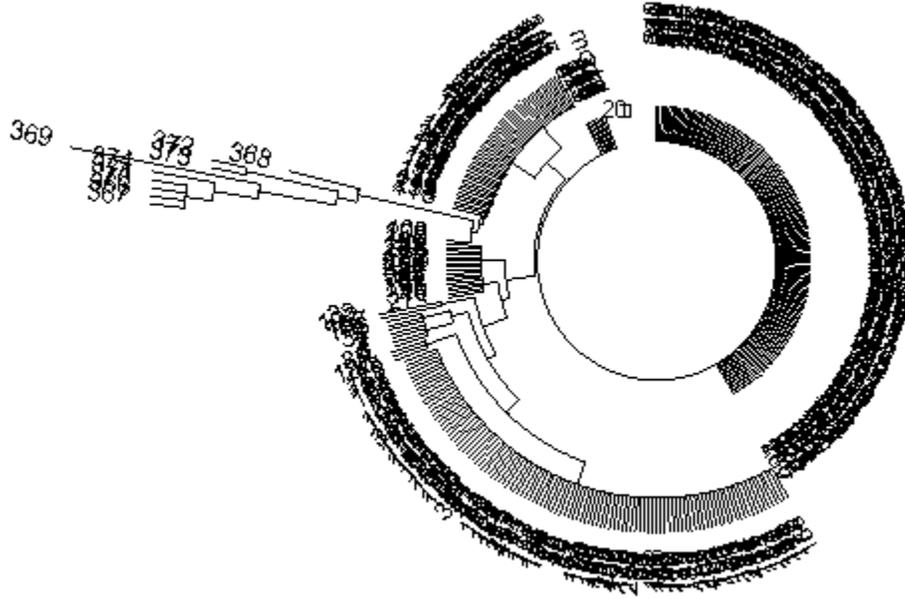
Вторая ветвь - 120 гаплотипов (без учета примесей более древних субкладов), из них 73 базовых. Возраст ветви  $\ln(120/73)/0.006 = 83$  поколения, то есть 2075 лет. Граница новой и старой эры.

Эта вторая ветвь интересна тем, что там относительно мало финнов, 17 человек (из 124 финнов в выборке, то есть 14% от всех), или 23% от всех базовых гаплотипов. В той же ветви 12 литовцев (из 16 литовцев в выборке, их вообще не было в первой ветви), 11 поляков (из 21 поляка в выборке), 3 русских. Как видно, русских мало в базовых гаплотипах: 12 в первой серии базовых гаплотипов, 3 во второй, то есть 15 человек из 28. Остальные разбросаны по мутациям. Если применить тот же подсчет, как по финнам, окажется, что в первой ветви возраст русских  $\ln(15/12)/0.006 = 37$  поколений, то есть 925 лет (у финнов - 1075 лет, а сама ветвь 1200 лет), во второй ветви  $\ln(6/3)/0.006 = 116$  поколений, то есть  $2900 \pm 1500$  лет. Возраст самой ветви - 2075 лет. Остальные семеро русских имеют древние N-N1-N1b гаплотипы.

### **Дополнительная серия из 374 гаплотипов, иллюстрация четырехмаркерного дерева (DYS464a,b,c,d)**

И.Л. Рожанский любезно предоставил для рассмотрения список гаплотипов из базы данных YSearch, которые были собраны по фактическим гаплотипам, а не по записям гаплогрупп, часто ошибочным. Покажем для иллюстрации соответствующее дерево 4-маркерных гаплотипов, которые в

данном случае является двухмаркерным по причине, описанной выше. Для того, чтобы оттенить гаплотипы группы N (в основном N1c1), в серию гаплотипов внесены также десять гаплотипов родственной (по сводной древней гаплогруппе NO) гаплогруппы O (на рис. 9 слева).



**Рис. 9.** Дерево 374 четырехмаркерных гаплотипов (DYS464a,b,c,d) из базы данных YSearch, любезно представленных И.Л. Рожанским. По кругу на стволе дерева – 174 идентичных друг другу базовых гаплотипов «южно-балтийской ветви» дерева 14-14-15-15. Среди них – 44 финна (из 164 в выборке, то есть 27% от всех финнов и 25% от базовых гаплотипов в ветви), 25 русских (из 43 в выборке, то есть 58% от всех русских), все четверо эстонцев, все шестеро украинцев. Внизу – ветвь из идентичных друг другу 108 гаплотипов 13-13-14-14 «угро-финской ветви», в которых 81 из 164 финнов (49% от всех финнов, и 75% от всей ветви базовых гаплотипов), 10 русских (23% от всех русских), 8 неизвестных, 5 шведов, и по одному немец, норвежец, румын и словак. Слева – выброс ветви гаплогруппы O из девяти гаплотипов, вставленной в ветвь для контраста.

Как видно из подписи к рис. 9, принципиальная картина при увеличении числа гаплотипов сохраняется.

Итак, рассмотрение гаплотипов разных серий гаплогруппы N1c1 показывает, что общий предок гаплогруппы прибыл на Балтику (или находился на миграционном пути между Уралом или Поволжьем и Балтикой) примерно 4200 лет назад, и эта миграция расщепилась на

несколько ДНК-генеалогических линии, все примерно одинакового «возраста», все датируются серединой 1-го тыс н.э. Случайное это совпадение или нет, но в те же времена в Европе происходило становление языкового славянства, и в те же времена вдоль Прибалтики формировались прибалтийские племена, а также викинги. Одна линия сформировала угро-финскую ветвь, состоящую в значительной степени из финнов, но с добавлениями части русских, норвежцев, шведов; другая линия дала потомков, ныне живущих в основном в России, в прибалтийских странах – Эстонии, Литве, Латвии, а также Польше, и их соседей, откуда гаплотипы южно-балтийской группы попали с потомками вплоть до Атлантики и Мексики. Характерными признаками гаплотипов угро-финской группы являются DYD459=10 (или удвоенные значения), DYS464=13-14 (или удвоенные значения), негативный снип L550-. Характерными признаками гаплотипов южно-балтийской группы являются DYD459=9 (или удвоенные значения), DYS464=14-15 (или удвоенные значения), позитивный снип L550+ (субклад N1c1d). Эти ветви и группы и их «возраст» воспроизводимо выявляются при любом методе расчета из описанных в настоящей работе – по протяженным гаплотипам, по «медленным» 22-маркерным, по «четверкам» DYS464, линейным методом или логарифмическим.

### *Литература*

Клёсов, А.А. (2010). Новые доказательства в пользу перехода ариев в Индию с Русской равнины: анализ тетра-локусного микросателлита DYS464 Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 7, 1367-1494.

Клёсов, А.А. (2011а). Новые доказательства в пользу перехода ариев в Индию с Русской равнины: анализ тетра-локусного микросателлита DYS464 Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 7, 1367-1494.

Клёсов, А.А. (2011b). ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 7, 1367-1494.

Клёсов, А.А. (2011с) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия, 76, №5, 634-651.

# Бельгийский ДНК-проект «Старое Брабантское герцогство» и его результаты

А.А. Клёсов

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

В 2009-2010 году университетом Leuven и другими организациями в Бельгии был осуществлен ДНК-Проект «Старое Брабантское герцогство», результатом которого стали 981 37-маркерный гаплотип жителей провинции Брабант. Это – древняя территория, которая сейчас разделена между Голландией и Бельгией, и позже, в середине 1990-х годов, разделена и в самой Бельгии, на фламандскую и валлонскую территории, Фламандский Брабант и Валлонский Брабант.

Герцогством эта нынешняя совокупность провинций была в средние века. Для ДНК-генеалогии особенно интересно то, что во времена Юлия Цезаря, то есть в конце 1-го тыс до нашей эры, там обитали германские и кельтские племена – кельтские, правда, по определению современных историков, поскольку сам Юлий Цезарь считал, что кельты и галлы – это синонимы, что и отметил в первых строках своей книги «Галльские войны» (в другом переводе – «Записки о галльской войне»). Как бы там ни было, но можно надеяться, что несмотря на бурную историю тех мест, там могли остаться прямые потомки древних германцев, галлов, кельтов, и прочих жителей тогдашней низменности, на которой потом, в начале 12-го века, было герцогство, включающее маркграфство Антверпенское, а в 14 веке – Мехельнское владение, а сейчас там три провинции – голландский Северный Брабант с полумиллионом жителей, провинция Антверпен и провинция Южный Брабант, где сейчас живут более миллиона человек. Брабантские кружева известны по всей Европе и далее. На севере живут голландцы, в средней части фламандцы, на юге – валлонцы. Наречия у них тоже разные, севернее – германское, у валлонцев – французское.

По ходу выполнения проекта я время от времени получал от участников их свежеполученные гаплотипы, с просьбами пояснить, что они означают и к каким предкам относятся. Сам Проект держит гаплотипы в закрытом варианте, но часть носителей гаплогруппы R1a объединились и прислали мне 14 гаплотипов для рассмотрения и возможного отнесения по ветвям гаплогруппы. Предварительные результаты даны ниже. Я признателен участнику Проекта Jean-Pierre Voeu, который стал организатором этой

акции по присылке мне гаплотипов.

Что показал Проект в отношении состава гаплогрупп современных жителей территории старого герцогства Брабант? Ниже даны результаты в порядке уменьшения численности представительства гаплогрупп. Сразу можно назвать тех, которые почти не представлены, и которые можно назвать случайными вкраплениями. Это гаплогруппа А – один человек, гаплогруппы L и Q – по четыре человека (менее половины процента у каждой), гаплогруппа Т – шесть человек, менее процента. Гаплогрупп В, С, D, F, H, K, M, N, O, P, S вообще не оказалось.

У оставшихся пяти выявленных гаплогрупп – E, G, I, J и R представительство вполне приличное, и, естественно, неравномерно распределяется по субкладам. Вот их общее количество – в абсолютном и процентном (округленно) исчислениях:

R	638 чел	65%
I	190	19%
J	51	5%
E	50	5%
G	37	4%

В гаплогруппе R абсолютно доминирует R1b (в последней колонке указан SNP):

R1b	600 чел	61% от всех	M343
R1a	38	4%	SRY 10831.2

В гаплогруппе I доминирует I1

I1	119 чел	12% от всех	M267
I2	71	7%	

В гаплогруппе I2 доминирует I2b

I2b	43 чел	4.4%	M223
I2	14	1.4%	P215
I2a	14	1.4%	P37.2

В гаплогруппе J доминирует J2

J2	40 чел	4.1%	
J1	11	1.1%	M267

Среди J2 преобладают J2a

J2a	34 чел	3.5%	M410
J2b	6	0.6%	M12

Остальные две гаплогруппы-субклада:

E1b1b	50 чел	5.1%	M215
G2a	37 чел	3.8%	P15

Обращает на себя довольно высокое количество гаплогруппы E1b1b, оно практически равно количеству J2, и находится на четвертом месте среди гаплогрупп на этой северной территории. Я уже предполагал раньше, что африканцы этой гаплогруппы вошли на Пиренеи около 5 тысяч лет назад на плечах гаплогруппы R1b1a2, будущей культуры колоколовидных кубков, и преследовали ее до севера Европы, оставив след и в языках, и в Y-хромосомах. Можно было бы предположить, что это была дружественная спайка R1b и E1b, вместе вошли, вместе и продвигались. Но такой вариант не проходит, если посмотреть на карту современного размещения обеих гаплогрупп-субкладов на Пиренеях. Они просто шарахаются одна от другой, занимая диаметрально противоположные стороны полуострова (Клёсов, 2010). Возможно, это и объясняет бутылочное горлышко для субкладов P312 и U106 гаплогруппы R1b1a2, из которого они вышли только через тысячу лет, 3700-3900 лет назад.

Дальнейшее подразделение выявленных гаплогрупп на субклады следующее:

В гаплогруппе R1b выявлены 9 субкладов, из которых два самых распространенных U106 и P312 (256 и 209 человек, соответственно, или 26% и 21% от всех). На третьем месте U152 (102 чел., 10%). Потом происходит резкий сброс численности:

M269	17 чел	1.7%.
P310	7	0.7%
SRY2627	6	0.6%

M243, P297, P25 – по одному гаплотипу.

В гаплогруппе R1a из 38 человек только один имел SRY10831.2, остальные все M17.

В гаплогруппе E1b1b доминирует V13, 27 гаплотипов из 50; на втором месте M34, 11 гаплотипов, и далее россыпь из шести субкладов, в основном по 1-2 гаплотипа в каждом.

В гаплогруппе G2a доминирует G2a3, 29 гаплотипов из 37; остальные три субклада имеют 1, 3 и 4 гаплотипа.

В гаплогруппе I1 из 119 гаплотипов 117 относятся к I1-M253, и только два I1c-P109.

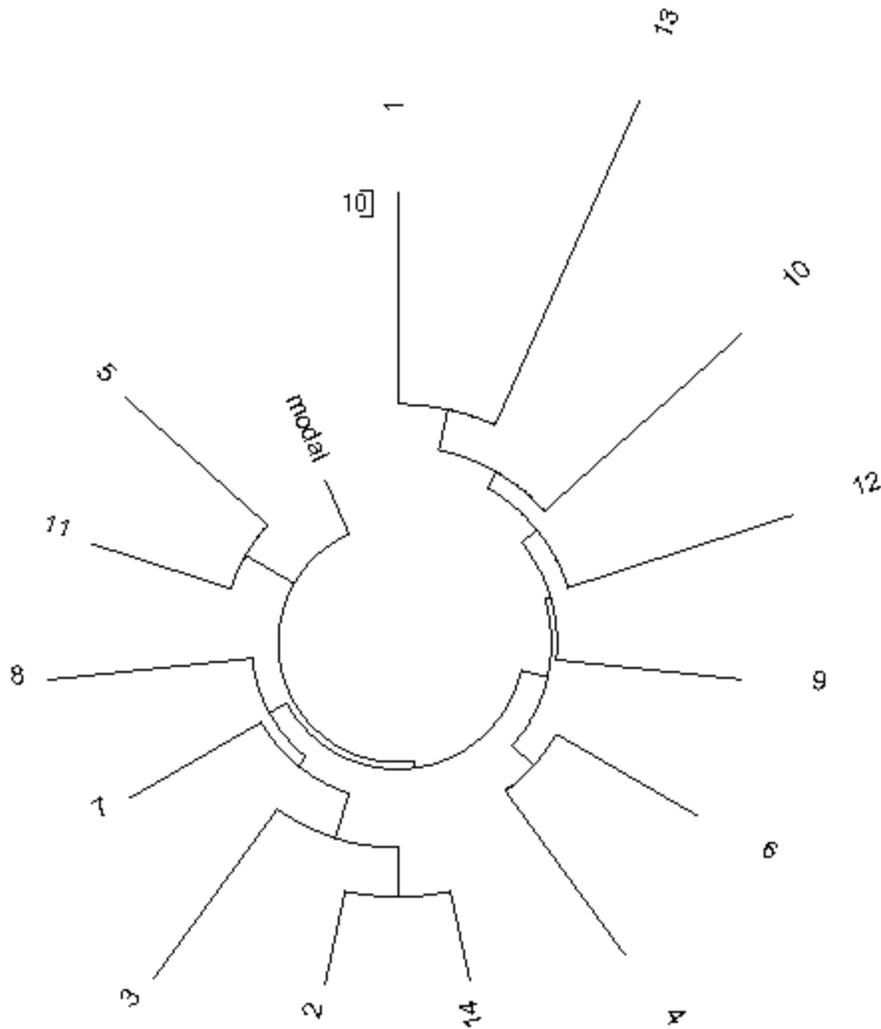
В группе J1 из 11 человек 8 имеют J1e-P58. Остальные J1-M267.

Так что на круг доминируют R1b1a2, причем именно потомки культуры колоколовидных кубков, предки которых прибыли на обсуждаемую бельгийско-голландскую территорию с юга, во времена 4500-4000 лет назад и позднее. Похоже, что к исходным кельтам, которые прибыли в Европу, по соображениям историков, 2500 лет назад из южно-русских степей, эти жители Брабанта отношения не имеют, кроме упомянутых 4%, гаплогруппы R1a1. Как и прочие носители субкладов P312, U106, и другие потомки культуры колоколовидных кубков равно не имеют отношения к исходным кельтам, появившимся в Альпах в середине 1-го тыс до н.э., и скорее всего имевших гаплогруппу R1a1.

Далее, если во времена Юлия Цезаря на описываемых территориях Брабанта уже жили «кельтско-германские племена», то они или уже не были потомками альпийских, исходных, исторических кельтов, вероятно R1a1, либо в те времена они были R1a1, но сгинули в результате галльских войн Юлия Цезаря, и были впоследствии замещены потомками движения колоколовидных кубков, прибывших, например, с севера.

И вот теперь перейдем к R1a1. Интересно то, что на территории бывшего герцогства Брабант многие гаплотипы R1a1 необычно архаичные. Из полученных 14 гаплотипов один оказался древним R1a, с DYS392=13 и палиндромной парой DYS385=12-12, один - «десятиником», с DYS388=10, у двоих оказались DYS393=14, у одного DYS393=12, у одного DYS393=15. В целом, при исключении древнего R1a и «десятника», оставшиеся 12 гаплотипов показали 183 мутации от 37-маркерного классического «базового гаплотипа Русской равнины» с единственным отклонением в CDYb=37 вместо 38. Это дает  $5075 \pm 630$  лет до общего предка.

Предварительное отнесение (по 37-маркерным гаплотипам) 14 гаплотипов R1a1 (Рис. 1) показало следующее:



**Рис. 1. Дерево 14 бельгийских гаплотипов гаплогруппы R1a в 37-маркерном формате**

- один гаплотип (#13 в списке, номер дается для последующих уточнений и сопоставлений) относится к древней ветви, и отличается на 28 мутаций от базового 37-маркерного гаплотипа Русской равнины, что уводит его общего предка более чем на 11 тысяч лет от обычных современных R1a1;
- один (#10) - из древней группы «десятников»
- два гаплотипа (#5 и 11) относятся к «молодой Скандинавской ветви»
- два гаплотипа (#6 и 9) - западно-карпатская ветвь,
- один гаплотип (#4) - центрально-европейская ветвь,
- один гаплотип (#12) - западно-евразийская ветвь,
- один гаплотип (#1) - старая скандинавская ветвь
- три гаплотипа (#3, 7, 8) - центрально-евразийская ветвь (но с DYS393=14 у двух первых, и DYS393=15 у последнего),

-- два гаплотипа (#2, 14) – балто-карпатская ветвь (но с DYS393=15).

Карты всех этих ветвей приведены по линку <http://r1a.org/3.htm>

### *Литература*

Клёсов, А.А. (2010) Субклад R1b1b2-M253 на Пиренейском полуострове и среди басков. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 3, №6, 976-982.

# CLIMATIC CORRELATIONS

**Valery P. Yurkovets**

*rodostroy@mail.ru*

This paper examines the climatic correlations in the Upper Pleistocene-Holocene - i.e. comparison of climatic changes on our planet with some well-known regularities in the mutual motion of the Earth and moon relative to the sun, paleogeography reconstructions and the influence of climatic factors in human history. The paper is compiled data that allows us to trace these correlations to a depth of about 130 thousand years ago.

Over the last 130 thousand years in the northern hemisphere were several waves of glaciations and interglacials, whose periodization and rank in different parts of the world are often poorly matching each other. An example can be seen in Western Europe, the Russian Plain and Siberia - each of these regions has its own classification and its chronology of the last glaciation. In Western Europe this is Wurm (alpine glaciation) on the Russian Plain - Valdai glaciation in Siberia - Sartan. Each has own chronology, markedly different from the others.

Also, geologists and archaeologists do not have a single point of view regarding the rank of interglacials. For example, Mologa-Sheksna interglacial some authors refers to interglacial, while others attribute it to the Bryansk warming, some deny it. |

In addition, in both glacial and interglacial periods, geologists and archaeologists distinguish climatic cycles of shorter duration. For example within the final Pleistocene - Holocene in Europe there have been several waves of cooling - Oldest Dryas, Old Dryas and Young Dryas. And five so-called "Humidification of the Holocene" were identified by archaeologists in Central Asia and Southern Europe. Which, in turn, are alternated with warming spells Belling, Allerod, Boreal, Preboreal, Atlantic, Subboreal, Subatlantik according to the known Blyth-Sernander's scheme. These cooling and warming often unrelated with each other and their chronology in the different regions can overlap. It should not be because such overlap, if they really occurred, would have abolished the latitudinal alternation of climatic zones on the planet. But it is the function of the amount of solar radiation falling on each square meter of Earth's surface.

The problem of calculating the variations of solar radiation in some random point of the Earth has been solved by Milankovitch, later van Voerkom

continued this work. However, their results did not explain reasons for the alternation of glaciations and interglacials.

Analysis of this problem can be found in the fundamental work «The Earth. An Introduction to Physical Geology» (Verhoogen et al, 1970). As a result of the analysis, it concluded that (back-translation from Russian) "... climate change of different directions, accompanied by a change of ice ages and interglacial periods is likely to still predominantly controlled by the movements of the Earth." Verhoogen described these movements before reaching this conclusion. This includes the precession of equinoxes - Earth's rotation axis (the period 26 000 years), variations in the Earth's axis tilt (the period 40 000 years) and changes in the eccentricity of Earth's orbit (the period 92 000 years).

Information about times and ranks of climatic events are in a variety of sources. Often they contradict each other - both in the classification, and time when the events occurred. Recently, however, there are appeared a number of general works that have more objective information. This allows more reliable data of the stratigraphy and climate changes. These include such objective information as the ages of paleosols on the Russian Plain, which correlate with warm intervals (Sycheva et al, 2007). And reconstruction of vegetation cover of the Russian Plain during the Late Pleistocene - Holocene (Simakova 2008), reflecting the climate changes in general - as a warming and cooling, and their dates. In the last paper, in addition, there are some final period's dates of the Pleistocene on the Russian plain, corresponding to the small climatic changes, which are described above. In addition, the new age data of paleosols and lithological horizons of paleolithic sites in Kostenki (Anikovich et al, 2007) can be used.

Names and ages of the soils and lithological layer Kostenki (so-called «CI-tephra») from these sources are:

- Bryansk soil - 24-25 thousand years,
- Monasterian soil - 29 000 years
- CI-tephra (Kostenki) - 40 thousand years,
- "Lower soil" (Kostenko) - 45-52 thousand years,
- Alexander soil - 50-60 thousand years,
- Streletskaja soil - 70-80 thousand years.

The ancient soils of the glacial deposits section in the Russian Plain are separated by loess layers. Together they form the so-called "soil and loess record" of past climatic periods in the sedimentary "journal" of Nature. This record is free of subjectivity (is objective evidence) in the estimation of the time and nature of climatic epochs. According to them, there is another interglacial period besides the Mologa-Sheksna interglacial that occurred in Valdai glaciations and, accordingly, an another glaciation, which probably confused the chronology and

stratigraphy of the Pleistocene-Paleolithic both to geologists and to archaeologists – Table 1 (Yurkovets, 2010).

Because of this confusion the "global" delusion has arisen in regard to the "megafauna", which is believed to be living on the territory of Northern Eurasia during the height of glaciations. This is not true. In fact megafauna extended into high latitudes during the interglacials. And it died out each time with the beginning of the next glaciations.

This conclusion is supported by the work of the archaeologist A. Chubur. He studied the lifetime of three mammoth species in the Russian Plain: *Chosaricus* - in Mikulino interglacial period, and the next two (so-called "early" and "late" forms) - in Valdai time (Chubur, 1997), just in time corresponding to the two interglacials. Of course, such conclusion was impossible in 1997, because a large part of the scientists did not admit the existence of Mologa-Sheksna interglacial, not to mention one more.

Full glacial-interglacial record is fixed also in marine terraces of various levels, because the glaciations are always accompanied by regression, and interglacials, respectively - by the transgressions. The reason for this is the eustatic changes of sea level, which, in turn, are linked to the accumulation of huge masses of water in ice shields and their subsequent melting.

These include: Onega transgression occurred in the period Mologa-Sheksna interglacial (which corresponds with Kargin transgression in Siberia and the Monasterian Transgression in the Mediterranean Sea), and Pozdnemoskovskaya Transgression in Mikulino interglacial period (which corresponds Tyrrhenian transgression in the Mediterranean Sea). Onega transgression is dated 25 thousand years ago, which coincides with the formation of the Bryansk soil (warming). Ocean's level rose to 25 meters then.

Pozdnemoskovskaya transgression occurred about 100 thousand years ago, raising its level in different locations varied from 10 to 100 meters (Polyakova, 1997) and an average of about 50-60 meters. These discrepancies in the north seem to be associated with vertical postglacial isostatic movements. Corresponding to it Tyrrhenian terrace in the Mediterranean has altitude 30-35 meters. I.e. in both regions, sea level rise in Mikulino interglacial period was slightly higher than in Mologa-Sheksna interglacial, which can be attributed to variations of the eccentricity of the earth's orbit which has period 92 000 years.

From this follows a preliminary conclusion: Mologa-Sheksna interglacial, Onega transgression in Europe, Kargin transgression in Siberia, Monasterian Transgression in the Mediterranean, Plum Point and Farm Dale interglacials in

North America are simultaneous events. Its peak were 25 thousand years ago, sea level rise - 25 meters.

Hence, according to the accepted scheme of glaciations, in the Northern Hemisphere (Lazukov et al, 1981) simultaneous glaciations are: Upper Valdai glaciation of the Russian Plain, Sartan glaciation in Siberia, Nissuri and Fort Wood glaciations in North America . Peak of event - 12 500 years ago. This is the Old Dryas, which have been denied the rank of glaciations in Europe.

These correlations can be extended to deeper time, at least - before the Upper Pleistocene, which has the necessary data. According to these data, the following events are also simultaneous: glaciation preceding the Mologa-Sheksna interglacial, Leyastsem cooling in the North West of Russian plain, Konoshel cooling in Siberia, Cherry Tree glacial and Capron glacial in North America.

Based on this, the simultaneous climatic events were:

1. Würm III – Upper Valdai Glacial in Eastern Europe – Sartanian Glaciation in Siberia – Wisconsin III Glacial in North America, during the period of 10–17 k years ago;

2. Würm 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 k years ago;

3. Würm II – Leyastsem cold snap in Eastern Europe – Konoschel cold snap in Siberia – Wisconsin II Glacial, during the period of 36–43 k years ago;

4. Würm 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 k years ago;

5. Würm I – Lower Valdai Glacial in Eastern Europe – Zyryanka Glacial in Siberia – Wisconsin I Glacial in North America, during the period of 62–69 k years ago;

6. Riss-Würm Interglacial – Mikulin Interglacial in Eastern Europe – Sangamonian Interglacial in North America.

And so on - to the beginning of Upper Pleistocene.

In addition to the chronology of "soil-loess records" on the Russian Plain, there is "soil-loess record" in the undisturbed sections of western Siberia - to a depth of 130 000 years (Arkhipov, 1997). These "record" has the clearly observed rhythm - 26 thousand years, the same one as in the Russian Plain (Table 4).

Thus, the presented data (including "mammoth argument") convince us that the glacials (and interglacials) are repeated every 26 thousand years (table 1, 4). It coincides exactly with the period of precession of the Earth's rotation axis. Hence the precession is the most likely cause of ice ages.

A closer look at this phenomenon unexpectedly showed its remarkable simplicity (Bastrikov, 2007).

Earth's orbit is slightly elliptical, and in its annual motion around the Sun, the Earth passes the point of perihelion and aphelion. At perihelion the Earth receives at 7% more solar radiation than at aphelion. Earth reaches its perihelion on January 2, and aphelion - July 2 of each year. That is, the Earth receives more heat, when in the northern hemisphere is deep winter, and in the south - the height of summer. Conversely, it receives less heat, when at the northern hemisphere is mid-summer, and in the south one - deep winter. This means that now in the northern hemisphere winters are milder and summers - colder; and in the southern hemisphere winters are colder and the summer - warmer. **More severe winters are the cause of current glaciations in the Southern Hemisphere (Antarctica). And milder winters are the cause of current interglacial in the Northern Hemisphere** - Figure 1. A consequence of the precession is the gradual shift of the vernal equinox and the other singular points (the autumnal equinox, summer and winter solstices) in the direction opposite the observed movement of the Sun at 50.3" per year. This means that after 13,000 years the Earth's axis will be tilted in the opposite direction of the current one. Thus, approximately 13,000 years later, as a result of the precession, the situation will change to the opposite, as shown in Figure 2 - glaciation will occur in the northern hemisphere, and interglacial will be in the south one.

The reason of the small cycle was discovered at the early last century by Swedish climatologist and oceanologist Petterson (Peterson, 1914). This reason is that every 2000 years in perihelion the projection of the major axis of the lunar orbit (apsidal line) on the ecliptic coincides with the Sun-Earth radius. The result is a summation of tidal force of the Moon and Sun with an increase up 12% compared with the lowest values. This causes an internal waves in the oceans, raising huge amounts of cold water to the surface, which cools and saturates the atmospheric flows, cooling and moisturizing, as a result, the climate of Earth.

The comparison these cycles and the chronology of archaeological cultures beginning from the Upper Paleolithic have been done - Table 2 (Yurkovets, 2011a). As can be seen, the archaeological events are determined indeed by the climatic cycles. The flourishing and the devastation of large areas in the middle zone, replacement of archaeological cultures, the rise and fall of ancient civilizations are ideally coincide with the proposed scheme.

Also climatic cycles were compared with paleogeography of Ponto-Caspian (Matyushin, 1996; Antonova, et al, 2006; Badyukova, 2004, 2006, 2007; Doluhanov, 2009\*; Fedorov, 1982; Gorlov, et al, 2004; Yanina, 2009). Results are in the Table 3 (Yurkovets, 2011a). Based on this table, the diagram is proposed, which explains the complex nature of transgressions and regressions (and their corresponding terraces) of the Caspian and Black sea basins. It also shows the

lifetime of Manych Strait. This Strait connects the Caspian and Black sea during the peaks of glaciations – Figures 4-8.

As can be seen, the Caspian Sea level fluctuations caused by the small 2000-year cycle. Range of fluctuations is more than 150 meters. Levels of all inland water bodies fluctuate with the same frequency. The great cycle (period of precession of the Earth's rotation axis) determines the fluctuations of sea level. Amplitude of these fluctuations is up to 150 meters. The cause of them is the accumulation of huge masses of frozen water in glaciers during ice ages, and their melting in the interglacials.

As for the Black Sea, it becomes an internal body of water during periods of glaciations because of the "valve" of Bosphorus is. And it becomes the part of the world's oceans - in the interglacial period. This is the reason for the complexity of its water level fluctuations. But not only is that. Based on Grosvald (Grosvald, 1989) cyclic recurrence of water discharge across Manych is proposed. Part of the Eurasia's dammed water is unloaded from the Caspian into the Black Sea (and further into the Mediterranean Sea when the threshold of Bosphorus is reached) during the glacial peaks - as shown in the diagram.

At the end of glaciation (the last peak of the small cool period - young Dryas) in the first phase took place the next breakthrough Caspian waters in the Black Sea, which formed the erosion relief of Manych Valley. In the second stage there was a gradual leveling of the Caspian and Black Sea with the subsequent stabilization of the overall level of and the formation of the accumulative situation in this area. Then warming and fall of the Black Sea level followed, because Black sea was an inner water body at the end of glaciation. At the next small warming (7500 years ago) followed breakthrough of sea water through the Bosphorus and the Black Sea became a part of Oceans. Apparently, such a pattern was observed in all the peaks of glaciation.

DNA Genealogy aspects. As it turned out, 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 1-4, but also indirectly, through the history of haplogroups, in the structure of the DNA

DNA genealogy is based on the analysis of mutations in the so-called "non-coding" part of the Y-chromosome in males (as well as the structure of mitochondrial DNA in women, which is not considered here). Scientists have discovered that this part of the sex chromosome accumulates mutations randomly and, therefore, it can be analyzed by statistical methods, which in turn allow you to build a phylogenetic tree of mutations - the sequence and hierarchy of the branches of the Y-chromosome in the entire male half of humanity. Each branch of the phylogenetic tree is an ancient clan, known as haplogroup. The rate

of mutations in alleles of the Y-chromosome does not depend on external factors and is a constant. This makes possible, based on the number of mutations, to calculate the lifetime of an ancestor, who gave a start as each of the branches (i.e. haplogroup), and any group of branches down to the root of the tree – to the so-called «Y-chromosome Adam». It allows you to make the historical comparisons and conclusions, because every nation, ethnic group or a particular clan has its specific set of haplogroups or original haplogroup.

Y-chromosome Adam, the assumed Ancestor, to which all the branches coalesce, lived in the early Upper Pleistocene - 130 thousand years ago. Thus Phylogenetic tree of Y-chromosome covers the period in which in the Quaternary Geology accumulated a wealth of material, and which necessarily requires a comparison with new data. And most important of these are global climate change and, in the first place, such as the alternation of glaciations and interglacials.

Along the right side of the precession curve in Table 1 are listed the main events of Y-chromosome phylogeny according to Karafet (Karafet et al., 2008) and Klyosov (Klyosov, 2009). This comparison suggests a link between the main events in phylogeny of the DNA and global climate changes. The reason for this is that any significant change in climate forced people to migrate, and this led to the formation of new branches on the phylogenetic tree of the Y-chromosome.

Those coordinated phylogenetic and climatic events sometimes can be distinctive. Thus, the warming Subatlantic led not only to the collapse of the great empires of the Iron Age in Eurasia (the "Great Migration of Peoples"), but it resulted in a "population bottleneck" for people in the eastern part of the continent. As it turned out (Rozhanskii, 2011), at least 70% of the Mongols and Kirghiz, as well as a large percentage of the Kazakhs, happen to be direct descendants along the male lines, possibly originating from only five individuals (common ancestors) who lived there at those times. This is remarkably correlated with the historical events that led to the unification of China, and then to the emergence of the empire of Genghis Khan (Yurkovets, 2011b).

Similar processes occur at the same time and in Central America - the decline of pre-classical Mayan civilization, shrinking population, civil strife. From this we may assume that the haplotypes of the Maya descendants, when they will be studied, will show the passage of the bottleneck at the same time.

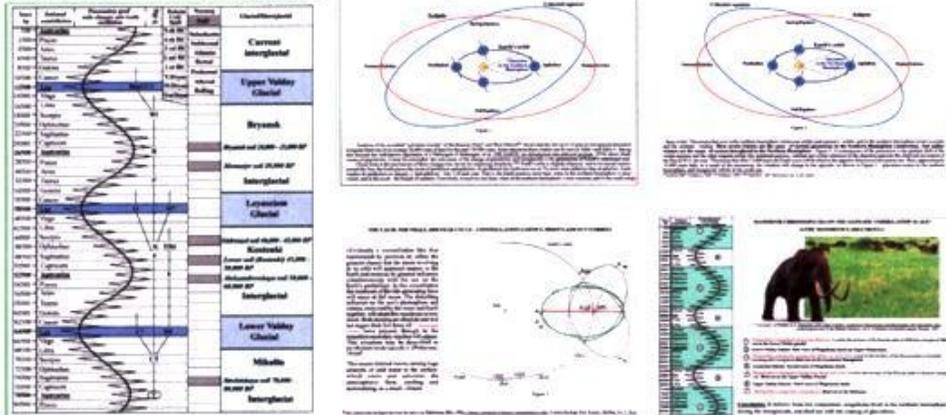
# CLIMATIC CORRELATIONS

**Valery Yurkovets**  
 valery.yurkovets@gmail.com

*The Russian Academy of DNA Genealogy, Newton, Massachusetts, USA*

*\*Addresses for correspondence:* Academy - Anatole Klyosov, 36 Walsh Road, Newton, MA 02459.  
 Valery Yurkovets - Юрковец В.П., 1-я Красноармейская 11, Тосно, Ленинградская область, 187000.

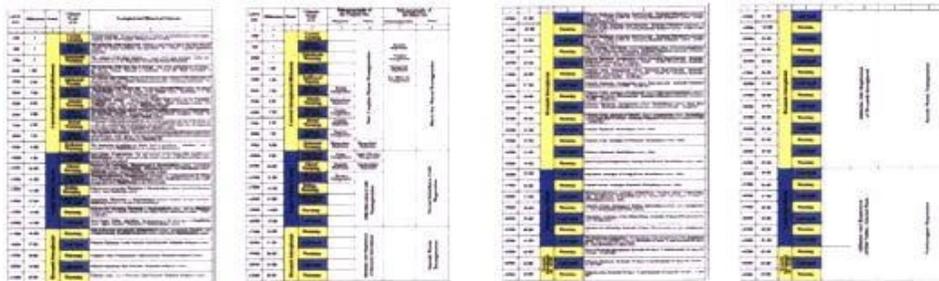
Table 1. Climatic Correlations



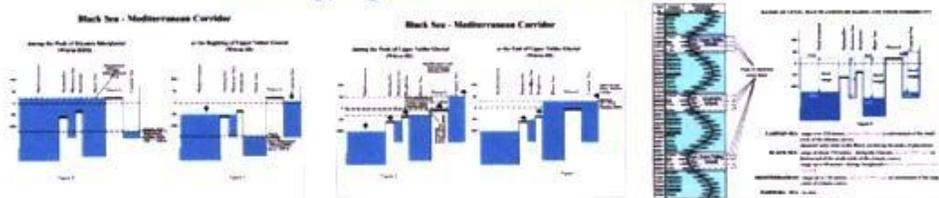
## Archaeological cultures and Ponto-Caspian paleogeography on a scale of Climatic correlations

Table 2. Archaeological Correlations.

Table 3. Paleogeography Correlations.



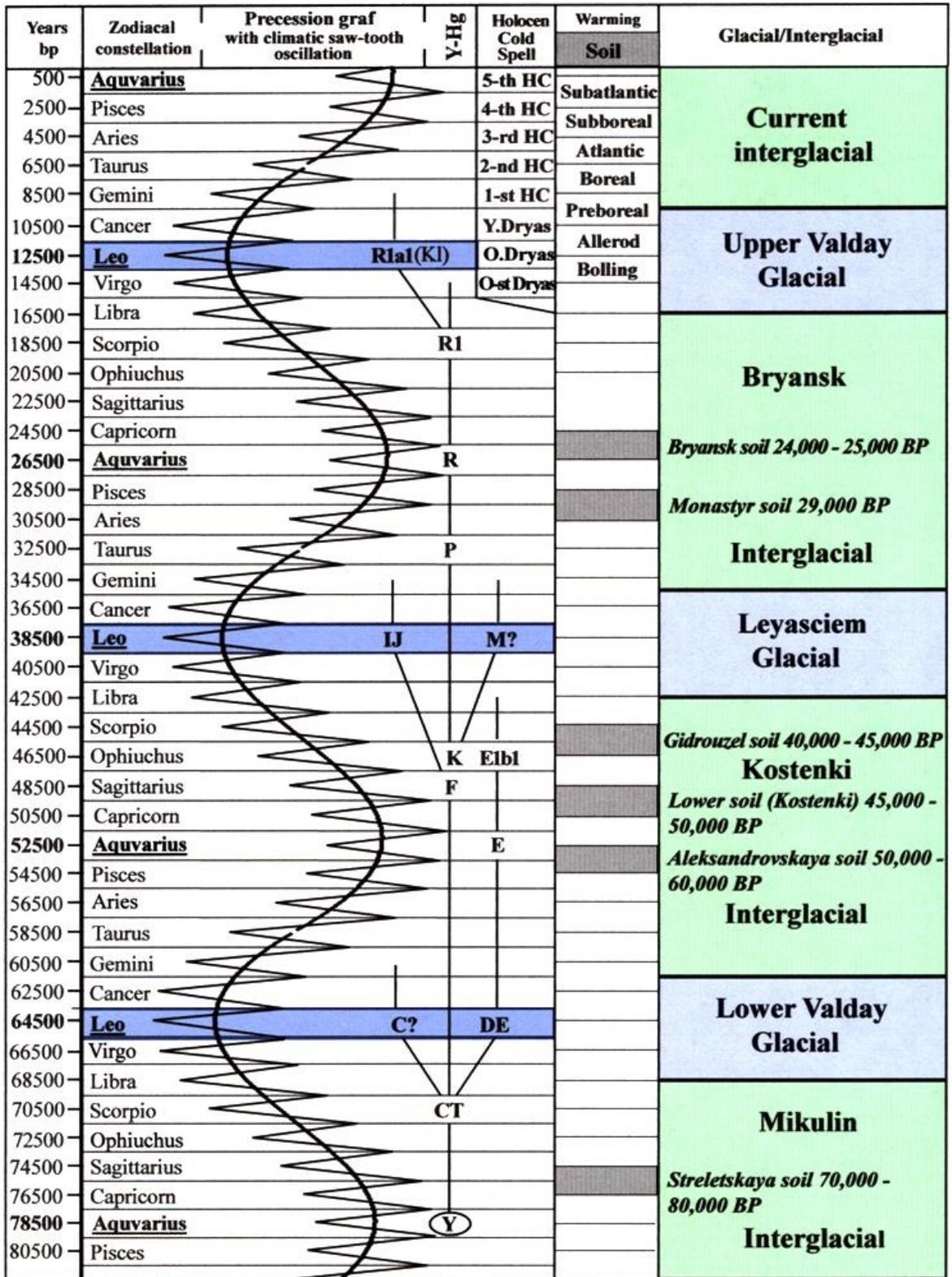
## Caspian - Black Sea - Mediterranean Paleogeographic Reconstructions



## Supplementary Information Evolutionary View of DNA-GENEALOGY, Current State

Table 4. Climatic Correlations. West Siberia





## THE CAUSE OF GLACIATIONS

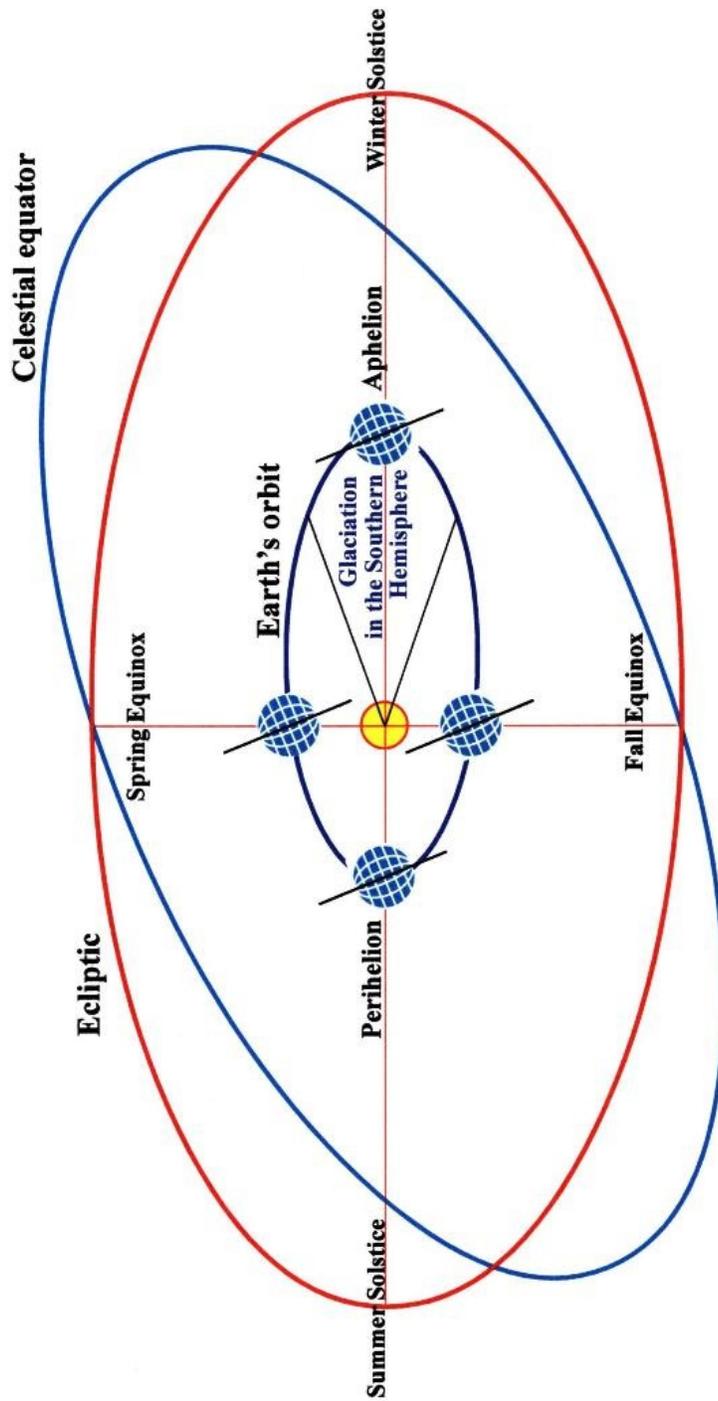


Figure 1

Analysis of the so-called "soil-loess records" of the Russian Plain\* and West Siberia\*\* shows that the full cycle of glacial-interglacial alternated at regular intervals of on average 26,000 years at least for the past 130 000 years. Some data from these studies can be seen in Table 1 and Table 4. Taking into account the well-known arguments of J. Verhoogen (J. Verhoogen, et al, *THE EARTH, an introduction into physical geology*. 1970) about likely causes of glaciations, it must be concluded: the sole cause of the change of glaciations and interglacials is the **precession of Earth's rotational axis**.

Closer look at the mechanism of these changes has shown its surprising simplicity.\*\*\* Earth's orbit is slightly elliptical, and in its annual motion around the Sun, the Earth passes the point of perihelion and aphelion. At perihelion the Earth receives at 7% more solar radiation than at aphelion. Earth reaches its perihelion on January 2, and aphelion - July 2 of each year. That is, the Earth receives more heat, when in the northern hemisphere is deep winter, and in the south - the height of summer. Conversely, it receives less heat, when at the northern hemisphere is mid-summer, and in the south one

## THE CAUSE OF GLACIATIONS

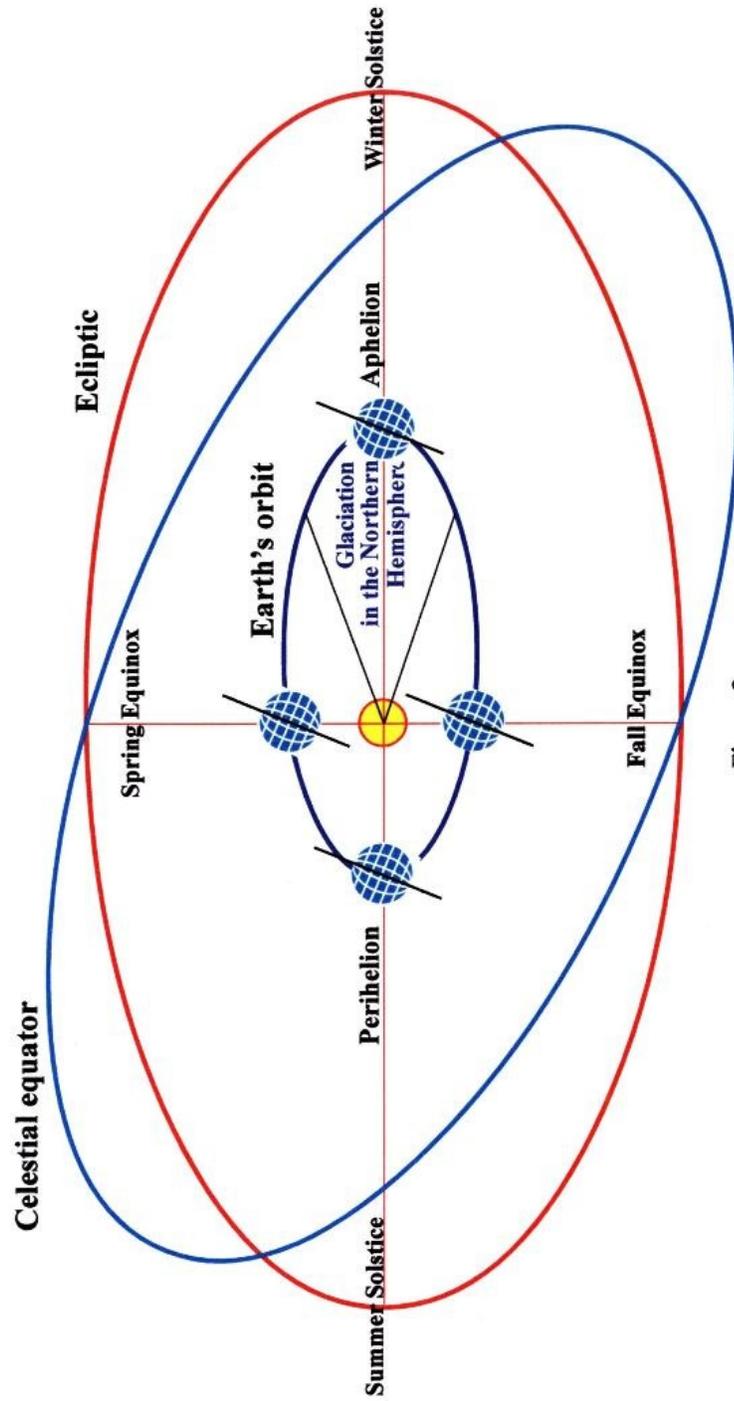


Figure 2

- deep winter. This means that now in the northern hemisphere winters are milder and summers - colder; and in the southern hemisphere winter is colder and the summer - warmer. **More severe winters are the cause of current glaciations in the Southern Hemisphere (Antarctica). And milder winters are the cause of current interglacial in the Northern Hemisphere - Figure 1.** A consequence of the precession is the gradual shift of the vernal equinox and the other singular points (the autumnal equinox, summer and winter solstices) in the direction opposite the observed movement of the Sun at 50.3" per year. This means that after 13,000 years the Earth's axis will be tilted in the opposite direction of the current one. Thus, approximately 13,000 years later, as a result of the precession, the situation will change to the opposite, as shown in Figure 2 - glaciation occurs in the northern hemisphere, and interglacial will be in the south one.

\* Sycheva 2007; Simakova, 2009 \*\* Arkhipov, 1997; \*\*\* Bastrikov, 2007 (References are in the report).

### THE CAUSE FOR SMALL 2000-YEAR CYCLE - CONSTELLATION EARTH'S, MOON'S AND SUN'S ORBITS

«Evidently a constellation like that represented by position  $\alpha_1$  offers the greatest chance that the moon revolving in its orbit will approach nearest to the Earth and exercise its greatest influence simultaneously with the sun (at the Earth's perihelion). In this constellation the maximum of the tide-generating force will occur at *full moon*. The disturbing influence on the sun's photosphere and corona, exercised by the moon and Earth together, will attain this maximum at *new moon*. Both maxima are absolute and will not regain their full force till **2 thousand years** have passed, though in the meantime secondary maxima will appear. This situation may be described as *perihelion-node-apside*.» (Petterson, 1914)\*.

This causes internal waves, raising huge amounts of cold water to the surface, which cools and saturates the atmospheric flow, cooling and moisturizing, as a result, climate.

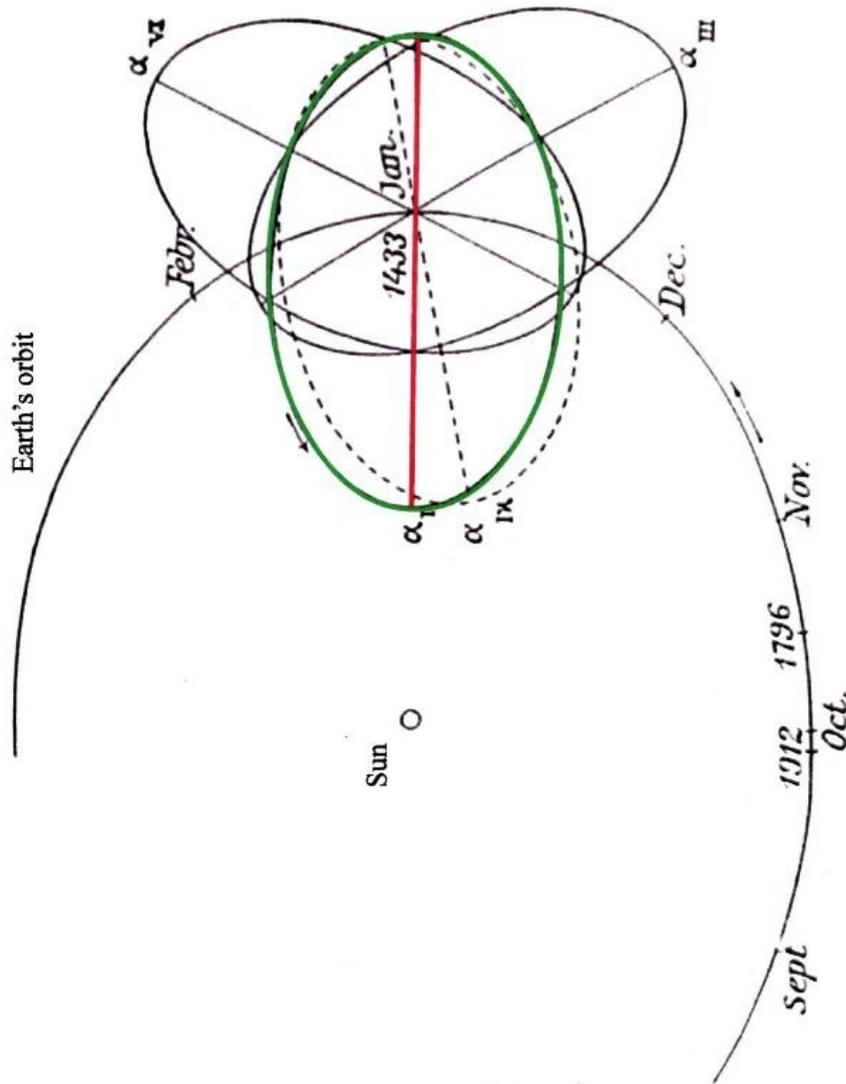


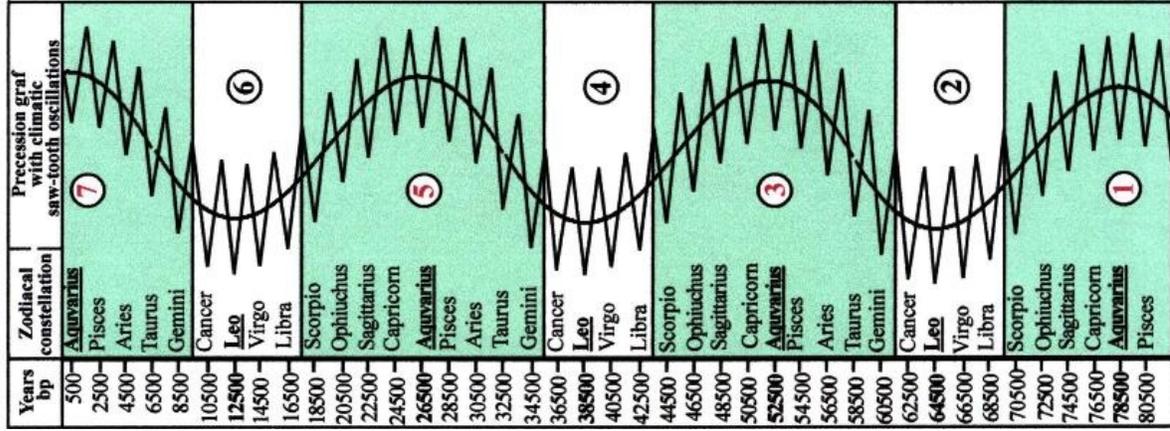
Figure 3

\*This citation and the figure are from the article by Petterson, Otto, 1914, *Climatic variations in historic and prehistoric time*: Svenska Hydrogr. Biol. Komm., Skriften, No. 5, 26 p.

**MAMMOTH CHRONOSPICES ON THE CLIMATIC CORRELATION SCALE\***  
 («THE MAMMOTH'S ARGUMENT»)



\* Used paper of Chubur A.A. *Mammoths of the Upper Poochya: Population Characteristics and Relationship with Palaeolithic Man.* Archeological sites of the Middle Poochye, vol. 6. Collection of scientific papers. Ryazan, 1997.



- ① *Mammuthus trogontherii chosaricus Dubrovo*. Lived in the territory of the Russian plain in Mikulino interglacial. Died out at the Lower Valdai glacial.
- ② Lower Valdai Glacial. First wave of Megafauna death (in Upper Pleistocene).
- ③ *Mammuthus primigenius primigenius Blum, an early form*. Lived in the territory of the Russian plain in Kostenki (working title) interglacial. Died out at the Leyasciem Interglacial.
- ④ Leyasciem Glacial. Second wave of Megafauna death.
- ⑤ *Mammuthus primigenius primigenius Blum, late form*. Lived in the territory of the Russian plain in Bryansk interglacial. Died out at the Upper Valdai Glacial.
- ⑥ Upper Valdai Glacial. Third wave of Megafauna death.
- ⑦ *Mammuthus primigenius vrangelensis*. Died out at the Holocene.

**Conclusion.** It follows from this comparison, megafauna lived in the northern hemisphere during the interglacials, and died out with the coming of glaciations.

Table 2

t of CE max.	Millenium	Period	Climatic Event (CE)	Ecological and Historical Outcome
1	2	3	4	5
+500	3	Current Interglacial (Holocen)	<b>Current warming</b>	"Global warming". Rising sea levels by 25 meters, the desertification of the steppes, stepping of the forest-steppes. Melting Arctic ice field.
-500	2		<b>Holocen Cold Spell 5</b>	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		<b>Subatlantic Warming</b>	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		<b>Holocen Cold Spell 4</b>	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		<b>Subboreal Warmin</b>	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		<b>Holocen Cold Spell 3</b>	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		<b>Atlantic Warming</b>	"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		<b>Holocen Cold Spell 2</b>	Flowering Sredny Stog culture, Cucuteni-Trypillian culture and a Vinea culture, the Danubian cultures. Spreading of animal husbandry hroughout Eurasia, the beginning of the northern Comb Ceramic culture.
-7500	6 BC		<b>Boreal Warming</b>	"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		<b>Holocen Cold Spell 1</b>	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		<b>Preboreal Warming</b>	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	<b>Young Dryas Cold Spell</b>	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		<b>Allerod Warming</b>	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		<b>Old Dryas Cold Spell</b>	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		<b>Bolling Warming</b>	Glaciers are retreating. Madeleine 4, Ressetinskaya culture. End of the Hamburg culture. Start Swiderian culture.
-14500	13 BC		<b>Oldest Dryas Cold Spell</b>	Glaciation. Madeleine 3, Ressetinskaya culture (inherits of East Gravette), Hamburg fulture (is similar to Ressetinskaya).
-15500	14 BC		<b>Warming</b>	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		<b>Cold Spell</b>	Start Upper Valday glaciation. The beginning of the third wave of megafauna death. Upper Solutre. Madeleine 1. Ressetinskaya culture (?).
-17500	16 BC	Bryansk Interglacial	<b>Warming</b>	End of Bryansk interglacial. Badegulsкая culture. Intermediate Solutre. End of East Gravette: Kostenki-Avdeyev culture (inherited by Ressetinskaya culture).
-18500	17 BC		<b>Cold Spell</b>	Climatic Optimum. Lower Solutre. East Gravette: Kostenki-Avdeyev culture.
-19500	18 BC		<b>Warming</b>	Climatic crisis. Protosolutre. East Gravette: Kostenki-Avdeyev culture.
-20500	19 BC		<b>Cold Spell</b>	Climatic Optimum. East Gravette: Kostenki-Avdeyev culture.
-21500	20 BC		<b>Warming</b>	Climatic crisis. End of Gravette, East Gravette: Kostenki-Avdeyev culture.

Table 2, 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-Villendorf 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 Leyastsem glaciation. Analog of the Boreal. Streletskaya culture. Selet.
-36500	35 BC	Leyastsem Glacial	Cold Spell	Glaciation. Analogue of Young Dryas. Streletskaya culture. Selet.
-37500	36 BC		Warming	Glacier retreat. Analogue of Allerød. 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

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			Nimpha 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 Valdai 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, cont.

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

# Black Sea - Mediterranean Corridor

during the Peak of Bryansk Interglacial (Würm II/III)

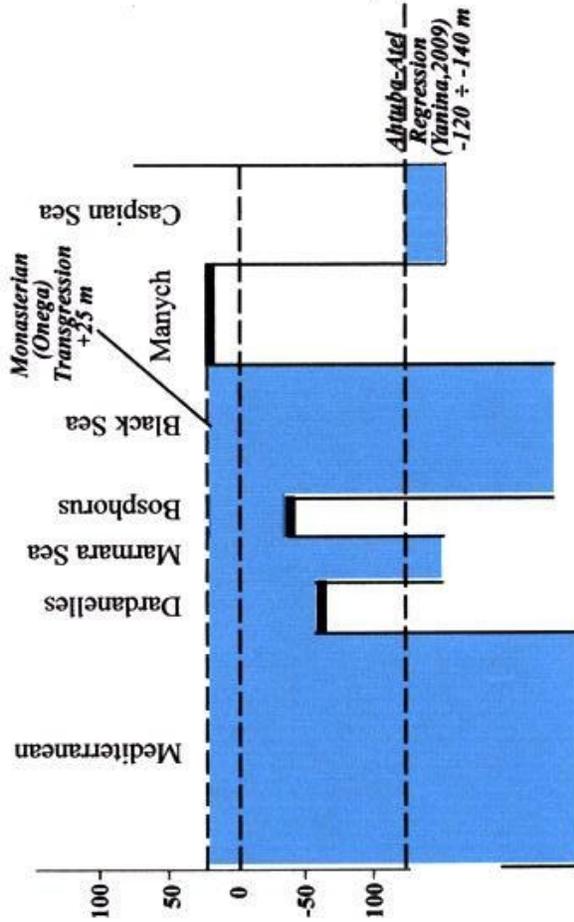


Figure 4

at the Beginning of Upper Valdai Glacial (Würm III)

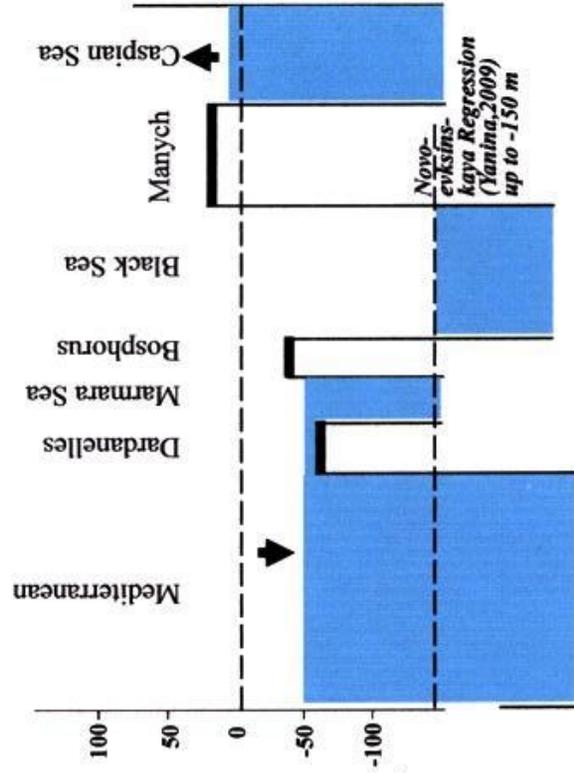


Figure 5

# Black Sea - Mediterranean Corridor

during the Peak of Upper Valdai Glacial (Würm III)

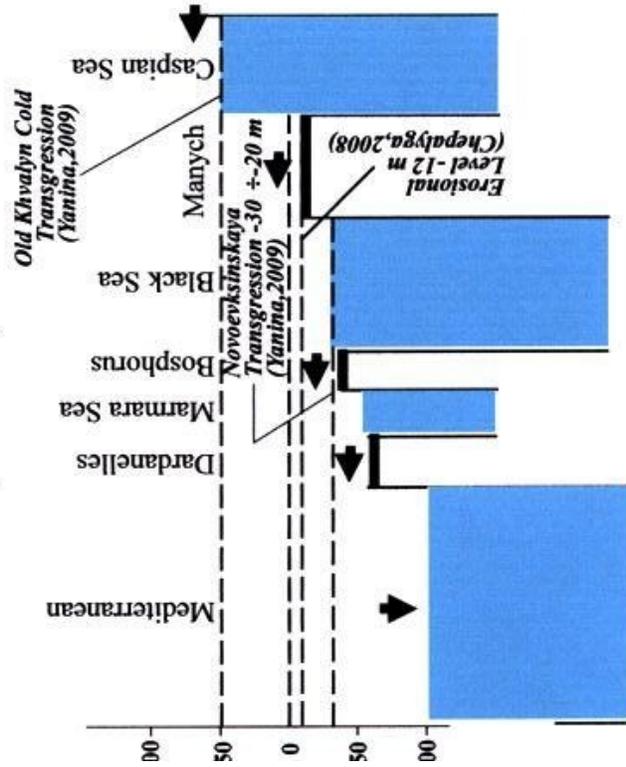


Figure 6

at the End of Upper Valdai Glacial (Würm III)

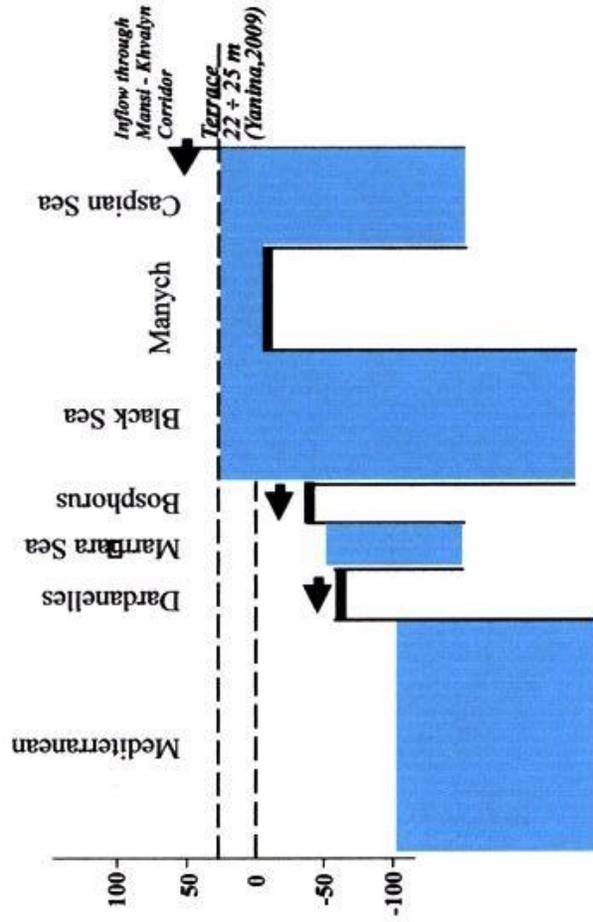
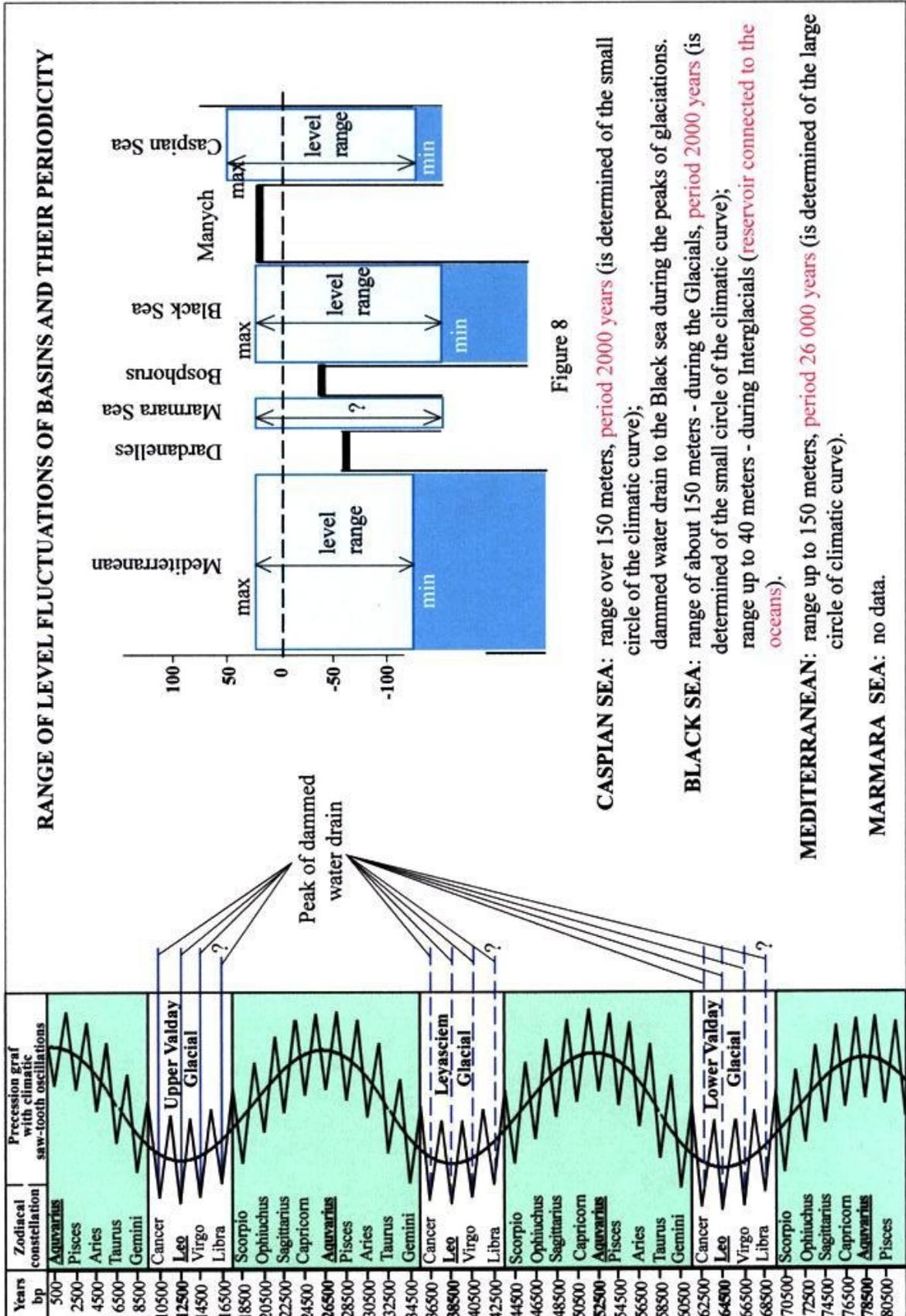


Figure 7



Using the slowest 22 marker Y-chromosomal panel, which mutates on average once in 4250 years, and the slowest marker mutates on average once in 2.5 million years, the chronology of appearance of all the haplogroups has been calculated from their base haplotypes. For example, the base (deduced ancestral) haplotype of haplogroup A (which arose 85,000 years ago) is as follows

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

and that of the haplogroup B (which is 46,000 years “old”) is

11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

There are 18 mutations between them, which separates haplogroups A and B by not 39,000 years, but places their common ancestor 136,000±9,000 years before present (ybp). In other words, with 18 “slow” mutations between them, haplogroup A was not an ancestral to haplogroup B. It turned out that haplogroup A was not an ancestral to all non-African haplogroups. It seems that all non-African haplogroups did not come out-of-Africa. They all have a common ancestor who lived 64,000±6,000 ybp, the most likely not in Africa. The present-day non-African haplogroups each has a common ancestor 46,000 years (haplogroup I or IJ) and “younger”. Besides, there is one more DNA-lineage, descendants of which live in Central Africa, and a common ancestor of which lived around 266,000 years before present.

Overall, haplogroups, according to this study, arose:

A separate African branch (apparently, haplogroup A1b), 266 thousand ybp

Alpha-haplogroup, 136,000 ybp (“Chromosomal Adam”)

Haplogroup A, 85 thousand ybp (descended from “alpha”)

Beta-haplogroup, 64 thousand ybp (an ancestor of non-African haplogroups)

B – 46 thousand ybp (descended from “beta”)

C – 36 thousand ybp (descended from “beta”, as all other haplogroups below)

D – 42 thousand ybp

E – 45 thousand ybp

F – 54 thousand ybp

G – 24 thousand ybp

H – 16 thousand ybp

I – 46 thousand ybp

I2 – 34 thousand ybp

J1 – 16 thousand ybp

J2 – 15 thousand ybp

L – 16 thousand ybp

NO – 45 thousand ybp

P – 45 thousand ybp

NI – 9 thousand ybp

O – 25 thousand ybp

Q – 23 thousand ybp

R – 35 thousand ybp

R1 – 30 thousand ybp

R1a – 20 thousand ybp

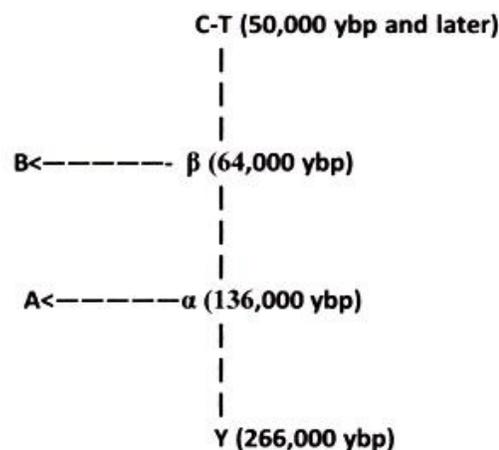


Table 4

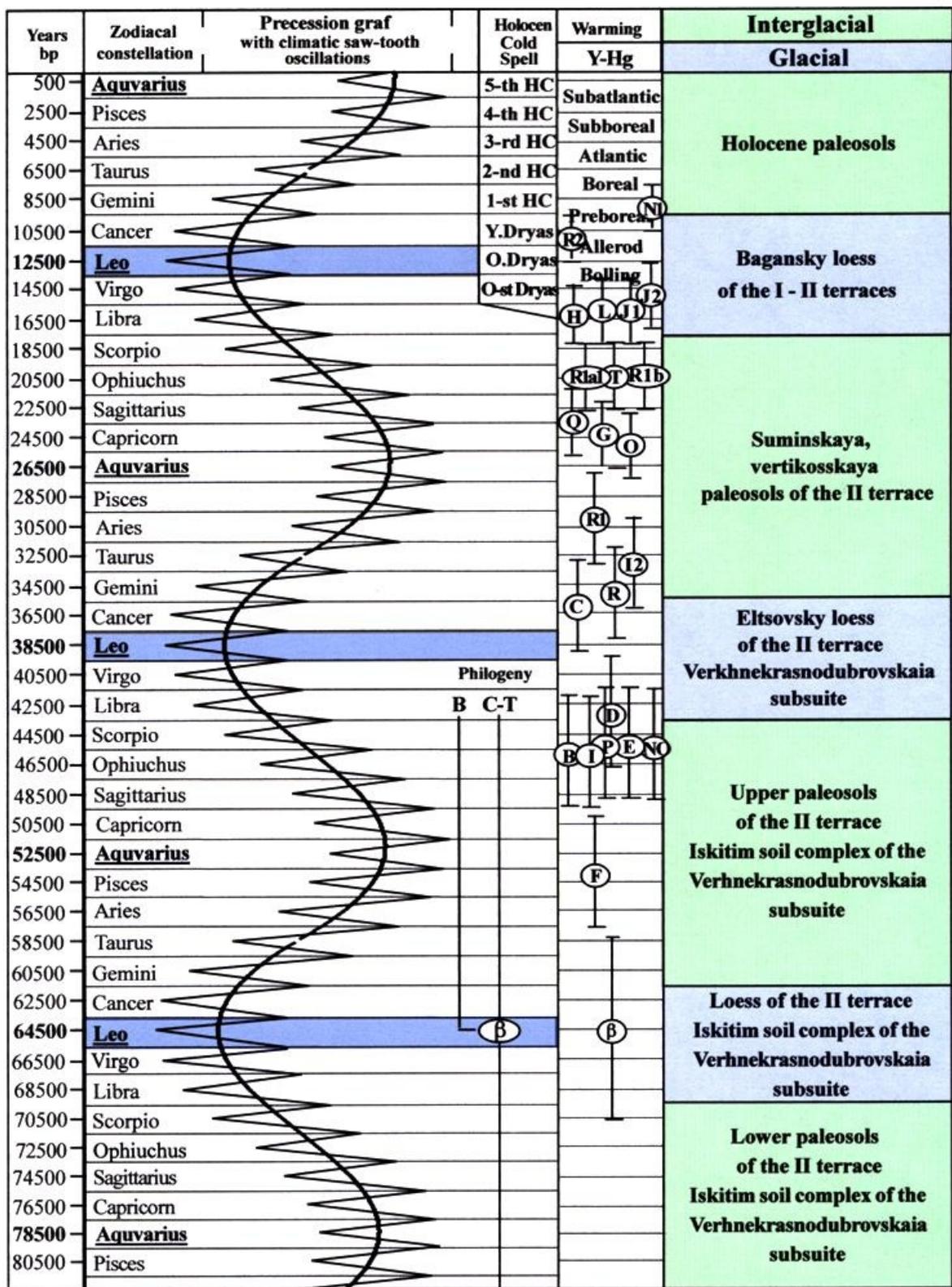
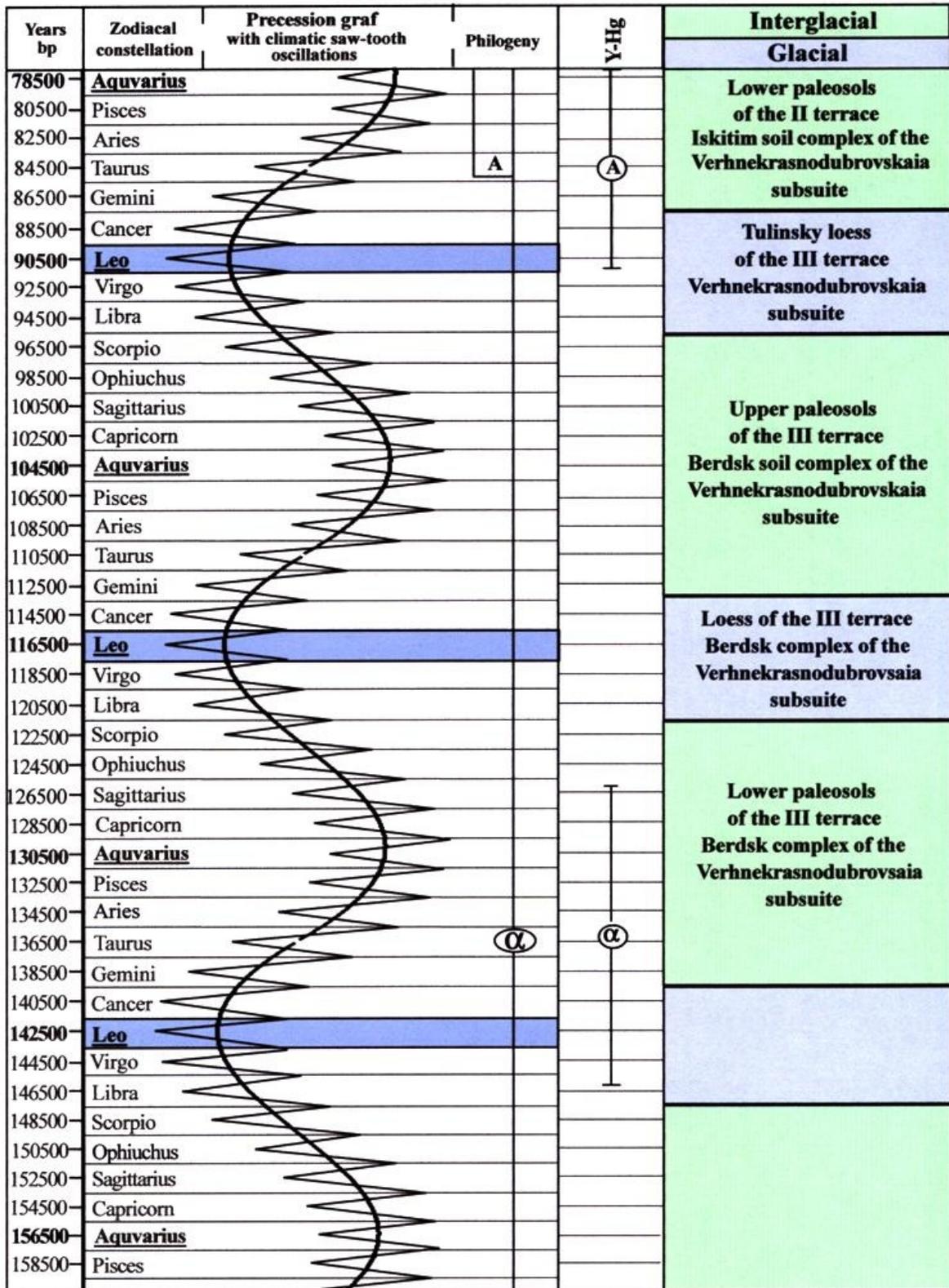


Table 4, cont.



*R1b – 20 thousand ybp*

*R2 – 11 thousand ybp*

*T – 20 thousand ybp*

*It seems that a discrepancy between “population genetics” and anthropology/archaeology might be resolved. The discrepancy means that the first (population geneticists) insist on the “out-of-Africa” theory, despite the haplogroup tree is not rooted, while many anthropologists insist that anatomically modern man had appeared in Eurasia and certainly not in Africa, and specialists in genome studies take an uncertain central position, albeit prefer to interpret their finding (often still rather vague) leaning towards the “out-of-Africa” concept. However, data of the present study show that there was a common ancestor of all non-African haplogroups, who lived  $64,000 \pm 6,000$  years before present, that is much earlier than the common ancestor of the (currently) African haplogroup B (46,000 ybp), and who is missed in the phylogeny of non-African haplogroups. Besides, there are two (at least) common ancestors of the (currently) African haplogroups, one lived as long ago as around 266,000 ybp, another one 85,000 ybp.*

*A. Klyosov*

Soil and loess sequence of Pleistocene age, is not disturbed glaciations, has been studied and dated in the south of Western Siberia in the range of 140 (130) - 10 thousand years\*. A preliminary draft of correlation of “soil-loess record” (column on the right) and the climatic curve is shown in the Table 4. As can be seen, “soil and loess record” corresponds exactly to the proposed scheme of climatic changes during the Upper Pleistocene.

This table has also the ages of haplogroups listed above. It is clear that the correlation of haplogroups and the interglacials (when there was “branching” of the Y-chromosome Phylogenetic tree), and haplogroups and the glaciations (the passage of “bottlenecks”) is fairly obvious. Also, data on age of haplogroups can be divided into two parts, which should be considered in different contexts: an evolutionary one - beta, alpha haplogroups and their common ancestor. And historical (archaeological) part – there are all haplogroups younger 50 thousand years. The alpha haplogroup clearly correlates with the Acheulian. Interval from alpha haplogroup to A haplogroup separation correlates with the Middle Paleolithic: pre-Mousterian (136-85 thousand years ago) and Mousterian (85-50 thousand years ago). All younger haplogroups (fewer 50 thousand years) belong to the Upper Paleolithic. According to current data, the haplogroup F is the boundary between the evolutionary part of Phylogenetic tree and historical one.

Date of 64 000 years is also very interesting because it is a bottleneck for the entire non-African humanity. A very similar event occurred at the peak of the next Leyasciem glaciation known as “nuclear winter” of the Paleolithic. Then the ashes of the catastrophic eruption of Campi Flegrei (Italy) was covered the whole of Europe \*\*. Apparently, something similar happened 64 000 years ago, and it also had glacio-tectonic cause related to compensatory displacements in the lithosphere - since 64 000 years ago was a maximum of (Lower Valdai) glaciation too.

\*Arkhipov, S.A., *The chronology of geologic events of late Pleistocene of Western Siberia*. Geology and Geophysics, 1997, v. 38, 12, 1863-1884.

\*\*Anikovich M.V., et al. *Early Upper Paleolithic in Eastern Europe and Implications for the Dispersal of Modern Humans*. Science 315, 223 (2007).

## References

- Anikovich, M.V., et al. 2007. Early Upper Paleolithic in Eastern Europe and Implications for the Dispersal of Modern Humans. *Science* 315:223.
- Antonova, V.M., and Khomenko, A.A. 2006. On the Question of Novochernomorskaya Transgression of the Azov-Black Sea Basin. *Proceedings of the International Symposium on the "Late Cenozoic Geological History of the North of the Arid Zone."* Moscow State University, Azov, Rostov-on-Don, pp. 18–20. (In Russian)
- Arhipov, S.A., 1997. The Chronology of Geological Events at Upper Pleistocen. *Geologiya i Geofizika*, 38(12):1863-1884. (In Russian)
- Badyukova, E.N. 2004. One aspect of the evidence connecting the Caspian and Black Seas in the Late Upper Khvalynian time. *Geomorphology* 2:23–31. (In Russian)
- Badyukova, E.N. 2006. When were the Black Sea and Caspian Sea connected the last time?. *Proceedings of the International Symposium on the "Late Cenozoic Geological History of the North of the Arid Zone."* Moscow State University, Azov, Rostov-on-Don, pp. 21–24. (In Russian)
- Badyukova, E.N. 2007. The Age of Khvalynian transgressions of the Caspian Sea. *Oceanology* 47(3, May-June):432–438. (In Russian)
- Bastrikov, Y.L. 2007. Likho. Poligrafiiia Povolzh'ia, Saratov. (In Russian)
- Chubur, A.A., 1997. Mammoths of Upper Poochie. *Arkheologicheskie Pamiatniki Srednego Pooch'ia* [Archaeological sites of Middle Poochie] 6 Riazan. (In Russian)
- Doluhanov, P.M., Chepalyga, A.L., Shkatova, V.K., Lavrentiev, N.V. 2009. Late Quaternary Caspian: Sea-Levels, Environments and Human Settlement. *The Open Geography Journal* 2:1-15.
- Fedorov, P.V. 1982. The post-glacial transgression of the Black Sea and the problem of ocean level change during the last 15,000 years. In *Kolebaniia urovnia morei i okeanov za 15,000 let* [Sea and Oceanic Level Fluctuations for 15,000 Years], Kaplin, P.A., Klige, R.K., and Chepalyga, A.L., eds, pp. 151–156. Nauka, Moscow. (In Russian)
- Gorlov, U.V., Porotov, A.V. and Stolyarova, E.V. 2004. To assess changes in the level of the Black Sea in the ancient period on archaeological and paleogeographic evidence. *Drevnosti Bospora* [Antiquities of the Bosporus] 7:117–128. (In Russian)
- Groswald, M.G. 1989. The Last Great Glaciation of the USSR "Znanie," Moscow. (In Russian)
- Karafet, T.M., Mendez, F.L., Meilerman, M.B., Underhill, P.A., Zegura, S.L., and Hammer, M.F. 2008. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Research* 18:830–838.

Klyosov, A.A. 2009. Haplotypes of the Southern Baltic and Russian Slavs: Four Tribes?. *Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii* [*Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*] 2(4):578-589. (In Russian)

Lazukov et al, 1981. *The Nature and Ancient Man*. Mysl, Moscow. (In Russian)

Matyushin, G.N. 1995. Archeological dictionary. "*Prosveschenie*", Moscow. (In Russian)

Petterson, O. 1914. , Climatic Variations in Historic and Prehistoric Time. *Svenska Hydrografisk-Biologiska Kommisionens Skrifter*. 5:26.

Poliakova, E.I., 1995. Arctic seas at Upper Cenozoic era. *Nauchnyi mir*, Moscow. (In Russian)

Rozhanskii, I. 2011. DNA genealogy and documented pedigrees. Alliance or conflict?. *Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii* [*Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*] 4(1):4-19. (In Russian)

Verhoogen, J., et al. 1970. *The Earth. An Introduction to Physical Geology*. Holt. Rinehart and Winston, Inc.

Yakushev, D.I. 2008. Geoinformation Modeling of Space-Time Geophysical Processes with Polyharmonic Structure. Dissertation for the Degree of Doctor of Technical Sciences. "*LETI*", St. Petersburg. (In Russian)

Yanina, T.A. 2009. Paleogeography of the Ponto-Caspian Basin in the Pleistocene Based on Analysis of Mollusks. Dissertation for the Degree of Doctor of Geographical Sciences. *Moscow State University. Department of Geography*. Moscow. (In Russian)

Yurkovets, V.P. 2010. Climatic correlations. *Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii* [*Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*] 3(2):301-325. (In Russian)

Yurkovets, V.P. 2011a. Climatic Correlations. Continued. *Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii* [*Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*] 4(1):66-80. (In Russian)

Yurkovets, V.P. 2011b. ... And again, the discovery of China. *Vestnik Rossiiskoi Akademii DNK-Genealogii* [*Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*] 4(3):591-621. (In Russian)

# ОБСУЖДЕНИЕ ОСНОВНЫХ ПОНЯТИЙ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ

А.А. Клёсов

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

**О понятиях "базовый гаплотип", "модальный гаплотип", "предковый гаплотип", «медианный гаплотип».**

Базовый гаплотип - это максимально возможное приближение к предковому гаплотипу для рассматриваемой популяции. «Максимально возможное приближение» - это расчетный или визуально определяемый гаплотип при соблюдении правил ДНК-генеалогии. Каждая ветвь на дереве гаплотипов - это популяция, каждая подветвь (если выделяется) - это популяция, каждое дерево гаплотипов - это популяция, все люди на планете - это популяция. И у КАЖДОЙ популяции есть СВОЙ предок, со СВОИМ базовым гаплотипом. И от КАЖДОГО базового гаплотипа отсчитывается возраст КАЖДОЙ данной популяции. Ваш пра-прадедушка имел базовый гаплотип для всех его потомков, которых может быть несколько десятков мужчин, и для этой популяции в несколько десятков человек можно рассчитать возраст популяции, который окажется, например, 150 лет, с определенной погрешностью, которую тоже можно рассчитать по определенным правилам.

При возрасте популяции в 150 лет количество потомков-мужчин может варьироваться в довольно широких пределах, и составлять, например, полсотни человек (если в каждом поколении выживало в среднем по два мальчика), или более пятисот мужчин, если в каждом поколении выживало в среднем три мальчика. Последнее - весьма редкий случай, но бывает.

150 лет - это примерно шесть поколений (по 25 лет на поколение), и в качестве примера можно привести мою генеалогическую линию. Это - 1580 → 1605 → 1630 → 1655 → 1684 → 1713 → 1757 → 1777 → 1799 → 1827 → 1867 → 1898 → 1923 → 1946 → 1968 → 1990. На 15 поколений - 410 лет, по 27 лет на поколение, и последние шесть поколений заняли 163 года, опять по 27 лет на поколение. Хотя, конечно, примеры могут быть разные.

Если протестировать на ДНК всех потомков, и собрать, например, 200 гаплотипов, то после шести поколений, или примерно 150 лет, в 200 25-

маркерных гаплотипах будет накоплено в среднем 55 мутаций, в 37-маркерных гаплотипах – 108 мутаций, в 67-маркерных гаплотипах - 144 мутации. Другими словами, из 200 гаплотипов останутся немутированными 151 гаплотип в 25-маркерном формате, 116 гаплотипов в 37-маркерном формате, и 97 гаплотипов в 67-маркерном формате.

Это можно проверить следующим образом:

$$\ln(200/151)/0.046 = 6.11 \pm 0.79, \text{ или округленно } 6 \text{ поколений.}$$

$$\ln(200/116)/0.09 = 6.05 \pm 0.83, \text{ или округленно } 6 \text{ поколений.}$$

$$\ln(200/97)/0.12 = 6.03 \pm 0.86, \text{ или округленно } 6 \text{ поколений.}$$

Здесь 0.046, 0.09 и 0.12 – константы скорости мутации для 25-, 37- и 67-маркерных гаплотипов.

Итак, при рассмотрении 25-маркерных гаплотипов у 200 потомках 151 гаплотип останется неизменным, и 49 гаплотипов будут мутированными в самых разных вариантах.

Как видно, число базовых гаплотипов уменьшается при росте протяженности гаплотипа, потому что возрастает вероятность мутаций на большем числе маркеров. 37-маркерных гаплотипов будет уже примерно 116, 67-маркерных – примерно 97. «Примерно» - это потому, что статистика дает разброс.

Ясно, что неизменные, немутированные гаплотипы и будут базовыми, и их в данном случае можно без опасения называть «предковыми». «Модальными» гаплотипами их в таких случаях не называют, хотя любители наверняка найдутся. Не называют их и «медианными». У каждого из этих терминов есть своя область использования.

Например, если бы где-нибудь в Рязани протестировали пару сотен человек, то можно предсказать, что в гаплогруппе R1a1, например, самым повторяющимся будет гаплотип, начинающийся на

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

А может, будет и такой

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

Такой наиболее часто повторяющийся в каком-нибудь регионе гаплотип иногда называют «модальным». Назвать его «предковым» можно, но неаккуратно и с большой натяжкой. На самом деле неизвестно, был ли у этой именно популяции предок с именно таким гаплотипом. Если внимательно посмотреть, то модальным, например, окажется первый гаплотип из приведенных выше, его в списке будет 86, а второго будет 78, всего на несколько гаплотипов меньше. То есть тестировали смесь разных потомков от разных общих предков. По критериям ДНК-генеалогии этот «модальный» не то что предковым, а даже «базовым» назвать нельзя. Надо применять специальные критерии, разделять смесь гаплотипов по ветвям, и для каждой ветви считать базовый гаплотип и время до его образования.

Иначе говоря, «модальный гаплотип» - это упрощенный жаргон, когда говорящий использует научно некорректное (как правило) понятие, просто для удобства и для того, чтобы хоть как-то обозначить популяцию, пусть смешанную. Но этот термин любят популяционные генетики, которые не знают ни критериев, упомянутых выше, и которые не представляют, как корректно работать с гаплотипами и их мутациями.

Итак, каждый базовый гаплотип (включая перечисленные выше) может быть определен при наличии некоторого числа гаплотипов рассматриваемой популяции. Чем больше гаплотипов - тем точнее приближение к настоящему базовому гаплотипу популяции, то есть к предковому гаплотипу. Поэтому базовый гаплотип - не обязательно предковый, но к нему стремится. Это то, что дает ДАННАЯ популяция.

При смеси разных ДНК-генеалогических линий, да еще древних, модального гаплотипа вообще может не быть. Или его, «модального», может оказаться два-три, и они уже «модальные». О том, что это может быть просто случайно совпавшие гаплотипы с разной судьбой и относящиеся к разным ветвям, популяционные генетики обычно не думают. Именно так был в свое время порожден «модальный гаплотип коэнов» - смесь разных ДНК-генеалогических линий, в основном евреев и арабов, причем арабов и не стали рассматривать, чтобы не портили картины. А у арабов этот «модальный гаплотип коэнов» идет как минимум с 9-тысячелетней давности.

Я как-то имел беседу с известным американским журналистом, обладателем многих престижных премий по научной журналистике. Он написал целую книгу про «модальный гаплотип коэнов». Когда я ему стал объяснять про мутации и критерии правильного анализа «модальных гаплотипов», он поскущел, и сказал, что это “above my pay”, то есть выше уровня его разума. Я понимаю, что выше, тем более что вообще удобно не думать, а просто выдавать «жареный материал», что журналисты обычно и делают.

Итак, некоторые используют понятие "модальный" гаплотип как "наиболее часто встречающийся в данном регионе" или "среди определенной популяции". Это по определению и есть базовый гаплотип для данной популяции, для рассмотренных людей в данной выборке.

Еще раз повторяю то же самое, но другими словами, если не всем понятно. "Модальный гаплотип коэнов" и есть по определению наиболее часто встречающийся гаплотип протестированных коэнов, который в чудовищном приближении растространили на всех коэнов. То есть по умолчанию его назвали "предковым гаплотипом коэнов", потому и отнесли к библейскому Аарону. Что оказалось неверным по ряду причин. Это - базовый гаплотип популяции Аравийского полуострова возрастом примерно 9 тысяч лет, которого у арабов намного больше, чем у евреев. 4000 лет назад этот же гаплотип был общим у евреев и арабов, что можно отнести к библейскому Аврааму. А коэны имеют этот гаплотип примерно с 10-го века нашей эры.

Так что "модальный" гаплотип - это некое понятие, которым в приближении обозначают для наглядности некую выделенную популяцию, например "атлантический модальный гаплотип", и который не претендует на строгий научный подход. Можно говорить о "рязанском модальном гаплотипе", о "пензенском", но отношение к конкретной и научно обоснованной (по знаниям сегодняшнего дня) ветви конкретной гаплогруппы он прямого отношения не имеет. "Модальный гаплотип" - это популярное, разговорное понятие, упрощающее суть вопроса, но вполне наглядное. Дань наглядности в ущерб истине.

"Медианный гаплотип" не вносит ничего нового. Так иногда называют дробный базовый гаплотип, когда уже от дробного ведутся расчеты. Но дробность получается тогда, когда в выборке остались неразделенные ветви. Например, в выборке всего шесть 67-маркерных гаплотипов, что (тем не менее) более 400 аллелей, и первое, порой неплохое представление о возрасте общего предка этих шести человек можно получить. Но одна аллель дает три "24" и три "25". Базовая аллель получается 24.5. То есть там как минимум две ветви, с 24 и 25. Выбор, какой будет больше при увеличении числа гаплотипов, сделать пока не представляется возможным, но на расчеты это в данном случае не влияет. Они все равно приблизительны. Назвать это "медианным" гаплотипом можно, но это по факту ничего не даст. Это - приближенный, условный, примерный базовый гаплотип. Надо просто набирать большую статистику, и вопрос решить.

## Как недавние (по общему предку) серии гаплотипов могут указывать на наличие древнего общего предка рассматриваемых популяций

Вопрос читателя:

*Где можно найти данные о древности возраста гаплогруппы R1b1 уйгуров и казахов? Не могу найти нигде про 16000-летние их гаплогруппы R1b1. На iGENEA и Eupedia настаивают, что они не древнее 3500 лет и попали туда с Тохарцами!*

В этом вопросе как минимум две темы. Первая – как наличие популяций «не древнее 3500 лет» может свидетельствовать о корнях этих популяций давностью 16 тысяч лет, и вторая – откуда тогда взялись указанные тохарцы? Они-то попали ОТКУДА?

Приведу для примера дерево гаплотипов (Клёсов, Вестник №5, 2011) по доступным гаплотипам современной Африки, гаплогруппа А. На нем видны три ветви. Возраст ветви слева – 550±110 лет (расчеты проведены в ссылке выше). Возраст ветви справа вверху – 550±140 лет. Остановимся пока на этих двух ветвях. Их базовые гаплотипы следующие:

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

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**

Между этими базовыми гаплотипами 86 мутаций. Это помещало бы общего предка этих двух гаплотипов при формальных расчетах на 22 тысячи лет назад, но напрягает то, что больше всего мутаций – 43 – на самой медленной панели гаплотипа. На первых трех панелях там 18, 11 и 14 мутаций. Это означает, что общий предок их настолько древний, что детальные 67-маркерные гаплотипы уже не подходят для такого анализа. Возвратные мутации на «быстрых» первых трех панелях там вихлятся взад-вперед настолько быстро и часто (в масштабе жизни древнего общего предка), что искажают картину. Поэтому перейдем на «медленные», 22-маркерные гаплотипы. Базовые значения такие:

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 до пяти (!) мутаций на медленных маркерах. Это помещает их общего предка на 106 тысяч лет назад. Привлечение третьей ветви дерева позволило и дальше уточнить время жизни общего предка всех трех ветвей, которое оказалось 85 тысяч лет назад. А ведь сами ветви всего примерно 500 лет «от роду»!

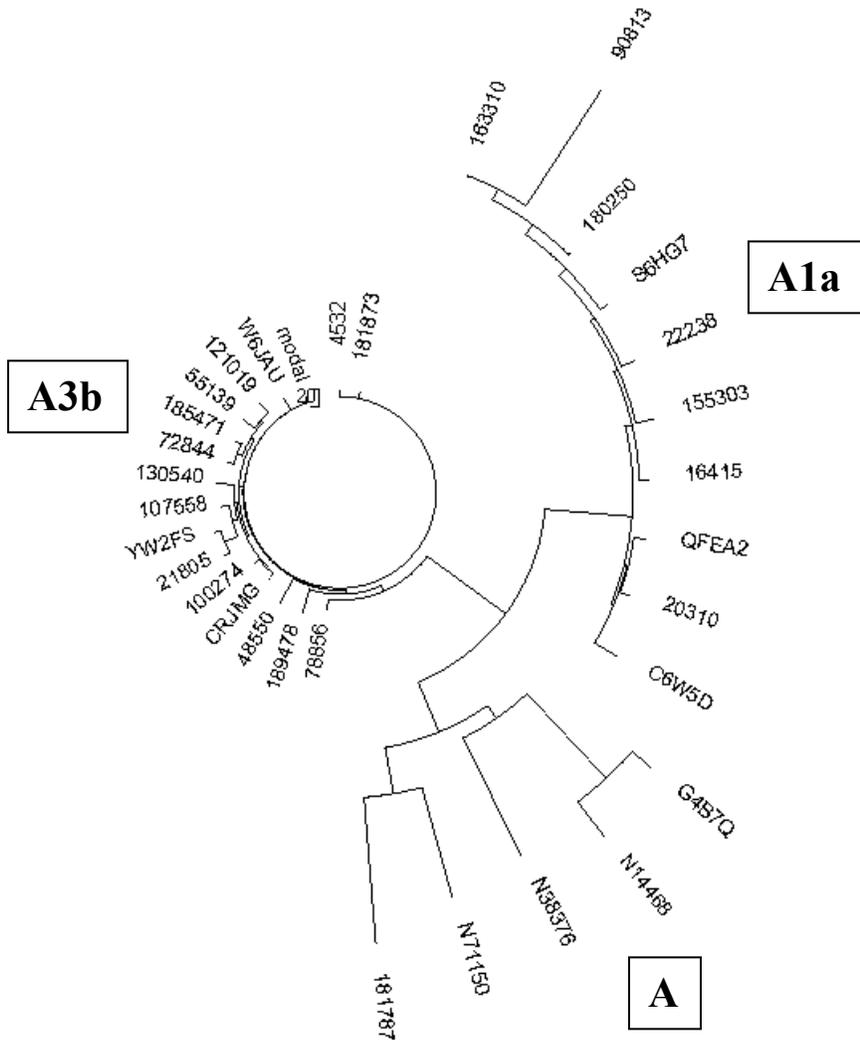
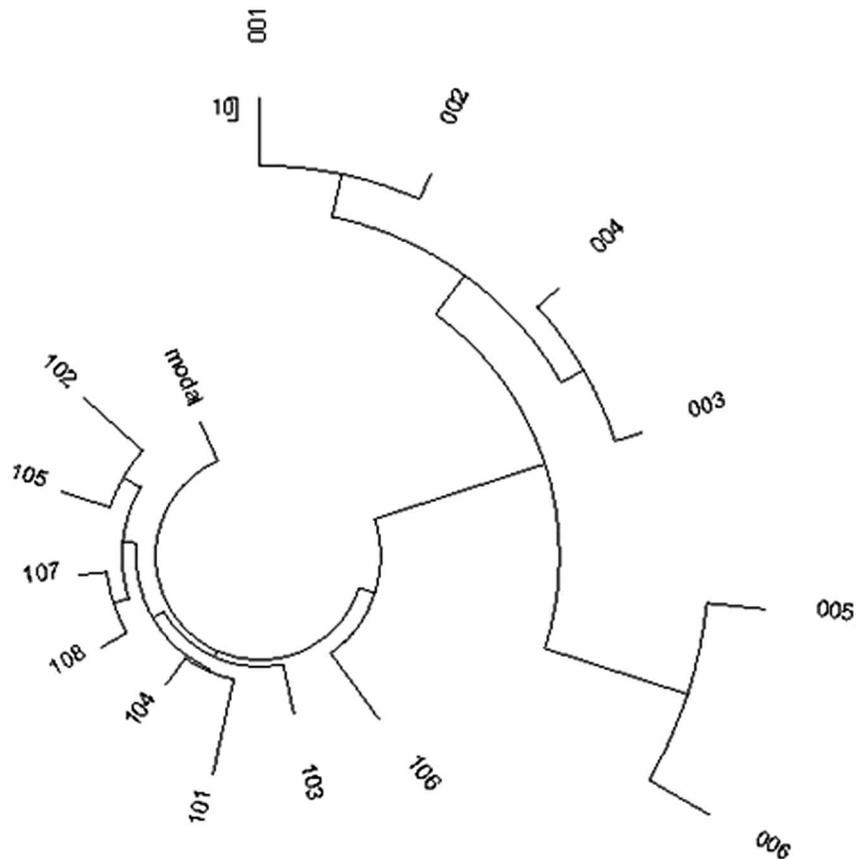


Рис. 1. Дерево из 31 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы А с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch и «африканского проекта» FTDNA (<http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject&section=yresults>). Отмечены предположительные субклады гаплогруппы (Клёсов, 2011).

В этом и суть ДНК-генеалогии, что она позволяет реконструировать

народов, племен на основании картины ДНК наших современников. Эти две африканские группы (ветви гаплотипов) прошли недавно, всего около 500 лет назад «бутылочное горлышко популяции». Это означает, что новый отсчет популяции начался с тех, кто положил начало новым ДНК-линиям, а на самом деле не начало положил, конечно, а продолжил линию своих предков. Возможно, что оба были африканскими рабами, вывезенными из Африки 500 лет назад, и здесь «бутылочное горлышко» понятие уже иносказательное. Но мы не знаем, как там на самом деле было. Возможно, что вариант «последнего из могикан», когда все племя вымерло и остался один человек, который выжил и продолжил род.



**Рис. 2. Дерево из 14 25-маркерных среднеазиатских гаплотипов гаплогруппы R1b (Клёсов, 2008)**

Примерно то же самое произошло с упомянутыми казахами и уйгурами. Те популяции, представители которых были тестированы, ведут свое «начало», а на самом деле продолжают род, с относительно недавнего времени. Выше, например, дерево гаплотипов группы узбеков, таджиков, тувинцев, уйгур, казахов, все гаплогруппы R1b (Клёсов, 2008)

Для правой ветви базовый гаплотип следующий:

13 22 14 11 13 17 12 12 12 13 13 30 -- 15 9 9 11 11 23 15 20 29 12 15 15 17

Все 6 гаплотипов в сумме имеют 25 мутаций, что дает  $2500 \pm 560$  лет до общего предка. Это – довольно обычные времена жизни общих предков ветвей гаплогруппы R1b в Европе, и можно было бы полагать, что у приведенных шести гаплотипов он имеет европейское происхождение. Однако это не так, как будет показано ниже.

На самом деле то, что мы приняли образование справа на дереве за одну ветвь, это приближение. Видно, что там две подветви, а то и три. Посмотрим, что даст расчет для всех трех ветвей. Он даст три базовых гаплотипа

13 22 14 11 13 17 12 12 12 13 13 30 -- 15 9 9 11 11 23 15 20 **31** 12 **14/15** 15 17

13 22 14 11 13 17 12 12 **13** 13 13 30 -- 15 9 9 11 11 23 15 20 29 12 15 15 17

**14 24** 14 **13** 13 **16** 12 12 12 13 13 **31** -- **16/17** 9 9 11 11 **23/24** 15 20 29 12 15 15 17

из которых первые два составляют одну ветвь, с общим предком 1000 лет назад, и общий предок второго базового гаплотипа жил всего 540 лет назад. Между этими ветвями, однако, 10 мутаций, что разводит их общих предков на 6900 лет, и помещает общего предка всей правой половины дерева на  $(6900+1000+540)/2 = 4220$  лет назад. Как видно, это значительно древнее, чем  $2500 \pm 560$  лет назад, рассчитанные выше. Вот эта недооценка и есть цена, которую приходится платить за расчеты «чихом», не разделяя ветви.

Но это только одна среднеазиатская ветвь гаплогруппы R1b. Другая, левая ветвь на дереве гаплотипов (рис. 2) более однородная, и имеет базовый гаплотип

13 19 14 11 13 13 12 12 14/13 14 13 30 -- 17 9 9 11 11 23 15 19 33 12 15 15 16

Общий предок всех восьми человек с этими гаплотипами жил совсем недавно по историческим меркам. Все восемь гаплотипов в сумме имеют всего 18 мутаций во всех 8 гаплотипах, что дает  $18/8/0.046 = 49 \rightarrow 52$  поколений, или  $1300 \pm 330$  лет до общего предка. Но между приведенными базовыми гаплотипами двух половин дерева – 17.5 мутаций, что разводит их общих предков на 15 тысяч лет эволюционного развития гаплотипов, и помещает ИХ общего предка на 10300 лет назад.

А ведь мы еще не вышли за пределы Центральной Азии, к тому же для популяции всего в 14 гаплотипов. Ясно, что при расширении охватываемых

популяций их общий предок будет скорее уходить в древность. Но пока что есть, то есть.

Взглянем для сравнения на типичный западноевропейский базовый гаплотип, скажем, субклада R312 гаплогруппы R1b1a2:

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

Он различается с двумя среднеазиатскими базовыми гаплотипами на 16 и 20,5 мутаций, соответственно, принимая во внимание палиндромные мутации в европейском гаплотипе, которые занижают число мутаций. Это означает, что общий предок европейского базового гаплотипа и двух среднеазиатских жил между  $(13100+4000+10300)/2 = 13,700$  и  $(19175+4000+10300)/2 = 16,700$  лет назад. А поскольку носители европейской гаплогруппы R1b пришли из Азии, то древний общий предок к Азии и относится. Причем по указанным причинам его возраст скорее всего занижен. Анализ других среднеазиатских гаплотипов гаплогруппы R1b-M73 определяет возраст общего предка гаплогруппы R1b в Азии между 16 и 20 тысячами лет.

Вторая тема вопроса связана с ответом со стороны *iGENEA* и *Eupedia*, и даже, как написал автор, *настаивают*, что гаплотипы уйгуров и казахов *попали туда с Тохарцами*. Как мы видели, эти гаплотипы на 13-19 тысяч лет отстают от европейских гаплотипов. Повторяю встречный вопрос - откуда тогда вообще взялись указанные тохары? Они-то попали ОТКУДА? Что такое «попали туда» с тохарами? Откуда вообще у *iGENEA* и *Eupedia* сведения, что тохары были R1b?

Итак, из Европы эти, про кого «настаивают», прийти не могли, туда R1b вообще сами пришли только около 5 тысяч лет назад, и совсем с другим гаплотипом, многократно мутированным за тысячи лет. Судя по структуре гаплотипов, они пришли из Азии, причем из Центральной Азии. Всё, круг замкнулся. Это они и есть, с возрастом древней популяции примерно 16 тысяч лет. Как их ни называть, тохарами или иначе. Как гласит старинная британская поговорка, если тохар ходит как тохар, выглядит как тохар, и крикает как тохар, то это тохар и есть. Примерно так.

К сожалению, в популяционной генетике, которую и представляют те самые *iGENEA* и *Eupedia*, имеется множество басен, которые бросают походя, совершенно безосновательно. То, что описал автор вопроса, это один из типичных примеров. Пока о тохарах известно лишь то, что гаплогруппа мумий, обнаруженные в Таримском бассейне, и которые приписывают тохарам или их потомкам, оказалась у всех «тохар» без

исключения R1a1. Но поскольку сами гаплотипы этих «тохар» не определяли, или они не опубликованы, то вопрос остается открытым.

То, что мы часто видим как недавние гаплотипы древних популяций – это фрагменты некой пирамиды, идущей из глубокой древности. Один фрагмент пирамиды – это гаплотипы уйгуров и казахов. Другой фрагмент – современные европейские гаплотипы. Если сравнить – последние колоссально отличаются от гаплотипов уйгуров и казахов, как показано выше, на 15-20 тысяч лет. Это – другой бок пирамиды. Гаплотипы кавказцев – посередине, третий бок пирамиды. И сопоставление этих фрагментов позволяет найти вершину пирамиды (прием, известный в инженерии), и она – примерно 16 тысяч лет назад, причем выходит из Центральной Азии. В Европу они приходят только 4800 лет назад.

Вот этим и занимается ДНК-генеалогия. iGENEA и Eupedia этого не понимают, и методологией не владеют. Это, повторяю, популяционные генетики.

## **О крайне медленных мутациях в гаплотипах**

Четыре самых «медленных» маркера в 67-маркерной (и в 22-маркерной) панели гаплотипов – это DYS472, DYS425, DYS436 и DYS426. Константы скорости их мутаций 0.00001, 0.00005, 0.00006 и 0.00009, соответственно. Это означает, что они мутируют в среднем раз в 100 тысяч поколений, 20 тысяч, 18 тысяч и 11 тысяч поколений, соответственно, то есть раз 2.5 миллионов лет и до раз в 275 тысяч лет.

Это порой приводит к «ментальной» путанице у начинающих любителей ДНК-генеалогии – как такое может быть, что маркер не должен мутировать за все время существования человечества, и тем не менее мы видим эти мутации в гаплотипах.

Действительно, эти мутации очень медленные, и как заметил коллега на сайте «Родство», в гаплогруппе T, например, три из этих маркеров (DYS426, 472 и 436) образуют стабильную тройку 11-8-12, которая проходит почти по всем субкладам без изменений. Эту тройку он сопоставил для разных гаплогрупп, и получил, что для большинства гаплогрупп (C, D, E, F, H, I, J, O, N, L, T) там те же 11-8-12, затем DYS426 переходит на аллель 11→12, и вся тройка становится 12-8-12 (гаплогруппы P, Q, часть гаплогрупп R). Здесь указано, что только часть гаплогрупп R, и это относится к R1a, R1b1a2, R2, и ветви R1b1, потому что ветвь (субклад) R1b1a имеет уже 11 8 12, как бы вернувшись к ранним значениям троек.

От всей этой системы отходят только гаплогруппы А и В, у которых эти тройки равны 12-8-11 и 11-8-11. Но, как было недавно показано (Клёсов, 2011), гаплогруппа А вообще образует отдельную ветвь дерева гаплотипов человечества, как и гаплогруппа В, которая отходит отдельной ветвью от неафриканских гаплогрупп. Маркер же DYS472 у всех один и тот же, и равен 8. То есть это – древнейший маркер рода человеческого. Как написал коллега в дискуссии – «можно предположить, что он не мутировал со времён *Homo habilis*». И далее коллега стал проводить расчеты по этим трем маркерам.

Я в ответ написал, что эти соображения по расчетам по трем маркерам могут быть верными, а могут быть и нет. Это примерно соответствует принципу неопределенности в квантовой механике. У ДНК-генеалогии есть свой принцип неопределенности, который сводится к невозможности принятия древних значений одиночных аллелей как непрерывные. Например, аллель 8 вовсе не обязательно начинается с *Homo habilis*. Она могла быть у того, кто прошел бутылочное горлышко популяции, например, 140 тыс лет назад. А до него могла быть 7 или 6, но сгинула, не прошла бутылочное горлышко.

Далее, то, что мутация у DYS472 происходит раз в 2.5 млн лет - это только в среднем, и только в одной ДНК-генеалогической линии. Она на самом деле происходит в среднем раз на 2.5 млн РОЖДЕНИЙ МАЛЬЧИКОВ. Именно потому мы видим там мутации при рассмотрении разных линий. Но эти мутации редкие, поэтому в базовые не попадают.

Поэтому то, что можно видеть в той тройке маркеров - это смесь закономерностей и игры случая. При анализе надо непременно смотреть, откуда эти значения появились, какова там статистика, какое там было время до общего предка. Потому что если это время в соответствующем субкладе относительно немного лет, то цифра вполне могла перескочить даже для очень медленного маркера. Подвернулся тот мутированный мальчик, стал общим предком 1000 лет, или 5000 лет назад - и цифра поехала.

Именно потому нет большого смысла вести анализ по отдельным маркерам, как к тому иногда призывают. У меня были в свое время на этот счет большие дискуссии с одним из наших авторов, который в итоге покинул наш Форум. Он воспринимал буквально, что если есть мутация в медленном маркере, то она и произошла десятки тысяч лет назад. То, что она могла произойти вчера в соседнем роддоме, он не воспринимал. Любые медленные мутации происходят в мире каждый день, и сохраняются в потомстве. А потом могут попасть в базовые гаплотипы. Только статистика выручает.

Я уже писал о том, что при броске монеты 300 раз подряд в среднем один раз выпадает шестерка орлов (или решек) подряд. Так и мутация в DYS472 может пройти дважды подряд - от отца к сыну и от сына внуку. А потом больше никогда не происходит. А может и произойти. Но в среднем, на миллионы рождений - раз на 2.5 миллиона.

Вот это и есть выражение принципа неопределенности при малой статистике.

### **Еще раз о репрезентативности выборок гаплотипов, рассматриваемых в ДНК-генеалогии**

Часто людьми, мало понимающими как в статистике, так и в ДНК-генеалогии, высказывается глобальное недоверие к результатам расчетов времен жизни предков популяций. Основной аргумент их в том, что на основании десятков или сотен гаплотипов нельзя судить о составе гаплогрупп в огромной стране, как, например, Россия. При этом начинаются вычисления пропорций, что, например, 200 гаплотипов по отношению к 70 миллионам мужчин в России - это на уровне десятитысячных долей процентов, а значит, получаемые данные не имеют никакого смысла.

Мало того, что эти люди не имеют понятия о том, что лежит в основе работы с выборками в десятках и сотнях направлений промышленности, о том, как работает контроль качества изделий на предприятиях, и о том, что в основе подобных измерений лежит понятие о доверительном интервале, который всегда разный при разных требованиях к точности оценок. Эти люди, видимо, не понимают, или не могут ментально связать с поднимаемым ими вопросом, что для анализа крови у пациента вовсе не надо выкачивать ВСЮ кровь, а часто достаточно доли миллилитра, что на уровне тысячных долей процента от объема крови у взрослого человека. Что для того, чтобы прийти к выводу, что море соленое, вовсе не надо выпить все море, или хотя бы попробовать вкус воды в каждой бухточке Мирового Океана.

Наконец, они просто не знают, что гаплогруппный состав мужчин Российской Федерации изучался уже не менее десятка раз в независимых выборках по несколько десятков и сотен человек, и гаплогруппа R1a1, например, неизменно получалась 47-48% от всех тестируемых. Да пусть получалась бы на уровне  $45 \pm 5\%$ , что бы это изменило при том вопросе, который обычно задается? Кто в здравом уме будет ставить вопрос о неперменной точности в долю процента при таких исследованиях? Далее,

при переходе к минорным гаплогруппам, таким, как R1b1, точность понижается, но понижаются и требования к доверительному интервалу расчетов, и получаемые цифры на уровне 3-6% вполне удовлетворяют исследователей.

Наконец, в ДНК-генеалогии прекрасно понимают, что получаемые цифры всегда относятся именно к ТОЙ популяции, на которых получены, то есть к тем двадцати, пятидесяти или сотне человек, которых тестировали и для которых определили гаплотипы. И только если неоднократные тестирования по данной общей популяции дают близкие результаты, то эти цифры принимаются за типичные для данной популяции. Но при этом всегда понимают, что возможны отклонения при каких-то будущих измерениях, но эти отклонения будут иметь свою причину. И вот эти-то причины порой и есть самое интересное для ДНК-генеалогии. Как, например, обнаружение локального «пятна» R1b1 в Центральной Африке, в Камеруне и Чаде. Как выброс гаплогруппы R1b1a2 среди ассирийцев, предполагаемых потомков шумеров. Как обнаружение необычно высокого количества гаплогруппы I среди американских индейцев. И таких – десятки находок, каждая из которых легла в основу увлекательного повествования на исторические темы, и – само собой – в основу научных публикаций.

С этого же вопроса я и начал комментарий на сайте «Родство», который в сокращенном виде приведен ниже. Он был ответом на негативные высказывания случайного посетителя на сайте, которые я и использовал для рассмотрения данной темы. Тема известная, и малограмотный (в этом отношении) посетитель дал повод обсудить данный вопрос. .

\*\*\*\*\*

Негативный комментатор упорно не понимает, что понятие "рассматриваемая популяция" относится именно к РАССМАТРИВАЕМОЙ ПОПУЛЯЦИИ, 1000 там человек или 30. Расчеты даются для ОБЩЕГО ПРЕДКА этих 1000 или 30, или пяти человек. Это о них речь, чей общий предок жил раньше или позже. А уж насколько это можно отнести ко ВСЕМ людям того или иного региона, говорят другие соображения. Например, в Индии масса разных гаплогрупп, поэтому к ним это не относится. Поэтому относить определенный процент, полученный для одной гаплогруппы, к 1.2 млрд индусов, большинство из которых относится к другим гаплогруппам, равно как 130 млн носителей гаплогруппы R1a1, которые относятся к разным ветвям, у каждой из которых свой общий предок (у древнейших – примерно 10 тыс лет назад), это и есть агрессивное невежество, которое наш посетитель раз за разом демонстрирует.

Вопрос о репрезентативности выборок на примере этнических русских

гаплогруппы R1a1 мной неоднократно рассматривался на разных выборках в разные годы тестирования и на разных территориях. Оказалось, что в целом выборки и годы не имели значения, время жизни общего предка колеблется в интервале показанной погрешности. А вот по территории есть некоторая разница - от 47% в целом по 12 областям центральной части России до 62% на юге, в Орловской и Курской областях. Ну, и что это меняет в принципе?

По баскам было много выборок, R1b варьируется от 85% до 93%. Ну и что эта вариация меняет в принципе?

Но поскольку таких негативных комментаторов было уже немало, я попробую разделить их комментарии по концептуальным частям, по сути, и высказать соображения от общих до конкретных.

## ЧАСТЬ 1

Все науки развиваются, во всех на новых направлениях есть масса вопросов, есть масса гипотез и предложений, и они отбираются, проверяются экспериментом, данные уточняются, и все опять далее идет по спирали, поднимаясь с каждым витком выше и выше. То же самое и в ДНК-генеалогии. Истины не знает никто и знать не будет. Но есть данные, которые, умножаясь со временем, ведут к более или менее выверенным результатам, выводам, гипотезам и положениям.

Так вот, агрессивно-негативно цепляться к тому, что мы не знаем истину во всех положениях, которые мы рассматриваем, по меньшей мере неумно. А на самом деле, это признак мозга комментатора, не способного к науке. Где «истина» в происхождении человека, в терминах антропологии? Где истина в происхождении жизни на Земле? В происхождении жизни вообще? Никакой человек, склонный к науке, не станет к этому негативно-агрессивно цепляться, все понимают, что есть нерешенные вопросы, есть гипотезы, надлежащие проверке, и есть положения, принятые в науке за неимением лучших, более корректных, более обоснованных. Но есть люди, типа нашего негативного комментатора, которые откровенно нездоровы. Для него главная задача - показать, что истины у нас нет, и что все мы - глупцы. Его это тешит.

## ЧАСТЬ 2

Итак - мутации. Первый негативный по сути вопрос был о том, что мутации не все одинаковые по скорости, поэтому их анализ не имеет смысла. Вопрос был такой -

> разве скорость протекания химических реакций всегда неизменна?

В таком виде это вопрос невежды. Скорость протекания химических реакций, естественно, не постоянна. По мере исчерпания исходного материала она уменьшается, и в конце концов реакция останавливается. Но динамика скорости реакции определяется КОНСТАНТОЙ скорости, и вот она-то постоянна, если химическая реакция одна, то есть не представляет собой наложения разных химических реакций. Так вот, те «скорости мутаций», с которыми мы имеем дело, на самом деле константы скоростей мутаций. Они – статистически постоянны для каждого маркера, и измеряются в числе мутаций на маркер на поколение.

В принципе, постоянство констант скоростей мутаций – не есть нечто заданное, оно могло бы и меняться со временем или у разных людей, или у разных популяций, но такого не найдено. В целом вся совокупность полученных на сегодняшний день данных говорит о том, что константа скорости мутации для каждого маркера в гаплотипах Y-хромосомы ДНК – величина неизменная на протяжении миллионов лет и для самых разных популяций. В некоторых работах это называют «молекулярные часы». Это не есть окончательно доказанное положение, но все пока говорит в пользу этого положения. Если что-то будет найдено противоречащее ему, то это будет либо исключение, которому будут найдены причины, либо положение будет подправлено соответствующим образом.

Пока все якобы «данные», которые скороспело были показаны (как правило, на частных сайтах) как противоречащие этому положению, оказывались либо ошибочными, либо подтасованными. Как правило, это были данные на малом числе маркеров, и статистически некорректно обрабатывались, или не обрабатывались вообще. Как получилось, так и показали, но с «глобальными» выводами.

Наиболее разумная интерпретация этого постоянства констант скоростей мутаций на маркерах (у каждого маркера своя) сводится к тому, что есть фермент ДНК-полимераза, который копирует ДНК (и в итоге ее хромосомы, и фрагменты хромосом, и те самые маркеры), и копия уходит от отца к сыну. И вот этот самый фермент (а точнее, там целая фабрика ферментов) старательно копирует, скажем, DYS390 25 раз, как у отца, а поскольку Y-хромосома одна и та же, передаваясь тысячи, десятки тысяч и сотни тысяч лет, то каждое поколение этот повтор (тандем) в 25 повторов должен быть старательно скопирован, все 25 раз-повторов.

Но так в живой природе не бывает, такого постоянства в живой природе тысячи, десятки и сотни тысяч лет нет. Поэтому, следуя фундаментальным

законам природы, эта копирувальная машина время от времени дает сбой, и копирует вместо 25 раз – 24 или 26 раз. В маркере DYS390 это происходит В СРЕДНЕМ раз в 8 тысяч лет. Или в среднем раз среди 320 родившихся мальчиков. Перескоки на два повтора вниз или вверх бывают, но крайне редко.

Надо понимать, что такое «в среднем». Это вовсе не значит строго КАЖДЫЕ 320 поколений. Она может проскочить шесть раз подряд, в шести поколениях подряд, а потом мутаций не будет 1000 поколений.

### ЧАСТЬ 3

Для иллюстрации – я на днях бросал монету 300 раз подряд. Естественно, монету компьютерную, то есть вызывал генерацию орла и решки неупорядоченным способом. Из 300 раз 146 раз выпал орел (48.7%), и 154 решка (51.3%). Статистически это в пределах погрешности, поскольку это дает  $146 \pm 8$  и  $154 \pm 8$  раз - с одной сигма, и  $146 \pm 16$  и  $154 \pm 16$  с двумя сигма (95% надежности). Так что, как видим, даже в таких простых системах погрешности довольно значительны. Но не это главное. А то, что в этих бросках монеты - из 300 бросков - орел с последующей решкой выпал только 40 раз, а решка с последующим орлом - 44 раза. Все остальные броски давали орлы и решки несколько раз подряд: орел два раза подряд 26 раз, три раза подряд 11 раз, четыре раза подряд 4 раза, и один раз орел выпал 5 раз подряд. Решка подряд выпадала - дважды 19 раз, трижды 7 раз, четырежды 6 раз, пять раз подряд 3 раза, и шесть раз подряд - 2 раза. Все это - из трехсот бросков.

В пересчете на сто бросков монеты, то есть переходя к процентам, единичные выпадения (орла, окруженные решками, или наоборот) были 13.3% (орлы) и 14.7% (решки), двойки 8.7% и 6.3%, тройки 3.7% и 2.3%, четверки 1.3% и 2.0%, пятерки 0.3% и 1.0%, и шестерки 0 и 0.7%, соответственно. В среднем, получим 14.0%, 7.5%, 3.0%, 1.65%, 0.65%, и 0.35%. Теоретически, с расчетом по формулам комбинаторики, получается 12.5% (единичные орлы и решки), 6.25% (два подряд), 3.125% (тройки), 1.56% (четверки), 0.78% (пятерки), 0.39% (шестерки).

То же самое происходит и с мутациями. Потому мы обычно сопровождаем рассчитываемые времена до общих предков величинами доверительных интервалов. Те, кто этой статистики не чувствует (а для того и стоит бросать монету, чтобы это чувство прививать), типа нашего негативного комментатора, принимают статистические отклонения как "система не работает", "считать нельзя", и провозглашают подобную безграмотную билиберду. И суют сюда "показанные различия в мутациях белых и негров", которые на самом деле все попадают в нормальную статистику.

## ЧАСТЬ 4

Из этого же разряда непонимания следующее:

*> разве ....говорится о различии средних скоростей мутаций в различных участках ДНК, или дано объяснение этому явлению?*

Да, средние скорости мутации различаются в разных маркерах, и объяснение этому давно дано, см. выше. Более того, известно, что чем более протяженные маркеры (локусы) тем мутация в целом происходит реже. Здесь речь не о числе повторов, а о физической длине локуса. Статья об этом недавно подробно разбиралась в майском Вестнике за этом, 2011 год (стр. 960-967).

*> разве ... речь идет о принципиальной невозможности изменения частоты возникновения мутаций?*

Никто не говорит о "принципиальной невозможности". Просто этого никогда не видели, потому и положение о том, что средние константы скорости (или средние частоты) мутаций в одном и том же маркере одинаковы, в пределах погрешности измерений. Но есть и нюансы, например, палиндромные мутации, когда мутации могут быть двоякого характера - или одиночные, как обычно, или сразу целой мини-панелью. Скорости тех и других могут различаться, только этого пока никто не измерял. Но это не оказывает особого влияния на расчеты, если только знать, как рассчитывать, и не злоупотреблять квадратичными методами расчетов. Примеры таких исключений можно приводить, но они практически не влияют на расчеты.

Переходим к следующему разделу.

## ЧАСТЬ 5

*> Итак, возьмем для сравнения два исследования, проведенных на парах отец-сын 17-ти маркерным тестированием и посмотрим на различие средней частоты возникновения мутаций (скорости на маркер на поколение) отдельно по подгруппам европеоидов и негроидов США.*

Ссылки автор, конечно, не дает. Так что проверить достоверность не получается. Более того, все попытки найти эту статью в сети, по индексам 49572, 17, 102 (данным нашим комментатором, см. ниже), father-son и так далее такую статью не выявили. То же самое с другими числами, данными комментатором. Так что статей, скорее всего, нет. Нечего и обсуждать.

Но они не очень-то и нужны. Посмотрим на цифры, данные комментатором. Для среднения приведем наиболее значительную по объему выборку Ballantyne по почти двум тысячам парам отец-сын и для используемым ими 186 маркерами Y-хромосомы. В первых 25 маркерах там было 102 мутации, что близко к приведенному нашим комментатором примеру:

*>1. Тестирование производилось в Техасе. Результат по 49572 маркерам выявил 102 мутации во всей выборке. При этом частота мутаций на маркер за поколение у европеоидных пар составила 0,0017 (0,0011-0,0025), у латиноамериканцев 0,0015 (0,0010-0,0022), у негроидных пар 0,0030 (0,0024-0,0040).*

Так что объем выборки уже реконструирован. Тем более что две тысячи 25-маркерных гаплотипов и дают 50 тысяч маркеров, а у комментатора 49 тысяч 572. То же самое. Не исключено, что надергано из той же самой выборки. Но это даже не важно. Посмотрим, что такое сотня мутаций на две тысячи 25-маркерных гаплотипов.

А это - вот что такое. 102 мутаций на 2000 человек - это 3 мутации в DYS393, 2 мутации в DYS390, и далее 7, 5, 3, 6, 0, 0, 6, 9, 1, 6, 14 (в последнем случае - сумма двух маркеров), 4, 0, 0, 3, 2, 0, 19, 12 (в последнем случае сумма четырех маркеров).

Сразу вопрос - как так, что для ОЧЕНЬ медленного DYS393 три мутации, а для намного более быстрого DYS390 - две мутации? А вот так. Малая статистика. Помните про шесть монет, которые выпадают решкой одна за другой?

Так что искать на таких вариациях осмысленные закономерности - дело безнадежное. Нужны десятки и сотни тысяч пар отец-сын, чтобы на этом искать количественные закономерности.

В этой связи вот про ЭТО говорить не приходится:

*2. Тестирование производилось в Калифорнии. Выборка в 5950 маркеров (350 пар, стандарт Yfiler) выявила 19 мутаций типа tandemных повторов, из них 10 (в том числе - две мутации на одной паре) у подгруппы количеством 100 пар негроидов. Что при отдельном подсчете дает среднюю частоту мутаций по парам европеоидов (а также мексиканцев и выходцев из Азии) равную 0,0021 и отдельно по негритянским парам 0,0059.*

Все уже понимают, что такое 19 (!) мутаций в 350 парах отец-сын среди 5950

маркеров. И уже не удивительно, почему негроидные пары дали 0.0030 в первой выборке, и 0.0059, в два раза выше, во второй. Сделали бы третью выборку - получили бы 0.0015 или вокруг того. Погрешности, что характерно, ни авторы, ни «комментатор» не показывают.

И про это исследование говорить не приходится:

*В этой связи, показательным будет сравнение скоростей мутаций на маркер за поколение (17 маркерные тесты по стандартам Yfiler) совокупно у португальских и испанских пар отец-сын, и пар из числа бразильских креолов, т.е. потомков выходцев преимущественно с Иберийского полуострова. Та же самая картина, частота мутаций у белых бразильцев (Рио, исследование 2005 года), 8 мутаций...*

Когда в выборке суммарно 8 мутаций, то есть погрешность появления мутаций  $\pm 71\%$ , то о чем разговор? А по каждому маркеру погрешность по 70-100%, это для 68% доверительного интервала. Про 95% доверительный интервал при одной-двух мутациях говорить просто нельзя.

Как и здесь:

*>В Сан-Паоло в 2008 году провели очередное 17-ти маркерное тестирование на 222 парах отец-сын с привлечением аборигенов и бразильцев африканского происхождения. Средняя частота мутаций на локус оказалась 0,0016, что совершенно не удивительно.*

Действительно, не удивительно. Только что было 0.0030, потом 0.0059, теперь 0.0016. Прямо в точку с моим предсказанием (см. выше).

У кого еще вопросы в этом отношении есть?

*>А вот рассчитать различную скорость мутаций для популяций (племен, родов), удаленных географически и сталкивающихся с разными условиями среды обитания, нельзя.*

Она не только рассчитана, но и откалибрована, и все данные укладываются на одну и ту же калибровочную кривую, как здесь много раз демонстрировал уважаемый И.Л. Рожанский.

Там что вопрос исчерпан. До появления здесь очередного негативного комментатора.

# ДИСКУССИИ

А.А. Клёсов

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

## О драматической истории гаплогруппы R1a1 в Европе

В ответ на комментарий, что предок обеих ветвей (центрально-европейской и западно-славянской) субклада R1a1a1g-M458 жил 4-4,5 тыс. лет назад, но до настоящего времени дожили только потомки тех предков, что жили намного позже - 2700-2900 лет назад. Все остальные промежуточные звенья оказались утрачены.

Это хороший пример на пути постепенного осознания того, что случилось с R1a1 в Европе 4500-4000 лет назад. Все больше и больше данных указывает на то, что они были просто уничтожены почти полностью, кроме тех немногих случайно уцелевших, которые бежали на восток, в районы Припяти, Белоруссии, далее по Русской равнине. В итоге только два человека оказались общими предками (в терминах ДНК-генеалогии), а точнее, два гаплотипа (это могли быть не обязательно один человек, это могли быть братья, отец и сыновья, небольшое селение) оказались общими предками центрально-европейской и западно-славянской ветви, обе с древним сипом M458, часть потомков которых вернулись в Европу в 1-м тыс до н.э., в ходе переселения Европы R1a1. Возможно, среди них и были те самые кельты (группа R1a1, которая дошла до Альп и вошла в историю под именем кельтов), имя которых впоследствии было узурпировано носителями R1b1a2, которые позаимствовали и язык R1a1. Так "кельты" оказались первыми носителями индоевропейского языка в Европе (так и есть, примерно середина 1-го тыс до н.э. по данным лингвистов), поскольку остальные R1b1a2 и их предки в 2-3 тыс до н.э. говорили на доиндоевропейских языках.

Дата-период уничтожения R1a1 совпадает с расселением R1b1 по Европе. 4800 лет назад они как культура колоколовидных кубков (ККК) образовались на Пиренеях, и двинулись на север, в континентальную Европу. Гордон Чайлд называет их "вторжением брахицефалов". В период 4500-3500 лет назад Европа была заселена R1b1. R1a1 были при этом ликвидированы, остатки бежали на восток, тем более что незадолго до этого

туда уже передвинулись R1a1, с датировкой общего предка 4600-4800 лет назад. А возможно, это были одни и те же беглецы, от R1b1. Мы не знаем ситуации со всей точностью. Возможно, те же 4800 лет назад в Европу вошла и другая колонна R1b1, со стороны Балкан, а оттуда из Малой Азии, из Турции, через Босфор и Дарданеллы. Это были те же самые R1b1, разделенные с пиренейцами R1b1 (ККК) всего несколькими веками. А если еще R1b1 шли и по северному Средиземноморью, и по островам, то были вообще не разделенные, а шла одна и та же волна R1b1.

Характерно, что в тот же период времени оказались уничтоженными и носители гаплогруппы I1 в Европе, которые сейчас имеют общего предка 3300±300 лет назад, то есть конец 2-го тыс до н.э. Причем в отличие от R1a1, I1 были уничтожены столь эффективно, что и концов не осталось. Если часть R1a1 убежали на Русскую Равнину с общим предком 4800 лет назад, и сохранили его, то I1 имеют общего предка совершенно одинакового по всей Европе (кроме Скандинавии) по датировке и по базовому гаплотипу - от Англии до Урала. В Скандинавии датировка та же - 3400 лет назад, но базовый гаплотип значительно другой. То есть в то же время I1 бежали в Скандинавию, отдельной группой, и там начали новую ДНК-генеалогическую линию. Откуда пошла параллельная линия других I1 с той же датировкой, но с другим базовым гаплотипом - никто пока не знает.

Называя вещи своими именами, 4500-4000 лет назад в Европе шел форменный геноцид. Смуглые R1b1 уничтожали высоких, светловолосых R1a1 и I1 с голубыми глазами. Возможно, это то, что нашел Haak et al (2008) в Германии с датировкой 4600 лет назад, где группа R1a1 была забита каменными топорами, это и есть маленькая часть той европейской трагедии. Возможно, что "культура разбитых черепов" в Скандинавии тех же времен, описанная шведскими историками, но почему-то только на шведском языке и осталась, это отражение той европейской трагедии. А это, по данным шведских авторов - поля черепов, раздробленных каменными топорами.

Современные (и современные российские) историки в своих трудах это не описывают. А стоило бы объединить усилия с ДНК-генеалогией.

## **Некоторые соображения по ДНК-генеалогии и языкознанию**

В очерке ниже Русская равнина определяется как понятие, которое шире, чем Европейская часть России. Вот как его определяет Википедия:

**Восточно-Европейская равнина**, или **Русская равнина** — одна из крупнейших равнин земного шара, расположенная в большей, восточной

части Европы. Является частью Европейской равнины. На севере омывается водами Белого и Баренцева, а на юге — Чёрного, Азовского и Каспийского морей. На северо-западе ограничена Скандинавскими горами, на западе и юго-западе — горами Центральной Европы (Судеты, Карпаты и др.), на юго-востоке — Кавказом и Крымскими горами, на востоке — Уралом и Мугоджарами. Протяженность с севера на юг — около 2750 км, с запада на восток — около 1000 км.

На территории равнины полностью либо частично расположены Россия, Финляндия, Эстония, Латвия, Литва, Белоруссия, Польша, Германия, Украина, Молдавия, Приднестровье и Казахстан.

\*\*\*\*\*

Я с давних пор полагал, что гаплогруппа R прибыла в Южную Сибирь с Русской равнины, там разошлась на гаплогруппы Q и R. Тогда естественным образом складывается, что гаплогруппа Q своей частью ушла оттуда на север и далее в Америку, тем более что недавно опубликованы данные о том, что она ушла (хотя сама гаплогруппа не идентифицирована) примерно 45-40 тыс лет назад. Гаплогруппа R там же (или в том же регионе) образовала R1 и R2, а первая - R1a и R1b. Это всё - Центральная Азия, по географической номенклатуре.

Я пока не вижу данных, которые этому бы откровенно противоречили.

Естественно, встает вопрос, откуда на Русской равнине, или на пути с Русской равнины в Южную Сибирь появилась гаплогруппа R. Это, естественно, переадресует вопрос к появлению и динамике NOR, или сводной гаплогруппы IJKNOR (или другой сводной гаплогруппы, охватывающей указанные гаплогруппы) и еще больше упрочняет описание выше, потому что N и O - из тех же краев, алтайско-китайские, точнее, алтайско-восточноазиатские.

Дальше для анализа нужно подключать антропологическую и лингвистическую компоненты. R - европеоиды, Q, видимо, изначально тоже, хотя потом слегка измененные монголоидами, а именно монголоидными женщинами. Это понятно, сами мужчины друг друга изменить не могли. Поэтому Y-хромосомальные ДНК-генеалогические линии прямые, а антропологические варианты со временем смещаются или расплываются. Американские индейцы - антропология, видимо, смешанная, монголы Q - уже монголоиды, хотя тоже наверняка в разной степени.

В итоге складывается картина, что как NOR, так и IJK (а может, и все F, а может, и DE, хотя последние - позже отошедшая ветвь) обитали на Русской равнине, там и стали европеоидами примерно 60-50 тысяч лет назад, или те самые  $64 \pm 6$  тыс лет назад, возраст "бета-гаплогруппы" (Клёсов, 2011). Оттуда и разошлись, разнося европеоидную антропологию.

Теперь как это согласуется с лингвистикой.

То, что в лингвистике описывают как ностратическую семью языков, можно сопоставить с основной восточно-евразийской сводной гаплогруппой NOR, носители которой, видимо, обитали на Русской равнине примерно 50 тыс лет назад. В ходе миграции на восток эта гаплогруппа разошлась на гаплогруппу N, которая повела алтайскую группу языков, и затем уральскую и финно-угорскую; гаплогруппу O, которая создала сино-тибетскую языковую суперсемью, и гаплогруппу R, которая в свою очередь разошлась на гаплогруппу Q, которую сейчас имеют многие тюркоязычные народы, а также большая группа американских индейцев, и гаплогруппу R, которая в значительной степени охватывает современных носителей индоевропейской языковой семьи (в значительной степени восточно-европейская гаплогруппа R1a1 и центрально- и западноевропейская гаплогруппа R1b1). Как известно, все эти языки находят свое отражение в ностратической семье языков. Это совершенно логично, поскольку 50 тысяч лет назад все эти гаплогруппы сводились к одному племени, носителям гаплогруппы NOR, и, следовательно, к одному языку, общему для того племени. Удивительно, насколько долго смогли удержаться наиболее устойчивые фрагменты лексики этого древнего языка, которые в итоге вошли в столь разнообразные современные языковые семьи, и их «перекличка» прослеживается и сейчас, между уральскими, тюркскими, индоевропейскими, сино-кавказскими, сино-тибетскими, на-дене языками.

Естественно, ностратическая семья с позиций ДНК-генеалогии может рассматриваться на разных уровнях. Если в лингвистике это весьма условное и расплывчатое понятие, которое далеко не все лингвисты признают, то в рамках ДНК-генеалогии возникновение и динамика развития ностратической семьи языков имеет четкие рамки в пространстве и во времени – естественно, при достаточном изучении соответствующих гаплогрупп, кандидатов на носителей ностратической семьи. Ранний ностратический (евразийский) уровень – это сводная гаплогруппа IJKNOR, или соответствующая популяция, примерно 50 тыс лет назад, Русская равнина (как кандидат). Следующий ностратический уровень – сводная гаплогруппа NOR, опять предположительно Русская равнина, или на пути с Русской равнины к Южной Сибири, примерно 45 тыс лет назад. Следующий ностратический уровень – гаплогруппы P, N, O, расходящиеся по своим миграционным путям, но наследующие языки предыдущего

уровня. Это – времена примерно 40 тыс лет назад. Гаплогруппа Р со своим языком образовала гаплогруппы Q и R (примерно 40-35 тыс лет назад), язык «Р» никуда не делся, он продолжал развиваться в соответствии с законами динамики языков. Гаплогруппа R образовала гаплогруппу R1, та – гаплогруппы R1a и R1b. Заглядывая в глубины тысячелетий, мы сейчас имеем основания предположить, что гаплогруппа R1a повела протоиндоевропейские языки, которые уже были таковыми на стадии миграции по Анатолии, по Малой Азии на запад, в Европу примерно 11-10 тысяч лет назад. Гаплогруппа R1b, по непознанному пока стечению обстоятельств, повела язык, который развивался в ходе миграций в период 16-4 тысяч лет назад, и у которого пока нет принятого академического названия. Это язык «эрбин», который, видимо, был прототюркским, он же сино-кавказским, что могут быть различные названия одного и того же древнего языка. Возможно, что этот же язык имели древние жители Кавказа 7-6 тысяч лет назад, древние шумеры 5500-5000 лет назад, древние мигранты в Европу 5000-4500 лет назад, древние носители культуры колоколовидных кубков, прибывшие на Пиренеи с Ближнего Востока около 5000 лет назад, и понесшие эту культуру на север, на Европейский континент 4800-3500 лет назад, и на языке которых, преобразившемся за последние 4800 лет, до сих пор говорят баски. Это все – один и тот же язык в динамике своего развития.

Поскольку гаплогруппы N, O, R1a, R1b начали активные и продолжительные миграции по Евразии в разных направлениях, как представляется, в основном из Южной Сибири - на север и далее на восток, в Америку (Q), на север и далее на запад, через Урал до Балтики (N), на юг и юго-восток (O), на запад по северной азиатской дуге, через Среднюю Азию, Южный Урал, среднюю Волгу, Кавказ, Малую Азию, Ближний Восток и до Европы (R1b1), на запад по южной азиатской дуге, через Тибет, северный Индостан, Афганистан, Иран, Анатолию и остальную Малую Азию и до Европы (R1a1), то именно тогда, 15-10 тысяч лет назад происходило формирование основных языковых макросемей. Динамика этих миграций, выявляемая ДНК-генеалогией, позволяет лучше представить динамику формирования языковых семей и групп, начиная с ностратической (гаплогруппы IJKNOP, затем NOP, затем Р в диапазоне 50-35 тысяч лет назад), и до времени ее распада на макросемьи 15-10 тысяч лет назад. По-видимому, расхождение носителей гаплогрупп и соответствующее формирование языковых семей совпадают и с динамикой и регионами распространения культур крашеной керамики.

В своей недавней статье (Nature, 18 августа 2011) под названием «Глубокие взаимоотношения между языками» Даймонд (Diamond, 2011) опять возвращается к переключке древних языков между Сибирью и Северной Америкой, а именно между языком кетов в центральной Сибири и языками

на-дене на Аляске и в северо-западной Канаде (и немного на юго-западе США). Язык кетов входит в енисейскую группу языков (народности арины, ассаны, кеты, котты, пумпоколы и юги), но из шести языков этой группы пять – мертвые языки, кроме языка кетов. По мнению некоторых лингвистов, кетский язык относится к сино-кавказской группе. Даймонд описывает, что эта связка между кетским языком и на-дене была обнаружена еще в 1923 году, но всего год назад, в 2010-м, общность корней этих языков была обоснована. Даймонд ставит вопросы – когда существовал их общий язык и есть ли относительно близкая генетическая связь между этими людьми по обе стороны Берингова пролива и разделенные 5200 километрами и тысячами лет истории (и сам отвечает, что такая связь вряд ли имеет место из-за ожидаемых бесчисленных браков с окружающими людьми).

ДНК-генеалогия может ответить на эти вопросы, о чем Даймонд, видимо, и не подозревает. Во-первых, по имеющимся данным кеты на 95% имеют гаплогруппу Q, наиболее распространенную гаплогруппу среди американских индейцев. Так что на один вопрос мы уже ответили – да, это один и тот же род. Есть прямая генетическая связь. Второй вопрос относится к «возрасту» этой гаплогруппы в Америке. В работе (Клёсов, 2009) было показано, что американские индейцы гаплогруппы Q, точнее, субклада Q1a3a имеют общего предка  $16300 \pm 3300$  лет назад. Это означает, что общий предок сибирских и американских носителей гаплогруппы Q жил не менее 30 тысяч лет назад, если только намного позже не было других мигрантов гаплогруппы Q в ту или иную сторону.

Здесь стоит подчеркнуть, что африканские языки, начиная с щелкающих, не имеют зон соприкосновения с евроазиатскими языками, то есть не имеют общего происхождения. Это тоже соответствует динамике эволюции гаплогрупп, начиная с «протоальфа-гаплогруппы» более 250 тысяч лет назад, «альфа-гаплогруппы» 85 тысяч лет назад, и неафриканских гаплогрупп, начиная с «бета-гаплогруппы» 64 тысячи лет назад. Сам этот факт в значительной степени исключает переселение носителей африканских языков на территории Евразии.

Итак, картина представляется следующей. Современный человек сформировался на Русской равнине примерно 65 тыс. лет назад, оставил после себя верхнепалеолитические культуры, которые несколькими потоками распространились в Европу (с 45-40-го тыс. лет назад), оттуда, предположительно, в сторону Африки, через Испанию; на Ближний Восток (с 40 тыс. лет назад) и в Прибайкалье (с 45-40 тыс. лет назад). Вторая волна расселения современного человека по Евразии с востока состоялась в интервале 20-10 тыс. лет назад. Часть мигрантов с Прибайкалья, из Южной Сибири, отправились в Америку между 40 и 30 тысяч лет назад, и это были

носители гаплогруппы Q, по крайней мере именно они выжили. Предки современных кетов – из той же гаплогруппы, как и предки большинства американских индейцев.

На главный вопрос Даймонда – как могли общие слова в кетском и на-дене языках сохраниться через тысячелетия – ответ может быть приближен только после рассмотрения гаплотипов кетов и американских индейцев в соответствующих регионах. Если разница в мутациях между ними соответствует 30 тысячам лет, то это будет с хорошей вероятностью означать, что эти языки необычайно устойчивы. Если разница в мутациях покажет только одну-две тысячи лет между ними, а то и несколько сотен лет, то ответ будет немедленно получен.

### **On Russian Academy of DNA Genealogy, haplotypes in Scotland, and other interesting things**

*Below is a slightly abbreviated open letter received by the Forum "Rodstvo", and a response to it. This correspondence might be useful for people interested in DNA genealogy. Since I have not requested from the author a permission to publish it, I omitted here his name and affiliation.*

I am a population geneticist with a particular interest in Scotland and indeed in the Orkney Islands, where I come from. I first highlighted R1a as a marker of Norse Viking ancestry in the British Isles over ten years ago. Of course - as you well know - things are not that simple, but I still believe in general that in Northern and Western Scotland that M17 is a very good marker of Norse influence. In England and even Southern and Eastern Scotland, R1a chromosomes have more diverse histories. I was delighted to see both your "Young Scandinavian" and "Old Scandinavian" groups. The former because it is an independent identification of a group that Ken Nordtvedt, David Faux and others have always considered to be Norse - and which I know is massively enriched in NW Scotland compared to England. The latter, because half or more of Orcadian M17 chromosomes are not in the (young) Norse group and so it is pleasing to see the characterisation of another Scandinavian subgroup (no-one in Orkney wants to have English blood!!!). ...Everyone in Orkney is always keen to be a Viking, so your work has a lot of resonance for me and will do in Orkney when I spread the word.

<http://www.orcades.ed.ac.uk/>

Are you able to describe briefly how you divided R1a up into the groups you describe? I infer that you have used 67 marker FTDNA haplotypes and put them through some genetic distance calculations followed by tree

building with phylip or similar and finally taking any branch which looks long enough to believe and naming it. While it will be interesting to see how even longer haplotypes influence trees like these, I think that generally this is a good approach given the available data.

Would you be willing to share both the tree with your named groupings superimposed (i.e. a larger version of your r1a.org homepage) and also the modal haplotypes for each of the types? The fact that so many of your groups have very circumscribed distributions is strong evidence that they are true genealogical clades. I wonder why some are so much more widespread than the rest though? Are they just older, or are they less well defined (not really a clade, or rather a collection of different subclades), or did some clades move about a lot and others less so?? I am also interested in the interrelationships among the clades, the inferred branching order, etc. I realise that the confidence in these kind of interrelationships will not be high, compared to the confidence of who is in which cluster, but it is nevertheless informative to look at what the programs bring up.

I am involved in analysis of next generation sequence data (both from individual whole genome sequences at high coverage and from the low coverage "1000 Genome Project") for various reasons (mostly to do with health and disease genetics), one of which is to characterise novel and useful Y-SNPs. Using material which is available on the internet from enthusiasts performing similar analyses, verified with analyses by a collaborator, we have now a considerable number of SNPs which divide up the R1a group. It would be extremely useful to correlate these with your groupings. In fact there are already parallels, as it happens that there are a number of Orcadians in the 1000 Genomes project (including my mother!). Put together with the facts that (a) I run a large (n=2100) genetic epidemiology project in Orkney and (b) I have a considerable number of (mostly short) YSTR haplotypes from Orcadians, I have been able to work out the identities of most of the Orcadian 1000G participants.... This means that SNPs have (probably) been found for both young and old Scandinavian! We see a deep split in European R1a between these Scandinavian types, together with M458 and a group of Finns and Russians (the former from 1000G, the latter from two men who've been whole genome sequenced) versus an Ashkenazi Jew, two Tuscans, a Spaniard and a "European American" (so not very informative). This other side of the tree looks very Mediterranean at present, but I well realise that there are very few recognised members, the group will be millions strong and so we will get a better distribution in due course - perhaps it encompasses your West Eurasian branch as well as the Ashkenazi Jewish one? How specific is the Jewish cluster to Jews?

Finally, have you got any South Asian R1a haplotypes to include? I assume that they would outgroup to all of Europe, if you were to include a deep R1b branch as an outgroup in the tree - did you use an outgroup?? It would be very interesting to get a South Indian R1a sequenced. I will see if I can recruit some as a start towards this. What about the Altai or somewhere like that, there are YCA19,21 haplotypes from the Altai, is this convergence with Young Scandinavian or meaningful sharing?

#### MY RESPONSE:

Thank you for the open letter which was posted at our Forum "Rodstvo" [which, incidentally, in Russian means something like "close family relationships", or "a circle of relatives"]. Yes, indeed, we at "Rodstvo" are a rather tight/loose group of people having different professions, however, united by an interest in DNA genealogy. I use this term rather than "population genetics" because DNA genealogy (in the context of what we are studying) is not "genetics" and not "population genetics". I view it as a blend of DNA sequencing and chemical kinetics, the latter is my direct profession by "formal" education. Long ago I graduated the Chair of Chemical Kinetics (Moscow University) under N. Semenov, a Nobel prize winner in chemical kinetics, and this, understandably, has shaped my views. We treat mutations in the DNA as a set of consecutive-parallel and reversible first-order rate "reactions", which population geneticists, of course, do not do. That is why we have developed a system of approaches, criteria, methodology and philosophy, in general, to considerations of mutation rate constants and calculations of chronology of events based on pattern of mutations in Y chromosome. Essentially, this "kitchen" does not matter, since the final result is what matters only, as well as its interpretation in a context of human history, anthropology, archaeology, ancient migrations, linguistics, etc.

Since 2008 we publish our "Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy", and have more than 30 issues of the edition, totaling more than 6,000 pages, all saturated with DNA genealogy. Pavel Shvarev established the Forum more than six years ago, and he is working towards an establishing a testing facility for haplotypes-haplogroups in Russia, and Dr. Igor Rozhanskii is instrumental in studying and mapping R1a1 in Eurasia and beyond (he is a professional chemist who also graduated Department of Chemistry, Moscow University). He is a virtuoso in quantitative analysis of mutation patterns in Y chromosome, and in all those facets of DNA genealogy I have mentioned above. Members of our Academy also include an expert in ancient Russian texts deciphering, a professional climatologist, and some other people.

Now, after that rather lengthy introduction, let's turn to your comments and questions.

1) **Scotland.** Please open the link <http://aklyosov.home.comcast.net>, and in the last part of it you will find a long list of links to all issues of the Proceedings. Most papers are in Russian, but some are in English. Two issues are completely in English, the last one is vol. 4, No. 6 (June 2011). Go to 2010, August, vol. 3, No. 8, pp. 1325-1358. "Scotland's R1a1 Highland Clansmen, DNA Genealogy and the Search for Somerled". Separate papers (also in English) in different issues analyze Scottish R1b and I1/I2 haplotypes.

2) **Norse R1a1 haplotypes.** Yes, indeed, it seems that many R1a1 haplotypes in England were brought to the Isles by the Vikings. However, the next question is - why R1a1 in the Vikings? Where did they come from? The answer - mainly from the Russian Plain (aka East-European Plain). The Old Scandinavian R1a1 branch is much closer to the Russian Plain base (deduced ancestral) haplotype, and has that 19-23 in YCAII. The Young Scandinavian, derived from the Old Scandinavian branch, had acquired 19-21, which is not found (as yet) on the Russian Plain. More - in that cited paper on Scottish R1a1 haplotypes.

3) **Altai 19-21 "signature".** I have not seen those haplotypes from Altai, and know nothing on them. I would appreciate if you send them to me or cite a source.

4) You wrote "In England and even Southern and Eastern Scotland, R1a chromosomes have more diverse histories". "More diverse" compared to what? "Diverse" in DNA genealogy is expressed in timespans to a common ancestor. So, which lineage is older and how older? If you cannot answer, I can do it for you, if I have those haplotype datasets.

5) **Branches of R1a1.** Currently European R1a1 are subdivided into 22 branches, each one has its own name, based either on geography (if it is noticeably regional distribution) or named after some distinct feature, such as "The Tenth" (DYS388=10, unlike 12 in other R1a1 haplotypes). Or "The Old European branch", with DYS392=13, which has its roots about 11-9 thousand years ago. Identification of those branches is a fine and a (scientifically) delicate process. The branches have to satisfy quantitative criteria to have only one (in terms of DNA genealogy) common ancestor. For this, the "logarithmic" and the "linear" methods of TMRCA calculations should give the same results (which is the proof that all mutations within the branch/lineage follow the first order kinetics; this approach is unknown in population genetics). Then, a haplotype tree is composed and the branches are examined and verified. Each branch is analyzed separately, so there is no superposition between them (ideally). Only 67 marker haplotypes (and now 111 marker ones) are suitable for this purpose.

6) **Asian R1a1 haplotypes.** It is a complicated issue, mainly because extended R1a haplotypes of the Uygurs, folks from Tarim basin, Altai, Northern China, etc. are not practically available. Those short ones (5-7-9 marker haplotypes) gave their common ancestor of around 20-23 thousand years ago. However, it is not excluded that some of them were mistyped. So now it is mainly a guesswork. However, it seems that the oldest R1a1 arose in South Siberia around 20,000 years before present (ybp), migrated over Tibet, India, Afghanistan, Iran, Asia Minor (11-10,000 ybp) to the Balkans, and around 6,000 ybp they start spreading all over Europe. 4800 ybp they moved East onto the Russian Plain, around 4600-4000 ybp they disappeared from Central and West Europe. Incidentally, those times are times for R1b1a2 coming to Europe, as Bell Beakers. The oldest R1b1a2 are found in Ideria, 4800 ybp, which coincides with the beginning of the Bell Beakers, and then they moved up North to the continent, and to the Isles (by land and by sea). R1a1 from the Russian Plain have moved South (to Anatolia, Mitanni and further South around 4500-3600 ybp, and nowadays around 9% of the Arabs on Arabian Peninsula are R1a1) and South-East (to India and Iran) as the Aryans, and they arrived there in the middle of the 2<sup>nd</sup> millennium BC (~ 3500 ybp). There are two kinds of R1a1 in India – those from the first migration from Altai, that is from the East, and the “Indo-European”, from the Russian Plain, that is from North-West.

7) **The list of R1a1.** Currently Dr. Rozhanskii and myself are working on a paper which put that list in order, taking into account the latest SNP and haplotypes. I will sent a copy to you as soon as we finish it.

8) **R1a1 branches as clades.** Yes, they must be. Two branches, “Central Europeans” and “Western Slavs”, after they have been identified and described (in 2009, vol. 2, No. 7 of the Proceedings) were assigned to M458. However, the two branches are so distinctively different, that they must have their own SNPs, under M458. Those SNPs are not identified as yet. The same should be with other R1a1 branches, they should have their own SNPs.

9) **Why some R1a1 branches are “larger”?** Well, all of them are rather large, except the “Old Europeans”. Those passed through a population bottleneck only 2600 ybp, and represent a rather restricted group. It might be that they in fact are an Asian group, which have not been tested yet, and only their European migrant were tested. Generally, the identified R1a1 branches are from 3000 to 1500 years “old”.

10) **A correlation of the genome data with the R1a1 branches.** Yes, it would be very important. The ball is in your court.

11) **The Jewish R1a1 branch.** It is VERY specific to the Jews, and its common ancestor lived about 1300 ybp. They have originated in the Middle East, and

some Arabic and Palestinian haplotypes have the same features in their haplotypes. They are not the Slavic haplotypes.

Well , enough for the time being.

Sincerely ...

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Часть 30

### Анатолий Клёсов

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

#### LETTER NINETY-SIXTH

I have read several of your papers and Internet postings with great interest, in particular "Overview of Türkic genetics" and "DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidence Written in the Y-Chromosome", Parts I and II. My interest is both personal and academic (my degree is in Biochemistry). I am hoping to capture your interest in my case, as it seems to be unusual.

My personal interest is motivated by my desire to discover the origin of my paternal line. Although my family name is generally of German and French origin, it was not the name of my paternal great-great-great grandfather, who is unknown to me and not in any records I have been able to find.

I have tested with several testing companies, including Family Tree DNA, 23andMe, DNA Tribes, DNA Consulting, and Genetic Testing Laboratories. At first their results were very confusing. The autosomal DNA analysis pointed to a strong Mediterranean influence, especially Italian and Turkish. There were also good matches in Central Russia. This is inconsistent with my known genealogy of English, German, Dutch, Irish, and French.

My Y-chromosome was tested at Family Tree DNA and 23andMe. Both classified my haplogroup as R-L21. The deep clade testing showed:

P312+ L21+ L513+ U152- U106- P66- P314.2- M37- M222- L96- L257- L226- L193- L176.2- L159.2- L144-

My Y-chromosome STR markers (in the FTDNA format) are (the haplotype is withheld - AK):

Matches in the FTDNA Database and Ysearch:

There are four persons, who match at the 12-marker level - a Bulgarian, a Turk, and two Americans of Irish decent. There are no matches beyond that, except for my brother and father.

Matches in the YHRD Database:

At the 9-marker level (19, 389i, 389ii, 390, 391, 392, 393, 385a,b), there are 8 matches out of 95,778 haplotypes - 2 from Hungary; 1 from Tuscany, Italy; 1 from Paris, France; 1 from Brussels, Belgium; 2 from the USA. At the 12-marker level, there are 0 matches out of 48,122 haplotypes.

There are three things, which seem to make my haplotype distinctive:

1. DYS393=12
2. The combination of DYS406S1=12 and DYS617=13, which seems to include me in what FTDNA has labeled the R-L21 11-13 Combo
3. The unique combination of DYS385b=16 and DYS437=16

Now, to my story, as I know it. My great-great grandfather was born in 1817 in a small village in Baden, Germany named Ferdinandsdorf, and he was born illegitimate. I do not believe he ever knew who his father was. He never told his wife or his children anything about his father.

This village does not appear on any modern maps. It disappeared long ago. It did however play a part in a larger story. From 1813 to 1815, it became embroiled in the Napoleonic Wars. First the French army retreated through the area, after their disastrous defeat in Russia. In November 1813, 179 000 Russian troops, passed through the area in pursuit of what remained of the French army. It is documented that Cossack troops were billeted in and around Ferdinandsdorf. In December, the troops advanced to the Rhine River to invade France. At this time my ancestor Maria was 16 years old. In the summer of 1814, the troops returned to Baden on their way back home. This time it was noted that they were Siberian Cossacks who stayed in the area of Ferdinandsdorf. However, when news came of Napoleon's return to Paris, the troops turned around and headed back to France to eventually face and defeat Napoleon's army at Waterloo on 18 June 1815. I do not have documentation if or when the Cossacks returned to Ferdinandsdorf in 1816. We can assume that at least some of them probably returned to Russia by the same way they had already passed three times before. Others may have taken a more northerly route from Brussels.

I thought that perhaps I could be descended from a Russian Cossack.

Can DNA help me discover my paternal ancestry ?

MY RESPONSE:

Regarding your letter, there are three principal parts in it. One, concerning your haplotype with non-conventional mutations. Second, your matches with other haplotypes. Third, your paternal ancestry.

Yes, indeed, your haplotype deviates more than an average L21 37 marker haplotype from the so-called base haplotype

**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

Here the marked alleles are those which deviate in your haplotype, with a total number of deviations equals to 18. An average number of deviations in L21 is 12. If not the deep clade testing which placed you under L21 and even a younger subclade L513, I would have concluded that you belong to an ancient Asian or a Middle Eastern R1b1b2 subclade, such as a Sumerian one. However, since your ancestry (in terms of the subclade) is already determined, I can only blame statistics, which can be brutal. If you toss a coin 300 times, you get once (on average) six heads (or tails) in a row. So, your ancestors get six extra mutations in a row. In terms of a bell-shaped curve, folks with 12 mutations in their haplotypes take the maximum, and you with your 18 mutations take a place at the bottom of the bell-shaped curve. It is not a big deal, just mutations.

In other words, there is nothing really unusual about your haplotype. Every marker in every haplotype can mutate with a certain probability, and it can happen with everyone in any generation. For example, the first mutation, in DYS393 (13→12) happens in every 1300 births of boys. In Florida with its population of 20 million, it happens once in two days. Count yourself.

I suggest you to collect as many L513 haplotypes as possible, first of all at the FTDNA P312 Project (website), and send them to me. I will calculate when their common ancestor lived, and we will see the ancestry, though people move around. My second suggestion is to extend your haplotype (FTDNA) to 67 markers. If your haplotype has the null-mutation in DYS425 (DYS425=0), the rest is easy.

Next question - your matches with Turks, Bulgarians, etc. Never mind, it does not mean a thing. Matches - it is a biggest misconception in DNA genealogy. 99% of them are completely accidental. If you calculate how many haplotypes, say, 12 marker ones are possible, you realize that just a few dozens with a 95% likelihood. The thing is that 95% of people have 13 in the first marker (12 and 14 are very seldom), the second one is typically 23, 24 or 25, the third is 14, 15 or 16, and so on. There are not many combinations at all, say, 100-200-300 top. There are hundreds of millions of people with R1b. Hence, hundreds of thousands, if

not millions, have the same 12 marker haplotype. You have found a few of them. Not a big deal.

The last question. L21 is VERY rare among the Russians. R1b1 in Russia is around 3-5% of the population. L21 among them is much less. L21 historically are the Bell Beakers, who populated Europe between 4800 and 3500 years ago. They hardly moved to the Russian Plain. Of course, some mercenaries from the West had served in the Russian Army in 17-19 centuries, and some of them left their descendants. So it cannot be excluded, as it cannot be excluded that some of them was among the Russian troops marching through Baden territory. It would be quite a rare situation, but not completely impossible. So, I would rather turn to the Frenchmen, in which L21 is quite common.

### **LETTER NINETY-SEVENTH**

Much appreciate your work on DNA. I always enjoy reading your comments because you make this subject so interesting and entertaining. You have a way of communicating easily to everyone, even people like me who do not have a scientific background at all. And really, you make sense to me. I especially like your method of calculating TMRCA. Even people like me can do it.

The reason I am writing to you is in regards to the recent CMH. I was born in Italy in a small town around Cosenza, Calabria. The town where my family originated (Celico) did at one time have a Jewish presence. When my brother got his DNA analysed, first, 12, then 37, and then 67, it was apparent that we are associated with the recent CMH, matching some Askenazi CMH by a genetic distance of 7 and up. The interesting thing is that there is a cluster of us (4) in that Calabria area and we match each other closely. I match one 37 markers by 2, and the other two in the group 67 markers by a genetic distance of 6 and 7. This cluster has some mutations in common and those are DYS385b = 16, DYS439 = 11, and a mutation at DYS520, two of us have the value of 20, and one of us has the value of 19.

My brother's value of DYS388 = 18, make him a little unusual and we were not sure if we were CMH for a long time until it became apparent after the 37 and 67 marker test. The DYS388 = 18 was a fairly recent mutation.

What I am thinking is that, the ancestor of the recent CMH maybe once lived in Calabria. If that is the case then there is a chance that the ancestor of the recent CMH could have originated in Italy. Yes, a Jew, but living in Italy. Maybe there are no other samples from any other area, because the ancestor of the recent CMH was from Calabria.

I am surprised that there has not been more research on this. I think that the recent CMH can be traced through DNA. I am having trouble finding more recent CMH from Italy in the database and therefore cannot trace the likely whereabouts of our ancestor. Do you know of any other such DNA results from Italy ?

No I don't think that the ancestor of the recent CMH was a Khazar. I think this ancestor could have lived in Italy. But with the lack of additional samples, he just seems to "appear" in Calabria around a 700 years ago (that is my uneducated guess). I am really hoping to find even some older samples.

If you know of any other sources I could research or any any opinions you may have I would be most appreciative.

#### MY RESPONSE

Regarding your data and the question, yes, the "recent" Cohens could have been originated in Italy around 1050 years ago, as their haplotypes show. There is nothing against it. Italy was a well-know region where plenty of Jews had lived.

7 mutations in the 67 marker haplotypes places a split only about 750 years ago. There is nothing unusual about it.

Mutation in DYS385b from 15 to 16 is also a very common thing. It can happen in any generation, and descendants will have it until some other mutation happens there. DYS439=11 is also common. There is one "Cohen" lineage with

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

in the first 12 markers. Here DYS439=11. Again, it is just one mutation from a more common 12 there. There is a lineage

12 24 13 10 12 19 10 15 13 12 11 29

with DYS388=15 (not a common 16), and DYS439=13 (not 11 or 12). They are just mutations.

The same goes with your DYS520=20-19, which commonly is 21. Just a mutation. It happens.

What is important is not some mutations. It is a PATTERN of the haplotype.

*>Do you know of any other such DNA results from Italy ?*

No, I do not with respect to the Italian "CMH" haplotypes. I will pay attention, and let you know if I find something.

#### CONTINUATION:

Thank you so much for replying to me. I was so honored because I know how respected you are in the DNA field and and probably the authority on the CMH.

Thank you so much, for your opinion about the recent CMH ancestor and Italy. And thank you, thank you for keeping me in mind if you spot any interesting CMH in Italy in the future - that is truly invaluable for my project.

I certain that my cluster does have a pattern. It is a pattern that is perhaps 750 years old (two people are a distance of 7). This pattern is specific to Calabria so far. Besides having common mutations, the four in the group are linked to each other by geography and/or documented historical events (people moving from one town to another to escape danger). I am attaching the spreadsheet to demonstrate the comparisons of the cluster. There is so little information about the recent CMH in Italy, so you may be interested. Of course, I cannot tell for sure that this is the recent CMH, as I am no authority - but I think so.

Anyway, thanks again, for being kind enough to answer my previous email. DNA is a such a very exciting subject. I will be for some time in pursuit of the CMH ancestor in Italy. I think it has become my quest. And thank you for your publications and blogs that have helped me understand and enjoy this hobby.

#### MY RESPONSE:

Thank you for the data on four Italian bearers of what you have called the "Cohen Modal Haplotype", or, if you wish, a "Calabrian Cohen haplotype". However, let's not play with names, but set the record straight. They are not "Cohens", they are the Calabrians.

First, those four individuals are not the Cohens and not the Jews, as I understand.

Second, their "base" (presumed ancestral) haplotype has a number of mutations compared with the "Cohen base haplotype" which was originated 1050±190 years ago.

Third, there are indeed many Cohens among bearers of this 1050-year old haplotype.

Fourth, those four Calabrian haplotypes have 13 mutations from their deduced base haplotype, which places a common ancestor of those four individuals by  $13/4/0.09 = 36 \rightarrow 37$  generations ago, that is  $935 \pm 270$  years before present.

Fifth, the base haplotype of those four Calabrian individuals differs from the recent (1050 ybp) base haplotype of the "Cohens" by 7 mutations in 37 marker haplotypes, and by 9 mutations in the 67 marker haplotypes. This places the common ancestor of the Calabrian lineage and the "Cohen", Jewish lineage at 2000 years ago.

So, what do we have? We have a non-Jewish (Calabrian) lineage and a Jewish ("Cohen") lineage, which are derived from a common ancestor who lived 2000 years ago.

Those are facts. Now, one can interpret those facts differently.

Before we do it, let us consider your opinions:

*>I certain that my cluster does have a pattern.*

Yes, it does. It is a lineage which was originated approximately 925 years ago plus-minus almost three centuries.

*>This pattern is specific to Calabria so far.*

O.K., no problem with that.

*>There is so little information about the recent CMH in Italy, so you may be interested.*

Yes I am, however, they do not belong to the "recent CMH" lineage. They differ from the latter by 9 mutations in 67 marker haplotypes. However, they have a common ancestor with the "recent CMH" lineage.

This is all that we have right now. Now, let me give you my version. The common ancestor of 2000 years ago was probably Jewish. The Calabrian lineage is apparently a continuation of the ancient Jewish ("Abraham") lineage of 4200 years ago. It just split off from the Jewish lineage some 2000 year ago, and went its way, being apart from its brother Jewish lineage. Before 1000 years ago the both lineages shrank (wars, famine, etc.) but survived,

and around 1000 years ago the both started to multiply. That is why they show their common ancestors around 1000 years ago. In fact, in the Jewish lineage the survived Cohen (or a self-appointed Cohen) initiated a new Cohen lineage. That is why there are no Cohens-J1 from an older "Cohen" lineage.

CONTINUATION:

I cannot believe that you actually analyzed the cluster! I really was not expecting it and was so excited about it that I had to leave work early because I could not concentrate on my work.

I think you are dead on. Your work is amazing to observe.

The 925 years for our cluster makes perfect sense, especially in the light that about 1000 years ago, people from one of the small villages (one match) moved to the other village (my brother and other match) to escape the Saracen invasions. That is why I sought out my first match in the first place - my brother had only 12 markers analyzed at the time and we were an 11/12 match with the DYS388 18 difference. However, I just knew that the association between the villages was so very important. I know - it's not at all scientific, but I had and still have a gut feeling about it and everything since has unfolded in that direction.

The fact that the cluster has an "older" common ancestor with the recent CMH also makes perfect sense, because of the common mutations in the group that are so distant in the past. Everything you said aligns perfectly.

I will forward your email to my brother and the other members of the cluster. I hope they will be as excited as I am. I have been discussing our DNA results with my brother and another person in our cluster for several years. Our other match has even gone through the trouble of making mutation programs to estimate the age of our cluster. I will be curious to know what he thinks about your estimates.

OK, maybe there is no evidence that the "recent" CMH originated in Italy, but when there is more information accumulated, I am sure that a trail of some sort will be distinguished, coming from and going "somewhere". With scientist such as yourself - the puzzle is in good hands.

Thank you again so much. Keep writing those blogs and articles !! I will be reading them for sure.

Thank you also so much for sending me your paper. I enjoyed it immensely. That DNA really makes history come to life. I have been spending so much time on my own haplogroup, so it was very educational to concentrate on the origins and migration patterns of some of the other European groups. You concentrated on the three but touched on quite a few of them. You explain the science beautifully.

What I find most amazing about your writing is the clarity of it and the ability to reach out to an audience that are not necessarily experts. I think that skill must be very uncommon for a scientist. You explain things, how you derive at your conclusions, your formulas. You even explain those trees, that at first sight, I found quite quite intimidating. Your formulas are simple - very elegant. And I was touched by some of the things you said, such as how the world could be more peaceful if we realize just how closely related we all are.

CONTINUATION:

I have sent your analysis to my brother and the other members of the cluster. My brother was thrilled. I am sure we will be having long chats about it for some time to come. One match, who knows almost nothing about the topic said "Thanks for doing that. It was cool of both of you". Another, who knows but a little, said "WOW Fantastic!!!" and is now very busy researching the subject. Our match that has come up with mutation programs, and likes to use individual marker mutation rates to determine the TMRCA is excited about it all and beginning to see the value of the "pattern". We may be zeroing in on some people we want tested in the future - but the great majority of time, people decline - oh, well. It was so nice for me to share your analysis with them.

Thanks for the paper - it is wonderful !

## **LETTER NINETY-EIGHTS**

I am an Arab, and want to tell you about Aryan (R1a1) Saudis and their tribes. Here is the list.

Bani Tamim Tribe  
Bani Amro Group

162855 Akram Altamimi  
157103 Mohammed Bni Amr Altamimi  
160271 Aal Altamimi  
157619 B Bni Amr Altamimi  
178906 Yousif Altamimi

178907 Alamrawi Altamimi  
178905 Alamrawi Altamimi  
157621 Bni Amr Altamimi  
M6679 Al Sabri  
M6183 Al Sabri  
M6458 H  
M6285 Kabeer

#### Al Wohba group

195320 Al-Whbh Al-Tamimi  
189739 Al Rass  
188795 Al Rass  
185582 Al Rass  
189737 Al Rass  
158432 Alrassi Altamimi

#### Quraish Tribe

M6469 Al Qurashi  
190263 Quraish  
M6629 Al Qurashi  
M6736 .alhosaini  
172811 Alhashime  
188777 Quraish  
188766 Quraishi  
M6619 Al Qurashi  
190268 Quraishi  
69063 Saeed Ali (abbasi)

Others are from many tribes like Al nuaimi , Al muhri , Al subai , Outaibah , Hamadi , mayaha and more.

All the above are thought that they are from Abraham yes Abraham Bible, but there is person who is so famous in the Arab world and in the Islamic World, his name is Zainy Bin Zainy Al Shaibi from Bani Shaibah Family who own the Kaaba key. Our prophet Mohammed gave them the key and told them that no body should take the key forever except Bani Shaiba , and since then they handled this key from hand to hand, from the bigger man of Bani Shaiba and after his death they give it to another person who should be the bigger in Shaiba Family, all this process is under eyes of kings and goverment since 1432 islamic calender, we know that this family impossible to give the key to person not belong to them because the Prophet Mohammed told them this since Islam raised.

They are 300 persons now in Mecca and Medina, we have tested two of this family to be sure that they belongs to each others, one from Mecca and one very far from Medina, 300 years should be the distance between them. When their results posted it was a big surprise: it should be J1c3d but no, it was R1a1a and they matched in 67 marker haplotypes.

This is Al Saibi  
M6740 Al-Shibi Al-Qurashi

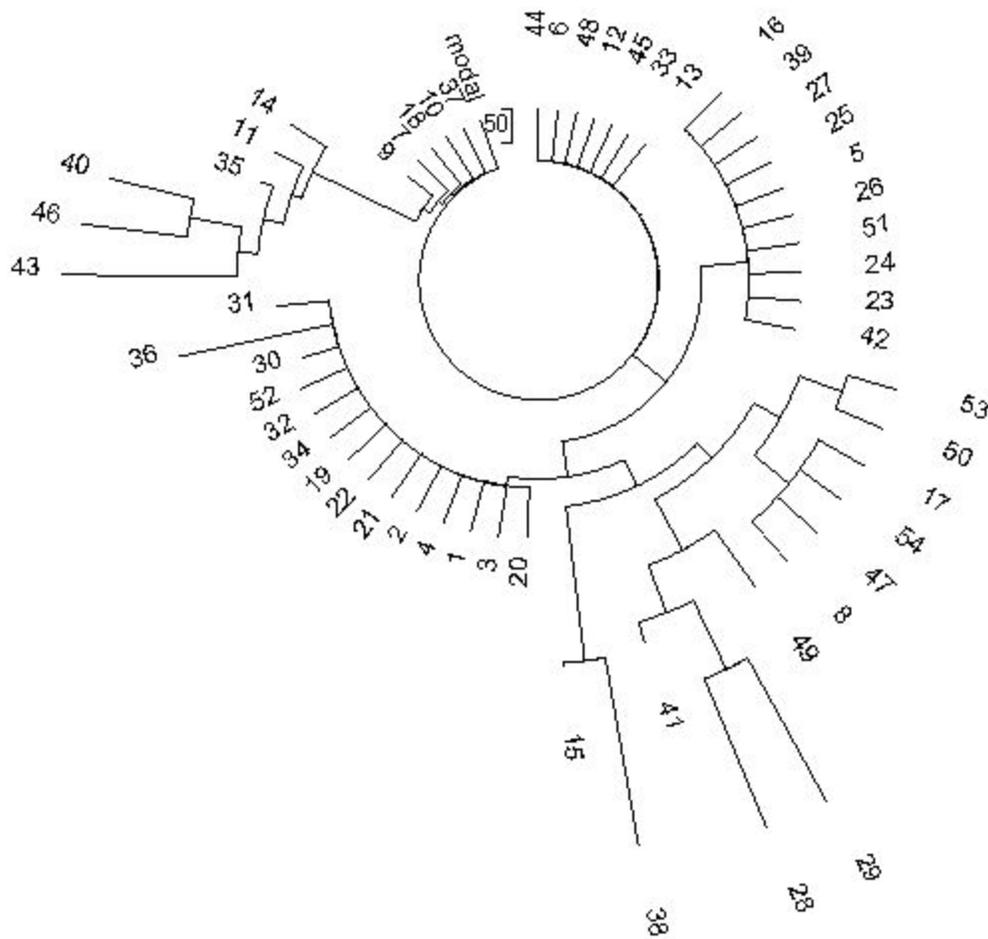
Now, Abraham sons are R1a1a or J1c3d ?

The above is my short description about Tamim tribe and Quraish. We have a big history here in Arabian peninsula since year one of Islam with many sacrifices and wars, but before that I can't guarantee it , because we have J1 people who saying that they are Quraish and Tamim also. Who is right?

MY RESPONSE:

Thank you for the data. Attached is a tree concerning only DYS464 (four markers). It is a quick but informative way to consider the haplotypes. The numbering is according to the dataset, with 12 marker haplotypes being removed since they do not contain DYS464.

On top of the tree so-called "base haplotypes" are located (12-15-15-16). They are ancestral to the whole three, and your haplotype (45) is among them. They preserve the original 12-15-15-16 signature of a common ancestor from the Russian Plain (presumably). From there they spread (as the Aryans) all over to South-East and to South. Those haplotypes include ancestors from India, Pakistan, Syria, Tunisia, Iraq, Qatar, Saudi Arabia. One can see the direction of their movement from the simple listing of those regions with the starting point at the Russian Plain.



**Four-marker (DYS464a,b,c,d) haplotype tree of 54 Arab R1a1 haplotypes**

The base 67 marker haplotype of those haplotypes is

13 24 15 11 11 14 12 12 10 13 11 17 - 15 9 10 11 11 23/24 14 20 32 12 15 15 16 - 11  
 11 19 23 15 16 18 18 34 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 14 8  
 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

It contains 142 mutations in all twelve of 37-marker haplotypes available (there were only seven of 67 marker haplotypes), which gives  $142/12/0.09 = 131 \rightarrow 150$  generations, that is  $3750 \pm 450$  years from their common ancestor.

It is remarkable that the above base haplotype of mainly Asians differ by only 5.2 mutations from the base 67 marker haplotype of the Russian Plain (most of the mutations are fractional ones):

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

This 5.2 mutation difference places their common ancestors by only 1125 years from each other, that is about 550 years difference on the absolute time scale, and points at THEIR common ancestor at 4800 years ago. This is exactly the common ancestor of the R1a1 on the Russian Plain.

There is one Kuraish and two Sayeds among those base (12-15-15-16) haplotypes.

The next branch in the clock direction is Al Wohba group, with their 10 haplotypes. They all have one mutation (12-15-15-17) from the base haplotype. It is a young branch, with the base haplotype

13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 **17/18** - **16** 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 **17** - **12** 11  
19 23 **15 17 17** 19 **36 40** 14 11 - 11 8 17 17 8 **11** 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **12**  
23 21 12 12 11 13 11 11 12 **12**

In the first 25 markers those 10 haplotypes have 34 mutations, which gives  $34/10/0.046 = 74 \rightarrow 80$  generations, that is  $2000 \pm 400$  years to their common ancestor.

In the first 37 markers the remaining 8 haplotypes have 43 mutations, which gives  $43/8/0.09 = 60 \rightarrow 64$  generations, that is  $1600 \pm 290$  years to their common ancestor.

In all the 67 markers those 8 haplotypes have 63 mutations, which gives  $63/10/0.12 = 66 \rightarrow 71$  generations, that is  $1775 \pm 290$  years to their common ancestor.

Since the branch is young, their base haplotype has accumulated many mutations from the ancestral one from the Russian Plain, namely 13 mutations (again, many mutations are fractional ones), which sets apart their common ancestors by  $108 \rightarrow 121$  generations, that is 3025 years, and places THEIR common ancestor by 4800 years. Again, it is the same common ancestor of the R1a1 Russian Plain.

The opposite branch on the tree, in the lower left part, belongs to Bani Amro Group, all with 12-15-15-15 base. Again, it is just one mutation away from that of the Russian Plain R1a1 ancestral haplotype. There are 13 haplotypes in the branch, with the base one

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 16 - 15 9 10 11 11 24 14 20 33 12 15 15 15 - 12 11 19  
23 17 15 16 20 35 37 13 11 - 11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23  
21 12 12 11 15 11 12 12 13

This branch is a young one, it contains 50 mutations in the first 37 markers, which gives  $50/13/0.09 = 43 \rightarrow 45$  generations, that is  $1125 \pm 200$  years to a common ancestor, and 53 mutations in all the 67 markers, that is  $53/13/0.12 = 34 \rightarrow 35$  generations, or  $875 \pm 150$  years to a common ancestor of those 13 individuals. 15 mutations with the Russian Plain base haplotype set apart their common ancestors by  $125 \rightarrow 143$  generations, or 3575 years, and place THEIR common ancestor by 4625-4600 years ago. This is again the Russian Plain common ancestor, within the margin of error.

Other small branches represent mutated DYS464 scattered in different regions. A small branch off the base 12-15-15-16 in the upper left side shows mutated 12-15-16-16, also only one step from the base 12-15-15-16, and contains haplotypes from Qatar, Tunisia, Saudi Arabia, India, and one haplotype which matches my 15-15-16-16 rare DYS464.

In the branch in the lower right side there are haplotypes with 12-12 palindrome mutation, which probably gave rise to the Jewish 12-12-15-15 haplotypes with a common ancestor of 1300 years ago. Two of those are indeed 12-12-15-15, one Quraishi from Saudi Arabia, another Kussad from Palestine.

The conclusion is that all those R1a1 haplotypes were originated on the Russian Plain around 4800 years ago.

## LETTER NINETY-NINETH

My husband is a Punjabi Jat Sikh. He has tested R1a1a1 with Family Tree DNA. Could you tell me what his DYS numbers might say about the ancestry of his R1a1 signature? I've tried to compare his numbers with the ancestral haplogroups you and others have published, but haven't been able to reach a conclusion. Is there anything these numbers can say about where his R1a1a1 ancestor may have originated?

(The 37-marker haplotype is withheld - AK)

MY RESPONSE:

Thank you for your letter. That string of DYS numbers, called a haplotype, tells a lot about the ancestry of your husband. You, as everyone else, who are novices in the area, look for "matches" of the haplotype. However, not "matches" but the haplotype itself, its principal layout tells about the ancestry. "Matches" are a "similar ancestry", not the ancestry itself. With a "match", the principal question remains not answered. Furthermore, "matches" are typically misleading things. Millions have the same "matches" as a result of silly statistics.

Back to your main question. Your husband's haplotype is a classical Aryan haplotype. As you certainly know, the Aryans were people, members of a tribe who crossed into India around 3500 years before present and brought, among many things, their European language which is fact became a base of the current Indo-European family of languages. In fact, it was in a form of the Sanskrit which was later perfected by Panini into the classical Sanskrit at the end of BC times. It seems that it were the Aryans who created the Caste system in India and, of course, they all signed up into the upper caste. Since then, descendants of the Aryans have been in the upper castes in India.

For more than two centuries it was one the most mysterious questions is science - who were the Aryans? Where they came from? By the way, some Indian scholars deny the very existence of the Aryans altogether. They insist that it was the "invention" of the British in order to humiliate the Indians, that they were concured by just a single tribe. :-))

Only with the arrival of DNA genealogy, just a few years ago, principally new information was obtained on origin of the Aryans. It turned out that there is a huge trail of R1a1 haplotypes going from Europe across Russia and down South to India and Iran. These haplotypes are essentially the same in their principal sequence (structure). Punjabi's haplotype is one of them. 48% of the Russians on average, and up to 62% of them in South of Russia, and around 15-20% of the Indians have the same haplotype structure, up to 72% of them are in the upper castes, very many of them are Brahmins.

Those R1a1 haplotypes have been lately studied, classified, and a method was developed how to analyze them in terms of their ancestry. A common ancestor of the Aryans lived around 4800 years before present on the East-European Plain (and before that it came from - apparently - the Balkans), and common ancestors of the Aryan branches in India and Iran lived around 3600-4000 years ago. It means that 4000 years ago their common ancestor still lived up North, in the (present-day) Russia. If the figure is 3600 years ago, it is time when the Aryans were on the move to India-Iran (apparently, by two different albeit "parallel" streams).

Punjabi's haplotype differs by 10 mutations from the Aryan ancestral haplotype in his 37 markers. When translated into chronology, it says that the Punjabi ancestry split from the main lineage 3950 years ago. Apparently, it was in the South Ural, where the Aryans lived for about 400 years before they moved South to India.

This is an introductory information, I have plenty of details and publications, but am not sure you want to go into details.

I hope it helps.

## ПИСЬМО СОТОВОЕ

Я живу в Болгарии, и прочитал Ваши многочисленные комментарии и исследования о гаплогруппе R1a1.

Если возможно, прошу определить мою популяцию, к какой ветви рода принадлежу я, когда жил мой первый прародитель и откуда приехал? Есть ли возможность составить дерево моего гаплотипа?

Мой 37-маркерный гаплотип прилагается (показаны только первые 12 маркеров - АК)

13 24 17 11 11 15 12 12 10 14 11 31

гаплогруппы R1a1a1. Мои снипы - позитивные 417+ M198+, негативные PK5- P98- M64.2- M56- M458- M434- M157.1- L176.1-

Я прочитал Ваши анализы о татаэрах, живущих в Северо-западном Китае:  
13 24 17 **10** X X X 12 X 14 **12** 31

Я поражен - оказалось, что есть удивительное сходство с моими показателями. Мои предки жили в г.Велес (Македония) и приехали в Софию (Болгария) в 1880г. Возможно ли, чтобы мой гаплотип был связан с половцами и печенегами, которые поселились в Македонию в XII и XIII веках?

Моя митДНК следующая: гаплогруппа H

HVR1: 16145A, 16233T, 16519C

HVR2: 152C, 263G, 315.1C, 499A

МОЙ ОТВЕТ:

37 маркеров - недостаточно для выявления конкретной ветви гаплогруппы R1a. Сейчас насчитывают 22 ветви гаплогруппы R1a1, и для более-менее обоснованного отнесения нужно не менее 67 маркеров, потому что некоторые принципиальные особенности гаплотипов проявляются именно в маркерах 38-67.

Тем не менее, похоже, что ваша линия относится к "Северо-Карпатской ветви". Эта ветвь зародилась примерно 2150 лет назад, в конце прошлой эры, отпочковавшись от Русской Равнины и уйдя на запад. Предковый гаплотип этой ветви на 37 маркерах следующий:

13 25 17 11 11 14 12 12 10 13 11 17 -- 14 9 10 11 11 24 14 20 32 13 15 15 16 -- 11 12  
19 23 16 16 18 19 35 39 14 11

Ваш гаплотип отличается от предкового на 13 мутаций на этих 37 маркерах. На самом деле расчеты показывают, что за 2150 лет в 37-маркерном гаплотипе должны накопиться - в полном соответствии с теорией - в среднем 13.2 мутации. Как видите, это практически идеально совпадает с вашим случаем.

Если у вас будет 67-маркерный гаплотип, тогда проверим дополнительно.

То, что ваш гаплотип похож на восточные - в этом ничего удивительного нет. На таком малом числе маркеров все похоже.