

*Ultima ratio*

**Вестник Российской Академии  
ДНК-генеалогии**

**Том 3, № 10**

**2010 октябрь**

**Российская Академия ДНК-генеалогии**

ISSN 1942-7484

**Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии.** Научно-публицистическое издание Российской Академии ДНК-генеалогии. Издательство Lulu inc., 2010.

*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, 2010. При перепечатке ссылка обязательна.

© РА-ДНК, 2010

# СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление ..... 1650

Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу и расселение в Европе. Критический разбор статьи “A Major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe”. Natalie Myres et al, Eur. J. Human Genetics, advance on-line publication, 26 August 2010. А.А. Клёсов ..... 1652

Гаплогруппа R1b1 и ее субклады в Азии. Критический разбор статьи “Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route” (Hua Zhong et al, Mol. Biol. Evolution, advance on-line publication, 13 September 2010) А.А. Клёсов. .... 1676

## ARTICLES IN ENGLISH

MacDonalds and Scottish R1b1b2 Haplotypes. *Anatole A. Klyosov*. .... 1696

MacDonalds and Scottish Haplotypes of Haplogroup I. *Anatole A. Klyosov* . . 1736

## СООБЩЕНИЯ - КОРОТКИЕ, ИЛИ НА БЛИЗКИЕ К ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ ТЕМЫ

Расчет возраста субклада E1b1b1 (M35) по коммерческим базам данных И. Рожанский. .... 1745

ДНК-генеалогия и этимология. И. Рожанский ..... 1748

Гипотеза о происхождении тюрков, сино-кавказских (прото-тюркских?) языков и гаплогруппы R1b. А.А. Клёсов. .... 1757

Чудеса Санскрито-Русской грамматики. *Светлояр*. .... 1765

ДИСКУССИИ И ПЕРЕПИСКА ПО ВОПРОСАМ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ, ИСТОРИИ, ЛИНГВИСТИКИ (ФРАГМЕНТЫ)  
DISCUSSIONS AND CORRESPONDENCE ON DNA GENEALOGY,  
HISTORY, LINGUISTICS (EXCERPTS). *Anatole A. Klyosov*

On the Ballantyne's et al (2010) paper on father-son mutation rate constants. .... 1784

R1a1-M458 in Italy and principles of DNA genealogy .....	1788
О гаплогруппах и языках. ....	1798
О возрасте гаплогруппы R1b1b2 на Кавказе .....	1801
Соображения при чтении автореферата диссертации на соискание ученой степени д.б.н. Кутуева И.А. «ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕОГРАФИЯ НАРОДОВ КАВКАЗА», Уфа, 2010. ....	1803
<b>ПОЛЕМИКА</b>	
Ответ-комментарии автора (А.А. Клёсов) по отзыву на статью «Основная загадка во взаимоотношениях индоевропейской и тюркской языковых семей и попытка ее решения с помощью ДНК-генеалогии: соображения нелингвиста». ....	1806
<b>ОТВЕТЫ НА ВОПРОСЫ</b>	
радиослушателей передачи Агентства Русской Информации (АРИ), вышедшей в эфир 1-го октября 2010 г. Ведущий передачи – историк Владислав Карабанов ( <a href="http://ari.ru/radio">http://ari.ru/radio</a> ) .....	1812
<b>ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии.</b>	
Часть 20. LETTERS IN ENGLISH: PERSONAL CASES. Part 20. (Letters 66-70) <i>Anatole A. Klyosov</i> .....	1833

## Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу и расселение в Европе

Критический разбор статьи "A Major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe" (Natalie Myres, Siiri Rootsi, ... Elsa Khusnutdinova, ... Oleg Balanovsky, Elena Balanovska, ... Toomas Kivisild, and Peter Underhill), в сумме 20 авторов, Eur. J. Human Genetics, advance on-line publication, 26 August 2010; doi: 10.1038/ejhg.2010.146

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

В течение двух недель вышли две крайне многообещающие и долгожданные статьи, в которых даны длинные списки в сотни гаплотипов по разным гаплогруппам («по разным» - это относится к второй статье, разбор которой будет проведен после этой). В статье, разбор которой будет проведен здесь (Myres et al, 2010), рассматриваются гаплотипы только гаплогруппы R1b1. К сожалению, уже с самого Абстракта статьи становится ясно, что с датировками в статье будет плохо, а значит, никакой ценности в отношении исторических рассмотрений статья не имеет. Так и оказалось – авторы объявили, что датировки в статье проводится с использованием «методологии Животовского», используя «эволюционную скорость мутации 0.00069 на поколение». Это уже означает полную неопределенность в получаемых величинах датировок, которые могут «гулять» в диапазоне примерно от 200% до 400% выше правильных величин. Хуже всего то, что никакого постоянного коэффициента для пересчета нет и быть не может (существует распространенное, но неверное соображение, что датировки по этому методу завышены в три раза), поскольку он зависит от древности общего предка, от числа общих предков (которых практически всегда несколько в рассматриваемых популяциях), от размера отдельных ветвей (генеалогических линий) в общей рассматриваемой популяции, то есть от их относительных «весов» и так далее. В итоге «общий предок» получается совершенно фантомным, и расчетная временная дистанция до него обычно завышена в 2-4 раза (Klyosov, 2009a; Клёсов, 2009a, 2009b).

Действительно, уже в Абстракте авторы сообщают, что распределение частоты субклада S116 (то есть R1b1b2-P312) в Европе «близко соответствует распространению культуры линейной керамики» с отнесением около 10 тысяч лет назад. Это, конечно, очередная придумка, потому что субклад P312 появился в Европе никак не ранее 4500 лет назад. Вот так популяционные генетики «делают историю». Теперь уже можно ожидать появления в справочниках, что культура линейной керамики начиная с 10 тысяч лет назад – это гаплогруппа R1b1b2. Так в справочники потоком идет профанация. Хотя здесь же авторы, понимая натяжку (если не подтасовку) оговариваются, что на самом деле «пра-неолитический сценарий был, возможно, более сложным», поскольку нужно учитывать и субклад “L23 в Юго-Восточной Европе и в других местах». То есть и 10 тысяч лет, и гаплогруппа R1b1b2 с того времени остаются, дело просто якобы в субкладах, а основной вопрос решен. Вот это и есть профанация. И все потому, что авторы игнорируют критику, что «метод Животовского» совершенно непригоден для целей ДНК-генеалогии, для датировок человеческих популяций. Критику, которая уже была опубликована в академической печати (Klyosov, 2009a).

В любом случае, статья представляет собой кладезь информации в отношении списков гаплотипов гаплогруппы R1b с привязкой по территориям. Все остальное в статье ценности не представляет. В самом деле, посмотрим на основные положения Абстракта и Дискуссии, и позже проверим достоверность и полезность этих данных. Итак, что потенциально полезного в Абстракте?

1. Указано, что многочисленные ветви в гаплогруппе R-M207 «поддерживают ее западно-азиатское происхождение».
2. Отмечено, что сноп M412 (это – L51) «в основном разделяет центрально- и западно-европейские ветви от ветвей в восточной Европе, на Урале, на Ближнем Востоке, на Кавказе и в Пакистане».
3. Написано, что частотный пик субклада S116 (R1b1b2-P312) находится в Верхнем Дунае и в районе Парижа, и далее частоты падают в направлении Италии, Иберии, Южной Франции и Британских островов.
4. Да, еще сделан намек, что распространение субклада P312 близко коррелирует с распространением культуры линейной керамики, которая проявила себя за последние 10 тысяч лет (более уклончивой формулировки найти трудно), хотя надо учитывать и «субклад L23 в юго-восточной Европе и в других местах». Что сие означает, как учитывать и где «в других местах» не пояснено. И это – Абстракт (!).

К этим положениям мы еще вернемся. А что в Дискуссии? Каковы основные выводы?

Сначала перечисляются данные археологов и лингвистов (хотя это не указано) о том, что миграции из Юго-Западной Азии в Европу были 9000, 8000 и 7500 лет назад, и закончились в Британии и Скандинавии ~ 6000 лет назад. Зачем это приведено и имеет ли отношение к гаплогруппе R1b1b2 – в Дискуссии не указано. Далее идет резкий переход к приходу субклада M269 в Европу, на Ближний Восток, на Урал, на Кавказ. Когда, где, какими путями – тоже не указано. Идет отнесение к карте, на которой отмечено, что субклад L23 за вычетом L51 имеет умеренно выраженный максимум плотности в районе южного Урала, а L51 («весь», то есть, видимо, со всеми субкладами), покрывает Пиренеи, Францию, северную Италию и Британские острова. В этом, конечно, никакой новости нет, потому что «весь» L51 – это фактически все R1b12 в центральной и западной Европе, а именно L51→L11→U106→U198, и более полусотни других субкладов R1b1b2, среди которых P312→U152→L2→L20, P312→L21→M222 и так далее. Естественно, Европу покрывают, а как же иначе? Практически такое же распределение и субклада L11, «покрытие» которым практически идентично L51. То есть, как авторы могли бы указать (но не указали), L51 здесь по сути не при чем, если его дочерний субклад, L11, имеет такое же распределение. А вот если из L11 убрать два основных нижестоящих субклада, U106 и P312, то на Европу практически ничего не остается.

Дальнейшие карты показывают, что P312\* (то есть без нисходящих субкладов) максимально (и преимущественно) выражен на Пиренеях и заметно меньше во Франции, а его нисходящие субклады, в первую очередь L21 (который авторы называют M529) и U152 уже выражены во Франции и на Британских островах. То есть маршрут миграций, а именно с Пиреней во Францию и в итоге на Острова уже достаточно ясен, но авторы его не приводят и не называют. Далее карты показывают, что дальнейший нисходящий субклад M222 активно выражен в Ирландии, но это и так известно. В Ирландии – примерно 25% этого субклада, он там наиболее ярко выражен (Klyosov, 2010a; Клёсов, 2010a). Но и это авторы не отмечают и не обсуждают.

Что еще сказано в Обсуждении? Что якобы субклад M269 «совпадает с прибытием и распространением сельского хозяйства в Европе». Никаких данных к этому, кроме неверных датировок, у авторов нет. Вывод, конечно, неверный. Сельское хозяйство в Европу пришло значительно ранее 4500 лет назад. Делается ссылка на работу Balaresque (2010), которую мы разбирали в недавно в Вестнике (Клёсов, 2010b), и которая использовала тот же неверный «метод Животовского» и пришла к таким же ошибочным

данным. Идет ссылка на то, что якобы в работе Balaresque показано, что R1b1b2 – это «фермеры, мигрировавшие из западной Анатолии» в Европу примерно 10-9 тысяч лет назад. Ничего это в цитируемой работе показано, конечно, не было. Были те же неверные расчеты и фантомные «общие предки», были археологические данные 10-9 тысяч лет назад, которые без малейших свидетельств выдавались за якобы R1b1b2. Это не исследование, а недоразумение.

Недоразумением является и график в статье, где совершенно очевидная миграция гаплогруппы R312 от Пиреней на континент и затем на Острова (в Грецию они почти не попали) строится в виде некой корреляции между расстояниями от Парижа и Мюнхена до разных стран Европы (таинственные сокращения названий стран vas и vai на графиках никак не пояснены) и временами фантомных предков, и этот винегрет провозглашается доказательством связи R1b1b2 и культурой линейно-ленточной керамики, которая относится к группе дунайских культур 7500-6500 лет назад, и никакого отношения к гаплогруппе R1b1b2 не имела. Ее в литературе считают наследницей старчево-кришской культуры. Это, скорее всего, гаплогруппы I и R1a1.

Вот, собственно, и вся дискуссия в статье.

Воистину, когда популяционные генетики берутся не за свое дело, получается какой-то кошмар.

На самом деле основная ценность данной статьи – в длинных списках субкладов и гаплотипов (пусть и 10-маркерных) по странам и территориям. Авторы еще в Абстракте отметили «дихотомию» гаплогруппы L51, которая, по их оценкам, доходит от Атлантики только до границы центральной и восточной Европы, и к востоку от этой границы ее почти нет, включая Малую Азию, Кавказ, и к востоку от них. Там наблюдается гаплогруппа M269 и ее субклад L23.

Что характерно, никакого обоснования в статье положения о том, что «многочисленные ветви в гаплогруппе R-M207 «поддерживает ее западно-азиатское происхождение» в статье совершенно нет. Совершенно непонятно, как это положение вообще попало в «Абстракт» и в саму статью. Кроме как в «Абстракте», оно в статье вообще не упоминается.

Также непонятно еще одно положение Абстракта, что «частотный пик субклада S116 (R1b1b2-R312) находится в Верхнем Дунае и в районе Парижа, и далее частоты падают в направлении Италии, Иберии, Южной Франции и Британских островов». Из приведенных карт совершенно очевидно, что



частотный пик субклада R312 находится в Иберии – в особенности субклада R312\*. Никакого Парижа и Дуная там быть просто не может. Что касается многочисленных нижеследующих субкладов R312, то и это неверно, но так и нельзя рассматривать. Если субклад M222, например, образовался в Ирландии, то он не должен включаться в некие суммарные «частоты» в районе Верхнего Дуная, а частотность должна рассматриваться в динамике, в направлениях возможных миграций.

В целом, как отмечалось, в статье много недоразумений и неверных трактовок, но не в этом ее ценность. Поэтому рассмотрим данные статьи, ее субклады и гаплотипы, и выясним, что они могут дать для подтверждения или ревизии нашей основной концепции в отношении истории гаплогруппы R1b1. Вот ее современное звучание:

*Гаплогруппа R1b1, как и родственная ей R1a1, вышла из Южной Сибири или сопряженных территорий (Алтай, северный Китай). Обе гаплогруппы – антропологически европеоидные, и их прямые предки, гаплогруппа R, прибыли в район Алтая примерно 45 тысяч лет назад с Восточно-Европейской равнины. Гаплогруппа R разошлась (как путем соответствующих мутаций-сипов, так и физически, по родам и территориям) на последующие гаплогруппы Q и R. Носители гаплогруппы Q мигрировали в сторону Америки еще 46 тысяч лет назад (данные радиоуглеродного анализа, [Hamilton and Vichapan, 2010]), и это является реперной датой в отношении расхождения гаплогруппы R в Южной Сибири.*

*Гаплогруппа R1b образовалась примерно 16 тысяч лет назад в районе Алтая или Киргизии (регион, непосредственно примыкающий к Алтаю), ее носители прошли по северному Казахстану (заложив, в частности, ботайскую культуру, с последующим одомашниванием лошади 5500-6500 лет назад), через территорию современных башкир 13-11-8 тысяч лет назад, основали сероглазовскую археологическую культуру (13-11 тысяч лет назад) и далее культуры волжского бассейна (средневолжскую культуру [8-7 тысяч лет назад], самарскую [7 тысяч лет назад], среднестоговскую [7500-5500 лет назад], хвальинскую, [7-6 тысяч лет назад], камскую [7-5 тысяч лет назад]), те, что потом назвали «предкурганскими», образовали субклад R1b1b2-M269 и далее L23, и разошлись на несколько потоков. Один миграционный поток ушел на запад из Причерноморья и прибыл на Балканы 4500 лет назад как субклад R1b1b2-L23, и далее продвинулся на территории современных Польши и Германии.*

*Другая часть потока R1b1b2-L23 ушла через Кавказ (6000 лет назад) в Анатолию (6000 лет назад), стали шумерами (5500 лет назад), и мигрировали по северо-африканскому побережью через Египет на запад до Атлантики (стали частью берберов, около 5 тысяч лет назад). На этом пути от мигрантов отошла группа R1b1 и направилась на юг, вглубь Африки. Недавно их обнаружили в Камеруне и*

Чаде как носителей субклада R1b1-V88 (Cruciani et al, 2010), с возрастом общего предка  $4400 \pm 610$  лет (Клёсов, 2010с). Остальная группа мигрантов продолжила путь, пересекли Гибралтар с прибытием на Пиренеи (4800 лет назад) и прошли далее – возможно, под натиском берберов и других африканских племен гаплогруппы E1b1 – в континентальную Европу как культура колоколовидных кубков (4800-3600 лет назад).

На Пиренеях оставшаяся гаплогруппа R1b1b2 (возможно, в то время субклад L51 и/или L23 подверглись почти полному истреблению, видимо, гаплогруппой E1b1b, и прошли бутылочное горлышко популяции, выйдя из него только 4200 лет назад (баски – 3700 лет назад), то есть через несколько сот лет, уже как субклад P312 (Клёсов, 2010d, e). Это – общий предок басков и большинства других носителей гаплогруппы R1b1b2 современных Испании и Португалии. Из сказанного следует, что в Анатолии их предки были не ранее 6000 лет назад, и древние (археологические) стоянки там, датируемые 10-9 тысяч лет назад – никак не R1b1b2. Древний язык у носителей гаплогруппы R1b1b2-M269, с древнейших времен до их прихода в Европу примерно 4500-4200 лет назад был агглютинативный, неиндоевропейский, и остался таковым до начала-середины 1-го тысячелетия до н.э. (Клёсов, 2010f). Такой же, агглютинативный по строю язык, найден в ряде языков Кавказа, у шумеров, у басков, и ряда других доиндоевропейских языков. К "праиндоевропейцам" R1b1b2 отношения не имели ни на Русской равнине, ни в Европе. Из Пиреней носители гаплогруппы P312 прошли через Францию и далее на север и северо-запад Европы в сопровождении дочерних субкладов U152 и L21, и расселились по Европе.

Рассмотрим, что из данных, приведенных в рассматриваемой статье, может подтвердить положения концепции (курсив выше), и что может привести к ее корректировке и ревизии. Мы применим совершенно другую методологию для анализа данных рассматриваемой статьи.

### **Дерево гаплотипов R1b1**

На рис. 1 приведено дерево из 1029 10-маркерных гаплотипов, приведенных в списке в статье Myres et al (2010). Естественно, 10-маркерные гаплотипы не слишком информативны для распределения их по популяциям и территориям. Дерево разводит эти гаплотипы по ветвям, основываясь на величинах аллелей, и каждая мутация в 10-маркерном гаплотипе переводит гаплотип в отдельную, другую ветвь. В итоге дерево содержит массу избыточных ветвей, которые на самом деле должны быть скомбинированы в значительно меньшее число более «настоящих» ветвей, как это делают, например, деревья 37- и 67-маркерных гаплотипов. Там разделение ветвей проходит по большой совокупности аллельных признаков, в то время как в 10-маркерных гаплотипах – по малой совокупности признаков. Но поскольку лучшей серии гаплотипов для тех же тестируемых у нас нет,

приходится рассматривать то, что есть, понимая, что только действительно характерные признаки приводят к выделению действительно характерных ветвей. Вот эту задачу нам и предстоит решить.

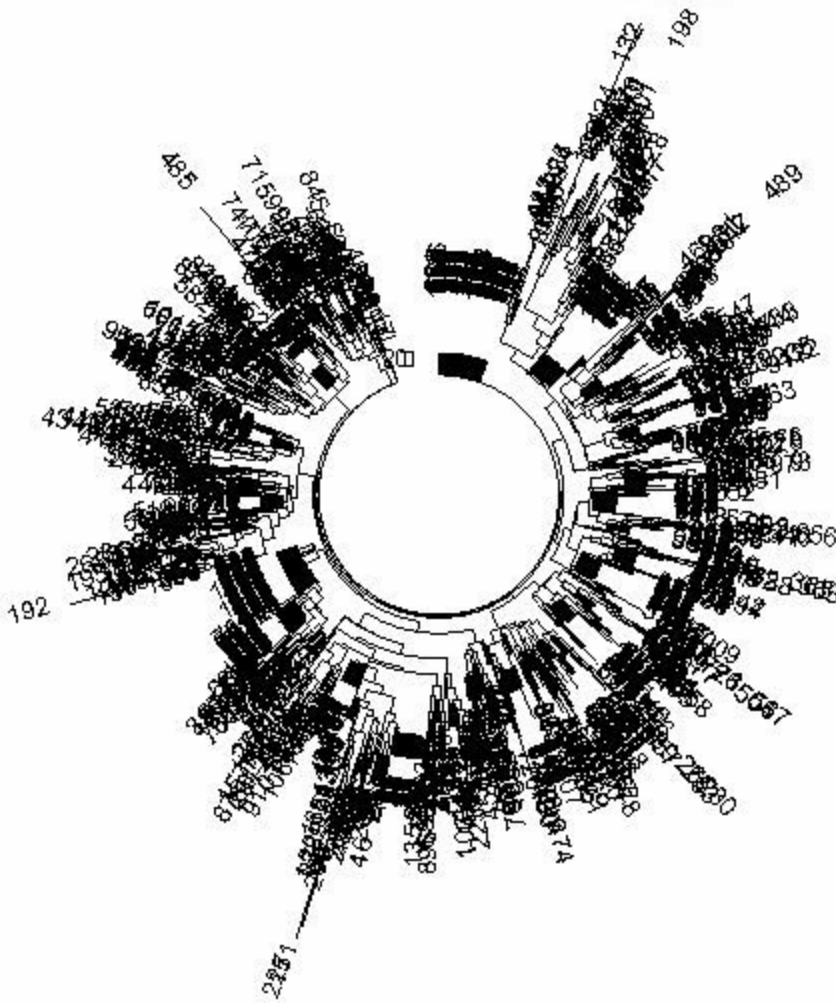


Рис. 1. Дерево из 1013 10-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1 по всему миру. Построено по данным Myres et al (2010). В исходном списке было 1029 гаплотипов, но 16 из них имели пропущенные аллели. Основная часть дерева, за исключением самых старых (внеевропейских) субкладов M73 и M269, и самого молодого (преимущественно ирландского) субклада M222 сходится к общему предку, который имел «атлантический модальный гаплотип», а по сути базовый гаплотип субклада R312, и жил 4225+/-430 лет назад (см. текст).

На первый взгляд дерево на рис. 1 содержит примерно 10 основных ветвей. Основных – это тех, которых соединены со «стволом» отдельной «ножкой», то есть одним общим предком всей ветви. Многие ветви ветвятся и дальше, это – тоже отдельные ДНК-линии, но сводящиеся к одному общему предку «основной» ветви на отдельной ножке. Естественно, у всего дерева есть один общий предок, поскольку все дерево относится к одной гаплогруппе, R1b. Этот предок может быть «представлен» на дереве, может и не быть представлен, и тогда его время жизни и гаплотип можно попытаться вычислить на основании представленных ветвей.

В основе всего дерева (на рис. 1 – на вершине дерева) – 62 базовых, идентичных друг другу гаплотипов

13 24 14 11 X X X 12 12 13 13 29 – 11

представленных здесь в формате FTDNA (с пропущенными маркерами DYS385a, 385b, 426) с добавленным маркером DYS461 (старое название A7.2).

Это – так называемый «Атлантический модальный гаплотип», а именно базовый гаплотип R312 и L21, наиболее распространенных в Европе субкладов гаплогруппы R1b1b2. У родительского субклада L51 вторая справа аллель уже 25, а у вышестоящего к L51 субклада L23 вторая аллель опять 24, но первая – 12. Такой же базовый гаплотип имеет и субклад M269\* (Клёсов, 2010g). Остальные аллели среди приведенных 10 маркеров те же. Другой европейский субклад U106 имеет первую аллель 13 и вторую аллель 23, остальные аллели те же. Он – родственник субкладу R312, хотя и «параллелен» последнему, не происходит от него. На первых 25 маркерах они различаются всего на одну мутацию, что помещает их общего предка (видимо, погибший на Пиренеях носитель субклада L11) всего на 270 лет вглубь времени, то есть на середину 3-го тысячелетия до н.э.

Таким образом, «базовый гаплотип» всего дерева на рис. 1 – фантомный. Он образован подавляющим количеством гаплотипов наиболее распространенных в Европе субкладов R312 и L21, и к нему могли добавиться мутированные всего на одну мутацию гаплотипы субкладов U106 (23 → 24), L51 (25 → 24), L23 (12 → 13), M269 (12 → 13). В итоге можно ожидать, что расчетное время фантомного «базового гаплотипа» будет превышать примерно 4000-4200 лет, характерные для общих предков гаплотипов R312-L21 в Европе. Время жизни общего предка субклада L23, в основном уже за пределами Европы, составляет  $5475 \pm 680$  лет назад, субклада M263 – более 6200 лет назад (Клёсов, 2010g). Потому и введено понятие «базовый гаплотип», а не «предковый», так как часто это оказывается фантомный показатель. Действительно, среди этих базовых гаплотипов – субклады U152

(двадцать один), R312 (семнадцать), L21 (одиннадцать), U106 (одиннадцать), L23 (один), L11 (один). Ясно, что для первого и трех последних – это просто индивидуальные отклонения от их базовых. Среди базовых нет субкладов M73 (R1b1b1), M269, L51, и M222 (молодой, преимущественно ирландский субклад).

Поскольку таких базовых гаплотипов на дереве (рис. 1) 62, то  $[\ln(1013/62)]/0.018 = 155$  поколений без поправки на возвратные мутации, или 183 поколения с поправкой, то есть 4575 лет до общего предка. Видно, что отклонение если и есть, то невелико, в пределах обычной погрешности расчетов, составляющих плюс-минус 500 лет для этих времен. Общее количество мутаций во всех 1013 гаплотипах от указанного базового гаплотипа равно 2842, что дает  $2842/1013/0.018 = 156 \rightarrow 184$  поколений. Совпадение практически абсолютное. Это – фантомные  $4600 \pm 470$  лет до фантомного общего предка, но фантомного не так намного. Попробуем его уточнить.

Снимем 27 гаплотипов гаплогруппы R1b1b1-M73, в общем списке под номерами 412-438. На них приходилось 216 мутаций от указанного базового гаплотипа. Получаем  $[\ln(986/62)]/0.018 = 154 \rightarrow 182$  поколения, то есть 4550 лет до общего предка. Практически то же самое. Общее количество мутаций во всех 986 гаплотипах от указанного базового гаплотипа равно 2626, что дает  $2626/986/0.018 = 148 \rightarrow 174$  поколений, то есть  $4350 \pm 440$  лет до общего предка.

Снимем 23 гаплотипа субклада M222 (в общем списке под номерами 238-261, но один снят как неполный). На них приходилось 67 мутаций от указанного базового гаплотипа. Получаем  $[\ln(963/62)]/0.018 = 152 \rightarrow 179$  поколения, то есть 4475 лет до общего предка. Практически то же самое. Общее количество мутаций во всех 963 гаплотипах от указанного базового гаплотипа равно 2559, что дает  $2559/963/0.018 = 148 \rightarrow 174$  поколений, то есть  $4350 \pm 440$  лет до общего предка.

Наконец, снимем 30 гаплотипов субклада M269 (в общем списке под номерами 262-292). На них приходилось 127 мутаций от указанного базового гаплотипа. Получаем  $[\ln(933/62)]/0.018 = 151 \rightarrow 178$  поколений, то есть 4450 лет до общего предка. Практически то же самое. Общее количество мутаций во всех 933 гаплотипах от указанного базового гаплотипа равно 2432, что дает  $2432/933/0.018 = 145 \rightarrow 169$  поколений, то есть  $4225 \pm 430$  лет до общего предка.

Мы вплотную подошли к возрасту общего предка гаплогруппы R1b1b2 в Европе.

Теперь пройдем по основным ветвям гаплотипов на дереве рис. 1, и посмотрим, что удастся из этого извлечь.

### Ветви на дереве гаплотипов

После длинной цепочки из 62 базовых гаплотипов на вершине дерева идет малая ветвь из восьми гаплотипов, все субклада U152. Они занимают отдельную ветвь просто потому, что их базовый гаплотип имеет одну мутацию в DYS391 = 10 вместо обычной предковой 11 в «Атлантическом модальном гаплотипе» (мутация отмечена):

13 24 14 **10** X X X 12 12 13 13 29 - 11

В дальнейшем мы будем записывать гаплотипы в виде

13 24 14 **10** --- 12 12 13 13 29 - 11

чтобы избегать лишних символов.

Все 8 гаплотипов имеют всего 7 мутаций (три - в маркерах DYS19, и четыре - в DYS439). Это дает  $7/8/0.018 = 49 \rightarrow 52$  поколения, то есть  $1300 \pm 510$  лет до общего предка. Первое тысячелетие нашей эры. Из восьми гаплотипов - один швейцарский, два французских, и пять итальянских.

Это был просто пример. Мы не будем загромождать статью подобными второстепенными примерами, и остановимся лишь на нескольких характерных случаях, которые могут дополнить или оттенить приведенную выше концепцию.

### Субклад L23 (общий предок $5475 \pm 680$ лет назад) и M269 (7600 лет назад)

Следующая (по часовой стрелке) двойная ветвь, состоящая почти исключительно из гаплотипов субклада L23. Она заметна тем, что далеко отходит от «ствола» с гаплотипом номер 198 на вершине. Первая подветвь из 10 гаплотипов - из Пакистана (2), Турции (3), Швейцарии (3), Италии (2). Все 10 гаплотипов содержат 24 мутации от базового гаплотипа

**12** 24 14 **10** --- 12 12 13 **14 28** - 11

(отмечены 4 мутации от базового гаплотипа всего дерева), что дает  $24/10/0.018 = 133 \rightarrow 154$  поколений, то есть  $3850 \pm 875$  лет до общего предка. Четыре мутации между базовыми гаплотипами разводят общих предков R312 (или L21) и L23 на 7100 лет, и помещают **ИХ** общего предка на 7600

лет назад. Это, видимо, общий предок субклада M269. Вот это уже новая информация, поскольку мы знали только, что общий предок субклада M269 жил больше чем 6200 лет назад (Клёсов, 2010g).

Вторая подветвь субклада L23 состоит из 25 гаплотипов – из Турции (13), с Кавказа (3), из Швейцарии (5), Италии (1), Венгрии (1), Румынии (1), Словакии (1), с базовым гаплотипом

**12 24 14 11 --- 12 12 13 14 28 - 10**

и 45 мутациями в ветви. Это дает  $45/25/0.018 = 100 \rightarrow 111$  поколений от общего предка, то есть 2775±500 лет назад. Между этими базовыми гаплотипами – всего две мутации, то есть их общий предок в субкладе L23 жил примерно 4900 лет назад. Более детальные расчеты по 128 67-маркерным гаплотипам показывают время жизни общего предка субклада L23 5475±680 лет назад. Базовый гаплотип его в 25-маркерном формате

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

Ясно, что ветви с DYS392 = 14 являются более молодыми в этом субкладе, и не единственными на дереве гаплотипов на рис. 1. На самом деле во всем дереве имеется 214 гаплотипов этого субклада.

Следующая ветвь из 21 гаплотипа L23 расположена на дереве слева, где визуальнo выдается гаплотип 192 этого субклада. Базовый гаплотип ветви

**12 24 14 10 --- 12 12 13 13 29 - 10**

и во всей ветви от него имеется 31 мутация. Это дает  $31/21/0.018 = 82 \rightarrow 90$  поколений, то есть 2250±460 лет до общего предка. Происхождение гаплотипов – Турция (9), Италия (2), Греция (2), Румыния (4), и по одному из Швейцарии, Польши, Пакистана, с Кавказа.

Как видно, субклад L23 обнаруживается в одних и тех же странах – в первую очередь в Турции (25), в юго-восточной Европе (22), в Пакистане (3), на Кавказе (4). Здесь абсолютные числа гаплотипов не имеют значения, потому что отражают число тестированных, которое отнюдь не одинаково по странам. Но они отражают географию миграций древнего субклада. Поскольку ниже будет сообщено о большой группе гаплотипов субклада L23 из Башкирии, картина миграций становится яснее. Она, скорее всего, шла с востока, со стороны Средней Азии (в Индии этого субклада не обнаружено) через Поволжье и Русскую равнину и на запад в Европу (видимо, из Причерноморья) и отдельным миграционным путем через

Кавказ в Анатолию и на запад, в Европу (видимо, в Срадиземноморье). На самом деле маршрут был и в Ирак, и в Ливан, и оттуда по северной Африке до Пиреней, но там субклада L23\* уже не было, он перешел в свои субклады R312, L21 и так далее.

Получается, что субклад L23 образовался уже в Поволжье и/или в Пакистане, а субклад M269 образовался еще восточнее. Где именно – мы пока не знаем.

\* \* \*

Возвращаемся к дереву гаплотипов. Наверху справа на дереве имеется длинный ряд из 28 базовых гаплотипов

13 24 14 **10** --- 12 12 13 13 29 – 11

видимо, для всей последующей широкой ветви. Он имеет только одну мутацию от «Атлантического модального гаплотипа» (отмечено). Такой комбинации аллелей нет ни у одного базового гаплотипа известных субкладов гаплогруппы R1b1b2. Видимо, это сводная, фантомная ветвь мутированных гаплотипов из разных субкладов. Действительно, среди этих базовых гаплотипов ветви имеются представители субкладов U106, R312, U152 и L21.

Следующая высокая ветвь, с гаплотипом 489 (это субклад R312) на вершине, состоит опять из набора гаплотипов разных субкладов – L11 (4), U106 (7), R312 (4), U152 (5), L21 (2). Они все восходят к субкладу L11, потому и ветвь суммарная, относительно высокая на дереве. На все 22 гаплотипа ветви приходится 41 мутация от базового гаплотипа

13 24 14 **10** --- 12 **13** 13 13 29 – 11

что дает  $41/22/0.018 = 104 \rightarrow 116$  поколений, то есть  $2900 \pm 540$  лет до общего предка ветви. Этот показатель в любом случае фантомный, так как объединяет гаплотипы разных субкладов и в разных соотношениях. Опять, как отмечено выше, ни в одном из известных субкладов нет «10» в четвертом слева маркере. То есть это опять объединение соответствующим образом мутированных гаплотипов.

Большинство из последующих малых ветвей не представляют интереса, поскольку составлены из разных субкладов. В любом случае, базовые 67 маркерных гаплотипов всех основных европейских субкладов и времена жизни их общих предков уже известны и опубликованы (Клёсов, 2010h,i;



Klyosov, 2010a,b). С азиатскими гаплотипами ясности значительно меньше. На этом и сосредоточимся.

### Башкиры R1b1b2 - M73, L23, M269, U152

В нижней части дерева гаплотипов на рис. 1 идет длинная цепочка из 21 базовых гаплотипов субклада L23 с базовым гаплотипом

**12 24 14 10 --- 12 12 13 13 30 - 10**

Это - часть широкой ветви субклада L23 из 116 гаплотипов. 20 из этих базовых гаплотипов принадлежат башкирам, один - словаку. Помимо этого, малая ветвь из шести гаплотипов рядом также принадлежит башкирам, с тем же базовым гаплотипом

**12 24 14 10 --- 12 12 13 13 30 - 10**

В итоге на все 29 гаплотипов башкиров субклада L23 приходится 12 мутаций. Это дает  $12/29/0.018 = 23$  поколения, то есть 575 лет. Поскольку от базового гаплотипа субклада L23 базовый гаплотип башкиров отделяют три мутации, что отделяет во времени общих предков башкиров и субклада L23 на 4975 лет, то общий предок башкиров и субклада L23 жил  $(5475+4975+575)/2 = 5500$  лет назад. Это практически (в пределах погрешности) совпадает со временем жизни общего предка субклада L23, что и требовалось доказать.

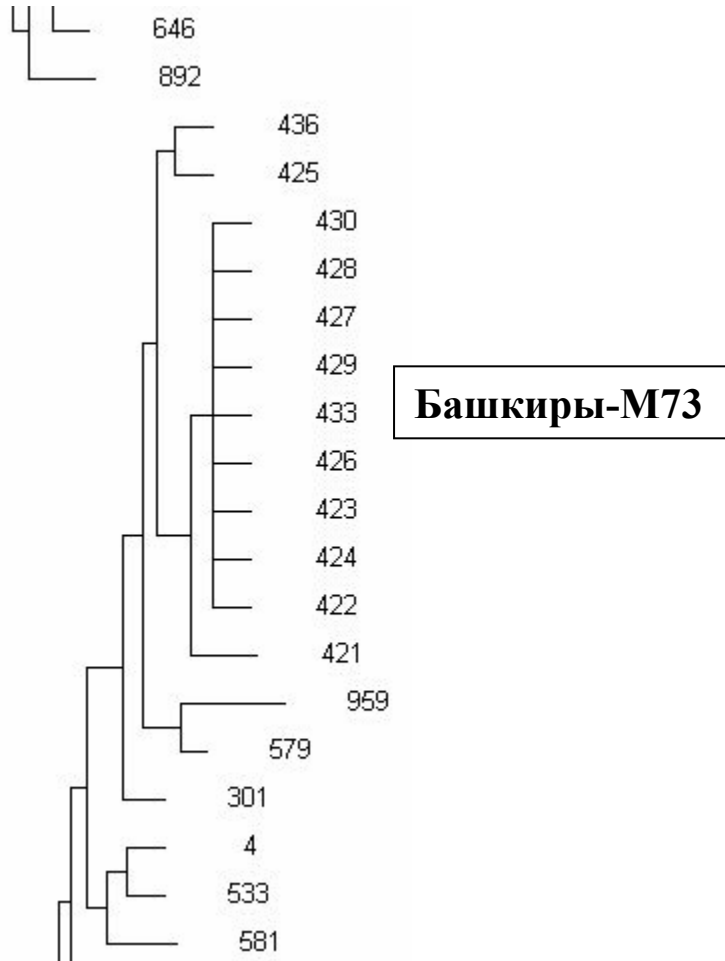
Среди башкир были выявлены еще три субклада - M269 (один гаплотип), M73 (десять гаплотипов) и U152 (восемь гаплотипов). Таким образом, базовые и индивидуальные (в случае M269) гаплотипы образуют следующую матрицу, суммарно различающуюся 13-ю мутациями, что помещает их общего предка в субклад M269 на 5500 лет ниже времени жизни усредненного общего предка этих четырех базовых гаплотипов:

12 24 14 10 --- 12 12 13 13 30 - 10	L23	575
12 24 14 10 --- 12 12 13 13 30 - 10	M269	0
13 24 15 11 --- 12 12 13 13 30 - 11	U152	0
13 19 14 10 --- 12 13 14 13 29 - 10	M73	425

Все восемь гаплотипов башкир субклада U152 одинаковы, и все десять гаплотипов башкир субклада M73 имеют всего три мутации, что соответствует времени жизни их общего предка  $3/10/0.18 = 17$  поколений назад, то есть 425 лет назад. Таким образом, их усредненный общий предок

датируется 250 годами назад, и общий предок башкир гаплогруппы R1b1b2 жил примерно 5750 лет назад, то есть около 6 тысяч лет назад.

В той же ветви с гаплотипами башкир R1b1b1-M73 имеются еще два гаплотипа – татарина и марийца, той же гаплогруппы (см. рис. 2).



**Рис. 2. Фрагмент дерева гаплотипов, приведенного на рис. 1, в его левой верхней части (в направлении на 10 часов). Гаплотипы башкир гаплогруппы R1b1b1-M73 под номерами 421-430. В той же ветви гаплотип марийца (433) и татарина (436) той же гаплогруппы. Выше гаплотипы субкладов U106 (номер 646) и U152 (номер 892), ниже – гаплотипы субкладов L11 (номер 4), L51 (номер 301), P312 (номера 533, 579 и 581), U152 (номер 959).**

### Гаплогруппа R1b1b1-M73

Помимо башкир (см. выше), гаплогруппу R1b1b1 имеют кабардино-балкарцы, марийцы, татары, менгрелы, турки (см. рис. 3). Характерно, что все эти народности говорят на языках тюркской или (марийцы) уральской семьи, фактически алтайской группы языков. Балкарцы – европеоиды, северо-кавказский народ, по сути объединенный с карачаевцами. Говорят на карачаево-балкарском языке половецко-кыпчакской группы тюркской семьи.

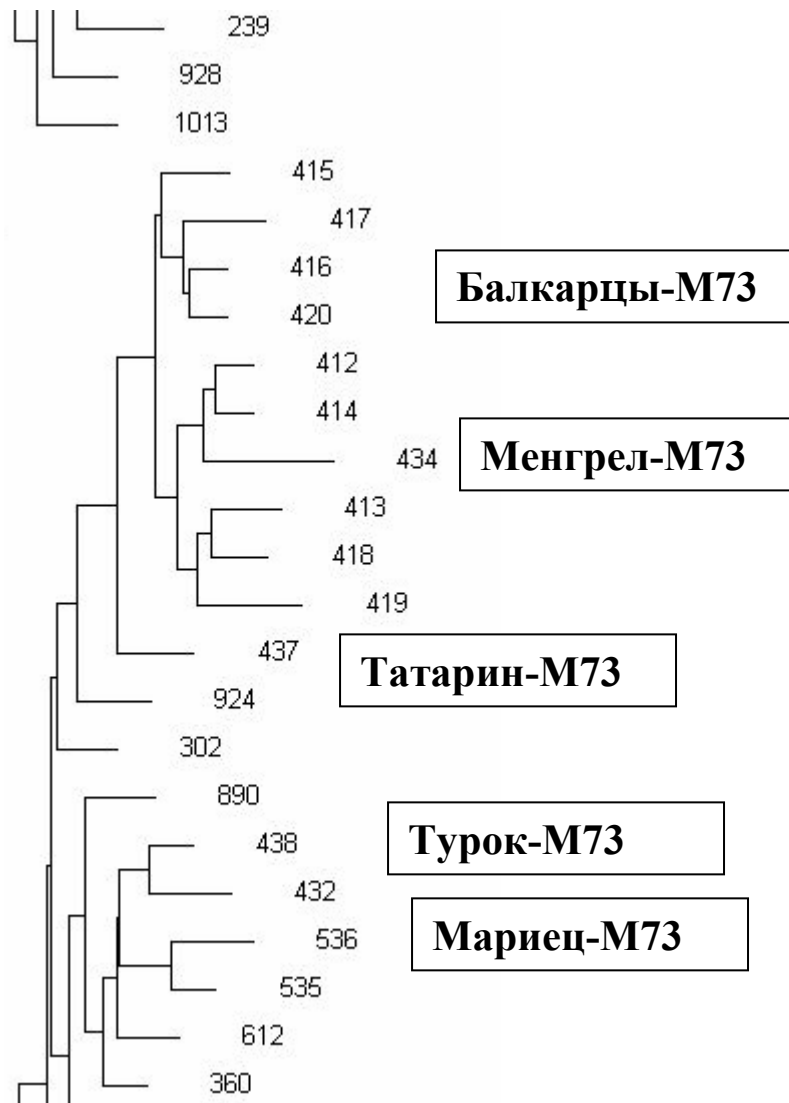


Рис. 3. Фрагмент дерева гаплотипов, приведенного на рис. 1, в его левой части (в направлении на 9 часов; гаплотип 434 заметен на дереве на рис. 1). Гаплотипы балкар гаплогруппы R1b1b1-M73 под номерами 412-420. В той же ветви гаплотип марийца (432), татарина (437) и менгрела (434) той же гаплогруппы. Гаплотипы прочих субкладов L51 (302), U106 (номер 612), U152 (номера 890, 924, 928 и 1013), L21 (360), P312 (535 и 536), M222 (239).

Мари́йцев раньше называли «черемисы», что на языке коми означает «люди с востока». Живут они в основном на Поволжье и Урале. Менгрелы – один из грузинских народов, говорят на менгрельском языке, одном из картвельских языков, который по данным некоторых лингвистов обособился лишь в 8-м веке до нашей эры. Татарский язык относится к болгаро-кыпчакской подгруппе тюркской группы алтайской семьи языков.

Впрочем, поскольку во всей группе только один мариец, эта гаплогруппа может оказаться для них нехарактерной. Аналогично, поскольку турок тоже всего один (и находится в паре с мари́йцем по гаплотипу, см. рис. 3), то гаплогруппа R1b1b1-M73 может для Турции-Анатолии тоже быть нехарактерной, поскольку в Анатолию с севера, с Русской равнины вошел уже субклад L23 гаплогруппы R1b1b2.

Все 13 гаплотипов субклада M73 данной ветви имеют 29 мутаций от базового гаплотипа

**13 22 14 11** --- 12 **13 14 13 32** - 10

который отличается на 7 мутаций (!) от базового гаплотипа башкир

12 24 14 10 --- 12 12 13 13 30 - 10

что разводит их общих предков на 15450 лет мутационной дистанции. 29 мутаций в ветви дает  $29/13/0.018 = 124 \rightarrow 142$  поколения, то есть 3550 лет до общего предка в данной группе балкарцев и четырех других представителей из разных этносов. Поскольку общий предок башкир в данной гаплогруппе жил всего 425 лет назад, то общий предок представителей всех шести групп гаплогруппы R1b1b1 жил  $(15450+3550+425)/2 = 9700$  лет назад, причем это было на территории между Поволжьем и Кавказом.

Если учесть, что эти базовые гаплотипы отличаются на 4-6 мутаций от типичного европейского базового гаплотипа гаплогруппы R1b1b2

13 24 14 11 -- 12 12 13 13 29 - 11

(это соответствует разнице в 7100-12300 лет) то общий предок указанных представителей этносов и европейцев гаплогруппы R1b1 жил 11-13 тысяч лет назад. Но гаплогруппа R1b1b1 еще древнее, так как мы здесь не учли базовый гаплотип с DYS390 = 19 (а также гаплотипы уйгуров, которые живут восточнее, см. следующую статью данного Вестника).

13 19 14 10 --- 12 13 14 13 29 - 10

С его учетом общий предок гаплогруппы R1b1 уходит на глубину в 16 тысяч лет (Клёсов, 2008).

### **Последовательность субкладов гаплогруппы R1b1b2 в Европе**

Итак, мы прояснили, что гаплогруппа R1b1 и далее R1b1b1-M73 продвигались со стороны Алтая или сопряженных территорий (где образовалась примерно 16 тысяч лет назад) на запад через Поволжье на Русскую равнину, и затем мигрировала на юг, на Кавказ. На этом пути образовалась гаплогруппа R1b1b2-M269 (примерно 7600 лет назад), с общим предком этнических русских на Русской равнине около 7000 лет назад (Klyosov, 2009b), и потомки ее субклада L23 сейчас живут на Кавказе (общий предок ~ 6000 лет), в Анатолии (~ 6000 лет), на Ближнем Востоке (~ 5500 лет). Ранее нами было высказано предположение, что субклады L23 → L51 → R312 → U152 → L21 → M222 прошли по пути от Ближнего Востока через Северную Африку на Пиренеи, и как культура колоколовидных кубков (ККК) субклады R312 → U152 → L21 вышли на европейский континент (Клёсов, 2010d,e). Сейчас, благодаря недавним дискуссиям с И. Рожанским, появилось больше данных, что гаплогруппа M269 в виде своих субкладов L23 → L51 → L11 → U106 тоже сопровождала миграцию через Северную Африку и далее через Пиренеи как ККК по Европе, вплоть до Польши, Германии, Голландии.

Посмотрим на региональные распределения популяций по данным статьи.

Как и следует из концепции, приведенной выше (курсив), гаплогруппа R1b1b1-M73 представлена в статье только на территории России (Поволжье), Кавказа, и имеется только одиночный гаплотип в Турции.

Субклад M269 представлен в статье в основном единичными гаплотипами, которые могли попасть в популяции совершенно случайно и не представлять популяцию в историческом плане. Только в Турции есть десять гаплотипов (в Иране – единичный гаплотип), в Румынии пять, в Италии три, в Германии три. Это не противоречит маршруту субклада с Русской равнины через Кавказ (единичные гаплотипы в данном случае, но много субклада L23) в Анатолию примерно 6000 лет назад, и затем через Малую Азию в Италию-Румынию и далее по Европе.

Следующий по филогении субклад L23 доминирует на Русской равнине (Поволжье) и Кавказе – у башкир 29 гаплотипов, на Кавказе 32. В Пакистане всего 5 гаплотипов L23, причем неясно, либо они попали туда с востока (но

в Индии гаплогруппы R1b1b практически нет), или из Средней Азии – Поволжья.

В Турции – 58 гаплотипов L23, что не удивительно, так как в Турции наибольшее количество тестированных. В Италии – 14 гаплотипов L23, в Греции 15, в Румынии 12, в Швейцарии 10. Как и предполагалось, это отражает переход носителей субклада L23 через Малую Азию в Южную Европу. Далее L23 стала расходиться по Европе, примерно 4500-4200 лет назад и позднее – в Словакии 10 гаплотипов, в Венгрии 7, в Польше 7, в Словении 4. В остальных европейских странах гаплотипы L23 единичные.

В Иордании два гаплотипа L23, в Палестине один. Все это указывает на южный маршрут субклада L23 в Европу. Видимо, через Малую Азию.

Субклад L51, дочерний от L23, в основном – по данным статьи – присутствует в Европе в единичных количествах. Только в Италии по приведенной выборке найдено 4 гаплотипа, что опять указывает на южный пути миграции. Остальные – единичные, от Польши и Германии до Франции, Венгрии, Ирландии.

Субклад L11 и его дочерний U106 явно указывают на путь миграции от юга на север Европы. Максимальное количество субклада L11 (6 гаплотипов) – в Германии, Швейцарии (3), Дании (2), Англии (4), Эстонии (2), Словакии (2), Италия (2). Остальные страны представлены единичными гаплотипами (Франция, Польша). А вот его дочернего субклада U106 на севере больше всего – Эстония (10), Германия (61), Голландия (28), Дания (17), Англия (23), Швейцария (19), Польша (9), Словакия (12). На юге Европы их уже значительно меньше – Турция (2), Румыния (4), Венгрия (4), Франция (6), Италия (10).

Субклад U198, дочерний по отношению к U106, опять распространен в первую очередь на севере – в Германии (5), Голландии (2), Дании (1), Англии (3). Это – весь список.

По данным из других источников, субклад U106 вместе с нижеследующим субкладом U198 составляет 37% в Голландии, 21% в Германии и Австрии, 18% в Дании и Англии, 13% в Швейцарии, 8% во Франции, 6% в Польше и Северной Италии, 5% в Эстонии, 4% в Чехии, Словакии, Венгрии и Южной Швеции, 2.5% в Испании и Португалии, 1% среди славян и в Южной Италии, долю процента среди греков и турок, и нет на Ближнем Востоке. Это опять свидетельствует в пользу перехода носителей субклада U106 с юга Европы на север.

Об этом же свидетельствуют данные, приведенные на сайте [http://www.weston-genealogy.net/R\\_U106/U106\\_pop\\_density\\_U106x.html](http://www.weston-genealogy.net/R_U106/U106_pop_density_U106x.html) согласно которым в расчете на 1000 мужчин число носителей U106\* составляет:

- 23 чел в Северо-Западной Европе,
- 19 чел в Скандинавии,
- 9 чел на Британских островах,
- 5 чел во Франции и Испании,
- 4 чел в Центральной Европе,
- 2 чел в Юго-Восточной Европе,
- 1 чел в Восточной Европе.

Субклад R312, который в максимальной пропорции находится на Пиренеях и среди басков, и распространился по Европе как культура колоколовидных кубков, выявлен во Франции (19), Германии (22), Англии (8), Ирландии (14), Италии (14), на Кавказе (1), в Турции (2). Последнее неудивительно, потому что R1b1b2 покинули Кавказ и Турцию в виде основного субклада L23, и до субклада R312 было еще далеко, полтора-два тысячелетия. Ирландия – конечный путь ККК, и R312 могли туда попасть вместе с потоком U152 и L21.

Последующий субклад U152, дочерний по отношению к R312 и разошедшийся по Европе, найден в Италии (57), Германии (33), Швейцарии (29), Франции (14), Англии (9), Греции (7), Румынии (6), Словакии (7), Словении (6), Польше (5). Он же – в Башкирии (8), но совсем недавняя ветвь, все гаплотипы одинаковые. Это явно недавнее поступление.

Субклад L21, один из основных в ККК и разошедшийся по Европе, имеет максимум в Ирландии (41), Англии (20), Швеции (8), Дании (7), Германии (6), Франции (6), Голландии (5), остальные примеры единичные.

Наконец, последний в данной серии субкладов M222 максимален по гаплотипам в Ирландии (16) и Англии (6). Во Франции и Германии они единичны.

### **К вопросу о миграции носителей R1b1b2 на запад по Иранскому плато или по северному пути**

Как показано выше, общий предок башкир гаплогруппы R1b1b2 жил примерно 5750 лет назад, и общий предок этой же гаплогруппы у этнических русских жил около 7 тысяч лет назад (Klyosov, 2009b). По Ирану датировок общих предков гаплогруппы R1b1 пока нет. В этой ситуации

сравним пока частоты этой гаплогруппы в Поволжье и в Иране, по данным обсуждаемой статьи и приведенных в ней ссылок.

Гаплогруппа R1b1b1-M73 в Иране отсутствует, в Поволжье по регионам составляет до 23% (329 тестированных человек).

Субклад M269 (с подгруппами) в Иране 8%, в Поволжье - до 36% и 74% (329 и 70 тестированных человек, соответственно).

Субклад L23 (за вычетом дочернего L51) в Иране 4.7%, в Поволжье - до 11%, 17% и 32% по регионам.

Эти цифры не включают европейские субклады, которых много в одном регионе Башкирии, и которые присутствуют в следовых количествах в Иране.

С такими данные совершенно непонятно, как у авторов обсуждаемой статьи могло возникнуть предположение о происхождении гаплогруппы R1b «в западной Азии», если только под «Западной Азией» не считать Поволжье (в частности, Башкирию), и вообще забыть о более восточных регионах Азии. Иначе говоря, поскольку у авторов совершенно не было данных по R1b1 по регионам к востоку от Ирана или Поволжья, то опять непонятно, как такое предположение могло возникнуть. На этом, в частности, мы остановимся в последующей статье.

### **К гипотезе об отщеплении субклада R1b1-V88 от северо-африканского миграционного потока гаплогруппы R1b1b2, направляющегося на запад, к Атлантике**

Cruciani et al (2010) выявили кластер гаплогруппы R1b1 в регионе Камеруна-Чада, и определили его в субклад R1b1-V88. Мы определили время жизни общего предка этой популяции как 4400±610 лет назад, и предположили, что предки этой группы отщепились от миграционного потока гаплогруппы R1b1b2, передвигающегося в западном направлении, к Атлантике и далее на Пиренеи, в интервале 5500 - 4500 лет назад (Клёсов, 2010с). Возникает вопрос, каким образом субклад R1b1-V88 мог оказаться в составе популяции R1b1b2.

Обсуждаемая здесь статья имеет данные, позволяющие предложить ответ на данный вопрос. Из рассматриваемых 118 популяций субклад V88 обнаружен только в двух популяциях, с частотой не ниже долей процента (хотя и последних тоже было только две популяции) - это Иордания и Палестина, с содержанием этого субклада 13.7% и 2%, соответственно.



Европеоидные носители гаплогруппы R1b1b2 отправились на запад по Северной Африке (примерно 5500-5000 лет назад) с Ближнего Востока. В их состав вполне могли попасть европеоидные же носители субклада V88 с территории современной Иордании или сопряженных регионов. Тот факт, что они принадлежали другому роду (точнее, подроду, но в таких тонкостях предки вряд ли разбирались), мог приводить к их некоторой обособленности. В итоге они покинули основной род и пошли своим путем. Это – вполне возможное решение загадки. Вряд ли в близком будущем может быть предложено что-то более обоснованное.

## **Заключение**

Подведем итоги обсуждению на основе представленных данных в виде концепции об истории и динамике миграции гаплогруппы R1b1 из Восточной Азии в Европу (ссылки на приводимые положения приведены выше):

*Гаплогруппа R1b1, как и родственная ей R1a1, вышла из Южной Сибири или сопряженных территорий (Алтай, северный Китай). Обе гаплогруппы – антропологически европеоидные, и их прямые предки, гаплогруппа P, прибыли в район Алтая примерно 45 тысяч лет назад с Восточно-Европейской равнины. Гаплогруппа P разошлась (как путем соответствующих мутаций-сипов, так и физически, по родам и территориям) на последующие гаплогруппы Q и R. Носители гаплогруппы Q мигрировали в сторону Америки еще 46 тысяч лет назад (данные радиоуглеродного анализа), и это является реперной датой в отношении расхождения гаплогруппы P в Южной Сибири.*

*Гаплогруппа R1b образовалась примерно 16 тысяч лет назад в районе Алтая или Киргизии (регион, непосредственно примыкающий к Алтаю), ее носители прошли по северному Казахстану (заложив, в частности, ботайскую культуру, с последующим одомашниванием лошади 5500-6500 лет назад), через территорию современных башкир 13-11-8 тысяч лет назад, основали сероглазовскую археологическую культуру (13-11 тысяч лет назад) и далее культуры волжского бассейна (средневолжскую культуру [8-7 тысяч лет назад], самарскую [7 тысяч лет назад], среднестоговскую [7500-5500 лет назад], хвальинскую, [7-6 тысяч лет назад], камскую [7-5 тысяч лет назад]), те, что потом назвали «предкурганскими», образовали субклад R1b1b2-M269 и далее L23, и разошлись на несколько потоков. Один миграционный поток ушел на запад из Причерноморья и прибыл на Балканы 4500 лет назад как субклад R1b1b2-L23, и далее продвинулся на территории современных Польши и Германии.*

*Другая часть потока R1b1b2-L23 ушла через Кавказ (6000 лет назад) в Анатолию (6000 лет назад), стали шумерами (5500 лет назад), и мигрировали по северо-африканскому побережью через Египет на запад до Атлантики (стали частью*

берберов, около 5 тысяч лет назад). На этом пути от мигрантов отошла группа R1b1 и направилась на юг, вглубь Африки. Недавно их обнаружили в Камеруне и Чаде как носителей субклада R1b1-V88, с возрастом общего предка  $4400 \pm 610$  лет. Остальная группа мигрантов продолжила путь, пересекли Гибралтар с прибытием на Пиренеи (4800 лет назад) и прошли далее – возможно, под натиском берберов и других африканских племен гаплогруппы E1b1 - в континентальную Европу как культура колоколовидных кубков (4800-3600 лет назад).

На Пиренеях оставшаяся гаплогруппа R1b1b2 (возможно, в то время субклад L51 и/или L23 подверглись почти полному истреблению, видимо, гаплогруппой E1b1b, и прошли бутылочное горлышко популяции, выйдя из него только 4200 лет назад (баски – 3700 лет назад), то есть через несколько сот лет, уже как субклад P312). Это – общий предок басков и большинства других носителей гаплогруппы R1b1b2 современных Испании и Португалии. Из сказанного следует, что в Анатолии их предки были не ранее 6000 лет назад, и древние (археологические) стоянки там, датированные 10-9 тысяч лет назад - никак не R1b1b2. Древний язык у носителей гаплогруппы R1b1b2-M269, с древнейших времен до их прихода в Европу примерно 4500-4200 лет назад был агглютинативный, неиндоевропейский, и остался таковым до начала-середины 1-го тысячелетия до н.э. Такой же, агглютинативный по строю язык, найден в ряде языков Кавказа, у шумеров, у басков, и ряда других доиндоевропейских языков. К "праиндоевропейцам" R1b1b2 отношения не имели ни на Русской равнине, ни в Европе. Из Пиреней носители гаплогруппы P312 прошли через Францию и далее на север и северо-запад Европы в сопровождении дочерних субкладов U152 и L21, и расселились по Европе.

## Литература

- Клёсов, А.А. (2008) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, № 4, 568-630.
- Клёсов, А.А. (2009а) Еще раз о «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни. Развернутый комментарий на Response, M. Hammer et al, Hum. Genet., October 8, 2009. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, № 7, 1162-1181.
- Клёсов, А.А. (2009b) О «множественных и уникальных генеалогических линиях коэнов» (анализ данных, приведенных в публикации Hammer, Behar, Karafet, Mendez, Hallmark, Erez, Zhivotovsky, Rosset, Skorecki, в Hum. Genet., август 2009). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, № 6, 1100-1116.

Клёсов, А.А. (2010a) Попытка рассмотрения 37 ирландских гаплотипов группы R1a1 и 1036 ирландских гаплотипов гаплогруппы R1b1 в одной серии 67-маркерных гаплотипов: выделение субклада R1a1 Русской равнины и R-M222, и определение времен жизни общих предков. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 3, 398-405.

Клёсов, А.А. (2010b) Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу. Критический разбор статьи "A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages", Patricia Balaresque et al, PLoS Biology, vol. 8, January 2010, on-line publication. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 6, 896-902.

Клёсов, А.А. (2010c) Гаплотипы гаплогруппы R1b в Центральной Африке. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 3, 369-378.

Клёсов, А.А. (2010d) Субклад R1b1b2-M153 на Пиренейском полуострове и среди басков. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 6, 976-982.

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

Клёсов, А.А. (2010f) Основная загадка во взаимоотношениях индоевропейской и тюркской языковых семей и попытка ее решения с помощью ДНК-генеалогии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 1, 2-57.

Клёсов, А.А. (2010g) Возраст субклада R1b1b2-M269 и его субкладов (L23, L51, L11). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 8, 1310-1315.

Клёсов, А.А. (2010h) Гаплогруппа R1b (часть 1). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 2, 249-299.

Клёсов, А.А. (2010i) Гаплогруппа R1b (часть 2). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 3, 406-475.

Balaresque, P., Bowden, G.R., Adams, S.M., Leung, H.-Y., King, T.E., Rosser, Z.H., Goodwin, J., Moisan, J.-P., Richard, C., Millward, A., Demaine, A.G., Barbujani, G., Previderè, C., Wilson, I.J., Tyler-Smith, C., Jobling, M.A. (2010) A

Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages. PLoS Biol 8(1): e1000285. doi:10.1371/journal.pbio.1000285

Cruciani, F., Trombetta, B., Sellitto, D., Massaia, A., Destro-Bisol, G., Watson, E., Colomb, E.B., Dugoujon, J.-M., Moral, P., Scozzari, R. (2010) Human Y chromosome haplogroup R-V88: a paternal genetic record of early mid Holocene trans-Saharan connections and the spread of Chadic languages. Eur. J. Human Gen. doi:10.1038/eihg.2009.231, 6 January 2010, 1-8.

Hamilton, M.J., Buchanan, B. (2010) Archaeological support for the tree-stage expansion of modern humans across Northeastern Eurasia and into the Americas. PLoS ONE 5, 5(8): e12472. doi:10.1371/journal.pone.0012472

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

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

Klyosov, A.A. (2010a) Irish haplotypes and haplogroups. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 6, 1029-1053.

Klyosov, A.A. (2010b) Subclade R1b1b2-L226 ("Irish III") – the latest update. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 7, 1211-1213.

Myres, N. M., Rootsi, S., Lin, A.A., Jarve, M., King, R.J., Kutuev, I., Cabrera, V.M., Khusnutdinova, E.K., Pshenichnov, A., Yunusnayev, B., Balanovsky, O., Balanovska, E., Rudan, P., Baldovic, M., Herrera, R.J., Chiaroni, J., Cristofaro, J. D., Villems, R., Kivisild, T., Underhill, P.A. (2010) A Major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe. Eur. J. Human Genetics, advance on-line publication, 26 August 2010; doi: 10.1038/ejhg.2010.146

## Гаплогруппа R1b1 и ее субклады в Азии

**Критический разбор статьи “Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route” (Hua Zhong, Hong Shi, Xue-Bin Qi, Zi-Yuan Duan, Ping-Ping Tan, Li Jin, Bing Su, and Runlin Z. Ma, Mol. Biol. Evolution, advance on-line publication, 13 September 2010, 29 стр.**

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

Это - продолжение предыдущей статьи данного выпуска Вестника. Поскольку анализируемая статья (Zhong et al, 2010) очень насыщенная гаплотипами и гаплогруппами, здесь я пока буду рассматривать только гаплогруппу R1b1, и еще некоторые (как, например, гаплогруппы J1, J2a и J2b, имеющие отношение к данному вопросу. К сожалению, обсуждаемая статья в худших традициях популяционной генетики, ставших уже нормой в академических публикациях, использует исключительно так называемый «метод Животовского» для расчета хронологии, истории популяций в отношении времен жизни их предков. Об этом уже была речь в первой статье в данном выпуске Вестника, поэтому не буду повторяться. Суть в том, что с датировками в статье плохо, а значит, никакой ценности в отношении исторических рассматриваний статья не имеет. То, что авторы использовали «эволюционную скорость мутации 0.00069 на поколение» по «Животовскому», означает полную неопределенность в получаемых величинах датировок, которые могут «гулять» в диапазоне примерно от 200% до 400% выше правильных величин. В итоге «общий предок» получается совершенно фантомным, и расчетная временная дистанция до него обычно завышена в 2-4 раза. То, что авторы начинают фантазировать о некоторых «миграциях по северному пути» 18 тысяч лет назад, на самом деле может быть временами 5-6 тысяч лет назад, да и то неправильно, это «средняя температура по больнице», поскольку авторы в расчетах смешивали как недавние, так и более древние популяции. То, что у авторов датируется примерно 3 тысячи лет назад, окажется скорее концом первого - началом второго тысячелетия НАШЕЙ эры. Ясно, что никакого смысла подобные «датировки» не имеют, и на этом обсуждение статьи уже можно было бы заканчивать.

Но, как и в предыдущей статье, рассматриваемой в начале данного выпуска, статья богата конкретной информацией по гаплотипам и гаплогруппам, в том числе (и в особенности) в Азии. Среди них – гаплогруппа R1b1. Гаплотипы, правда, короткие, всего 8-маркерные (DYS19, 388, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393), но для многих районов Азии и это редкость. Все остальное в статье ценности, пожалуй, не представляет. Давайте в этом убедимся, и посмотрим на основные положения Абстракта и Дискуссии, и позже проверим достоверность и полезность этих данных. Итак, что потенциально полезного в Абстракте?

1. Указано, что типировано 3826 человек, среди них 116 популяций Китая и одна популяция Южной Кореи, и показано, что 93% их (восточно-азиатских популяций) относятся всего к четырем гаплогруппам – O, D, C и N, а именно O-M175, D-M174, C-M130 и N-M231, причем и на севере, и на юге. Отсюда сделан вывод о «южном миграционном пути» анатомически современных людей в юго-восточную Азию.
2. Помимо того, в тех же популяциях найдены еще несколько гаплогрупп (E, C-5, G, H, I, J, L, Q, R и T), которые найдены в основном на севере Восточной Азии, и интерпретированы авторами как имеющие среднеазиатское и западноазиатское происхождение, «на основе их филогеографического анализа». Отсюда авторы заключили, что гаплогруппы Q и R, вероятно, мигрировали в Восточную Азию «по северному пути» примерно 18 тысяч лет назад. Выше мы уже отметили, что эти датировки у авторов не имеют никакого смысла. Как, впрочем, и их «филогеографический анализ».
3. Авторы отметили, что имеется «генетическая дивергенция» между южными и северными популяциями в Восточной Азии, и она обусловлена «ограниченным древним вкладом из западной Евразии».

Вот и все. Авторы не поясняют, что такое «южный путь» миграции, хотя, например, ISOGG в своих ежегодных рассматриваниях полагают, что сводная гаплогруппа NO мигрировала на восток мимо Аральского моря. Вряд ли это «южный путь» миграции. Так что авторы скорее постулируют, а не доказывают свои положения. То же и в отношении «северного пути». Гаплогруппа Q была в Южной Сибири уже примерно 46 тысяч лет назад, потому что именно ее носители ушли в Америку в те времена (Hamilton and Buchanan, 2010). Гаплогруппа R – тоже, видимо, была там же не позднее 35 тысяч лет назад, а не 18 тысяч лет, которые на самом деле соответствуют скорее 6 тысяч лет назад с учетом искаженных данных «метода Животовского». Пункт 3, про «генетическую дивергенцию» авторами так и

не объяснен, как и то, откуда они получили сведения про некую миграцию в Китай «из западной Евразии», и каких именно гаплогрупп.

А что в разделах Результаты и Дискуссия? Каковы основные выводы в отношении древних миграций R1b и R1a, и/или места и времени их происхождения?

Ответ короткий – никаких выводов или данных. Всё в лучшем случае ограничивается сообщениями, что «разнообразие Y-хромосом» в северо-восточной Азии выше, чем в юго-восточной Азии, что, по мнению авторов, указывает на «более близкую генетическую связь с центрально-азиатскими популяциями». В чем эта связь выражается и в какую сторону – это авторы определяют путем кластеризации снипов (биаллельных маркеров), что показало «близкую связь» снипов уйгур, киргизов и племени Нуи в северо-западном Китае (это и есть Алтай) с «популяциями западной Евразии». На самом деле эта «связь» лишь продукт воображения. Связи надо смотреть по гаплотипам. То, что видно из диаграммы «популяционной структуры» – это то, что гаплогруппы R1a1 и R1b1b2 находятся в известной «противофазе» в Западной и Восточной Европе, показывают примерно одинаковую картину в «Западной Азии» (Турция?), в Южной Азии (Индия?) опять противофаза – много R1a1, нет R1b1b2 (и R1b1b1), и заметное преимущество R1a1 по сравнению с R1b1b2 в северо-восточной Азии. Как из этого можно усмотреть «близкую связь популяций северо-западного Китая с популяциями Западной Евразии» – остается только гадать. Даже если такую связь усмотреть, она несколько не противоречит миграционному пути гаплогрупп R1a и R1b от Алтайского региона любым круглым путем и в итоге через западную Азию в Европу. Тем более что авторы оговариваются, что хоть китайские популяции Нуи и Нахи и оказываются близкими к западной Евразии, известно, что они мигрировали из северо-западного Китая. Далее, авторы предполагают происхождение гаплогруппы R1b1b1 в северо-восточной Азии.

По данным авторов гаплогруппа O охватывает 64% популяции в восточной Азии, гаплогруппа C (без C5) – 12%, гаплогруппа D – 11%, гаплогруппа N – 6% (данные округлены до целых чисел). Данные полезные, но на наш вопрос выше не отвечают. Частоты гаплогрупп E, C-5, G, H, I, L и T составляли доли процента (0.04 – 0.24%), частоты J-P209 – 1.1%, Q-M242 – 1.7%, R-M207 – 3.1% (данные округлены, во избежание неверного по сути завышения точности данных; для того, чтобы рассчитывать до сотых долей процента, как это делают авторы, надо, чтобы общая популяция была как минимум 10 тысяч человек). На самом деле в выборке в несколько тысяч человек было обнаружено следующее число носителей гаплотипов:

I - 2 чел  
T - 2  
E - 6  
G - 10  
H - 12  
L - 12  
J - 54  
Q - 82  
R - 151

Из этого уже можно было бы заключить, на мой взгляд, что источник гаплогрупп R и Q должен быть где-то поблизости от Китая, гаплогруппы H, L и J, скорее всего, прибыли из соседней Индии (гаплогруппы R1b в Индии практически нет, а гаплогруппы R1a там вряд ли в три раза больше по сравнению с J). К тому же уже было показано, что гаплогруппа R1a в Китае намного древнее, чем в Индии (Klyosov, 2009).

Далее в статье идут сплошные предположения, основанием для которых служат ссылки на работы других авторов, которые зачастую ниже критики. Здесь и совершенно бездоказательная «неолитическая экспансия» субклада R-M269 в Малой Азии по предположениям Balaesque (2010), которые мы подробно и критически разбирали в недавнем Вестнике (Клёсов, 2010a), и предположения, что R1a1 образовалась опять же в западной Евразии или в Средней Азии, с «ранними миграциями» оттуда (без датировок), и пришла в восточную Азию «северным путем». Откуда – конкретно не говорится, но упоминается, что R1a1 много в Европе и в западной Азии (в Турции?). Потом предполагается, что R1a1-M17 прибыли в восточную Азию «вероятно из Центральной Азии», и «долго дифференцировалась».

В заключение статьи повторяется про «пост-ледниковую миграцию» миграцию 18 тысяч лет назад «по северному пути» в восточную Азию, и что палеолитические миграции «по южному пути» привели к «клинальной структуре» с юга на север, и что пост-ледниковые миграции «по северному пути» привели к «генетической дивергенции» между северо-восточными и юго-восточными популяциями.

Как и ожидалось, эти традиционные и стандартный подходы и шаблонные фразы «популяционной генетики» дадут немного в понимании исторических процессов появления родов и их древний миграций. Применим подходы ДНК-генеалогии.



Итак, проанализируем, в какой степени данные обсуждаемой статьи могут дополнить или изменить следующую концепцию о миграции гаплогруппы R1b (см. предыдущую статью в данном номере Вестника):

*Гаплогруппа R1b1, как и родственная ей R1a1, вышла из Южной Сибири или сопряженных территорий (Алтай, северный Китай). Обе гаплогруппы – антропологически европеоидные, и их прямые предки, гаплогруппа Р, прибыли в район Алтая примерно 45 тысяч лет назад с Восточно-Европейской равнины. Гаплогруппа Р разошлась (как путем соответствующих мутаций-сипов, так и физически, по родам и территориям) на последующие гаплогруппы Q и R. Носители гаплогруппы Q мигрировали в сторону Америки еще 46 тысяч лет назад (данные радиоуглеродного анализа), и это является реперной датой в отношении расхождения гаплогруппы Р в Южной Сибири.*

*Гаплогруппа R1b образовалась примерно 16 тысяч лет назад в районе Алтая или Киргизии (регион, непосредственно примыкающий к Алтаю), ее носители прошли по северному Казахстану (заложив, в частности, ботайскую культуру, с последующим одомашниванием лошади 5500-6500 лет назад), через территорию современных башкир 13-11-8 тысяч лет назад, основали сероглазовскую археологическую культуру (13-11 тысяч лет назад) и далее культуры волжского бассейна (средневожжскую культуру [8-7 тысяч лет назад], самарскую [7 тысяч лет назад], среднестоговскую [7500-5500 лет назад], хвалынскую, [7-6 тысяч лет назад], камскую [7-5 тысяч лет назад]), те, что потом назвали «предкурганскими», образовали субклад R1b1b2-M269 и далее L23, и разошлись на несколько потоков. Один миграционный поток ушел на запад из Причерноморья и прибыл на Балканы 4500 лет назад как субклад R1b1b2-L23, и далее продвинулся на территории современных Польши и Германии.*

*Другая часть потока R1b1b2-L23 ушла через Кавказ (6000 лет назад) в Анатолию (6000 лет назад), стали шумерами (5500 лет назад), и мигрировали по североафриканскому побережью через Египет на запад до Атлантики (стали частью берберов, около 5 тысяч лет назад). На этом пути от мигрантов отошла группа R1b1 и направилась на юг, вглубь Африки. Недавно их обнаружили в Камеруне и Чаде как носителей субклада R1b1-V88, с возрастом общего предка  $4400 \pm 610$  лет. Остальная группа мигрантов продолжила путь, пересекли Гибралтар с прибытием на Пиренеи (4800 лет назад) и прошли далее – возможно, под натиском берберов и других африканских племен гаплогруппы E1b1 - в континентальную Европу как культура колоколовидных кубков (4800-3600 лет назад).*

*На Пиренеях оставшаяся гаплогруппа R1b1b2 (возможно, в то время субклад L51 и/или L23 подверглись почти полному истреблению, видимо, гаплогруппой E1b1b, и прошли бутылочное горлышко популяции, выйдя из него только 4200 лет назад (баски – 3700 лет назад), то есть через несколько сот лет, уже как субклад P312). Это – общий предок басков и большинства других носителей гаплогруппы R1b1b2*

*современных Испании и Португалии. Из сказанного следует, что в Анатолии их предки были не ранее 6000 лет назад, и древние (археологические) стоянки там, датируемые 10-9 тысяч лет назад - никак не R1b1b2. Древний язык у носителей гаплогруппы R1b1b2-M269, с древнейших времен до их прихода в Европу примерно 4500-4200 лет назад был агглютинативный, неиндоевропейский, и остался таковым до начала-середины 1-го тысячелетия до н.э. Такой же, агглютинативный по строю язык, найден в ряде языков Кавказа, у шумеров, у басков, и ряда других доиндоевропейских языков. К "праиндоевропейцам" R1b1b2 отношения не имели ни на Русской равнине, ни в Европе. Из Пиреней носители гаплогруппы P312 прошли через Францию и далее на север и северо-запад Европы в сопровождении дочерних субкладов U152 и L21, и расселились по Европе.*

Список гаплотипов и гаплогрупп обсуждаемой статьи мог бы усилить или, напротив, заставить пересмотреть некоторые положения приведенной выше концепции, в первую очередь о месте и времени начала миграционного пути гаплогруппы R1b. Посмотрим на данные статьи под этим углом. Под «данными» здесь имеются в виду, конечно, не бесполезные, как отмечалось выше, бездоказательные интерпретации статьи про «северный» или «южный путь» или столь же бездоказательные «связи» между Китаем и западной Азией (с движением с запада на восток), при которых гаплотипы вообще не рассматривались. Под данными здесь имеются в виду именно первичные гаплотипы, анализ которых в статье и не проводился. Текст статьи вообще не включает ни одного гаплотипа.

На рис. 1 приведено дерево гаплотипов гаплогруппы R1b с субкладами R1b\*-M343 (8 человек), R1b1\*-P25 (двое), R1b1c-M335 (двое), R1b-M343 (140 чел), R1b1b1-M73 и R1b2b-M73 (33 чел), R1b1b2-M269 (150 чел). Последняя группа не типировалась на европейские субклады, и в нее попадают большинство туркоков (кроме 8 из 84), все жители Пиреней, все западноевропейцы, все индийцы и половина пакистанцев, 4 уйгура (из 16), один японец (из двух), два ханьца (из семи) и один тибетец (из двух) – это все, можно полагать, вторичные, то есть возвратные заселения в Азии.

Можно даже с хорошей вероятностью предположить, откуда эти вторичные заселения произошли. Гаплотипы троих уйгур, двое из которых из провинции Синцзянь, входят в одну ветвь из 7 гаплотипов с двумя западноевропейцами, турком и пакистанцем, с базовым гаплотипом (в формате FTDNA, DYS 393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 426, 388, 439, 389-1, 392, 389-2, в которых пропущенные маркеры заменены X)

12 24 13 11 X X X 12 X 13 13 30

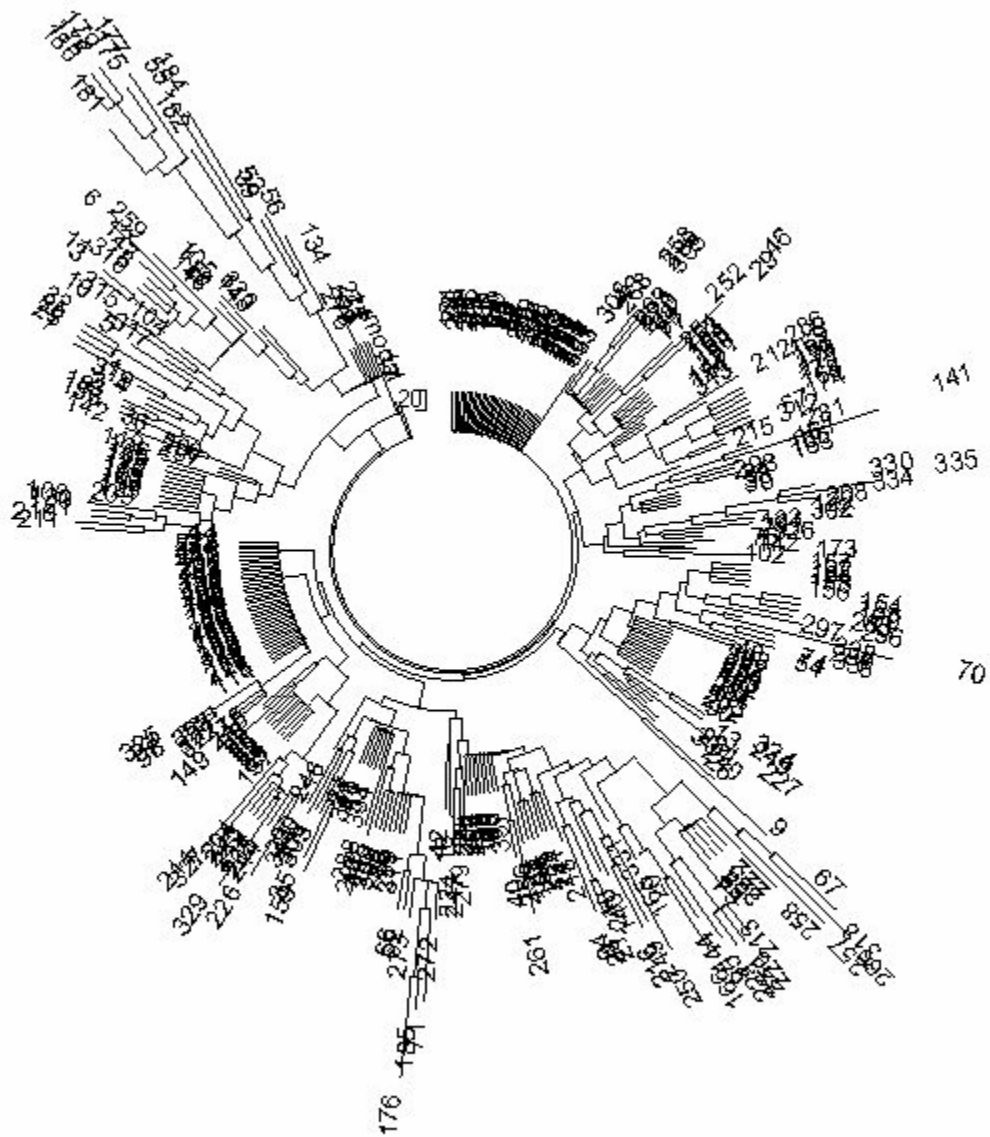


Рис. 1. Дерево из 337 8-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1 по всему миру. Построено по данным Zhong et al (2010). На дереве представлены субклады R1b\* (1-8), R1b1\* (9, 10), R1b1c (11, 12), R1b (13-152), R1b1b1 (153-164), R1b2b (165-185), R1b1b2 (186-338). В отношении этничности на дереве представлены 40 западноевропейцев, 17 жителей Иберии, 84 турок, 48 албанцев, македонцев и румын (в основном аромунов), 40 итальянцев, 30 жителей Крита, 13 греков и македонцев, 9 румын, 13 пакистанцев, 4 индийца, 2 японца, 2 монгола (один из них, 176, R1b1b1-M73, резко выдается в нижней части дерева, как и его сосед-японец 185, того же субклада), 2 жителей Тибета, 1 киргиз из провинции Синцзянь, 7 ханцев, 16 уйгур (12 из провинции Синцзянь, шесть из них R1b\*, трое R1b1b1 и трое R1b1b2; четверо из других областей Китая - трое R1b2b и один R1b1b2), 2 китайца племени Hui, и 6 китайцев других этничностей (Hazak R1b1b1, Tu R1b2b, и четверо Naxi R1b2b).

Это – вариант базового гаплотипа субклада R1b1b2-L23, который на первых 12 маркерах имеет вид (Клёсов, 2010b)

12 24 14 11 X X X 12 X 13 13 29

Он образовался, видимо, в регионе Средней Азии – средней Волги, так как его имеют много башкиры. Оттуда он прошел через Кавказ (где его имеют большинство кавказцев гаплогруппы R1b1b2) в Анатолию и на Ближний Восток, и оттуда уже в Европу, где находится в очень малых количествах. Поэтому у уйгуров это либо возвратный гаплотип из Средней Азии – средней Волги, либо он у них, на стыке Средней Азии, Алтая и Монголии, и исходно образовался примерно 7600 лет назад (см. предыдущую статью в данном выпуске Вестника). Все семь гаплотипов ветви имеют 12 мутаций от указанного базового гаплотипа, что дает  $12/7/0.013 = 132$  поколения без поправки на возвратные мутации, или 152 поколения с поправкой, то есть  $3800 \pm 1160$  лет до общего предка. Это похоже на действительно возвратные гаплотипы субклада L23, поскольку ветвь относительно молодая.

Еще один уйгурский гаплотип M269 сидит на небольшой ветви R-M269 с японским, иберийским и западноевропейским гаплотипом, с базовым гаплотипом ветви

13 23 14 11 X X X 12 X 14 13 30

в которой почти нет мутаций. Ясно, что это просто локальная ветвь, для идентификации которой 8-маркерных гаплотипов недостаточно.

Один индийский R-M269 гаплотип сидит в малой ветви из шести гаплотипов, из которых четыре турецких и один западно-европейский, с общим базовым гаплотипом

12 24 14 11 X X X 12 X 14 13 30

Это опять вариант гаплотипа R-L23, но с одиночным отклонением (отмечено). На всю ветвь – 9 мутаций, что дает  $9/6/0.013 = 115 \rightarrow 130$  поколений, то есть  $3250 \pm 1130$  лет до общего предка. Ситуация подобна той, что рассмотрена выше, и может быть объяснена перемещением гаплотипа из Турции в Индию несколько тысяч лет назад, тем более что в Индии гаплогруппы R1b почти нет. Но не исключена и редкая миграция гаплотипа из Алтайского региона через Индию в Малую Азию несколько тысяч лет назад.

Ситуацию проясняет еще больше соседняя ветвь из 9 гаплотипов, из которых 7 гаплотипов турецкие, и два – пакистанские. Учитывая, что в Пакистане (как и в Индии) R1b1b2 (как и других субкладов R1b) крайне мало, становится ясно, что субклад R1b1b2-L23 туда принесен извне, вероятно, что из Малой Азии. Базовый гаплотип ветви – опять очень сходен с теми, что приведены выше:

12 24 14 11 X X X 12 X 13 13 28

На все 9 гаплотипов ветви только 10 мутаций, что дает  $10/9/0.013 = 85 \rightarrow 93$  поколения, то есть  $2325 \pm 770$  лет до общего предка.

Оставшиеся индийские и пакистанские гаплотипы практически одинаковые, что указывает на их недавнего общего предка. Три идентичных индийских гаплотипа

12 24 14 11 X X X 13 X 13 13 29

и пакистанский

12 24 14 10 X X X 13 X 13 13 29

это базовый R1b1b2-L23, в котором произошла редкая мутация в DYS388 12→13, и закрепилась в поколениях. Это – родственные, относительно недавние гаплотипы.

Один пакистанский гаплотип и один ханьский – идентичны друг другу и сидят в длинной цепи идентичных гаплотипов R1b1b2-M269, субклад L23

12 24 14 11 X X X 12 X 13 13 29

слева на дереве гаплотипов на рис. 1.

Единственный тибетский гаплотип субклада M269 сидит в серии базовых гаплотипов всего дерева, на вершине дерева гаплотипов на рис. 1. Это – «Атлантический модальный гаплотип», самый распространенный в Европе

12 24 14 11 X X X 12 X 13 13 29

Ясно, что это принесенный, европейский гаплотип.

Один ханьский гаплотип M269

12 24 14 10 X X X 12 X 13 13 28

имеет две необычных мутации субклада L23, поэтому не попадает ни на одну ветвь. Наконец, единичный гаплотип китайского племени Нуи

12 24 14 10 X X X 12 X 13 13 29

сидит в серии из шести одинаковых гаплотипов из Турции и двух из Западной Европы, все субклада L23. Это – опять возвратный гаплотип.

Итак, с восточными гаплотипами Китая, Индии, Пакистана и Синцзяня субклада R1b1b2-L23 ситуация в целом прояснилась. Это скорее всего возвратные гаплотипы с территории Средней Азии, куда они попали как в Турцию (в ходе миграции через Русскую равнину и далее через Кавказ), так и в Северный Китай. Есть, правда, некоторая вероятность, что субклады M269 и M269-L23 образовались в районе Алтая, и оттуда мигрировали через Среднюю Азию и Поволжье, и далее через Кавказ в Анатолию, потому их так много из Анатолии в выборке статьи, которая самая большая в данной серии именно по Турции. Решить эту дилемму пока нельзя.

А вот вопрос о месте происхождения самой гаплогруппы R1b решается, пусть и приблизительно, без особого труда. Как видно из дерева гаплотипов (рис. 1), самая старая ветвь из 12 гаплотипов, слева вверху, это гаплотипы субклада R1b1b1-M73 и R1b-M343 (три гаплотипа), в которых доминируют уйгуры и близкие к ним племена Naхi, Nan и Tu. Расчет по мутациям даст возраст вышестоящего субклада. Все 12 гаплотипов содержат 65 мутаций от базового гаплотипа

13 24 15 11/10 X X X 12 X 14/13 12 30

что дает  $65/12/0.013 = 417 \rightarrow 690$  поколений, то есть  $17250 \pm 2700$  лет.

Эта величина согласуется с полученной ранее 16 тысяч лет, которая рассчитывалась сравнением числа мутаций между европейскими R1b1b2-M269 и азиатскими R1b1b1-M73 гаплотипами.

Соседняя с ней ветвь из 14 гаплотипов с базовым

13 24 15 10 X X X 12 X 14/13 13 31/30

имеет возраст только  $2750 \pm 700$  лет. В этой ветви и уйгуры, и турки, македонцы, баски, греки с Крита, румыны и западно-европейцы.

Сопоставление мутаций в базовых гаплотипах трех ветвей – двух, указанных выше, и ветви субклада R1b1b1-M73 с базовым гаплотипом

13 19 14 11 X X X 12 X 14 13 29

и возрастом общего предка 2275 лет назад (ясно, что прошедшего бутылочное горлышко популяции), показывает, что между ними 9.17 мутаций, что дает время жизни общего предка всех трех гаплотипов на 7650 лет древнее, чем средний возраст всех трех ветвей (7225 лет), то есть получаем примерно 15100 лет назад. Это тоже в пределах погрешности расчетов не противоречит возрасту общего предка гаплогруппы R1b примерно 16 тысяч лет.

Можно еще раз продемонстрировать, что расчет столько сложного и составного (из субкладов) дерева гаплотипов «чохом», то есть без деления на ветви, даст неверный результат. Если исключить из списка в 337 гаплотипов 12 гаплотипов с DYS390 = 19 (гаплотипы субклада M73), то оставшиеся 325 гаплотипов имеют 816 мутаций от базового гаплотипа

13 24 14 11 X X X 12 X 13 13 29

Это – «Атлантический модальный гаплотип», M269. Ясно, что он не является предковым гаплотипом всего дерева гаплотипов, которое включает гаплотипы как Европы, так и Азии. Это просто наиболее часто встречаемый гаплотип в списке, что программа автоматически и принимает как якобы «предковый» гаплотип. Это дает  $816/325/0.013 = 193 \rightarrow 239$  поколений, то есть 5975 лет до общего предка. Это – явно заниженная величина. Во всем дереве – 35 базовых гаплотипов (на вершине дерева), что формально дает  $[\ln(325/35)]/0.013 = 171 \rightarrow 206$  поколений, то есть 5150 лет до общего предка, опять заниженная величина, и опять счет идет от «Атлантического модального гаплотипа». Это можно было бы принять за «возраст» субклада R-M269, но в списке гаплотипов есть много гаплотипов и других субкладов. Вывод – что «чохом» считать нельзя, необходимо анализировать дерево по ветвям.

Итак, гаплогруппа R1b в Индии и Пакистане – не автохтонная, а принесенная «визитерами» из части миграционного пути от Средней Азии до Поволжья и до Турции. Потому ее там очень мало, и в основном субклада M269 и/или последующего субклада L23. Гаплогруппа R1b и ее субклада M73 у уйгуров автохтонная, древностью примерно 16 тысяч лет назад. Ее носители прошли на запад через Среднюю Азию, Поволжье, через Кавказ и Анатолию, и затем маршрутами, как описано в концепции выше (курсивом). Таким образом, нет никаких оснований считать, что

гаплогруппа R1b «зародилась в западной Азии», если под последней считать Турцию или Иран, хотя эта ошибочная точка зрения активно культивируется в литературе, причем никогда не обосновывается, всегда постулируется.

Рассмотрим еще один вопрос – об истоках гаплогрупп J у уйгуров. В литературе не раз отмечалось наличие гаплогрупп J1 и J2 в Синцзяне, и предполагалась их древность там, автохтонность (опять же, никогда не приводя конкретные данные расчетов, всегда голословно). Этот вопрос весьма важный – действительно, если J1 и/или J2 окажутся там древними, если проявятся в виде древних ветвей, как проявились гаплотипы R1b (см. ветвь слева вверху на рис. 1), то чем это тогда отличается от гаплогруппы R1b? И она, получается, могла быть древней и принесенной, как и гаплогруппа J2, которая определено ближневосточного, месопотамского, средиземноморского происхождения?

Ответ находится сразу – гаплогруппы J1 и J2 у уйгуров (как и везде в Азии) не образуют древних ветвей, и ветвей вообще (в обсуждаемой выборке), они всегда «прицеплены» к ветвям турок, греков или других групп с запада.

Рассмотрим дерево гаплотипов J2a и субкладов (рис. 2). Все дерево имеет 14 базовых гаплотипов

12 23 14 10 X X X 15 X 13 11 29

что формально дает  $[\ln(391/14)]/0.013 = 256 \rightarrow 342$  поколения, то есть 8550 лет до общего предка. Эта величина опять усреднена и определенно занижена по сравнению с оценочной по меньшей мере 12 тысяч лет до общего предка гаплогруппы J2 (примерно 10 тысяч лет у этнических русских, 7 тысяч лет на Пиренейском полуострове и 11500 лет у сефардов Пиренейского полуострова, 10600 лет назад у евреев, 6450 лет назад у индийцев, 6425 лет назад у иранцев) (Klyosov, 2009; Клёсов, 2009, и по разным материалам в Вестнике, 2008-2010).

Указанный базовый гаплотип практически совпадает с базовым гаплотипом гаплогруппы J2 на Пиренейском полуострове

12 23 14 10 13 16 X X 11 13 11 29

возрастом  $7000 \pm 760$  лет до общего предка (Клёсов, 2009), и с базовым гаплотипом J2a индийцев

12 23 14 10 X X X 15 12 13 11 29



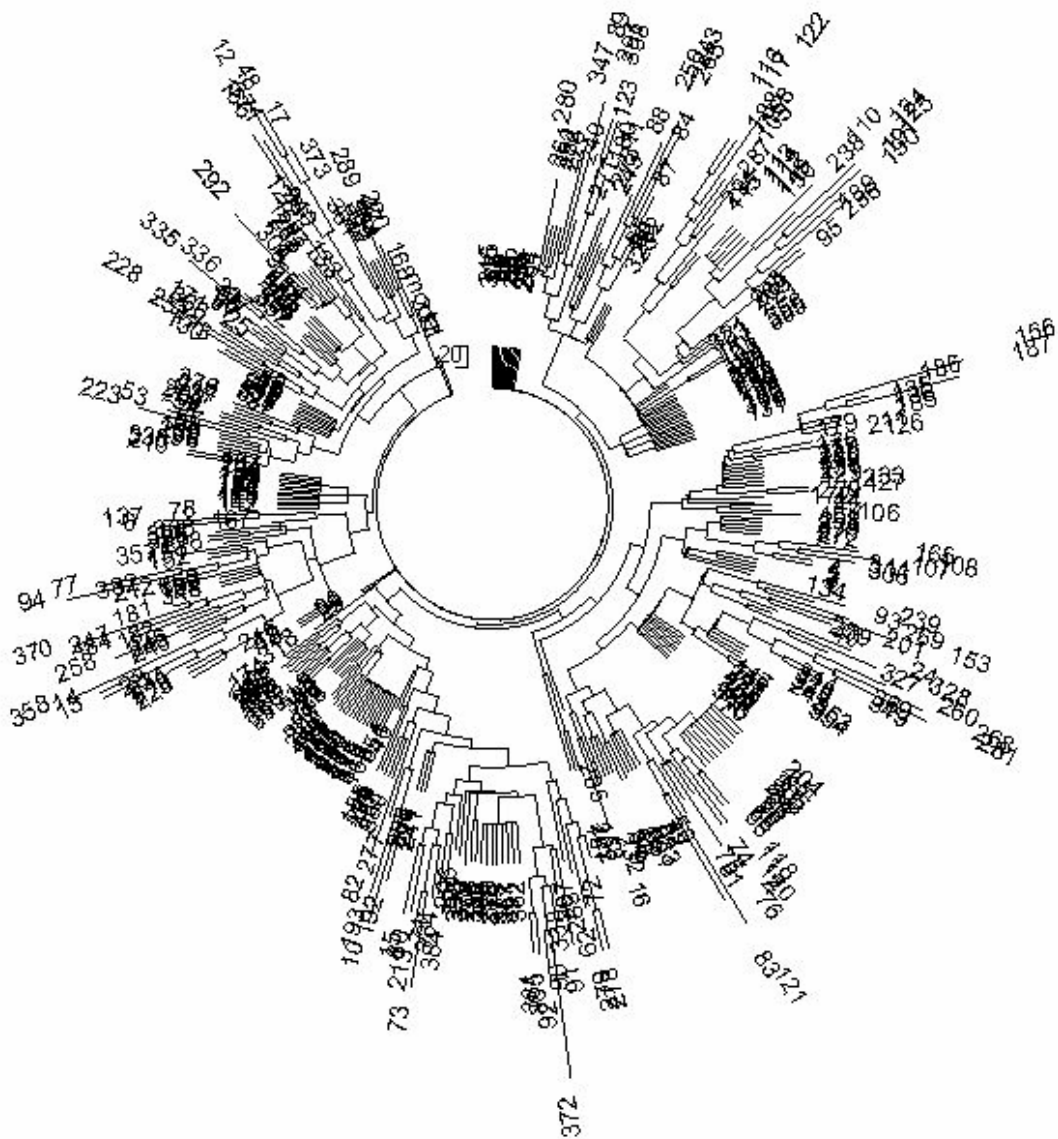


Рис. 2. Дерево из 391 8-маркерных гаплотипов гаплогруппы J2-M172 (и субкладов J2\*-M172, J2a-M410, J2a\*-M410, J2a1-M322, J2a2-M67, J2a2\*-M67, J2a2-M92, J2a8-M319) по всему миру. Построено по данным Zhong et al (2010). На дереве представлены гаплотипы итальянцев (1-140), турок (141-215, 315-320, 340-358, 361-373), греков (216-242, 325-339, 375-391), индийцев (243-268), пакистанцев (269-283, 359, 360), китайцев (284-314, 321-324, в том числе уйгуров 284, 290-309, 322), тибетца (374).

возрастом  $6450 \pm 840$  лет до общего предка, и близок базовому гаплотипу иранцев

12 23 14 10 13 17 11 15 12 13 11 30

возрастом  $6425 \pm 1400$  лет назад.

Но самое главное в том, что все 22 гаплотипа J2a уйгуров ни в одном случае не образуют ветви, а вкраплены в другие серии гаплотипов (по часовой стрелке от правой верхней части дерева):

-- Два идентичных гаплотипа уйгуров (J2a\*-M410) в ветви греков, индийцев, пакистанцев (4 гаплотипа из 8), общий предок ветви

13 23 14 10 X X X 15 X 14 11 30

Во всех 8 гаплотипах – 15 мутаций, что дает  $15/8/0.013 = 144 \rightarrow 168$  поколений, то есть  $4200 \pm 1160$  лет до общего предка ветви. В любом случае, сами уйгурские гаплотипы идентичны друг другу и потому недавние.

-- Следующий уйгурский гаплотип (J2a\*-M410) – опять единичное вкрапление в гаплотипы более ранних субкладов Италии (пять гаплотипов) и Турции (два гаплотипа).

-- Следующие два уйгурских гаплотипа того же субклада – вкрапления в длинную серию идентичных гаплотипов Италии, Турции, Индии

12 23 14 10 X X X 17 X 13 11 29

-- Следующие два – вкрапления в гаплотипы Турции, Италии, Пакистана, пять из которых одинаковы:

12 23 14 10 X X X 14 X 14 11 30

-- Далее – длинная серия идентичных гаплотипов Турции, Греции, в которых сидят 8 идентичных же уйгурских гаплотипов. Ясно, что это недавние гаплотипы:

12 24 14 10 X X X 16 X 13 11 29

-- Далее – пять почти идентичных уйгурских гаплотипов вместе с двумя пакистанскими гаплотипами. Базовый гаплотип

12 22 14 10 X X X 14 X 13 11 29

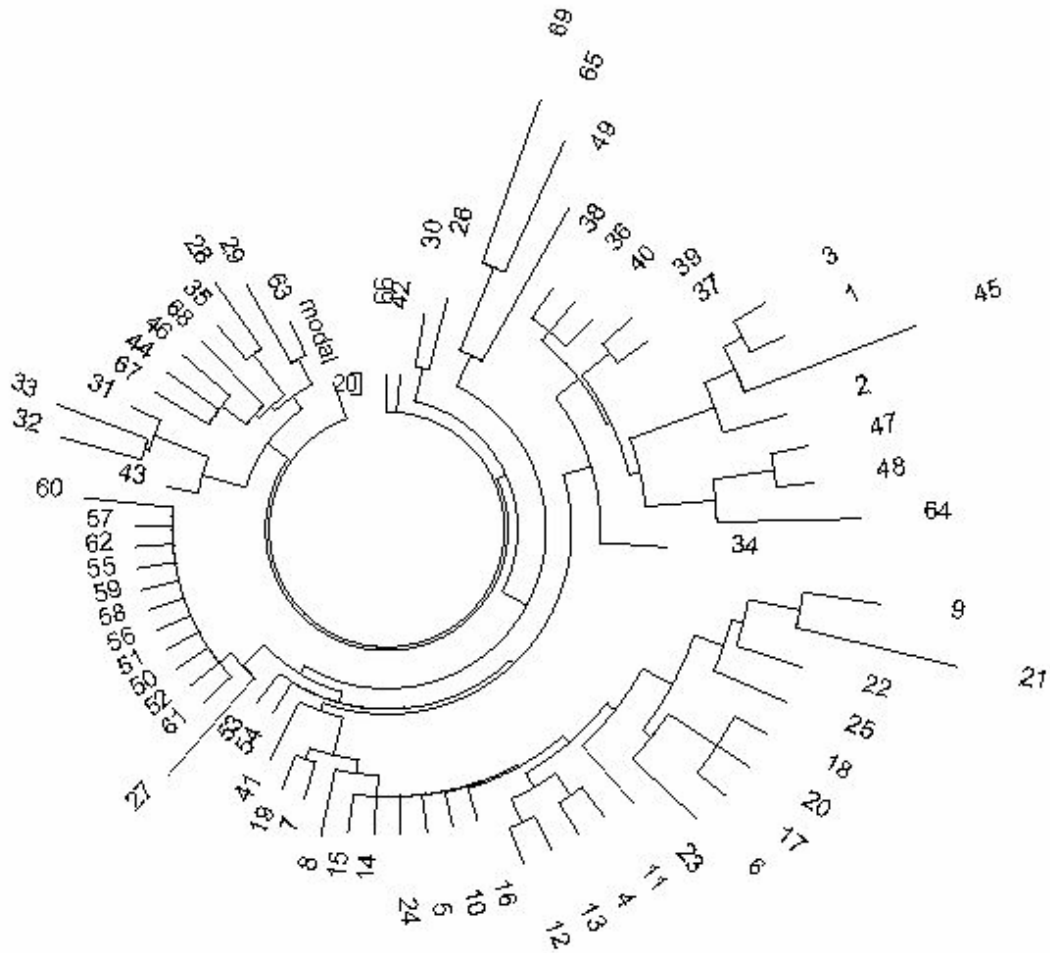


Рис. 3. Дерево из 69 9-маркерных гаплотипов гаплогруппы J2b\*-M12 (1-3, все уйгуры), J2b-M12 (4-20), и J2b2 (21-69, уйгур 21). Построено по данным Zhong et al (2010). На дереве представлены гаплотипы греков (4-16), турок (17-19, 23-27), китайского племени Xibe (22), индийцев (28-65), пакистанцев (66-69), уйгуров (1-3, 21).

12 мутаций на семь гаплотипов дает  $12/7/0.013 = 132 \rightarrow 152$  поколения, то есть  $3800 \pm 1160$  лет до общего предка. Это опять значительно меньше возраста популяции уйгуров. Видимо, «визитеры» из Пакистана.

-- Наконец, опять вкрапление двух уйгурских гаплотипов в чужую ветвь.

Как видно, все уйгурские гаплотипы J2a являются примесями в серии гаплотипов «визитеров», как правило, в Индию-Пакистан, откуда они и попадали к уйгурам.

На рис. 3 приведено дерево из 69 гаплотипов гаплогруппы J2b. В нем видны только два базовых гаплотипа (на вершине дерева), и формальный расчет дает  $[(\ln(69/2))/0.0145] = 244 \rightarrow 322$  поколений, то есть 8050 лет до общего предка. Те же 69 гаплотипов содержат 181 мутацию от базового гаплотипа

12 24 15 10 X X X 15 X 12 11 28 -- 7

где последний маркер DYS A7.2, или DYS461. Это дает  $181/69/0.0145 = 181 \rightarrow 220$  поколений, то есть 5500 лет до общего предка. Столь большое расхождение между линейным и логарифмическим методами расчета показывает, что в списке гаплотипов имеет ряд разных субкладов, то есть разных генеалогических линий, каждый со своим общим предком.

На дереве гаплотипов J2b (рис. 3) имеется только одна ветвь уйгуров (справа, из четырех гаплотипов субклада J2b-M12, но индийский гаплотип 45 относится к другому субкладу, J2b2-M241, и в расчеты в данном варианте включаться не может). Три уйгурских гаплотипа (1-3) данной ветви отличаются всего на одну мутацию от базового гаплотипа

12 23 15 10 X X X 16 X 13 11 29

что дает только  $650 \pm 650$  лет до их общего предка. Последний, четвертый уйгурский гаплотип (номер 21 на дереве гаплотипов) сидит на ветви в окружении двух греческих (6, 9) и серии турецких гаплотипов (17, 18, 20, 22, 23, 25), и, скорее всего, «пришелец».

На дереве гаплотипов J1-M267 имеется всего один уйгурский гаплотип, так что вопрос о его автохтонности снимается.

На всем дереве гаплотипов J1 имеется 12 базовых гаплотипов

12 23 14 10 X X X 17 X 13 11 30

Он всего на одну мутацию отличается от так называемого «модального гаплотипа коэнов»

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

и формально дает  $[\ln(344/12)]/0.013 = 258 \rightarrow 346$ , то есть 8650 лет до общего предка. Это, естественно, очень грубое приближение, и дает просто «порядок величины».

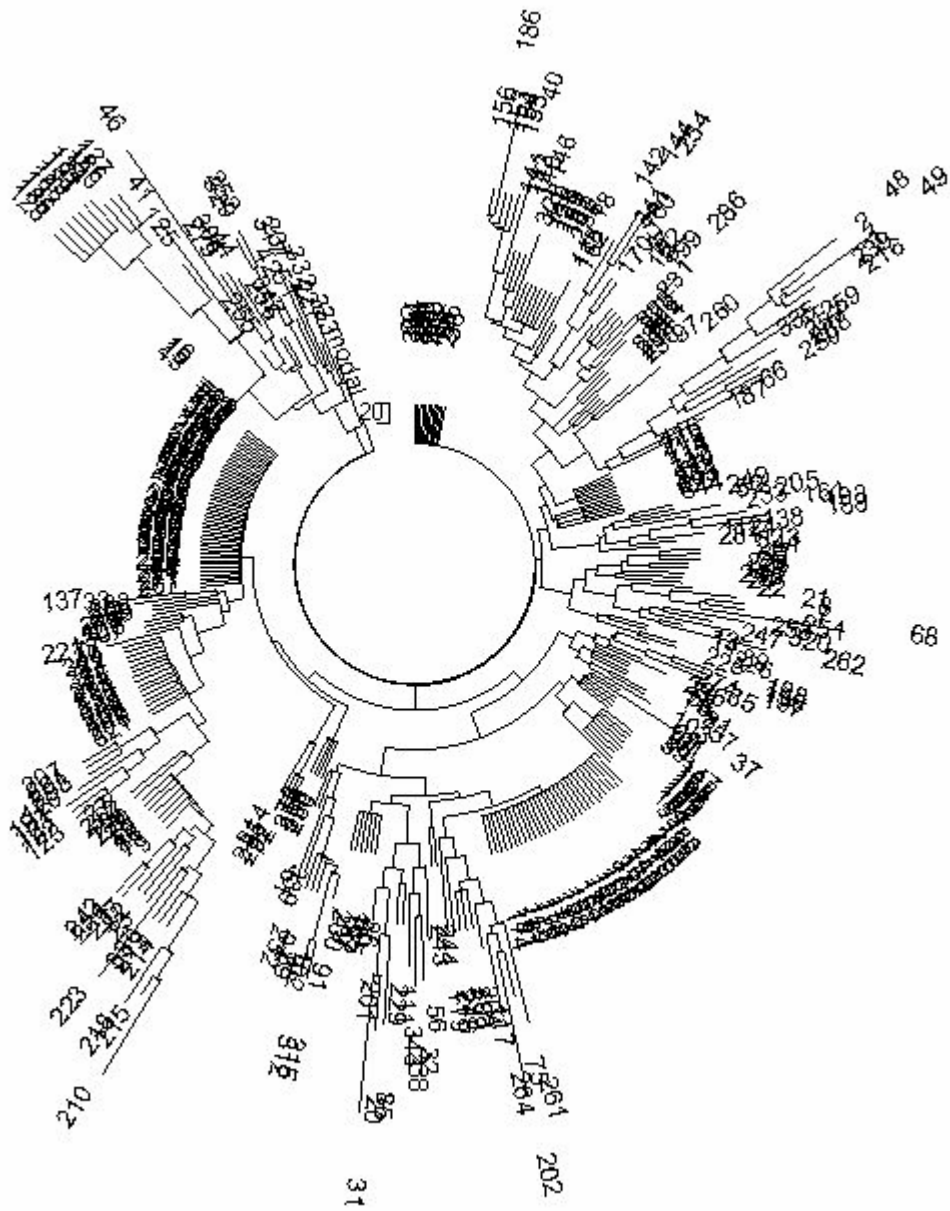


Рис. 4. Дерево из 344 8-маркерных гаплотипов гаплогруппы J1-M267 (только 6 гаплотипов относятся к субкладам J1b-M365 [46, 105-107], J1e1-M368 [47] и J1e2-M369 [45]). Построено по данным Zhong et al (2010). На дереве представлены гаплотипы турок (1-47), курдов (48-52), иракцев (53-67), жителей Омана (68-87), Катара (88-107), аварцев (108-123), чеченцев (124-135), кубачинцев (136-147), лакцев (148-156), джахуримов (157, 158), табасаранцев (159-181), татов (182-194), итальянцев (195-221), португальцев (222-244), эфиопов (245-265), марокканцев (266-275), суданцев (276-301), тунисцев (302-319), индийцев (320, 321), пакистанцев (322-327), афганец (328), персов (329-337), монгол (342), китайские народности (338-341, 344), уйгур (343).

## **Заключение.**

После рассмотрения сотен гаплотипов гаплогруппы R1b цитируемой работы, приведенная выше концепция относительно происхождения и миграций гаплогруппы практически не претерпела изменений. Ее прочтение на сегодняшний день выглядит следующим образом:

*Гаплогруппа R1b1, как и родственная ей R1a1, вышла из Южной Сибири или сопряженных территорий (Алтай, северный Китай). Обе гаплогруппы – антропологически европеоидные, и их прямые предки, гаплогруппа P, прибыли в район Алтая примерно 45 тысяч лет назад с Восточно-Европейской равнины. Гаплогруппа P разошлась (как путем соответствующих мутаций-сипов, так и физически, по родам и территориям) на последующие гаплогруппы Q и R. Носители гаплогруппы Q мигрировали в сторону Америки еще 46 тысяч лет назад (данные радиоуглеродного анализа), и это является реперной датой в отношении расхождения гаплогруппы P в Южной Сибири.*

*Гаплогруппа R1b образовалась примерно 16 тысяч лет назад в районе Алтая или Киргизии (регион, непосредственно примыкающий к Алтаю), ее носители прошли по северному Казахстану (заложив, в частности, ботайскую культуру, с последующим одомашниванием лошади 5500-6500 лет назад), через территорию современных башкир 13-11-8 тысяч лет назад, основали сероглазовскую археологическую культуру (13-11 тысяч лет назад) и далее культуры волжского бассейна (средневожскую культуру [8-7 тысяч лет назад], самарскую [7 тысяч лет назад], среднестоговскую [7500-5500 лет назад], хвальинскую, [7-6 тысяч лет назад], камскую [7-5 тысяч лет назад]), те, что потом назвали «предкурганскими», образовали субклад R1b1b2-M269 и далее L23, и разошлись на несколько потоков. Один миграционный поток ушел на запад из Причерноморья и прибыл на Балканы 4500 лет назад как субклад R1b1b2-L23, и далее продвинулся на территории современных Польши и Германии.*

*Другая часть потока R1b1b2-L23 ушла через Кавказ (6000 лет назад) в Анатолию (6000 лет назад), стали шумерами (5500 лет назад), и мигрировали по североафриканскому побережью через Египет на запад до Атлантики (стали частью берберов, около 5 тысяч лет назад). На этом пути от мигрантов отошла группа R1b1 и направилась на юг, вглубь Африки. Недавно их обнаружили в Камеруне и Чаде как носителей субклада R1b1-V88, с возрастом общего предка  $4400 \pm 610$  лет. Остальная группа мигрантов продолжила путь, пересекли Гибралтар с прибытием на Пиренеи (4800 лет назад) и прошли далее – возможно, под натиском берберов и других африканских племен гаплогруппы E1b1 - в континентальную Европу как культура колоколовидных кубков (4800-3600 лет назад).*

*На Пиренеях оставшаяся гаплогруппа R1b1b2 (возможно, в то время субклад L51 и/или L23 подверглись почти полному истреблению, видимо, гаплогруппой E1b1b,*

*и прошли бутылочное горлышко популяции, выйдя из него только 4200 лет назад (баски – 3700 лет назад), то есть через несколько сот лет, уже как субклад R312). Это – общий предок басков и большинства других носителей гаплогруппы R1b1b2 современных Испании и Португалии. Из сказанного следует, что в Анатолии их предки были не ранее 6000 лет назад, и древние (археологические) стоянки там, датированные 10-9 тысяч лет назад - никак не R1b1b2. Древний язык у носителей гаплогруппы R1b1b2-M269, с древнейших времен до их прихода в Европу примерно 4500-4200 лет назад был агглютинативный, неиндоевропейский, и остался таковым до начала-середины 1-го тысячелетия до н.э. Такой же, агглютинативный по строю язык, найден в ряде языков Кавказа, у шумеров, у басков, и ряда других доиндоевропейских языков. К "праиндоевропейцам" R1b1b2 отношения не имели ни на Русской равнине, ни в Европе. Из Пиреней носители гаплогруппы R312 прошли через Францию и далее на север и северо-запад Европы в сопровождении дочерних субкладов U152 и L21, и расселились по Европе.*

### *Литература*

Клёсов, А.А. (2009) Гаплотипы Иберии и анализ истории популяций басков, сефардов и других групп Испании и Португалии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №3, 390-421.

Клёсов, А.А. (2010а) Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу. Критический разбор статьи "A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages", Patricia Balaresque et al, PLoS Biology, vol. 8, January 2010, on-line publication. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 6, 896-902.

Клёсов, А.А. (2010b) Возраст субклада R1b1b2-M269 и его субкладов (L23, L51, L11). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 8, 1310-1315.

Balaresque, P., Bowden, G.R., Adams, S.M., Leung, H.-Y., King, T.E., Rosser, Z.H., Goodwin, J., Moisan, J.-P., Richard, C., Millward, A., Demaine, A.G., Barbujani, G., Previderè, C., Wilson, I.J., Tyler-Smith, C., Jobling, M.A. (2010) A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages. PLoS Biol 8(1): e1000285. doi:10.1371/journal.pbio.1000285

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

Hamilton, M.J., Buchanan, B. (2010) Archaeological support for the tree-stage expansion of modern humans across Northeastern Eurasia and into the Americas. PLoS ONE 5, 5(8): e12472. doi:10.1371/journal.pone.0012472

Zhong, H., Shi, H., Qi, X.-B., Duan, Z.-Y., Tan, P.-P., Jin, L., Su, B., Ma, R.Z. (2010) Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. Mol. Biol. Evolution, advance on-line publication, 13 September 2010, 29 pp.



# ARTICLES IN ENGLISH

## MacDonalds and Scottish R1b1b2 Haplotypes

Anatole A. Klyosov

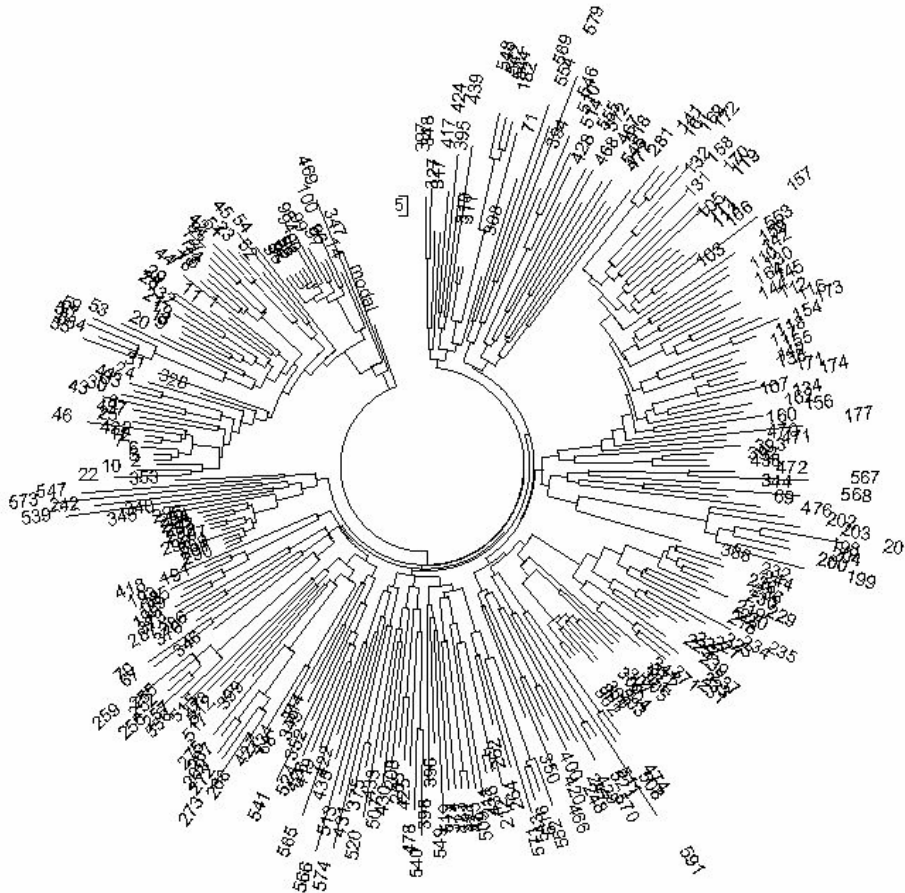
Newton, Massachusetts 02459  
<http://aklyosov.home.comcast.net>

This article is a follow-up of the preceding paper “Irish Haplotypes and Haplogroups” (Klyosov, 2010a). However, while for analysis of R1b1b2 Irish haplotypes I choose primarily a database of the Irish Heritage project (reference in the cited article), for Scottish haplotype I picked the Clan Donald USA Project (<http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm>), containing 657 R1b haplotypes, 288 of them were in the 67 marker format.

A haplotype tree of those 67 marker haplotypes is shown in Fig. 1. The numbering has been done in according with the listing of R1b haplotypes in the same order as they were presented by the end of August, 2010. The Project organizers employed a color code for designation of different subgroups of R1b on the list. A connection between the numbering and the color code is as follows:

Red	1-71
Pink	72-82
Brown	83-88
Maroon	89-100
Green	101-183
Dark Blue	184-193
Blue Green	194-196
Yellow Gray	197-204
Violet	205-210
Orange	211-215
Magenta	216-242
Pale Violet	243-246
Gray	247-251
Pale Green	252-260
Dark Blue - Green	261-265
Black	266-275
Pale Blue	276-278
Light Brown	279-285

Dark Green	286-288
Yellow Green	289-299
White	300-307
Yellow (unclassified)	308-657

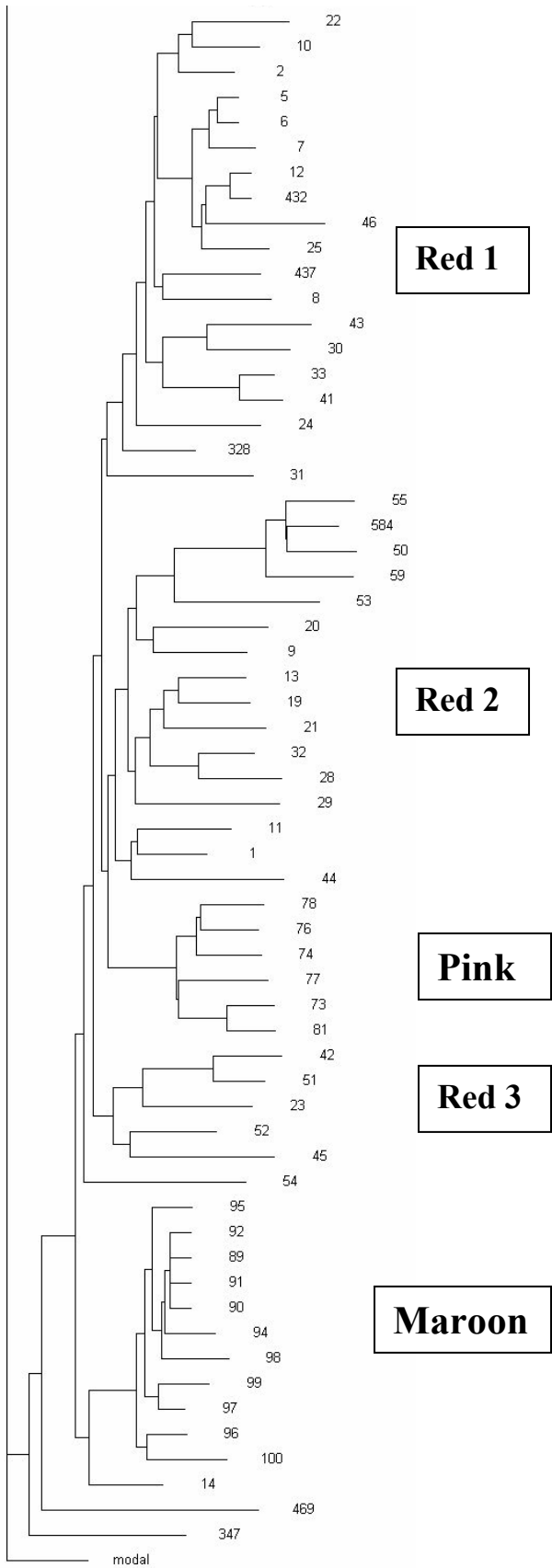


**Fig. 1. A 67-marker haplotype tree for 288 haplotypes of R1b haplogroup (mainly subclades of R1b1b2) of the Clan Donald USA project <http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm>**

Only 67 and 37 marker haplotypes have been considered and analyzed in this study. In principle, nothing prevents to repeat this work with 25- and 12-marker haplotypes, however, resolution of the haplotype tree would be not so good, since three-quarters and more of alleles in haplotypes will be lost.

The word “Scottish” in the title of this paper is conditional, since many of the listed haplotypes are not necessarily “Scottish”. However, many (and probably most) of them are. After all, names and territories in the field of DNA genealogy are all conditional, taking into account migrations of the past.

The first wide branch of haplotypes in the upper left quadrant belongs mainly to RED subgroup, with its adjacent MAROON and PINK sub-sub-groups. We will consider here whether the last two are independent branches, or downstream ones, descending from the RED branch. Here as the branch looks on the linear tree (a fragment).



**Fig. 2. A fragment of the 67-marker linear haplotype tree, depicting the upper left branch of the haplotype tree, shown in Fig. 1. One can see that some “unclassified” haplotypes (numbers above 308) in fact are parts of “color coded” subgroups, such as haplotypes 328, 437, 584 belong to the RED subgroup, haplotypes 347 and 469 remain to be “unclassified” and do not join any subgroup in the tree, and haplotype 14 (RED) is in fact “unclassified”, it does not belong to the RED subgroup, at least according to its haplotype structure.**

## **RED**

The Project organizers described the RED branch as follows:

*Descendants of the kindred of the Dalriadic royal house in Scotland lie within in this group. However, only a fraction of people in the group are expected to be descendants of the royal house; the group is simply too large and diverse. Fergus, Angus, and Lorne, the sons of Erc, are descended per Irish and Scottish history from Cairbre Riada, king of Irish Dalriada. Cairbre Riada was descended from Conor II High King of Ireland and Sarad, daughter of Conn of the Hundred Battles. Irish history indicates that Cairbre had led his followers from Munster to Antrim. This kindred is traditionally considered to be of Erainn descent. Reverends Archibald and Angus MacDonald appear to have erred in placing Colla Uais in this line of descent. All our participants in this group who have been SNP tested have tested positive for the SNP marker L21/S145, making this group a separate Haplogroup within R1b.*

According to the earlier analysis (Klyosov, 2010a,b,c), the base (ancestral) L21 haplotype is as follows:

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

A common ancestor of this subclade lived 3725±380 years before present.

Let us see what the RED branch tells us in that regard. 18 haplotypes in the Red1 branch (67 marker haplotype 432, “unclassified”, turned out to be identical with haplotype 12, and was removed from the count) contained collectively 102 mutations from the base haplotype (apparently ancestral)

13 24 14 **10** 11 14 12 12 12 13 13 **30** – **18** 9 10 11 11 25 15 19 **30** 15 15 17 17 –  
 11 **12** 19 **24** 15 15 18 17 36 **37** 12 12 – **12** 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 **22** 23 16 10 12 12  
 15 8 **11** 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

It had 10 mutations (marked in bold) compared to the base L21 haplotype (see above), which corresponds to 1850 years between their common ancestors (actually, to the present time and back to another common ancestor). We will need this figure later.

Such an approach with a haplotype tree building allows us to move two “unclassified” haplogroups, 328 and 437 (see legend to Fig. 2) to the RED branch. They belong there. Bearers of these two haplotypes will probably be delighted.

102 mutations in 18 of 67 marker haplotypes correspond to  $102/18/0.145 = 39$  generations (25 year generations according to the calibration) without a correction for back mutations (Klyosov, 2009a), or 41 generations with the correction, that is  $1025 \pm 145$  years to a common ancestor for the branch Red1 (Figs. 1 and 2). This is the end of 10<sup>th</sup> century AD plus-minus a century or two.

All mutations in the Red1 base haplotype (above) are rather common, except one, in a pair YCAIIa,b = 19-24. Commonly in R1b1b2 haplotypes it is 19-23. This “24” is certainly a signature for the RED branch, for all Red1, Red2 and Red3 subbranches, as it will be shown below. It already shows their tight relationships.

Let us move to the Red2 subbranch. 16 haplotypes in the Red2 branch (including “unclassified” haplotype 584, which turned out to be a member of a tight family of four haplotypes, see Fig. 2) contained collectively 115 mutations from the base haplotype

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

115 mutations in 16 of 67 marker haplotypes correspond to  $115/16/0.145 = 50$  generations without a correction for back mutations, or 53 generations with the correction, that is  $1325 \pm 180$  years to a common ancestor for the branch Red2 (Figs. 1 and 2). This is the end of 7<sup>th</sup> century AD plus-minus a couple of centuries.

The base Red2 haplotype has 12 mutations compared to the base L21 haplotype, which corresponds to 2275 years between their common ancestors. On the other hand, base haplotypes of Red1 and Red2 branches differ from each other by only 2.85 mutations on average (it looks like four mutations, when rounded up) in the third and the forth panels of the 67-marker haplotypes. This places their common ancestors by only 500 years apart. In other words, a common ancestor of the Red1 and Red2 branches lived approximately 1425 years before present. It seems that a common ancestor of the Red1 branch descended from the Red2 branch. We will examine it later.

The Red3 subbranch contains only 6 haplotypes, which collectively contain 45 mutations from the base haplotype

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

45 mutations in 6 of 67 marker haplotypes correspond to  $45/6/0.145 = 52$  generations without a correction for back mutations, or 55 generations with the correction, that is  $1375 \pm 250$  years to a common ancestor for the branch Red3 (Figs. 1 and 2). This is also the 7<sup>th</sup> century AD plus-minus a couple of centuries.

One can see that common ancestors of the Red1, Red2 and Red3 branches lived within a few centuries,  $1025 \pm 145$ ,  $1325 \pm 180$ , and  $1375 \pm 250$  years ago. They are almost equidistant from a common ancestor of L21 subclade (10, 12 and 12 mutations in their base haplotypes, respectively). Furthermore, their base haplotypes (Red1, Red2 and Red3) differ from each other by only 5 mutations in 201 alleles (marked in bold):

13 24 14 10 11 14 12 12 12 13 13 30 - 18 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 17 17 -  
11 12 19 24 **15** 15 18 17 **36 37** 12 12 - 12 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 22 23 16 10 12 12  
15 8 11 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

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

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

This places THEIR common ancestor at 12 generations (300 years) below their average "age" ( $1240 \pm 190$  years bp), that is to  $1540 \pm 200$  years before present. Their common ancestor, that is the RED branch common ancestor had the following haplotype (base haplotype of the RED branch)

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

He lived in the 5<sup>th</sup> century AD and its haplotype differed by 11 mutations from the base R1b1b2-L21 haplotype, shown below with the mutations marked:

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

Since the R1b1b2-L21 subclade' common ancestor lived 3725±380 years before present, those 11 mutations in the RED base haplotype (with a common ancestor 1540±200 before present) place THEIR common ancestor at approximately 3670 years before present. This is the L21 common ancestor himself.

Therefore, a short story is that bearers of R1b1b2 haplogroup (subclades L51 and/or L11 and/or P312) who have arrived to Iberia around 4800 years before present (via the North-African route from the Middle East/Levant which began around 5500 years before present) and moved up to the European continent as the Beakers and with their downstream L21 subclade (a common ancestor of 3725±380 years bp, which was in the timeframe of the Beaker culture), eventually got to the Isles and later split off the RED branch, with a common ancestor in the 5<sup>th</sup> century AD. He well might have been an ancestor of *the kindred of the Dalriadic royal house in Scotland, of Fergus, Angus, and Lorne, the sons of Erc, who descended per Irish and Scottish history from Cairbre Riada, king of Irish Dalriada.*

## PINK

There are only six 67 marker haplotypes of the PINK subgroup on the tree (Fig. 2). They are clearly part of the RED subgroup, with the PINK base haplotype

13 24 14 10 11 **15** 12 12 12 13 13 29 - 18 9 10 11 11 **24** 15 19 **32** 15 15 17 17 -  
11 12 19 24 **15** 15 18 17 **38 39** 12 12 - 12 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 22 23 16 10 12 12  
**16** 8 11 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

with the same characteristic pair of 19-24 in YCAII, the same as that is the PINK subgroup. All 6 haplotypes have 19 mutations from the above base haplotype, which gives  $19/6/0.145 = 22$  generations, that is 550±140 years to their common ancestor. The above PINK base haplotype has 8 mutations (marked in bold) from the overall base haplotype of the RED subgroup, which translates to 1450 years between their common ancestors, and places their with the RED subgroup common ancestor at 1770±300 years before present. Indeed, PINK subgroup is the downstream branch of the RED subgroup (with a common ancestor of 1540±200 years before present, which are the same figures within the margin of error).



## MAROON

The Project organizers describe this subgroup as follows: “*The group is a subset of the red 'Scots' group, consisting mostly of Alexanders*”. Indeed, 11 of 12 group members are Alexanders, and one who is not (and who has only 37-marker haplotype) has the same haplotype structure, and even without any mutations from the base haplotype

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

It has only four mutations from the base RED haplotype (with a common ancestor of  $1540 \pm 200$  years bp). As one can see, it has a 19-23 pair in YCAII, unlike 19-24 in the RED branch. Apparently, we see a result of a back mutation. All 11 of 67 marker haplotypes have 15 mutations from the above base haplotype, which gives  $15/11/0.145 = 9.4 \pm 2.6$  generations from a common ancestor (if to be excessively precise), that is  $235 \pm 65$  years. In the 37 marker format all 12 haplotypes have 8 mutations from their base haplotype (the first 37 alleles in the base haplotype above) which gives  $8/12/0.09 = 7.4 \pm 2.7$  generations from a common ancestor. It is the same thing within the margin of error.

There is one more way of calculations, taking into account a number of base haplotypes in the dataset (that is identical ones in the dataset). In this case there are four identical haplotypes in the 67 marker set of 11 haplotypes, and seven identical ones in the 37 marker set of 12 haplotypes. At such a small amount of haplotypes in the datasets the method is rather imprecise, and serves just an illustration of the approach. In this case we have  $[\ln(11/4)]/0.145 = 7$  generations from a common ancestor, and  $[\ln(12/7)]/0.09 = 6$  generations. Those are approximate figures, however, they show that the subbranch is indeed rather young.  $235 \pm 65$  years from a common ancestor of the MAROON branch is the most reliable figure here.

The haplotype tree (Fig. 2) suggests that the MAROON branch descended from the Red3 branch (with a common ancestor of  $1375 \pm 250$  years ago). Since there are five mutations between their base haplotypes (marked in bold in the Red3 base haplotype below)

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

their common ancestors are separated by 900 years, and THEIR (joint) common ancestor lived approximately 1255 years before present. Indeed, this is the Red3 branch common ancestor, within the margin or error.

## BROWN

The BROWN subgroup haplotypes are available in 37 marker format only. Their base haplotype is

13 24 14 10 11 **15** 12 12 12 13 13 30 - **20** 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 **16** 17 -  
11 12 19 24 **15 14** 18 **16 38 39** 12 12

and all six haplotypes in the dataset have 14 mutations from it (marked in bold are 9 mutations from the base RED haplotype). We see again the RED subgroup “signature” 19-24 pair in YCAII markers. The number of mutation gives  $14/6/0.09 = 26$  generations, or 27 generations with a correction for back mutations, that is  $675 \pm 190$  years from a common ancestor.

The closest to the BROWN base haplotype is the both the RED one, with 9 mutations between them in the 37 markers, and the PINK one, shown below (mutations between BROWN and PINK base haplotypes are marked in bold), also with 9 mutations between them:

13 24 14 10 11 15 12 12 12 13 13 **29** - **18** 9 10 11 11 **24** 15 19 **32** 15 15 **17** 17 -  
11 12 19 24 15 **15** 18 **17** 38 39 12 12

“Closest” in this context means that the both common ancestors (BROWN and RED, or BROWN and PINK) descended from the same common ancestor, who lived earlier than them, or one of them is the common ancestor himself for the both branches. Let us see which case is more justified.

Nine mutations between two 37 marker haplotypes translate to  $9/0.09 = 100 \rightarrow 111$  generations (with a correction for back mutations), that is 2775 years between them.

-- Since the RED common ancestor lived  $1540 \pm 200$  years before present, the RED and BROWN common ancestor lived approximately  $(1540 + 2775 + 675)/2 = 2495$  years ago.

-- Since the PINK common ancestor lived  $550 \pm 140$  years before present, the PINK and BROWN common ancestor lived approximately  $(550 + 2775 + 675)/2 = 2000$  years ago.

Clearly, in neither case the BROWN common ancestor has descended from the RED or the PINK one. 9 mutations between two 37 marker haplotypes are too many to be considered “closely related”. So, the conclusion of the Clan Donald site “*The brown group is a subset of the red 'Scots' group*” is highly doubtful. It is a rather recent branch (675±190 years from their common ancestor), but it likely passed through a population bottleneck before that, and in fact has its roots in much more ancient times (2500-2000 years bp), some time after the L21 formation (3725±380 years bp) and before the RED group formation (1540±200 years bp). That is where the 19-24 pair came from.

## GREEN

The Clan Donald site describes this subgroup as follows:

*The group is centered geographically in northwestern Ireland. It is always referred to as the 'Irish' or 'Niall' group. Clan Donalds with this genetic signature may be descendants of Colla Uais, descendants of the O'Neill, or O'Donnell kindreds with whom we regularly served in Irish military operations, the O'Cahans from the Dowry of fighting men provided to Angus Og upon his marriage to the O'Cahan's daughter or descendants of Colla Menn from whom Gillebride sought assistants to recover his lands from the Norse. All participants in this group who have been SNP tested have tested positive for the marker M222.*

According to our data (Klyosov, 2010a,b) the base haplotype for R-M222 subclade is

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

with a common ancestor who lived 1450±160 years before present. This subclade embraces about 25% of the Irish R1b1b2 population (Klyosov, 2010a).

Let us see whether the GREEN subgroup matches this base haplogroup and a timespan to the common ancestor. A fragment of the Donald Clan haplotype tree (Fig. 1) encompassing the GREEN branch is shown in Fig. 3. It consists of many “mini-lineages”, as in any real haplotype tree, and we will analyze the branch as a whole.

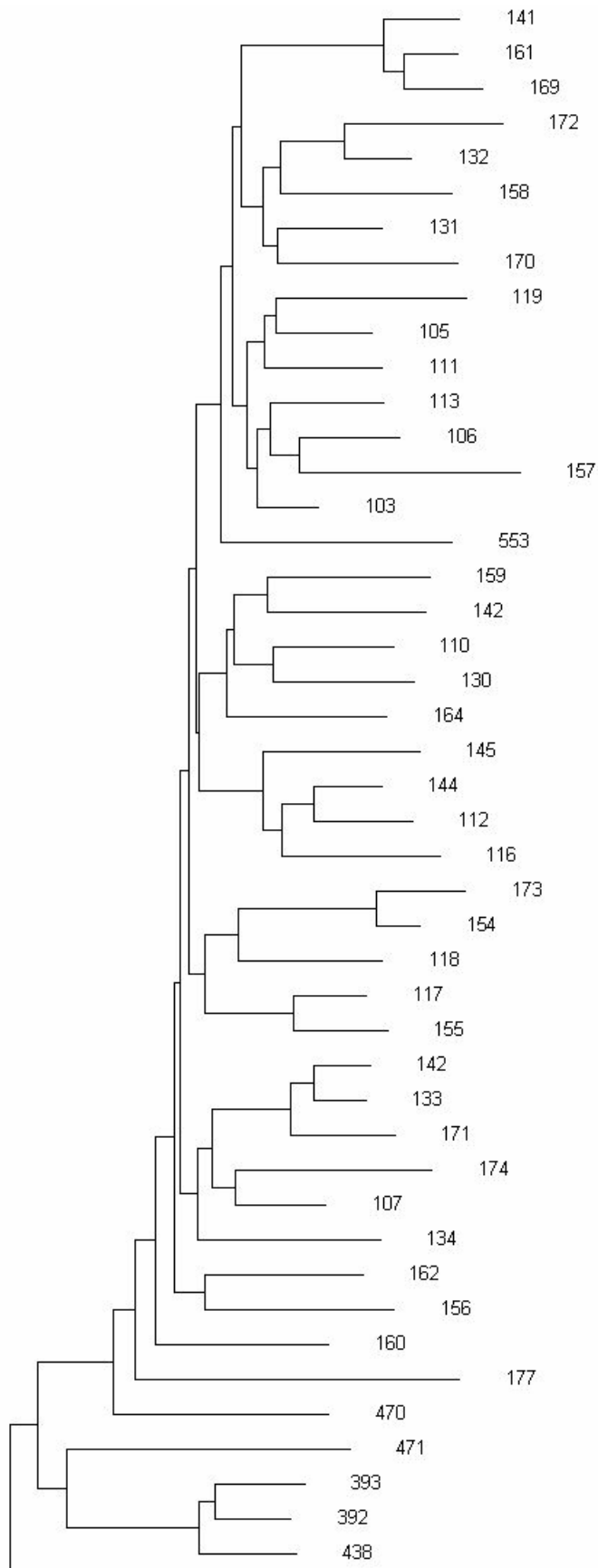


Fig. 3. A fragment of the 67-marker linear haplotype tree, depicting the right-hand side (between 1 and 3 o'clock) wide GREEN branch of the haplotype tree, shown in Fig. 1 (between haplotypes 101 and 183). One can see that "unclassified" haplotype 553 in fact included into this subgroup. The GREEN branch is very clean and does not include other color-coded haplotypes. Only haplotype 182, which was assigned by the GREEN branch by the Clan Donald organizers, landed in the "unclassified" branch in the very upper part of the right-hand side of the tree (Fig. 1)

In fact, relative positions of these mini-lineages (mini-subgroups, with a few haplotypes in each) do not bear any particular significance. This is illustrated with the same GREEN branch, being a part of a smaller haplotype tree, which includes only haplotypes from 1 through 204 (Fig. 4).

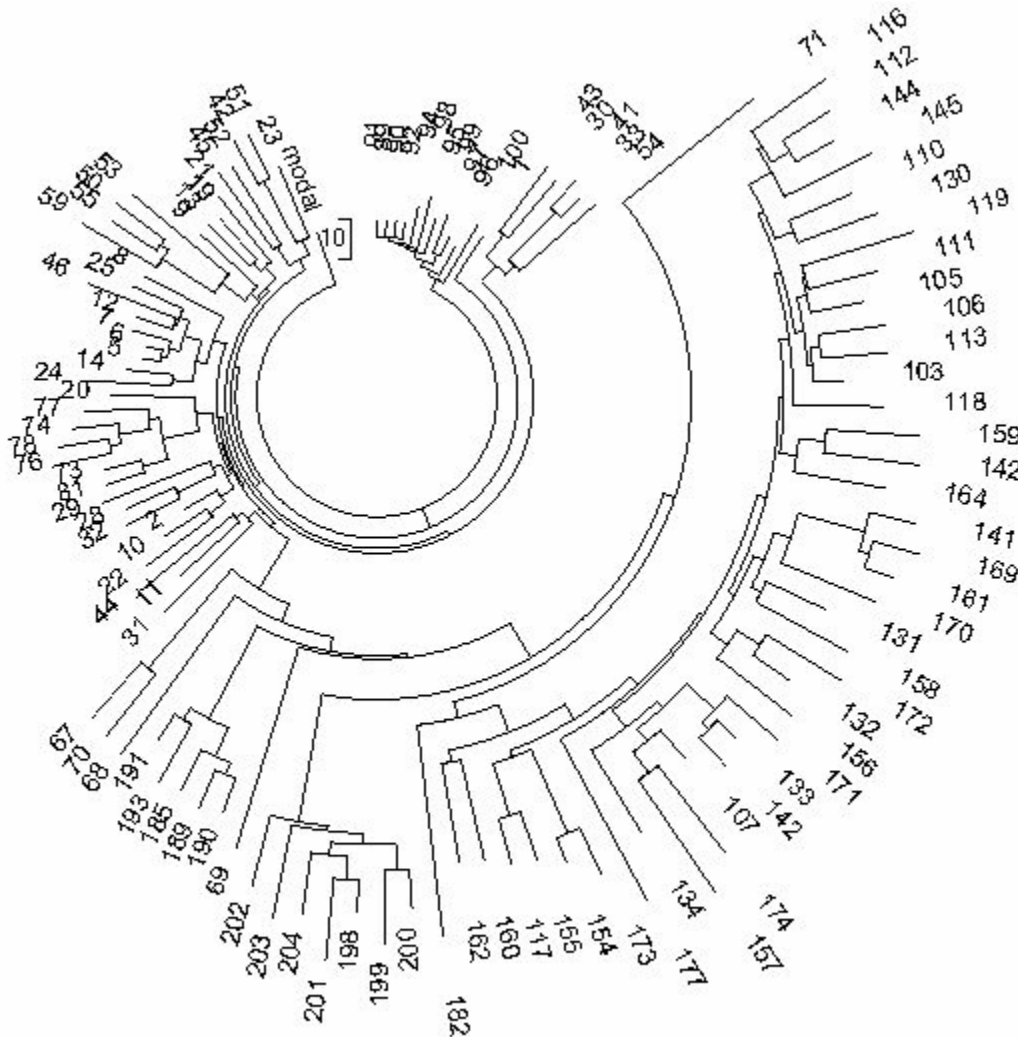


Fig. 4. A 67-marker haplotype tree for first 112 haplotypes in the tree in Fig. 1 (from haplotypes 1 through 204). The GREEN branch is on the right.

One can see that haplotypes on the tree in Fig. 3 and 4 are the same, however, their relative positions vary.

All 40 haplotypes of the GREEN branch contain 331 mutations from the base haplotype of the branch

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

This is exactly the M222 base haplotype, shown three pages up.

This number of mutations give  $331/40/0.145 = 57 \rightarrow 61$  generations, that is  $1525 \pm 175$  years from a common ancestor. This is the same figure with  $1450 \pm 160$  years bp for the M222 subclade, obtained earlier with 266 of 67 marker haplotypes (and calculated for the first 25 markers only) (Klyosov, 2010a,b), and with  $1575 \pm 170$  years bp calculated with 172 of 67-marker haplotypes (Klyosov, 2010a), within margins of error.

## YELLOW GREEN

Below haplotype 22 from the Red1 subgroup in the haplotype tree (Fig. 1) at 9 o'clock, after a short branch of unclassified haplotypes (among which sits a lonely "magenta" haplotype 242, which actually does not belong to the MAGENTA subgroup), there is the YELLOW GREEN branch of 10 haplotypes. Nine of them belong to McConnell family. That is how the Clan Donald site describes the subgroup:

*The group is thought to be from Leinster. It is easily distinguished by the 464X test, whose results turn out 15c-15c-17g-17g. One participant has tested positive for the marker L21.*

In fact, 15-15-17-17 in DYS464a-d is very common among R1b1b2 haplotypes, and is characteristic to the "Atlantic Modal Haplotype", and also R-M269 and its subclades U106, P312, U152, L20, L21, "South Irish", "North Irish", "Scottish Borders" and also some unassigned branches (Klyosov, 2010a,b,c).

Since nine out of ten haplotypes in a dataset belong to the same surname, one can expect that their common ancestor lived rather recently. This was exactly what has happened. All ten haplotypes contain only 14 mutations, per 670 alleles, from the base haplotype

13 24 14 11 11 14 12 12 12 **14** 13 30 – 17 9 10 11 11 25 15 19 **30** 15 15 17 17 –  
 11 **10** 19 23 **16** 15 18 17 **39 41** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 **16/17** 10 12  
 12 15 8 12 22 20 **14** 12 11 13 11 11 12 12

in which 11.2 mutations from the L21 base haplotype are marked in bold. Therefore,  $14/10/0.145 = 9.7 \pm 2.8$  generations, that is  $240 \pm 70$  years to a common ancestor. This is the end of the 18<sup>th</sup> century, plus-minus about three generations. 11.2 mutations from the base L21 haplotype ( $3725 \pm 380$  years before present) separate their common ancestors by 2100 years, which is not enough to have L21 as a parent subclade for the YELLOW GREEN subgroup. The latter descended from a common ancestor within the L21 subclade. Apparently, it is that “unclassified” branch next to the YELLOW GREEN subgroup with the base haplotype (9.5 mutations from the YELLOW GREEN base haplotypes are marked in bold; they separate the YELLOW GREEN and this unclassified base haplotype by 1750 years)

13 24 14 11 11 **15** 12 12 12 **13** 13 29 – 17 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 17 17 –  
 11 10 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 14 12 11 13 11 11 12 12

This unclassified branch is very close to the L21 base haplotype (see below) and has only 3 mutations from it (marked) in all 67 markers. This separates their common ancestors by only 525 years.

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

All 7 haplotypes in the “unclassified” branch contain 96 mutations from its base haplotype (second to the above), which gives  $96/7/0.145 = 95 \rightarrow 105$  generations, that is  $2625 \pm 375$  years from its common ancestor. This places a common ancestor of the YELLOW GREEN and the unclassified branch to  $2300 \pm 400$  years ago, which is within the error margin the time when the common ancestor of the unclassified branch had lived. A common ancestor of L21 ( $3725 \pm 380$  ybp) and the unclassified branch ( $2625 \pm 375$  ybp) lived  $3440 \pm 500$  years before present, and he was likely (within the margin of error) the founder of L21 himself.

Conclusion: The YELLOW GREEN group descended from an “unclassified branch” (its base haplotype is shown above) which in turn belonged to the L21 subclade and descended from the L21 only 525 years after the L21 was established.

## DARK BLUE

The subgroup contains 10 haplotypes, with their bearers having the same or similar surnames. Nine of those ten haplotypes are in the 37 marker format, only five of them were determined in the 67 marker format. Their base haplotype is as follows:

13 24 14 11 11 14 12 12 11 14 13 30 - 18 9 10 11 11 25 15 19 29 15 17 17 17 -  
11 11 19 23 15 15 17 17 37 37 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 11 12 23 23 15 10 12 12  
13 8 12 22 19 13 12 11 13 11 11 12 12

- All five of 67 marker haplotypes contain 14 mutations, which gives  $14/5/0.145 = 19$  generations, that is  $475 \pm 135$  years to their common ancestor.
- All nine of 37 marker haplotypes contain 12 mutations, and  $12/9/0.09 = 15$  generations, that is  $375 \pm 115$  years to their common ancestor.
- In the 25-marker format there were four base haplotype out of ten, hence,  $[\ln(10/4)]/0.046 = 20$  generations, that is 500 years to their common ancestor.
- In the 12-marker format there were seven base haplotype out of ten, hence,  $[\ln(10/7)]/0.022 = 16$  generations, that is 400 years to their common ancestor.

As one can see, all the variants of calculations by different methods and with different sets of haplotypes give practically the same figures within the margins of error. The average timespan to a common ancestor for the DARK BLUE subgroup is  $440 \pm 60$  years. It is the 16<sup>th</sup> century AD.

Since it is a rather recent branch, it is difficult to even suggest their subclade comparing their base haplotype with those of different subclades of R1b1b2. For example, it has as many as

- 28 mutations from the base M222 haplotype,
- 21 mutations from the L51 base haplotype,
- 19 mutations from the L226 base haplotype,
- 18 mutations from the "North Irish" base haplotype,
- 16 mutations from the "South Irish" base haplotype,
- 15 mutations from the L23 base haplotype,
- 14 mutations from the U152 base haplotype,
- 13 mutations from the base L21 haplotype.



## PALE GREEN

The group is described in the Clan Donald as follows:

*This group contains several persons known to descend from the line of the Glencoe chiefs. This line traditionally descends from Somerled. It originated Iain Og, son of Angus Og and brother of John first Lord of the Isles.*

The subgroup contains 9 haplotypes, all McDonald or MacDonald, hence, we can expect to see a rather recent common ancestor of the family. Eight of them have their haplotypes determined in the 37 marker format, and only five were determined in the 67 marker format (see Fig. 5). Their base haplotype is as follows:

13 23 15 11 11 14 12 12 11 12 13 28 - 19 9 10 11 11 25 15 18 31 15 15 17 17 -  
11 11 19 23 17 15 20 19 38 43 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12  
16 8 13 22 20 12 12 10 13 11 11 12 12

- All five of 67 marker haplotypes contain 13 mutations, which gives  $13/5/0.145 = 18$  generations, that is  $450 \pm 130$  years to their common ancestor.
- All eight of 37 marker haplotypes contain 11 mutations, and  $11/8/0.09 = 15$  generations, that is  $375 \pm 120$  years to their common ancestor.
- In the 25-marker format there were five base haplotype out of ten, hence,  $[\ln(10/5)]/0.046 = 15$  generations, that is 375 years to their common ancestor.
- In the 12-marker format there were no mutations in ten haplotypes which points out to a recent common ancestor, within a few centuries.

Again, all the variants of calculations by different methods and with different sets of haplotypes give practically the same figures within the margins of error. The average timespan to a common ancestor for the PALE GREEN subgroup is  $400 \pm 40$  years. It is the beginning of the 17<sup>th</sup> century AD.

Since it is a rather recent branch, it is difficult to even suggest their subclade comparing their base haplotype with those of different subclades of R1b1b2. For example, it has as many as

- 33 mutations from the L226 base haplotype,
- 32 mutations from the L23 base haplotype,
- 31 mutations from the "South Irish" base haplotype,
- 30 mutations from the base M222 haplotype,
- 30 mutations from the L51 base haplotype,
- 26 mutations from the base L21 haplotype.

- 25 mutations from the “North Irish” base haplotype,
- 25 mutations from the U152 base haplotype.

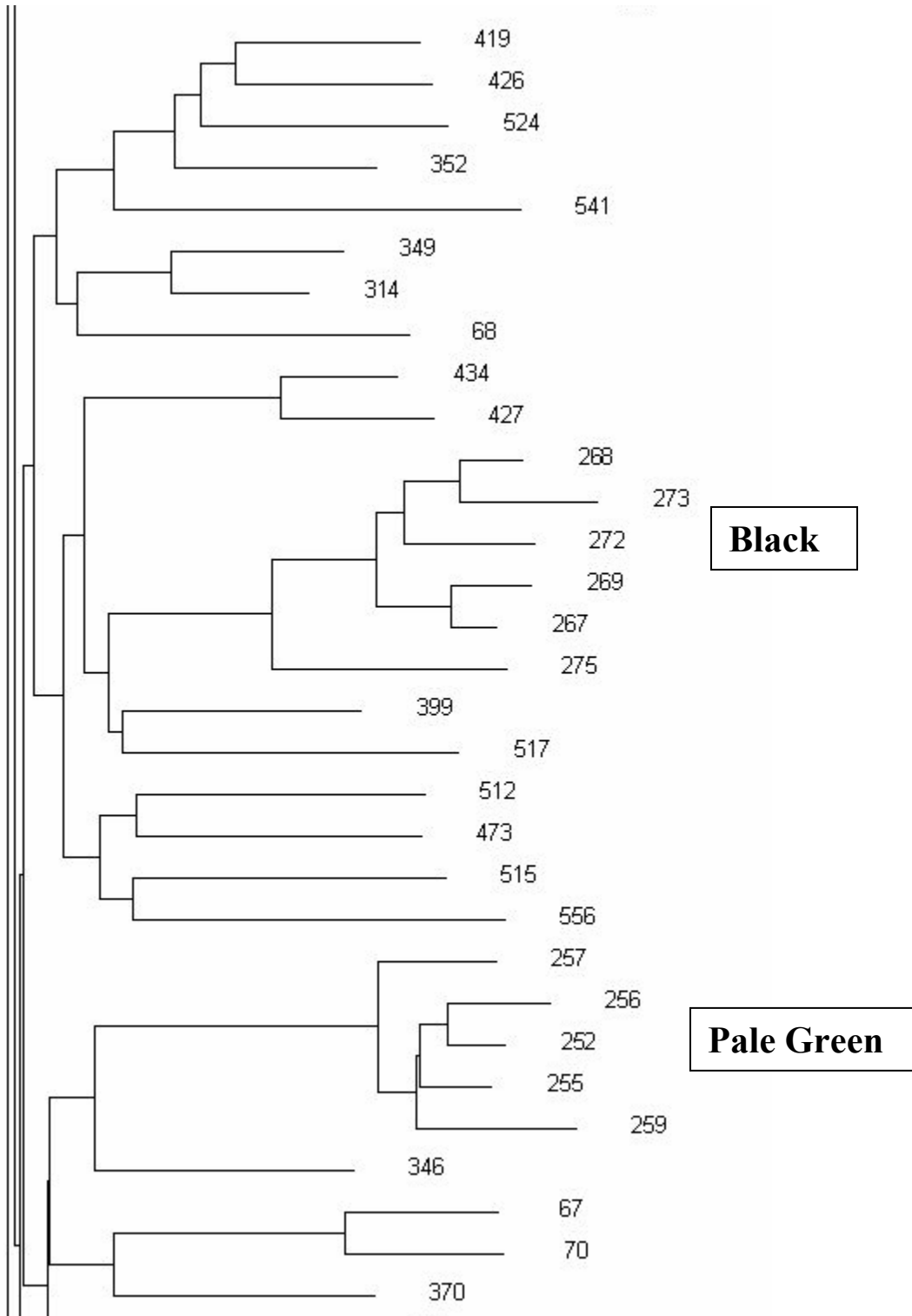
In the case of the shortest distance – from the U152 base haplotype (4125±450 years bp) it amounts to 5250 years between the PALE GREEN and U152 common ancestors, which places THEIR common ancestor to 4900±700 years before present. In the case of the longest distance – from the L226 base haplotype (1325±225 years bp) it translates to 7350 years between the PALE GREEN and L226, which places THEIR common ancestor to 4500±600 years before present. Those are times when R1b1b2 were coming to Europe. There are the roots of the PALE GREEN subgroup. Then it is no surprise that its branch on the haplotype tree is surrounded by “unclassified” ancient branches (Fig. 5).

## BLACK

The BLACK branch on the haplotype tree is surrounded by “unclassified” haplotypes, from which it was apparently split. There are six haplotypes in the 67 marker format in this group, two more are determined in the 37 marker format, and two more in the 25 marker format. There are only two surnames among the bearers of this subgroup, most of them (seven) are MacDonalds and McDonalds. Again, because of that it could have been expected that a common ancestor of the group lived rather recently. Indeed, there are only 25 mutations in six of 67 marker haplotypes, that is in 402 alleles, from the base haplotype

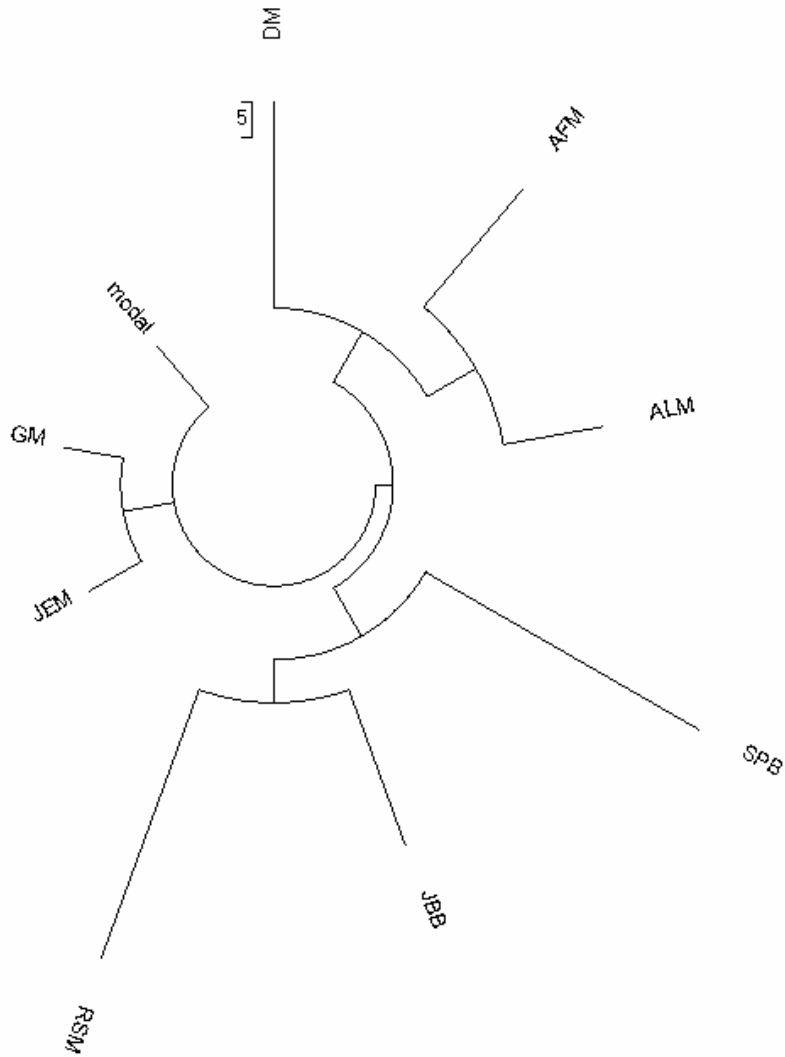
12 25 14 10 11 13 12 12 12 12 13 28 – 17 9 9/10 11 11 25 15 20 30 14 15 16 17 –  
 11 11 19 23 16 15 18 16 37 39 11 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12  
 16 8 13 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

which results in 750±170 years to a common ancestor of the BLACK subgroup. Eight of 37 marker haplotypes contain 28 mutations, which gives 1025±220 years to a common ancestor. These figures are within the margin of error, which are rather large due to a small number of haplotypes. However, such a noticeable difference gives a hint that the dataset can represent two or more lineages. The logarithmic method would not be of help here, since in ten of 25-marker haplotypes only one still maintains its base structure, which gives  $[\ln(10/1)]/0.046 = 50 \rightarrow 53$  generations, that is 1325 years to a common ancestor. Just one base haplotype more in that series, which statistically can easily happen, would have given  $[\ln(10/2)]/0.046 = 35 \rightarrow 36$  generations, that is 900 years to a common ancestor. This simple example shows that with one of two base haplotype in a dataset the logarithmic method would give a margin of error of around 50-70%.



**Fig. 5.** A fragment of the 67-marker linear haplotype tree, depicting the left-hand side (between 7 and 8 o'clock) branches of the haplotype tree, shown in Fig. 1. "Unclassified" haplotypes have numbers above 308.

A haplotype tree for eight of 37 marker haplotypes of the BLACK subgroup (Fig. 6) confirmed that the dataset is not a uniform one. It contains three clusters, or lineages, each with its “local” ancestral (base) haplotype. Their superposition gave that “base” haplotype for the BLACK subgroup. It might be a real one or it might be a “phantom” one. It can rather easily be examined and verified, if needed, using the above haplotype tree and comparing the lineages. It helps that the three lineages are of about the same “weight”, so the “overall” base haplotype might be correct.



**Fig. 6. A 37-marker haplotype tree for the BLACK subgroup.**

A rather unusual DYS393 = 12 (the first allele from the left) is typical for R-L23 subclade ( $5475 \pm 680$  years to a common ancestor), or it might have appeared due to a simple, random mutation around a thousand years ago in a common

ancestor of the BLACK subgroup (a relatively rare, but quite possible event). The above BLACK group base haplotype differs by 16.5 mutations from the L23 base haplotype (shown below, mutations are marked):

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** -  
 11 11 19 23 **15** 15 **17** **17** 37 **37** **12** 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 **11** 12 23 23 16 10 12 12  
**15** 8 **12** 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

Those 16.5 mutations are translated to 3225 years between common ancestors of the BLACK and L23 lineages. This is too little for the L23 subclade which is 5475±680 year “old”. Therefore, the DYS393 = 12 was likely just an “ordinary”, random mutation. The group might still belong to L23, but initiated from a more recent ancestor, “half-way” from a common ancestor of L23.

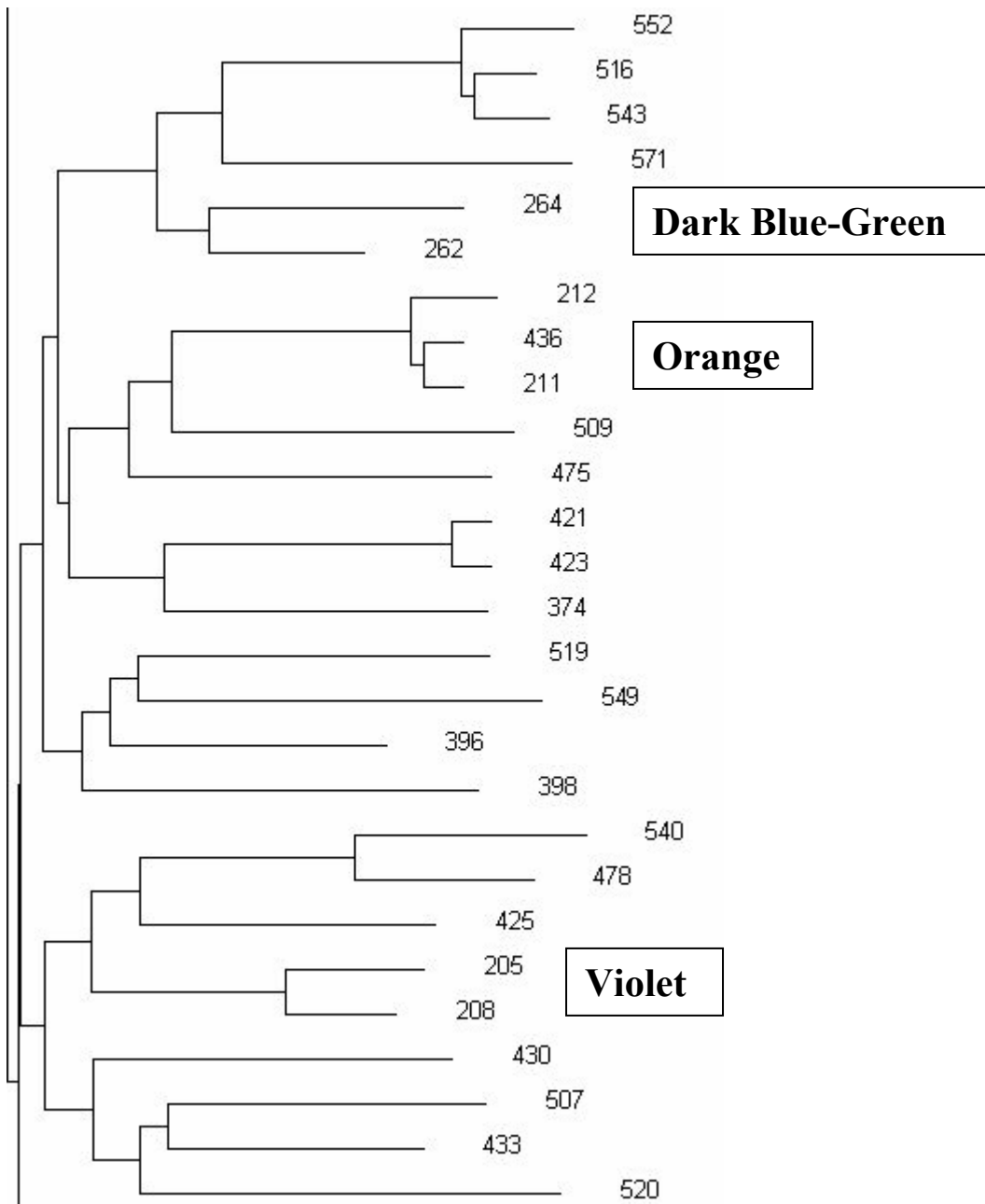
However, there are some additional indications that the BLACK subgroup does not belong to L23, and its parent branch has a more common DYS393 = 13. Fig. 5 shows that the BLACK subbranch is only a half-branch of a wider one containing 14 haplotypes altogether, which have their common ancestor, upstream from the BLACK sub-lineage and belonging to an “unclassified” series of haplotypes. These 14 haplotypes have the following base haplotype:

13 24 14 10 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 30 14 15 16 17 -  
 11 11 19 23 16 15 17 17 37 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12  
 16 8 13 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

All 14 haplotypes contain 200 mutations from the base haplotype, which gives  $200/14/0.145 = 99 \rightarrow 110$  generations from a common ancestor, that is 2750±340 years to a common ancestor. This branch, half of which is “unclassified” is likely an ancestral one (see Fig. 5) to the BLACK subgroup (1025±220 years to a common ancestor). Indeed, eight “unclassified” haplotypes surrounding the BLACK subbranch have 109 mutations in their 67 marker haplotypes, which gives  $109/8/0.145 = 94 \rightarrow 104$  generations, that is 2600±360 years from their common ancestor. This is the ancestral branch (“unclassified”) for the BLACK subgroup.

**VIOLET, ORANGE, DARK BLUE-GREEN**

These subgroups are all parts of “unclassified” branches of haplotypes, as the haplotype tree shows (Fig. 7). Most of those subgroups contain predominantly 25 and 37 marker haplotypes.



**Fig. 7. A fragment of the 67-marker linear haplotype tree, depicting haplotypes at the bottom of Fig. 1. “Unclassified” haplotypes have numbers above 308.**

The VIOLET subgroup has four mutations in six 25-marker haplotypes ( $14.5 \pm 7.4$  generations), seven mutations in four 37-marker haplotypes ( $19.4 \pm 7.6$  generations), four mutations in two 67-marker haplotypes ( $13.8 \pm 7.0$  generations), and half of their haplotypes are identical (base) in 25-marker dataset ( $15.1 \pm 8.8$  generations).

generations), on average  $390 \pm 60$  years from their common ancestor, the beginning of the 17<sup>th</sup> century AD plus-minus a few generations.

The ORANGE subgroup (including “unclassified” haplotype 436, which in fact is a base haplotype for the ORANGE subgroup) has two mutations in six 25-marker haplotypes ( $7.2 \pm 5.2$  generations), five mutations in six 37-marker haplotypes ( $9.3 \pm 4.5$  generations), one mutation in three 67-marker haplotypes ( $2.3 \pm 2.3$  generations), and four of their six haplotypes are identical in 25-marker dataset ( $8.8 \pm 4.5$  generations), on average  $170 \pm 80$  years from their common ancestor, the middle of the 19<sup>th</sup> century AD plus-minus three generations.

The base haplotype of the ORANGE branch

13 24 14 10 11 14 12 12 **11** 13 13 **29** - **17** 9 10 11 11 **27** 15 19 30 **14** 15 17 **18** -  
**10 11** 19 **22** 16 15 18 17 **36 39 11** 12 - **11** 9 15 16 8 **11** 10 8 10 10 12 **23** 23 16 10 12 12  
15 8 **12 23** 20 **14** 12 11 13 11 11 12 12

significantly differs from that for the RED branch (mutations are shown in bold), on as many as 20 mutations in 67 markers (which is equivalent to 4025 years between them). This places a common ancestor of the RED and ORANGE branches at 2900 years before present, that is much earlier than the “age” of the RED branch itself ( $1540 \pm 200$  years, see above). Understandably, a mutational difference between the ORANGE branch and Red1, red2 and 3 subbranches, as “younger” compared with the RED common ancestor, is even larger – 22, 21 and 21 mutations, respectively. In other words, the ORANGE branch is a rather distant cousin to the RED branch.

Compared to the PINK group, the difference between it and the ORANGE group is even larger – 25 mutations (shown below in the base haplotype of the PINK branch), or 5225 years between their common ancestors.

13 24 14 10 11 **15** 12 12 **12** 13 13 29 - **18** 9 10 11 11 **24** 15 19 **32 15** 15 17 **17** -  
**11 12** 19 **24 15** 15 18 17 **38 39 12** 12 - **12** 9 15 16 8 **10** 10 8 10 10 12 **22** 23 16 10 12 12  
**16 8 11 22** 20 **13** 12 11 13 11 11 12 12

This brings a common ancestor of the ORANGE and PINK subgroups to 2975 years before present. It seems that it is the same common ancestor, from whom RED, PINK and ORANGE groups descended, and who lived in the beginning of the 1<sup>st</sup> millennium BC.

The DARK BLUE-GREEN subgroup has eight mutations in five 25-marker haplotypes ( $35 \rightarrow 36$  generations), 15 mutations in four 37-marker haplotypes ( $42 \rightarrow 44$  generations), eight mutations in two 67-marker haplotypes ( $28 \rightarrow 29$

generations), and three base haplotypes out of five in the 25-marker dataset (11 generations). Such a discrepancy comes mainly from one haplotype which contributed the most into the mutations, and has the only different surname in the group. After it was removed, the pattern was as follows: two mutations in four 25-marker haplotypes ( $10.9 \pm 7.8$  generations), 8 mutations in three 37-marker haplotypes ( $29.6 \pm 10.9$  generations), eight mutations in two 67-marker haplotypes ( $27.6 \pm 10.1$  generations), and three base haplotypes out of four in the 25-marker dataset ( $6.3 \pm 3.7$  generations). Technically, all the figures are within the same margin of error, and an average timespan to the common ancestor of the DARK BLUE-GREEN groups lived  $465 \pm 290$  years ago, around the 16<sup>th</sup> century AD plus-minus three centuries.

## GRAY

The branch of the GRAY subgroup has nine mutations in five 25-marker haplotypes (39 → 41 generations), 24 mutations in five 37-marker haplotypes (53 → 56 generations), six mutations in two 67-marker haplotypes (21 generations), and only one base haplotype in five 25-marker haplotype dataset (35 → 36 generations), on average  $975 \pm 350$  years from their common ancestor. It is the 11<sup>th</sup> century AD, plus-minus a few centuries.

## WHITE

In this group all eight haplotypes were determined in the 67 marker format. They have a rather recent common ancestor with the MAGENTA group (see Fig. 8).

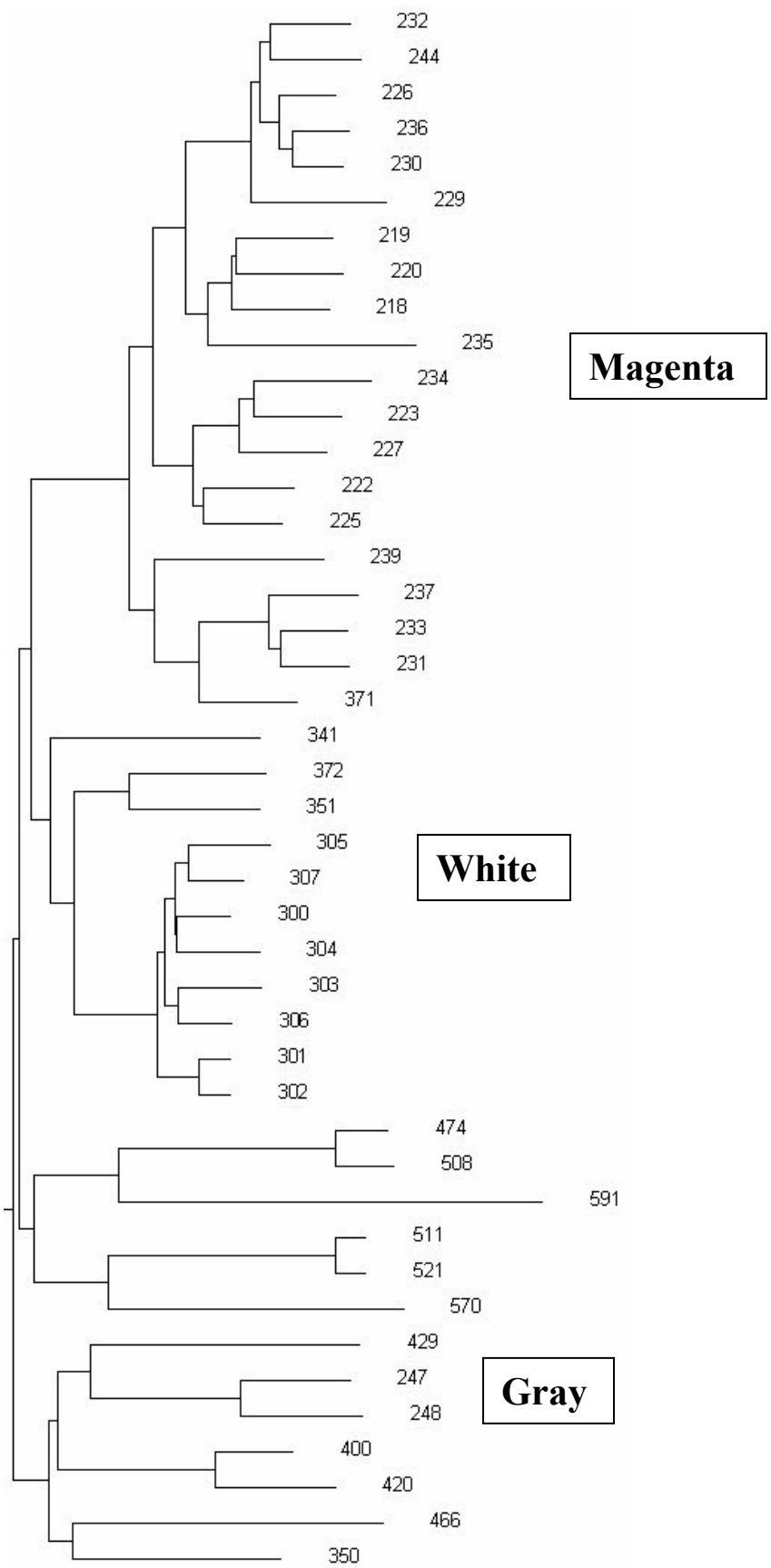
All the eight haplotypes have only 13 mutations from their base haplotype

13 **25** 14 11 11 14 12 12 **12** 13 13 29 – 17 9 10 11 11 **26** 15 19 28 **14** 15 **15** 17 –  
**11** **10** 19 23 **16** 15 18 **16** 37 37 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

Eleven mutations marked here in bold are shown in comparison with the L20 subclade base haplotype in the first 25 markers. However, the same number of mutations the WHITE base haplotype shows in comparison with the L21 base haplotype in the first 25 markers (the same number of mutations was in all the 67 markers):

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





**Fig. 8. A fragment of the 67-marker linear haplotype tree, depicting haplotypes at the lower right-hand side of Fig. 1. “Unclassified” haplotypes are numbered above 308.**

Therefore, a simple comparison of base haplotype cannot definitely resolve the assigning of the branch in this particular case (as in many other cases). However, in this particular case the WHITE group has descended from R-L21 subclade, as it will be shown in the next section.

13 mutations from the base haplotype are translated to a timespan of 275±80 years to a common ancestor of the WHITE group.

## **MAGENTA**

This subgroup was described in the Clan Donald as follows:

*Signatures parallel to this group can be found among the McMahons of Fermanagh ( one of the territories of ancient Oriel founded by the Collas who allegedly conquered Ulster around 330 AD). This group was one of the tribes from which Gillebride, Somerled's father, sought assistance against the norse.*

It is not clear from the above what “signatures parallel to this group” is, and how McMahons of Ferrnanagh could be related to the MAGENTA subgroup. Fig. 8 shows that the MAGENTA group is made up of at least four lineages. Since all of them are of about the same “weight”, a timespan to their common ancestor can be calculated using all 20 haplotypes of the group. More accurate calculation could have been done by considering each subbranch separately, using the same approach as described in this study, and then considering all four base haplotypes for the separate lineages.

All 20 haplotypes of the MAGENTA branch contain 119 mutations from the base haplotype

13 **24 15** 11 11 **15** 12 12 **13** 13 13 29 - 17 9 10 11 11 **25** 15 19 28 **15** 15 **17** 17 -  
 11 **11** 19 23 16 15 18 **19 36** 37 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 **9 0 22** 23 16 10 12 12 **16**  
 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

(17 mutations from the adjacent WHITE subbranch are marked in bold). 19 out of 20 haplotypes have null mutation in DYS425. It is very close to R-L21 null mutation (DYS425) base haplotype (deviations are marked in bold), with a common ancestor of 2600±420 years “old”:

13 24 **14** 11 11 15 12 12 **14** 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 28 15 15 17 17  
 11 11 19 23 16 15 18 19 36 **38** 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 9 0 22 23 16 10 12 12 16  
 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

119 mutations translate to  $119/20/0.145 = 41 \rightarrow 43$  generations, that is  $1075 \pm 145$  years from a common ancestor of MAGENDA group. Hence, the MAGENTA group common ancestor lived in the 10<sup>th</sup> century AD, plus-minus a century or two.

Therefore, we have two subbranches, WHITE ( $275 \pm 80$  years bp) and MAGENDA ( $1075 \pm 145$  years bp), with 17 mutations (3325 years) between their common ancestors. This brings THEIR common ancestor to approximately 2350 years before present. It is very likely the R-L21 null mutation common ancestor himself ( $2600 \pm 420$  years before present).

## YELLOW GRAY

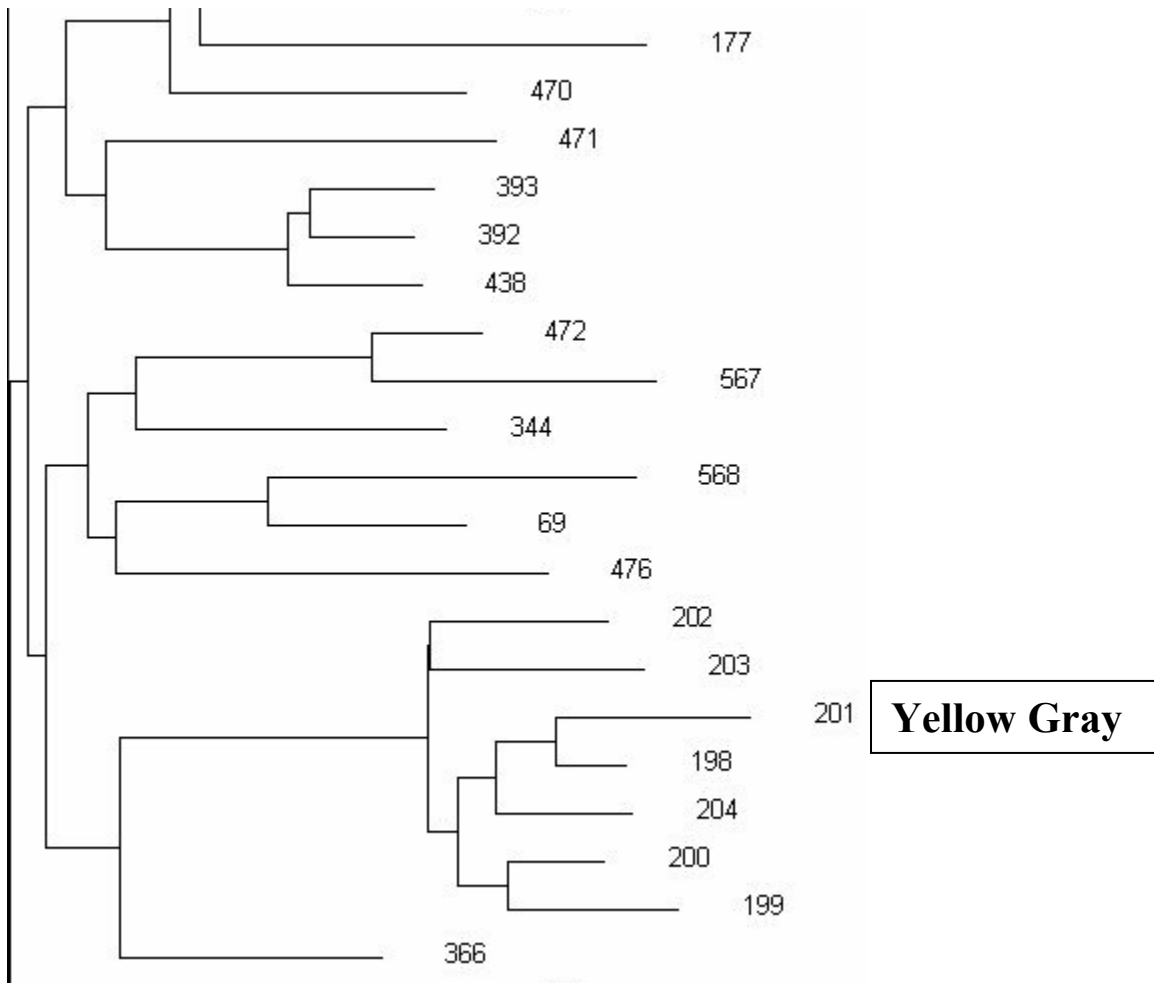
Fig. 9 suggests that the YELLOW GRAY group descended from the adjacent “unclassified” branch (six haplotypes 472-476). Seven haplotypes of the YELLOW GRAY group contain 34 mutations from the base haplotype

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 16 9 9 11 11 25 15 19 31 15 16 16 17 -  
 11 11 19 19 17 15 19 17 38 40 13 12 - 11 9 16 17 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12  
 14 8 13 24 22 13 12 11 13 11 12 12 12

This is quite an unusual base haplotype compared with, say, the L21 base haplotype, typical for the Isle haplotypes

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

from which the YELLOW GRAY has as many as 23 mutations (marked in bold), which translates to 4700 years difference between their common ancestors. 34 mutations from the YELLOW GRAY base haplotype give  $34/7/0.145 = 33 \rightarrow 34$  generations, that is  $850 \pm 170$  years from a common ancestor.



**Fig. 9. A fragment of the 67-marker linear haplotype tree, depicting haplotypes at the right-hand side (at 3 o'clock) of Fig. 1. "Unclassified" haplotypes are numbered above 308.**

The adjacent "unclassified" branch of six haplotypes has the base haplotype

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 **25/26** 15 **18 28/29** 15 15 17 17 -  
 11 11 19 23 **16** 15 18 17 36 **37** 12 12 - 11 9 **15/16** 16 8 10 10 8 **11** 10 12 23 23 16 10 12  
 12 15 8 12 22 20 13 **12/13** 11 13 11 **12** 12 12

(7 mutations from the YELLOW GRAY base haplotype are marked in bold) with 78 mutations in 67 markers, which gives  $78/6/0.145 = 90 \rightarrow 99$  generations, that is 2475±370 years from a common ancestor. Therefore, a common ancestor of the YELLOW GRAY branch and the "unclassified" branch lived around 2300 years before present, which is likely the common ancestor of the "unclassified" branch.

## PALE VIOLET, PALE BLUE and LIGHT BROWN

These three subgroups are small in the Clan Donald records and contain mainly 25- and 37-marker haplotypes.

Regarding the PALE VIOLET group, the Clan Donald site has suggested:

*This group is probably a subset of the Magenta group, but we are not including them together since these people have not tested for DYS425. This group appears to all be descendants of Lt Brian McDonald, chief line of Leinster and Ulster in Ireland who emigrated to Brandywine Creek Delaware in the late 1600s.*

Indeed, the base PALE VIOLET haplotype (shown below) is very close to that of MAGENTA

13 24 15 11 11 15 12 12 13 13 13 29 - **18** 9 10 11 11 25 **14** 19 28 15 15 17 17 -  
11 11 19 23 16 15 18 19 36 37 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 9 0 22 23 16 10 12 12 16  
8 12 22 20 **14** 12 11 13 11 11 12 12

except only three mutations marked in bold (only one haplotype was available with the latter mutation, so it is an individual mutation, not a "base" one). It is the L21-null mutation lineage (2600±420 year "old"), though with six mutations from the L21-null base haplotype (its base haplotype is shown in the MAGENTA section).

The PALE VIOLET group contains only four haplotypes in the 25 marker format, three of them are extended to the 37 marker ones, however, two of the latter are identical, and only one haplotype in the 67 marker format. Furthermore, the 25-marker haplotypes appear to belong to two different "local" sub-lineages. All of this makes an estimation of a timespan to their common ancestor very problematic, and can give only a general idea. Eight mutations in four 25-markers haplotypes suggest  $8/4/0.046 = 43 \rightarrow 45$  generations, that is around 1125±410 years to a common ancestor. Since three of those four haplotypes are mutated, it gives  $[\ln(4/1)]/0.046 = 30 \rightarrow 31$  generations, that is approximately 775 years to a common ancestor. Since the MAGENTA group has a common ancestor who lived 1075±145 years ago, he (or one of his descendants) might indeed have been the common ancestor of the PALE VIOLET group.

In the PALE BLUE group there two mutations in two 25 marker haplotypes, both mutations in the same haplotype. It technically gives  $2/2/0.046 = 22$  generations, that is 550±390 years from a common ancestor, and  $[\ln(2/1)]/0.046 = 15$  generations, that is 375±375 years from a common ancestor. On average, it gives 460±390 years before present.

Regarding the LIGHT BROWN group, the Clan Donald site has noted:

*The group is sometimes referred to as "Frisian". It lies within a larger group, not distinguishable from our haplotypes, that has a positive result for the SNP S21/U106.*

Let us verify it. The first 25 marker base haplotype of U106 subclade (4175±430 year "old") is

13 23 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17

There are seven LIGHT BROWN haplotypes available, most of them in 25 marker format only (three of them are available in the 37 marker format, and only one in the 67 marker format). Their base haplotype has only three mutations from that of the U106 base haplotype above (marked in bold):

13 23 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 **24** 15 19 29 15 **16** 17 **18**

All seven haplotypes have 23 mutations from the above base haplotype, which gives  $23/7/0.046 = 71 \rightarrow 77$  generations, that is 1925±445 years from a common ancestor. Three mutations between the LIGHT BROWN and the U106 base haplotypes translate to 1725 years between them, which places THEIR common ancestor to 3900±500 years before present. It is likely the U106 subclade common ancestor himself.

### **BLUE GREEN and DARK GREEN**

The BLUE GREEN dataset consists of three 37 marker haplotypes containing six mutations from their base haplotype. It gives  $6/3/0.09 = 22$  generations, that is 550±230 years to their common ancestor.

Three of 37 marker haplotypes of the DARK GREEN group contain four mutations, which translates to  $4/3/0.09 = 15$  generations, that is 350±180 years to their common ancestor. Three mutations in their two of 67 marker haplotypes give  $3/2/0.145 = 10$  generations, that is 250±150 years to a common ancestor. An average timespan is 300±180 years.

### **Two "unclassified" branches, likely of R-L2 and R-U106 subclades**

These two branches are clearly visible in Fig. 1 in the most upper right-hand side of the haplotype tree. The first one of 14 haplotypes has the following 37 marker base haplotype

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 **14** 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 - 11 11 19  
 23 **16** 15 **19** 17 **36** 38 12 12

in which 4.14 mutation from the L2 base haplotype are marked in bold. This corresponds to 1200 years between their common ancestors. All 14 haplotypes contain 122 mutations from the above base haplotype, which gives  $122/14/0.09 = 97 \rightarrow 108$  generations, that is  $2700 \pm 360$  years from their common ancestor. Since the L2 common ancestor lived  $4225 \pm 450$  years before present (Klyosov, 2010b), a common ancestor of L2 and the “unclassified” branch lived  $(4225+1200+2700)/2 = 4060 \pm 500$  years before present. This was very likely the common ancestor of L2 himself.

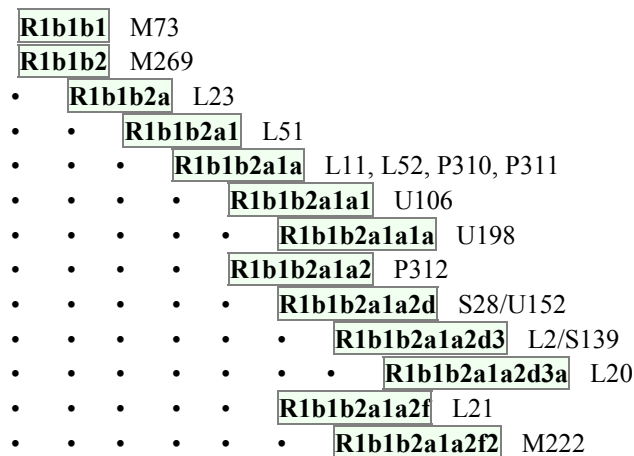
The adjacent branch of 17 haplotypes (the next branch, clock-wise in Fig. 1) has 218 mutations from the following 37 marker haplotype

13 23 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 14 18 18 37 39 12 12

It is identical with the U106 base 25-marker haplotype (see description of the LIGHT BROWN group above), and has exactly the same timespan from the common ancestor. For the U102 subclade it is  $4175 \pm 430$  years, for the “unclassified” branch it is  $218/17/0.09 = 143 \rightarrow 167$  generations, that is  $4175 \pm 500$  years to the common ancestor.

## CONCLUSIONS

A short version of the R1b1b2 haplotype tree (the full version is given in [http://www.isogg.org/tree/ISOGG\\_HapgrpR.html](http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpR.html)) is shown below:



The more or less reliable territorial (regional) location of all the subclades listed above remains to be elucidated, however, some details of the picture are emerging. While the R1b1b1-M73 subclade mainly left in Asia, the R1b1b2-M269 subclade had moved to the Russian Plain (the Eastern European Plain) around 12-8 thousand years ago, and descendants of its L23 subclade still remains in Russia (with a common ancestor of  $6775 \pm 830$  years bp [Klyosov, 2009b]) and in the Caucasus, with their common ancestors who lived there at least 6000 years before present. The M269 and L23 bearers split, some of them went through the Caucasus to Asia Minor/Anatolia (a common ancestor there of  $6000 \pm 820$  years bp), to the Middle East (a common ancestor in Lebanon of  $5200 \pm 670$  years bp) and then via the North African route arrived to Iberia around 4800 years bp. It is not clear which subclade had arrived to Iberia that time, M269, L23, L51, or/and L11/P310, since the R1b1b2 there went through a severe bottleneck, and emerged in the Pyrenees only around  $3700 \pm 520$  years before present, as a predominant subclade P312. Its actual "age" should have been "older", since the survived P312 bearers had moved to the North as the Beaker archaeological culture (4800-3600 years before present), and left the downstream (from P312) subclade in France with a common ancestor around 4200 years before present (Klyosov, 2010d), along with a "parallel" downstream (from P312) subclade U152 ( $3950 \pm 400$  years before present). P312 and L21 have identical 67 marker base haplotypes (Klyosov, 2010b).

It was R-L21 subclade and its downstreams, such as L2 ( $4225 \pm 450$  ybp), L20 ( $3975 \pm 450$  ybp) which reached the Isles some time later and left the predominant R-M222 subclade (a downstream from L21) there with a common ancestor of  $1450 \pm 150$  years ago, that is in the middle of the 1<sup>st</sup> millennium AD, and some other downstream subclades, such as L226 ( $1325 \pm 225$  ybp), L2 ("South Irish" ( $1400 \pm 190$  ybp), "North Irish" ( $1325 \pm 275$  ybp), "Scottish Borders" ( $1200 \pm 140$  ybp), etc. Those are most of Scottish and Irish lineages, including those of MacDonalDs and their related R1b1b2 lineages are descended from. It is not a surprise that most of the Clan Donald lineages derived from R-L21 and its downstream subclades and lineages (for some of them subclades are not identified as yet).

It can be seen from the above R1b1b2 subclade tree, that parallel with the P312→L21 subclades is the U106 subclade. It came to Europe apparently not via North Africa, but via more direct way, either over Asia Minor to the Mediterranean and/or the Balkans, or westward from the Russian Plain to Europe. Its base haplotype characteristic feature is DYS290=23, while in P312, L21 and downstream subclade base haplotypes it is 24 or 25 (as in M222). They also made their way to the Isles.



As a result, a pattern of the Clan Donald R1b1b2 lineages is rather complicated. Here is a partial list of the Donald subgroups for which some lineages were traced to specific subclades:

Red	L21	1540±200 ybp
Pink	L21	550±140
Brown	L21	675±190
Maroon	L21	235±65
Green	L21→M222	1525±175
Dark Blue	L21 (?)	440±60
Blue Green		550±230
Yellow Gray		850±170
Violet		390±60
Orange		170±80
Magenta	L21	1075±145
Pale Violet	L21	1125±410
Gray		975±350
Pale Green	U152 (?)	400±40
Dark Blue - Green		465±290
Black		750±170
Pale Blue		460±390
Light Brown	U106	1925±445
Dark Green		300±180
Yellow Green	L21	240±70
White	L21	275±80
“Unclassified”	L2	2700±360
“Unclassified”	U106	4175±500

## MATERIALS and METHODS

The essence of the methodology employed in this study is as follows: (a) to build a haplotype tree and to resolve lineages/branches, (b) to calculate each branch separately and to identify a timespan to a nearest common ancestor for each one, (c) to identify a timespan to a common ancestor, if any, for all the branches altogether, (d) to make calculations with a correction for back mutations, if a timespan is longer than 23 generations (or 575 years), (e) to compare calculations for 25-, 37, and 67-marker haplotypes, to make sure that the calculations are compatible for all the three haplotype formats, (f) to verify the data obtained with the logarithmic method (when possible), which does not need mutation counting, (g) to use calibrated mutation rates and calibrated generation lengths, (h) to use calibrated mutation rates which are verified with father-son pair

massive experiments, (i) to provide margins of error to all results, for their realistic evaluations.

All the above items have been illustrated in the text above. A few, which need more detailed explanations, are described in this section.

**Analysis of mutations and their rates.** Principal methodology was described in (Klyosov, 2009a,b). Haplotype trees were constructed using PHYLIP, the Phylogeny Inference Package program, as was explained in detail in (Klyosov, 2009a and references therein). A “comb” around the wheel (a “trunk”), in haplotype trees identifies “base” haplotypes, identical to each other and carrying no mutations compared to their ancestral haplotypes (e.g., in Figs 1, 4). The farther the haplotypes lay from the wheel, the more mutations they carry compared to the base haplotype and the older the respective branch.

The “base” haplotypes are the ancestral haplotypes in an ideal case. However, since those haplotypes often are deduced ones, it would be inaccurate to call them “ancestral”. Hence we call them “base” haplotypes.

The timespans to a common ancestor were calculated using both “logarithmic” and “linear” approaches. The logarithmic method is based on the assumption (which largely or practically always holds true) that a transition of the base haplotypes into mutated ones is described by the first-order kinetics:

$$N = Ae^{kt},$$

that is

$$\ln(N/A) = kt$$

where:

$N$  = a total number of haplotypes in a set,

$A$  = a number of unchanged (identical, not mutated) base haplotypes in the set,

$k$  = an average mutation rate,

$t$  = a number of generations to a common ancestor.

One can see the logarithmic method does not consider mutations in haplotypes; only mutated and non-mutated (base) haplotypes are considered.

Mutation-counting methods are all based on accumulation of mutations in haplotypes over time. They include the “linear”, “quadratic” (ASD) and “permutational” methods (Klyosov, 2009a). In this paper the “linear” method is

largely employed, in which a total number of mutations in a set of haplotypes is counted, an average number of mutations per marker is calculated, a correction for back mutations is introduced, either numerically, or using a handy table (Klyosov, 2009a), and a time span to a common ancestor is calculated, either using the Table, or applying the respective mutation rates.

Average mutation rates employed in this paper, are (Klyosov, 2009a):

For 12 marker haplotypes - 0.022 mutations per haplotype, 0.00183 mutations per marker,

for 25 marker haplotypes - 0.046 mutations per haplotype, 0.00183 mutations per marker,

for 37 marker haplotypes - 0.090 mutations per haplotype, 0.00243 mutations per marker,

for 67 marker haplotypes - 0.145 mutations per haplotype, 0.00216 mutations per marker.

These mutation rates were calibrated employing 25 years per generation. This is a fixed mathematical figure, not an actual length of generations, which is a "floating" value, depending on many factors, including cultural, demographical, economical, and largely varied between ancient times and today. Time spans to a common ancestor were calculated typically employing the first 25, 37 and 67 markers in haplotypes, and the data was compared to each other. Margins of error for time spans to common ancestors are calculated as described in (Klyosov, 2009a).

There are many confusions in the literature regarding mutation rate constants. Some authors claim that 25 years per generation is incorrect, and suggest different time spans per generations, typically between 20 and 35 years per generation, citing some arbitrarily chosen examples from recent genealogies. However, it is impossible to know if those generation lengths stay the same down through millennia. On the contrary, it would be hard to imagine that. Generation length is a "floating" factor, and depends on times, cultures, historical situations, etc. Therefore in our approach we do not use any arbitrarily chosen generation length. Since DNA genealogy obtains only a product  $kt$  (as a ratio of a number of mutations divided by a number of haplotypes or markers in the dataset), where  $k$  is the mutation rate and  $t$  is a number of generations, we can (and should) set a generation length based on an actual number of years for the calibration example. For instance, an earlier dataset for R1a1 Donald Clan ("Red Subgroup") contained 44 mutations in 68 of 12 marker haplotypes, and 69 mutations in 60 of 25 marker haplotypes. In the last update (September 2010) there are 64 mutations in 125 of 12 marker haplotypes and 166 mutations in 124 of 25 marker haplotypes. Since we know that the common ancestor of the group,

John Lord of the Isles, lived (in the context of this study) 650 years ago (he died in 1386, that is 624 years ago), we can make it 26 generations of 25 years each. In other words, we calibrate the mutation rate constant setting it at the mathematical value of 25 years per generation. We could have set it for 13 generations of 50 years each, it would not change a thing. There will be 650 years anyway. Just a mutation rate constant would be twice as high.

Let us see how we do it. For the four dataset for the “Red Subgroup”, setting 26 generations to the common ancestor, we obtain:

12 marker haplotypes:

$44/68/26 = 0.025 \pm 0.005$  mutations per haplotype per generation (of 25 years)

$64/125/26 = 0.020 \pm 0.003$  mut/hapl/gen

One can see that these mutation rate constants are the same within the margins of error. The subsequent detailed studies with many datasets set the mutation rate constant as  $0.022 \pm 0.001$  mut/hapl/gen

25 marker haplotypes:

$69/60/26 = 0.044 \pm 0.007$  mutations per haplotype per generation (of 25 years)

$166/124/26 = 0.051 \pm 0.006$  mut/hapl/gen

One can see that these mutation rate constants are the same within the margins of error. The subsequent detailed studies with many datasets set the mutation rate constant as  $0.046 \pm 0.002$  mut/hapl/gen

The confusions regarding mutation rate constants in the literature continue. Some authors claim that only father-son pair studies can give the right value for mutation rate constants. This, of course, is the most objective approach, when done with a good statistics, that is with thousands and thousands of pairs. However, there is one serious caveat – data would be obtained in mutations per a generation only, hence, again the issue of how many years per generation should be employed is left unresolved. Again, we need a calibration with actual historical data, that is come back to our approach.

Here is an example. A massive study of almost two thousand of father-son pairs (Ballantyne et al, 2010) revealed 48 mutations in the first 12 markers and 102 mutations in the first 25 markers (unfortunately, 37 and 67 marker haplotypes have not been studied in full, many markers were missing) in  $1727 \pm 49$  and

1704±86 pairs, respectively. This gives mutation rate constants as 0.028±0.005 and 0.060±0.009 for 12 marker and 25 marker haplotypes, respectively. Another way of calculations, per (extrapolated) 10,000 father son-pairs and for each marker gave practically the same values, 0.0277±0.0049 and 0.0595±0.0084 mutations per haplotype per generation. They are exactly the same values as the mutation rate constants employed in our study, but for 32 years per generation, not for 25 years, used in our study. In practical terms, it does not make any difference, except statistics in the Ballantyne et al study was still not very good. For example, even with almost 2000 father-son pairs, a number of mutations in the first 12 marker haplotypes was, respectively, 3, 2, 7, 5, 3, 6, 0, 0, 6, 9, 1, 6. In the following 13 markers it was 14, 4, 0, 0, 3, 2, 0, 19, 12 (some markers were combined in the cited study). Hence, margin of error for those data was rather wide, namely ±14% and ±10%, respectively, only for a number of mutations observed in the cited study.

Being applied for said Clan Donald “Red Subgroup”, the father-son pair mutation rate constants give:

12 marker haplotypes:

$$44/68/0.028 = 23 \text{ generations}$$

$$64/125/0.028 = 18 \text{ generations}$$

25 marker haplotypes:

$$69/60/0.060 = 19 \text{ generation}$$

$$166/124/0.060 = 22 \text{ generations}$$

An average number of generations is 20.5±2.4, that is 656±77 years to a common ancestor of the “Red Subgroup” of R1a1 individuals, at 32 years per generation.

As one can see, for a practical application of father-son data and the respective mutation constants, it is necessary to calibrate the data.

The principal conclusion is that the mutation rate constants used in this study and listed above, are appropriate and do not contradict with father-son mutational studies.

## Correction for back (reverse) mutations

Essentially, when a mutation happens, and they happen now and then, they can equally happen "up" or "down", e.g. from the ancestral 17 to either 18 or 16 (in a descendant). If it mutates to, say, 18, the next move (after 550 generations on average for 25 marker haplotypes or 460 generations for 67 marker haplotypes) can be to 17 or 19, equally probable.

If it mutates back to 17, to the ancestral allele, this would be the "back mutation", and one cannot see it, looking at the resulting haplotype. It was 17 in the ancestral haplotype, and it went 17--> 18 --> 17, that is 17 again. How do we know that ANY allele in a present day haplotype is not back mutated?

In fact, we do not know. However, we can calculate a probability of such an event in all the 67 alleles in a 67 marker haplotype, or in a haplotype of any format. Those back mutations actually slow down the OBSERVED mutations. We observe, say, 125 mutations in a dataset, and we calculate that in fact there were 137 mutations. This is a correction for back mutations.

There are two principal ways to introduce a correction for back mutation into the calculations. One way is to use the following formula (Klyosov, 2009a)

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

where:

$\lambda_{obs}$  = observed average number of mutations per marker in a dataset (or in a branch, if the dataset contains several branches/lineages),

$\lambda$  = average number of mutations per marker corrected for back mutations,

The above formula is applicable for completely symmetrical pattern of mutations, that is for equal number of mutations "up" and "down" from the base (ancestral) haplotype. For asymmetrical series of haplotypes (rather, for mutations in the dataset) a degree of asymmetry should be calculated and a slightly more complicated formula (Klyosov, 2009a) should be used; however, this additional factor is, as a rule, not very significant, and typically fits into a margin of error of calculations.

Let us consider an example, in which a dataset of 100 of 25 marker haplotypes contains 400 mutations from the base haplotype. Then  $400/100 \times 25 = 0.160$  mutations per marker. At the mutation rate of 0.002 it would give  $0.160/0.002 =$

80 generations, that is  $80 \times 25 = 2,000$  years to a common ancestor. However, as it was mentioned above, at 24 generations and deeper in time one should introduce a correction for back mutations. At 80 generations it is almost two centuries. Here is how it works:

$$\lambda = \frac{0.160}{2}(1 + \exp(0.160)) = \frac{0.160}{2}(1 + 1.174) = 0.174$$

$0.174/0.002 = 87$  generations, that is  $87 \times 25 = 2,175$  years to a common ancestor.

Another way is to use the handy Table (Klyosov, 2009a), which provides two columns of data – one without a correction for back mutations, second for the corrected value. For our example it shows that 80 generations, not corrected for back mutation, corresponds to 87 generations after the correction is made. It is exactly the same value of 87 generations calculated above using the mathematical formula.

As an example of the logarithmic method with a correction for back mutations, let us consider a series of 750 of 19 marker Basque and Iberian R1b1 haplotypes (Adams et al, 2009) containing 16 of identical, that is base haplotypes in the series. It gives  $[\ln(750/16)]/0.0285 = 135$  generations without a correction for back mutations. The correction Table described above immediately gives  $135 \rightarrow 156$  generations (corrected), that is  $156 \times 25 = 3900$  years to a common ancestor of the Basque and Iberian haplotypes, predominantly subclade R1b1b2-P312\*. This is within the margin of error with the timespan to a common ancestor of Basque and Iberian haplotypes calculated using the linear method (Klyosov, 2009a).

## *References*

Adams, S.A., Bosch, E., Balaesque, P.L., Ballereau, S.J., Lee, A.C., Arroyo, E., López-Parra, A.M., Aler, M., Gisbert Grifo, M.S., Brion, M., Carracedo, A., Lavinha, J., Martínez-Jarreta, B., Quintana-Murci, L., Picornell, A., Ramon, M., Skorecki, K., Behar, D.M., Calafell, F., Jobling, M.A. (2008) The Genetic Legacy of Religious Diversity and Intolerance: Paternal Lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula. *Am. J. Human Gen.* 83, 725-736.

Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser,

M.(2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. *Am. J. Human Genet.* 7, 341-353.

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

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

Klyosov, A.A. (2010a) Irish Haplotypes and haplogroups. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, № 6, 1029-1053.

Klyosov, A.A. (2010b) Haplogroup R1b. Part 1. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, No.2, 249-299.

Klyosov, A.A. (2010c) Haplogroup R1b. Part 2. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, № 3, 406-475.

Klyosov, A.A. (2010d) Mapping of Europe by R1b1b2-L21 migration times. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 3, No.2, 191-201



# MacDonalds and Scottish Haplotypes of Haplogroup I

Anatole A. Klyosov

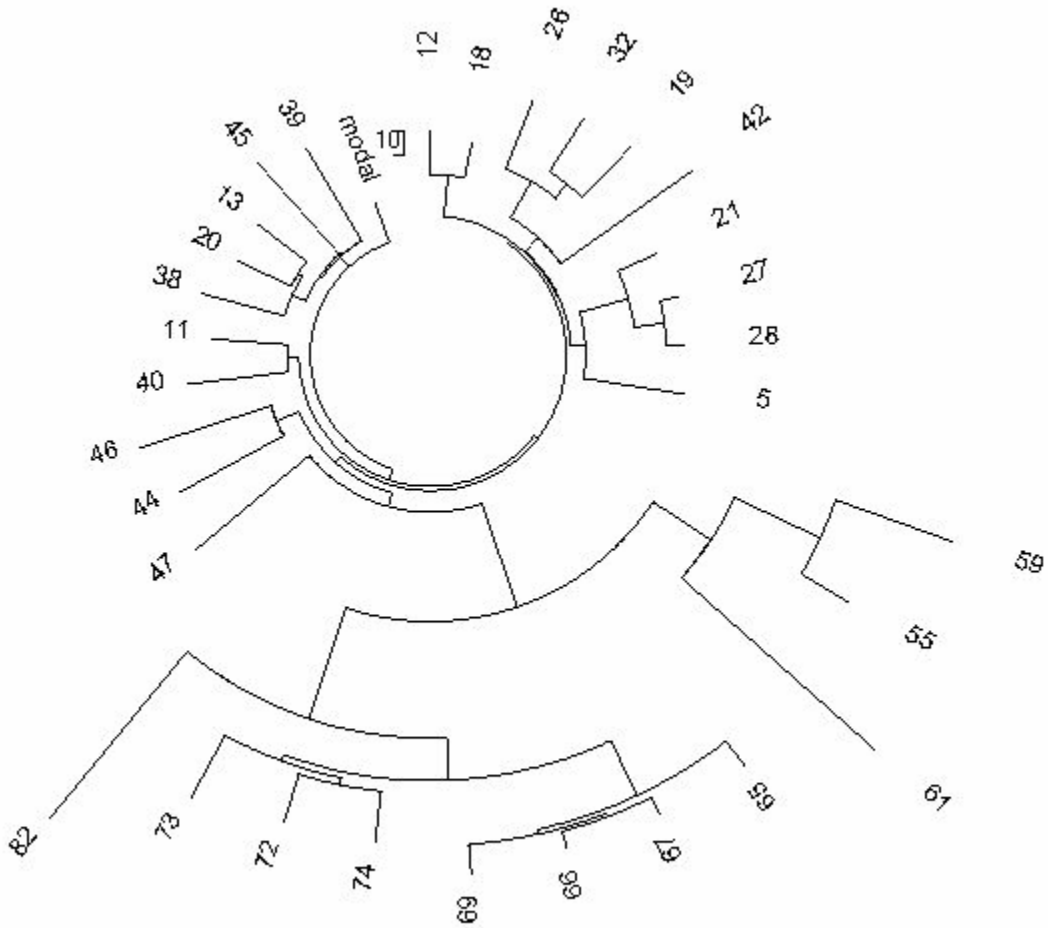
Newton, Massachusetts 02459  
<http://aklyosov.home.comcast.net>

This article concludes a series of articles on the Donald Clan haplotypes of haplogroups R1a1, R1b1b2, and now on I1 and I2. The Donalds Clan is a good representative of Scottish lineages, and in many cases its haplotypes go beyond Scotland, merging with a number of West- and East-European lineages. The Donald Clan haplotypes of haplogroups I (“unclassified”), I1, I2a, and I2b1 (the site organizers use the obsolete nomenclature as Ia, Ib, and Ic, respectively) haplogroups were taken from the Clan Donald USA Project (<http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm>). The “I” list there contains 82 haplotypes, 59 of them are in the 37 marker format, and only 31 in the 67 marker format.

Haplotype trees of those 67 and 37 marker haplotypes are shown in Figs 1 and 2. The numbering has been done in according with the listing of haplogroup I haplotypes in the same order as they were presented by the beginning of September, 2010, as follows:

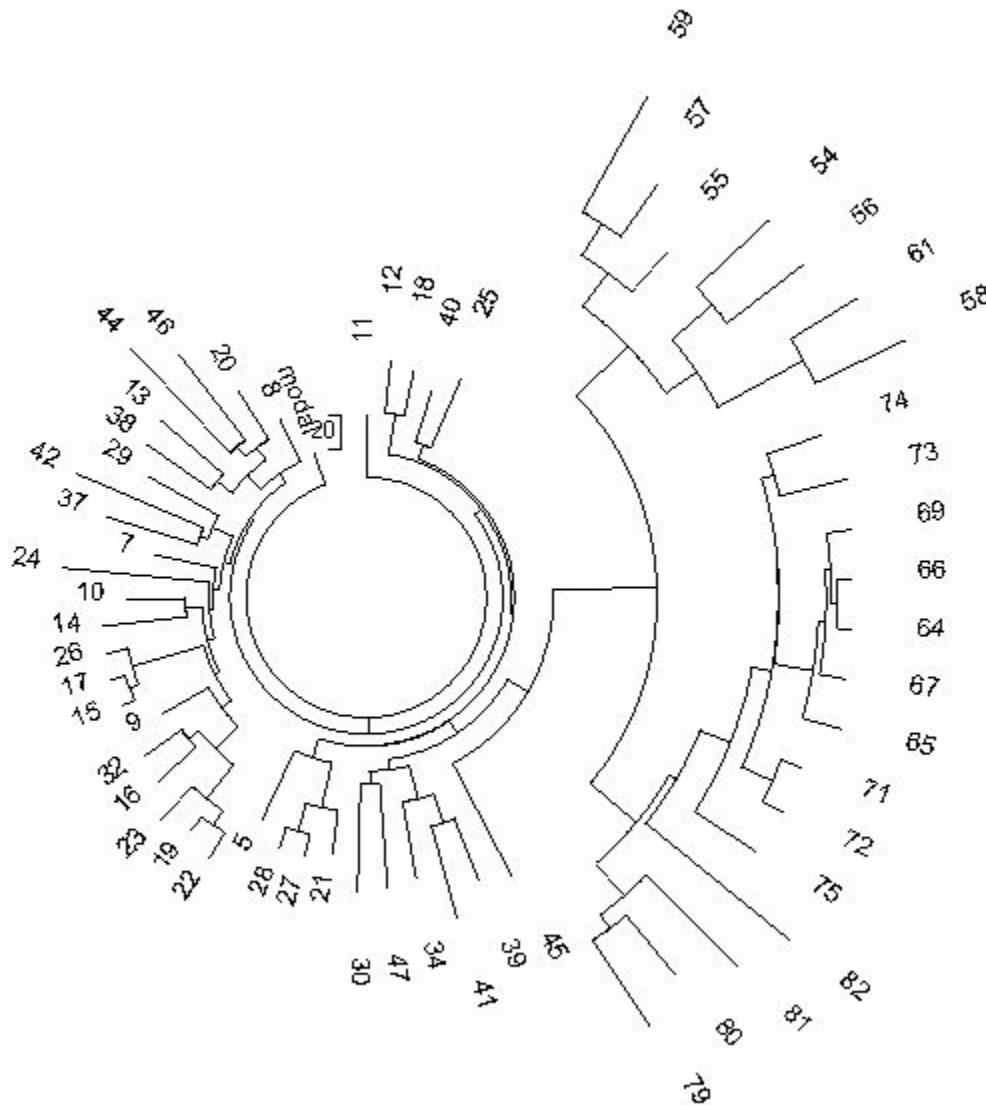
I (“unclassified”)	1-6
I1-M253	7-53
I2a-P37.2	54-63
I2b1-M223	64-82

It have be noticed here that I1-M253 (and its downstream subclades such I1b-M227, I1b1-M72, I1d-L22, I1d1-P109) has the highest frequency in the European North-West (Scandinavia and the Isles). In the Isles it is often associated with Viking and/or Anglo-Saxon “invaders”. I2a-P37.2 is considered as mainly the “Balkan” and Mediterranean haplogroup. Unlike I2a, its “parallel” cousin I2b-M436 and its subclade I2b1 occur mainly in the Isles and North-West continental Europe.



**Fig. 1. A 67-marker haplotype tree for 31 haplotypes of I haplogroup of the Clan Donald USA project <http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm> The tight branch on top of the tree is of the subclade I1, a small branch of three haplotypes on the lower right is of subclade I2a, and the flat branch at the bottom is of subclade I2b1.**

A 67 marker haplotype tree typically gives a better resolution of branches compared with a 37 marker tree, however, a 37 marker tree typically contains more haplotypes. That is why in our methodology the 67 marker tree is used for identification of branches, and the lower-marker tree (the respective dataset) is used for calculations, since it provides better statistics. Haplotype trees in Fig. 1 and 2 perfectly fit to that strategy, particularly because they show exactly the same branches. The branches are resolved so clearly, that there is not any “flipping” of haplotypes between them. It is of no surprise here, since each of the branches corresponds to a different subclade, each with a very different haplotype structure (in terms of their alleles).



**Fig. 2. A 37-marker haplotype tree for 59 haplotypes of I haplogroup of the Clan Donald USA project <http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm> The tight branch on left, top and bottom belongs to the subclade I1, a small branch of seven haplotypes on the upper right is of subclade I2a, and the flat branch on the lower right-hand side is of subclade I2b1.**

**I1-M253 haplogroup, subclade I1d1-P109**

Fig. 2 shows that the left-hand side I1 branch consists of a wide branch of 22 haplotypes, flanking with a number of assorted mini-branches or scattered haplotypes, making them total of 37. To make sure that we are not missing anything significant, we have considered the both scenarios. The 22 haplotype I1

branch contain 238 mutations from the first 37 markers in the following base haplotype:

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

The mark in bold shows the only one mutation from the base I1d1-P109 haplotype in its 37 marker format, which is a subclade of I1-M253. Apparently, those I1-M253 individuals on the Clan Donald list were “undertyped” to a deeper subclade, which is I1d1 in this particular case. The number of mutations give  $238/22/0.09 = 120$  generations without a correction for back mutations, or 136 generations with a correction (Klyosov, 2009), that is  $3400 \pm 405$  years to a common ancestor of the branch.

Only 9 haplotypes from these 22 are 67 marker haplotypes, and they have 156 mutations from the above base haplotype. It gives  $156/9/0.145 = 120 \rightarrow 136$  generations, that is the same timespan to a common ancestor. The only difference is that a smaller number of haplotypes results in a larger margin or error, which in this case is not 11.9%, as above, but 12.8%, that is  $3400 \pm 440$  years to a common ancestor. It is remarkable how the data fits each other, despite different haplotype length (37 vs. 67 marker haplotypes) and their number if the datasets (22 vs. 9 haplotypes).

When all 37 of 37-marker haplotypes are considered, they have a slightly different base haplotype (apparently, the flanking haplotypes belong to yet different subclades and/or different local lineages)

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

with 420 mutations from it in the first 37 marker haplotypes. It gives  $420/37/0.09 = 126 \rightarrow 145$  generations, that is  $3625 \pm 400$  years from their common ancestor.

While the following “signature” in the first 12 markers

13 **23** 14 10 **14** 14 11 14 11 12 11 28

is a typical one for the Scandinavian I1d haplotypes (from Denmark, Sweden, Norway, Finland) (Klyosov, 2010, and it is seen in the Clan Donald branch of the 22 haplotypes in Fig. 2, the “signature’

13 **22** 14 10 **13** 14 11 14 11 12 11 28

is a typical for the Isles I1d haplotypes (England, Ireland, Scotland) and Central and Eastern haplotypes (see below) [ibid.]. In other words, at the extension of the branch to include the flanking haplotypes “the Isles” lineages became prevailing over the Scandinavian lineages, and the base haplotype tipped to “the Isles” side. It is of interest that a timespan to common ancestors for both “Scandinavian” and “the Isles” are practically equal to each other, namely,  $3375\pm350$  and  $3425\pm350$  years (Klyosov, 2010), and they are practically equal to the time span to the Donald I1d1 common ancestor,  $3400\pm405$  years. Obviously, something has happened before the middle of the 2<sup>nd</sup> millennium BC (or before that), which results in collapse the I1 lineages in Europe. Only in the middle of the 2<sup>nd</sup> millennium BC a common ancestor of the I1d1 has appeared, and his descendants re-populated Europe, from the Atlantic to Eastern Europe. The same base haplotypes are identified in Central Europe

13 **22** 14 10 **13** 14 11 14 11 12 11 28

(Austria, Belgium, Netherlands, France, Czech, Hungary, Italy, Greece, Romania, Spain, Switzerland), with  $3425\pm350$  years to their common ancestor [Klyosov, 2010], (it is “the Isles” signature, which, however, can be the Central European one in the Isles),

in Eastern Europe

13 **22** 14 10 **13** 14 11 14 11 12 11 28

(Poland, Ukraine, Belarus, Estonia, Lithuania, Russia), with a common ancestor of  $3225\pm360$  years before present (Klyosov, 2010),

in Germany

13 **22** 14 10 **13** 14 11 14 11 12 11 28

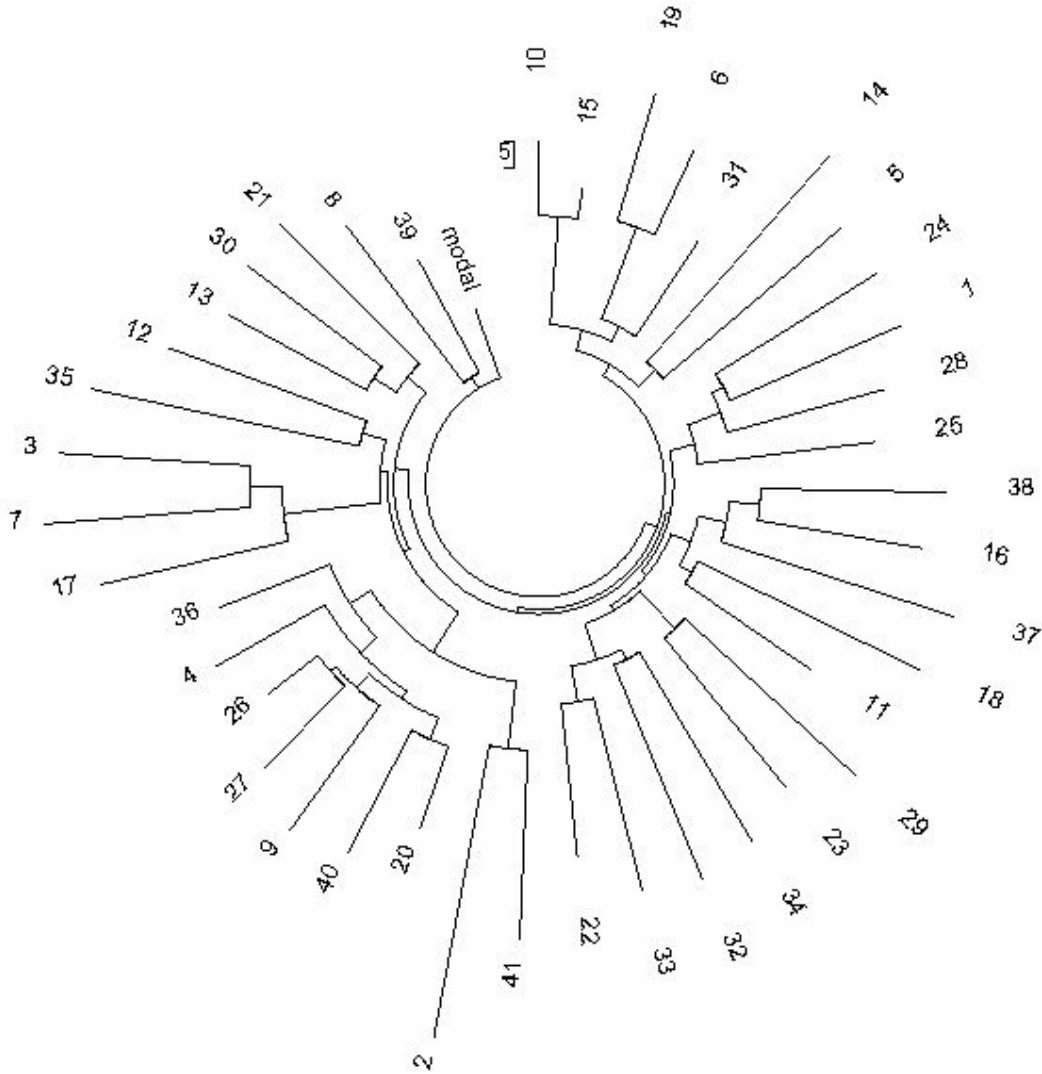
with a common ancestor of  $3225\pm330$  years before present (Klyosov, 2010),

in the Middle East (Jordan, Lebanon, Turkey, Jewish haplotypes)

13 **23** 14 10 **13** 14 11 14 11 12 11 28

with a common ancestor of  $3475\pm480$  years before present (Klyosov, 2010). It is interesting that the Middle-Eastern I1d1 haplotype is a superposition of the “Scandinavian” one and the Central European – the Isle base haplotypes.

A more extended dataset (41 of 67 marker haplotypes) has revealed two practically equal in size sub-branches of I1 haplotypes in Eastern Europe (Fig. 3)



**Fig. 3. A 67-marker haplotype tree for 41 haplotypes of I1 haplogroup of mainly Eastern Europe (Russia, Poland, Lithuania, Czech, Bulgaria, Germany, Estonia, Romania), haplotypes collected and kindly provided by Igor Rozhanskii.**

The 22 haplotype right-hand side of the tree in Fig. 3 has the following base Eastern European haplotype

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

It is identical in all the 67 markers to the left-hand side branch (Fig. 2) of the Clan Donald haplotypes of I1d1 subclade. All 22 haplotypes of the Eastern European branch contain 109 mutations in the first 25 markers, which gives  $109/22/0.046 = 108 \rightarrow 121$  generations from a common ancestor, that is  $3025 \pm 420$  years. It is the same value within the margin of error with the Donald Clan timespan to their common ancestor ( $3625 \pm 400$  years), though might be a little younger (or a little older, within the same margin of error). Second, the left-hand side branch of 19 haplotypes, contains 99 mutations in the first 25 markers of the following base haplotype

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 -  
10 10 19 21 14 14 16 **19** 35 **36** 12 10 - 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 **22** 25 **16** 10 12 12 16  
8 13 25 20 13 13 11 12 11 11 12 11

which gives  $99/19/0.046 = 113 \rightarrow 128$  generations, that is  $3200 \pm 460$  years from a common ancestor, again within the margin or error with the above figures. There are 4.37 mutations between these two base Eastern European haplotypes, if considering average alleles with their decimal values, which results in only 775 years - cumulatively - between them, and places THEIR common ancestor to  $3510 \pm 500$  years before present, that is within the same margin of error. In other words, it is the same common ancestor of the European I1d haplogroup, including the Clan Donald common ancestor of the considered dataset in this subclade.

### **I2a-P37.2 subclade**

There are only three 67 marker Donald Clan haplotypes in this subclade (Fig. 1), and seven haplotypes in the 37 marker format (Fig. 2). Obviously, it is much less populous subclade among the Donald Clade, as it is in fact in Europe. The I2a branch among the Donalds has the following base haplotype:

13 24 15 11 12 16 11 13 11 13 11 30 - 18 8 10 11 11 25 15 20 30 12 14 14 15 -  
10 10 21 21 17 13 18 18 35 36 12 10 - 11 8 15 16 7 11 10 8 13 11 12 22 22 17 10 12 12  
15 8 12 24 20 13 12 10 13 10 11 12 11

It differs by as many as 54 mutations in the 67 marker haplotypes, which corresponds to 14500 years between the two base haplotypes. This time is

required for 54 mutations to occur in a 67-marker haplotype. Their common ancestor lived in Europe around 10,900 years ago. Those seven haplotypes in the upper right-hand branch in Fig. 2 have 84 mutations in their 37 marker haplotypes, which gives  $84/7/0.09 = 133 \rightarrow 154$  generations, that is  $3850 \pm 570$  years to their common ancestor.

It seems that the Clad Donalds lineage split from a much more ancient lineage with a common ancestor of  $6675 \pm 910$  years before present (Klyosov, 2010). His base haplotype in the first 25 markers was only four mutations away from the above base haplotype (mutations are marked in bold):

13 24 15 11 12 16 11 13 11 13 11 30 - **16** 8 10 11 **12** 25 15 20 **29** 12 14 14 15 -

### **I2b1-M223 subclade**

The 14-haplotype flat branch on the right-hand side in Fig. 2 contains 141 mutations in the first 37 markers from the following base haplotype:

15 24 15 10 15 16 11 13 11 13 12 29 - 16 8 9 11 11 26 15 20 28 11 11 14 15 -  
 11 10 19 21 15 14 18 18 31 37 12 10 - 12 8 15 16 8 12 10 8 10 9 0 19 21 16 11 12 12 17  
 9 14 25 20 9 13 11 13 11 11 12 11

which gives  $141/14/0.09 = 112 \rightarrow 126$  generations, that is  $3150 \pm 410$  years from their common ancestor. It is again practically the same figure, within the margin of error, as in all cases of common ancestors of I1 and I2 subclades considered above. The base haplotypes of I2a and I2b1, shown above, differ by as many as 57 mutations in all 67 markers, which translates to 15,800 years between them. This places THEIR common ancestor to approximately 11,400 years before present.

### **Conclusion**

The Clan Donald branches of haplogroup I (subclades I1, I2a and I2b1) are well resolved, and their analysis is rather straightforward and unambiguous. It shows that all the three branches descended from a common ancestor who lived around 12 thousand years ago, its (apparently numerous) descendants practically disappeared from Europe at some time which is totally unknown, and reappeared again as three different subclades all in the middle of the 3<sup>rd</sup> millennium BC. Some of them migrated to the Isles from Scandinavia, some from Central and/or Eastern Europe. It was a relatively mass-migration, therefore common ancestors of the migrants/invaders to the Isles cannot be differentiated from common ancestors on the European continent. Any particular lineages



which could have been assigned to the Vikings or another particular tribe do not show up in the Clan Donald haplogroup I (and its subclades) lineages.

## *References*

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

# СООБЩЕНИЯ - КОРОТКИЕ, ИЛИ НА БЛИЗКИЕ К ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ ТЕМЫ

## Расчет возраста субклада E1b1b1 (M35) по коммерческим базам данных

И. Рожанский

Y-хромосомная гаплогруппа E относится к одной из самых изученных на сегодняшний день по своей SNP-филогении. Так, база данных YSearch (<http://www.ysearch.org/>) предоставляет поиск в этой гаплогруппе по 61-му разделу. Было бы полезно использовать столь разработанную иерархию для проверки работоспособности метода оценки выборок протяженных гаплотипов на сходимость к одному предку (Рожанский, 2010).



Рис. 1. Времена до общих предков (в годах до наст. вр.) и количество гаплотипов в выборках ветвей субклада E1b1b1. Верхние пять дат справа - данные по 11-маркерным гаплотипам из статьи (Лутак и Клёсов, 2009), нижние две - по 19-маркерным гаплотипам из (Клёсов, 2009).

Из всей большой и древней гаплогруппы E ее субклад E1b1b1-M35 больше всего представлен в коммерческих базах данных. Среди них - несколько сот гаплотипов длиной 25 маркеров и более, отнесение которых подтверждено по SNP. Большой массив данных по коротким гаплотипам (8 - 19 маркеров)

собран также в научных публикациях. Расчет базовых гаплотипов и времен до общих предков субклада E1b1b1 по материалам научных статей был недавно опубликован (Клёсов, 2009; Лутак и Клёсов, 2009).

Данные из обеих статей сходятся (в пределах погрешности) в оценках возраста E1b1b1, но из статистики по нисходящим субкладам неясно, насколько однородными являются эти выборки. Если какая-либо из них состоит из достаточно различающихся подветвей, есть риск получить «фантомного» предка и неверные времена.

Для проверки были использованы данные из YSearch, причем в выборки по каждому из нисходящих субкладов брались только протяженные гаплотипы, подтвержденные по SNP. Методика расчетов опубликована (Рожанский, 2010).

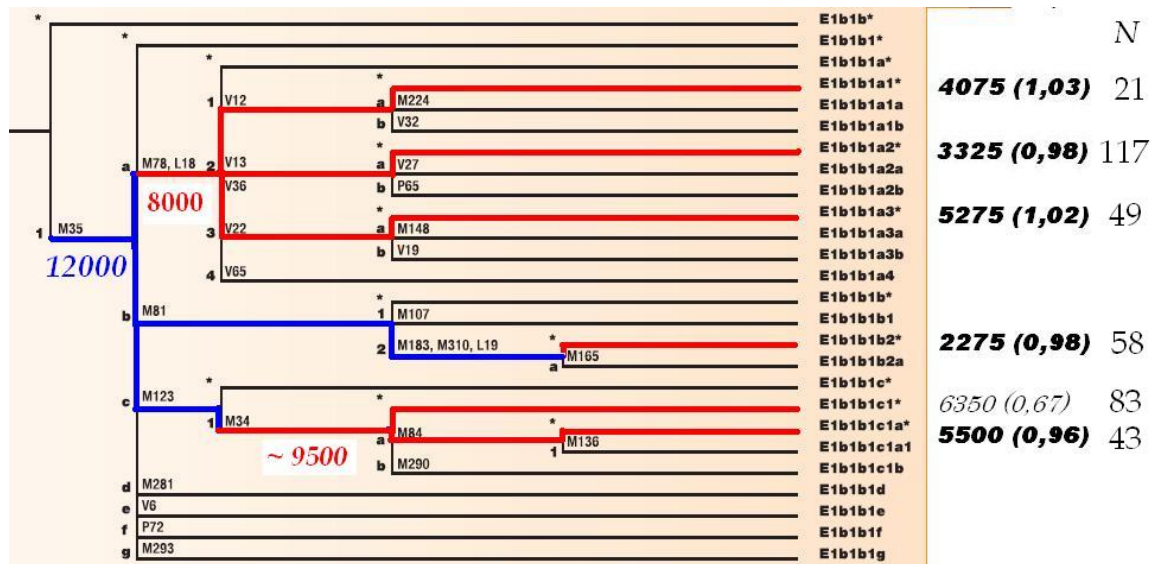


Рис. 2. Времена до общих предков, параметры сходимости (в скобках) и количество гаплотипов в коммерческих выборках ветвей субклада E1b1b1. Погрешности в определении времен составляют 12 - 15 %.

Из сравнения результатов научных и коммерческих выборок (рис. 1 и 2, соответственно) видно, что возрасты нисходящих субкладов почти точно совпали в пределах погрешностей в обеих выборках. Более того, субклады E1b1b1a и E1b1b1b2 дали однородные, хорошо сходящиеся ветви, что позволило уточнить время расхождения предковой ветви E1b1b1a\*-M78 на подветви, около 8 тыс. лет назад.

Субклад E1b1b1c1-M34 дал заниженный параметр сходимости, что говорит о неоднородности этой ветви. Чтобы получить надежные данные, следует

провести аккуратное разделение на подветви. По предварительным оценкам, этот субклад оказывается самым древним из трех исследованных (около 9,5 тыс. лет), а возраст всей ветви E1b1b1-M35 можно оценить как 12 тыс. лет. Это совпадает с результатами, полученными ранее.

### *Литература*

Клёсов, А.А. (2009) Гаплотипы Иберии и анализ истории популяций басков, сефардов и других групп Испании и Португалии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №3, 390-421.

Лутак, С.В. и Клёсов, А.А. (2009) Гаплогруппа E1b1b1a (M78) – современные потомки древних египтян. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №4, 252-348.

Рожанский, И. (2010) Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a1 tree. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, №8, 1316-1324.

# ДНК-генеалогия и этимология.

## И. Рожанский

В академической среде, к сожалению, пока еще бытует мнение, что ДНК-генеалогия – это досужее развлечение ушедших на пенсию ученых-естественников и богатых, но недалеких американцев, ищущих свои корни. Чтобы показать, что эта новая дисциплина имеет огромный потенциал в распутывании загадок на стыке истории, этнологии и лингвистики, приведу несколько примеров из области этимологии.

### ПРИМЕР 1. Откуда появилось слово «муж»?

По данным сравнительного языкознания, когнатами протославянского \*mǫžь («мужчина, человек») в индоевропейских языках, по самым строгим критериям, являются протогерманское \*mann- (англ. **man**, нем. **Mann**, **Mensch**, а также **Mannus** – имя прародителя германцев в передаче Тацита), ведическое и авестийское **Manu-** (имя первопредка людей), а также прототохарское (под сомнением) \*mänsú- (принц). В других ветвях ИЕ языков этого корня с семантикой «(перво)человек, мужчина» не найдено. Даже в близких к славянским балтских языках, как правило, в этом значении используются общеиндоевропейские корни \*(a)ner- (др.-гр. ἀνήρ, род. пад. ἀνδρός, арм. **air**) или \*wīr- (лат. **vir**, литов. **vīras**, ст.-англ. **wer**). Логично предположить, что корень \*man- был замствован предками индийцев, иранцев, германцев и славян из какого-то общего, неиндоевропейского источника.

Поиск в базе данных «Вавилонская башня» дал совпадающие по фонетике и семантике корни в уральских языках ханты (**Mant / Mont** – имя первопредка своего народа), манси (**manci / mōns / māns / mansi** – самоназвание, букв. «люди») и венгерском (**magyar** – самоназвание). Корень \*maŋ- с семантикой «мужчина» реконструируется также для протодравидского языка, распавшегося, по различным оценкам, 2500-3500 лет назад. Кроме того, тюркологи отмечают, что нет убедительной тюркской этимологии имени легендарного героя-первопредка киргизов – **Манаса**, а также названия киргизской племенной аристократии – **манапов**,

и их якутских «коллег» - **мааны** ("лучшие", "знатные" люди) (Ушницкий, 2009). Исходная семантика, по сути, та же самая.

Итак, мы видим мозаику разнородных языков, разбросанных на огромной территории, в которых отмечен одинаково звучащий корень, по семантике очень напоминающий протосемитское **\*?adam-**, в котором слились значения «первочеловек» и «мужчина». Казалось бы, чем не подтверждение ностратической гипотезы? Но есть, как минимум, 2 пункта, по которым гипотеза о ностратическом происхождении вызывает сомнения. Во-первых, как объяснить столь малую представленность этого слова в ностратических языках? Оно же явно из базовой лексики, такие слова так просто не вытесняются. И, во-вторых, почему столь древний корень практически без изменений сохранил свою семантику в далеко разошедшихся языках (индоевропейские разошлись с дравидскими и уральскими 9 тыс. лет назад, по расчетам С.А. Старостина)? Как правило, семантические гнезда таких базовых корней крайне широки, на грани узнавания.

Потому имеет смысл рассмотреть другую версию. Более вероятным выглядит то, что этот корень относится к т.н. *Wanderworten* («блуждающим словам»), что передаются «поперек» языковых ветвей вместе с инновациями в технологии, общественных отношениях и духовной культуре. Корень **\*man** по своей исходной семантике, видимо, был связан с какими-то общими верованиями в первопредка, а это вполне попадает под определение *Wanderwort*. Как правило, язык-первоисточник таких инновационных слов установить крайне сложно из-за обилия неверифицируемых вариантов, но во многих случаях можно оценить время их возникновения и регион, где они распространялись.

Так где и когда «блуждали» мужи, *Mensch*'и, манапы, манси, мадьяры, Манас, *Mannus* и Мани (легендарный основатель манихейства)? ДНК-генеалогия дает почти точный ответ – между Южным Уралом и Саянами 3500-4500 лет назад. Именно там и тогда сошлись пути предков будущих индийцев-R1a1, будущих иранцев-R1a1, будущих славян-R1a1, буцущих киргизов-R1a1 и хантов, манси, якутов (N1c). Становится понятно, почему этого корня нет в европейских ветвях индоевропейской семьи – эти ветви остались далеко на западе, и нет в тюркских с монгольскими – одни из них,

очевидно, обитали в то время много восточнее, а другие уже прошли на запад, на Кавказ, в Переднюю Азию, в Европу. Дравиды же, скорее всего, переняли слово *\*man* у пришельцев-ариев – их диалектная общность стала распадаться уже во времена тесных языковых контактов этих двух семей. Не исключено, что это может оказаться и случайным созвучием.



Рис. 1. Карта распространения корня *\*man* и миграций гаплогрупп, связанных с Южной Сибирью. Языковые семьи отмечены цветом надписей, гаплогруппы – цветом стрелок (цвета - для сетевого издания)

В связи с предполагаемой исходной семантикой этого слова (а именно, «первопредок») возникает любопытная аналогия с прото-енисейским корнем *\*boŋ* («покойник», кетское *bōŋ*, югское *boŋ*), что через шаманскую практику можно связать с потусторонним миром и духами *предков*. Логично предположить, что у енисейских народов, коренных жителей юга Сибири, мы наблюдаем тот же самый корень (видоизмененный по законам фонетических соответствий) в значении, наиболее близком к первоначальному. Неизменный на протяжении тысячелетий образ жизни и отсутствие дальних миграций могли способствовать такой консервации.

Из конструкции, однако, выпадает одно важное звено – германские языки. Как это восточное слово долетело до них? И опять ДНК-генеалогия дает

подсказку в виде гаплотипов монголов и киргизов, с одной стороны, и германоязычных датчан, норвежцев и англичан, с другой. Их ветви гаплогруппы R1a1 (киргизская и младшая скандинавская, соответственно) оказываются не столь уж дальними родственниками, с общим предком, попадающим в тот самый интервал 3500-4500 лет назад или даже позднее. Более того, среди южных и восточных норвежцев, а также исландцев, насчитывается, по нескольким независимым оценкам, до 4 – 6 % носителей «сибирско-американского» субклада Q1a3. Крайне редкая для остальной Европы гаплогруппа Q занимает в этих популяциях четвертое место, после I1, R1b и R1a, а время жизни общих предков ее скандинавских ветвей составляет около 2000 лет до наст. вр.

Все это хорошо укладывается в недавно опубликованную гипотезу о миграции протогерманских (?) племен во главе с кимврами из Центральной Азии на северо-запад Европы (Рожанский, 2010). С учетом новых, все накапливающихся данных, возможно, придется пересмотреть стандартную модель о генезисе германских языков и германских этносов. Похоже, картина была существенно сложнее, чем общепринятое медленное расселение из Скандинавии. Оно подтверждается многими данными, но было, очевидно, не единственным и, возможно, не решающим в этногенезе германских народов.

## **ПРИМЕР 2. Названия домашних животных в древнекитайском языке**

Вопрос о взаимодействии культур Древнего Китая и народов, говоривших на индоевропейских языках стар, как сама Поднебесная. Как правило, начало тесных контактов народов Китая с Европой, Передней Азией и Индией принято связывать с установлением Великого Шелкового Пути во 2-м веке до н.э. Однако, археология и лингвистика дают подсказку, что такие контакты могли происходить гораздо раньше, на стадии формирования китайской цивилизации. В частности, такие важные в культурологическом плане слова, как названия домашних животных, могли быть ранними заимствованиями из индоевропейских языков, в частности, прото-тохарских (Гамкрелидзе и Иванов, 1984, стр. 935-936).



Список названий самых важных в хозяйстве животных приведен в таблице. Принятые большинством лингвистов реконструкции были взяты из Сети. Чтобы иметь представление об эволюции китайской фонетики, в таблице приведены так называемые сино-японские чтения иероглифов, что были заимствованы японцами в 6-7 вв. н.э. Их произношение можно считать «живым ископаемым», сохранившимся с той эпохи.

Язык/чтение	Собака	Корова	Овца	Свинья	Лошадь
Станд. китайское, современное	чуань	ню	ян	тунь	Ма
Сино-японское, 6-7 вв. н.э.	кен	гю	Ё	тон	ма, ба
Древнекитайское, 2-5 вв. до н.э.	*khwín	*ŋwə	*laŋ	*ʔhwəŋ	*mrá
Тохарский В, 8 в. н.э.	ku	keü	ā(u)w	suwo	Yakwe
Древнеиндийский, 4-10 вв. до н.э.	ś(u)vá	gáu	ávi-	sūkará-	ásva-
Протокельтский, 8 в. до н.э.	*kwū, *kun-	*bou-	*owi-	*su-	*ekwo-
Протоиндоевропейский	*k'wen-	*gʷow-	*owi-	*sū-	*ek'w-

При взгляде на таблицу сразу бросается в глаза поразительное сходство древнекитайских и протоиндоевропейских реконструкций для названий собаки и коровы. Буква «ŋ» фонетической транскрипции обозначает носовой звук, подобный конечному согласному в слове «thing». В своем лабиализованном (т.е. произнесенном с округлением губ) варианте «ŋw» он почти неотличим от «gʷ» в протоиндоевропейском корне, обозначающем корову.

Можно согласиться с мнением Гамкрелидзе и Иванова, что названия собаки и коровы были заимствованы в древнекитайский из языка индоевропейской группы. Вот только какого и когда? Явно архаичные черты в древнекитайских корнях говорят об очень раннем состоянии

языка-«донора», в котором не прошли инновации, что отмечены в более поздних тохарских (оглушение начальных «g»), индийских (сатемизация, в данном случае переход смычного «k'» в свистящий «ś») или кентумных кельтских (делабиализация начальных согласных). Самая грубая оценка дает время заимствования этих двух слов не менее 3500 лет назад. Причем источником мог быть язык индоевропейской семьи, не оставивших после себя никаких письменных свидетельств.

На сегодняшний день ни археология, ни письменная история, ни лингвистика не дают однозначного ответа, был ли на заре китайской цивилизации прямой контакт ее носителей с народами, говорившими на языках индоевропейской семьи, или обмен знаниями происходил опосредованно путем культурной диффузии. Если ограничиться одной лишь лингвистикой, то доказательная база о раннем заимствовании оказывается слишком зыбкой, и более логичными смотрятся варианты с выводом этимологии слов \**khwīn* и \**ṅwə* из словаря сино-тибетской и более старших по иерархии макросемей. С.А. Старостин предпочел пойти этим путем, и довел этимологию названия собаки до бореального корня KVVV. Не совсем, впрочем, понятно, каким образом корни слов в языках, разошедшихся за 10 тыс. лет до образования древнекитайского, совпали в столь мелких деталях. Кроме того, для названия коровы столь дальнее родство (на уровне макросемей) не восстанавливается, оно остается чисто китайским словом. Вопрос о его возможном заимствовании остается открытым.

Разрешить загадку помогает ДНК-генеалогия. В недавно опубликованной статье китайских исследователей был собран большой материал по Y-хромосомным гаплотипам 116-ти популяций Китая (Znong *et al.*, 2010), причем впервые были представлены статистически репрезентативные данные по гаплотипам этнических ханьцев центральных и восточных провинций. Как и ожидалось, доминирующей гаплогруппой у ханьцев оказалась O3, но вот географическое распределение минорных гаплогрупп преподнесло несколько неожиданный результат. Гаплогруппа R (R1\* + R1a + R1b + R2), также ожидаемо, была больше всего представлена на западе Китая среди носителей алтайских языков. Но вот второй максимум (до 9%, из них 5% R1a) пришелся на провинцию Хэнань – колыбель первой

китайской цивилизации Шан (рис. 2). Все носители гаплотипов из Хэнани и провинций к востоку от нее отмечены в статье как этнические ханьцы.

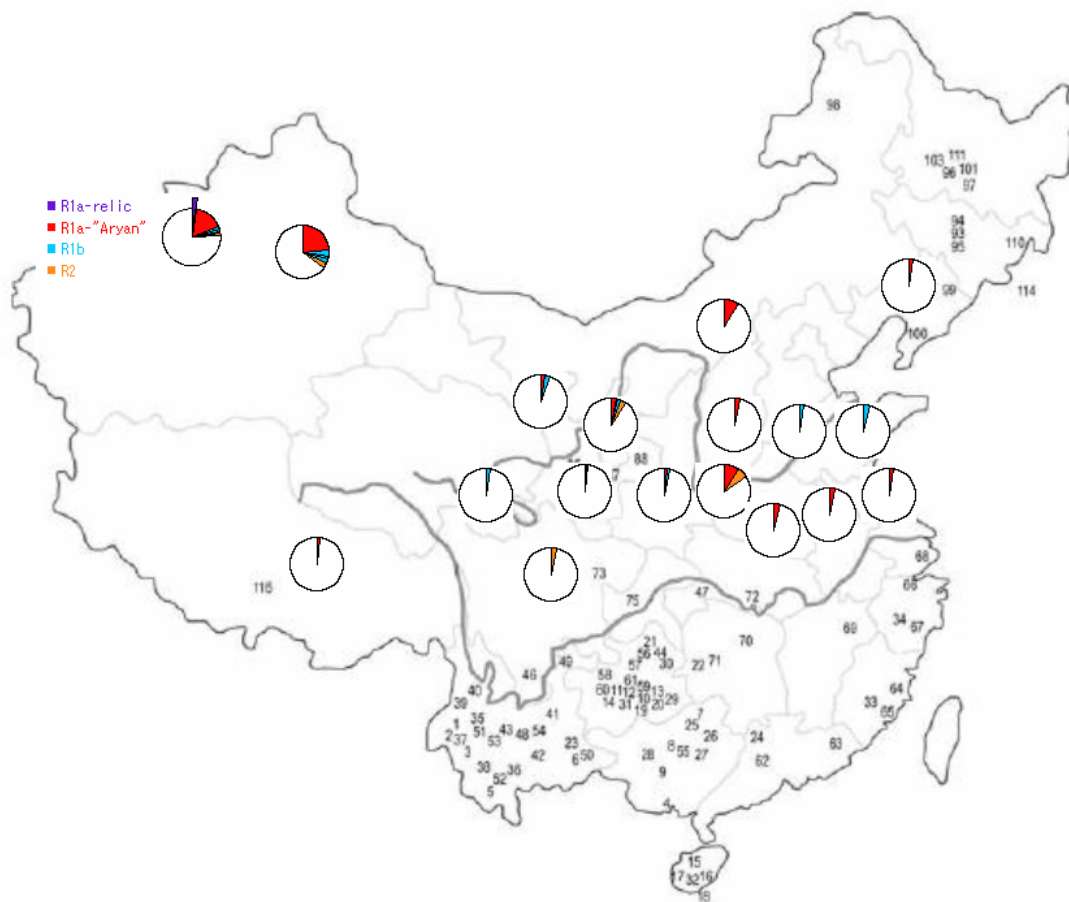


Рис. 2. Распределение гаплотипов R1a (красные сектора), R1b (голубые сектора) и R2 (оранжевые сектора) среди популяций Китая (цвета – для сетевого издания). Для бумажного издания – гаплогруппа R1a1 представлена до четверти популяций на северо-западе (синцзяньско-уйгурская провинция), на севере и в центрально-восточном Китае, гаплогруппа R1b рассыпана в небольших количествах по всем отмеченным территориям, гаплогруппа R2 – в основном (до 10%) в центрально-восточном Китае.

Расчет базового гаплотипа и времени до общего предка гаплотипов R1a (именно они составляют существенное меньшинство в Восточном Китае) показал, что все они, за небольшим исключением, относятся к той же самой ветви, что доминирует в Европе и Индии. Базовый гаплотип и возраст

китайских R1a (около 4,5 тыс лет назад) практически идентичны «индоевропейским». К сожалению, короткий формат гаплотипов не позволяет оценить степень их родства с собратьями на Западе.

Наше знание миграций гаплогруппы R1a и корреляций с языковыми семьями дает основание предположить, что в лице китайцев из долины Хуанхэ с «арийскими» гаплотипами (а их, по оценке, не менее 6 млн.) мы видим потомков тех самых народов, что, как минимум, передали часть своей лексики древним китайцам, а затем растворились в их среде

Судя по всему, контакт был прямым, без многоступенчатой диффузии. Как интерпретировать полученные данные и как сопоставить их с тем, что уже известно, вопрос к специалистам.

### *Литература*

Гамкрелидзе, Т.В. и Иванов, В.В. (1984) Индоевропейский язык и индоевропейцы. Реконструкция и историко-типологический анализ праязыка и протокультуры. Изд-во Тбилисского Университета, 1328 стр.

<http://ielang.narod.ru/1/directory.djvu>

<http://ielang.narod.ru/2/directory.djvu>

Рожанский, И. (2010) Загадка кимвров. Опыт историко-генеалогического расследования. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, №4, 545-594.

Ушницкий, В. (2009) Феномен межплеменного и межэтнического договора (постановка проблемы половецкого компонента в этногенезе саха и кыргызов). <http://www.kyrgyz.ru/?page=81>

Zhong, H., Shi, H., Qi, X.-B. Duan, Z.-Y., Tan, P.-P., Jin, L., Su, B., and Ma, R.Z. (2010) Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. MBE Advance Access published September 13, 2010.

## *Сетевые ресурсы*

Этимологическая база данных «Вавилонская башня»

<http://newstar.rinet.ru/cgi-bin/main.cgi?root=config&morpho=0>

База данных по японскому и китайскому языкам

<http://wakan.manga.cz/>

База данных по протокельтскому языку

<http://www.wales.ac.uk/Resources/Documents/Research/CelticLanguages/EnglishProtoCelticWordlist.pdf>

# **Гипотеза о происхождении тюрков, сино-кавказских (прото-тюркских?) языков и гаплогруппы R1b**

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

Представления о происхождении тюркских языков в системе понятий многих лингвистов сводятся к тому, что тюркские языки относительно молодые, что образование тюркской языковой семьи по лингвистическим данным (а скорее, соображениям) датируется не ранее середины 1-го тыс до н.э., а современных тюркских языков – не ранее начала нашей эры, и что никаких «прототюркских языков» не было, а было нечто, чему современная лингвистика названия не имеет, и предпочитает вообще не рассматривать и не обсуждать.

Теперь рассмотрим, что на этот счет говорит ДНК-генеалогия. Понятно, что эта наука не занимается лингвистическим анализом и не оперирует в понятиях языковых групп, семей, морфем и консонант. Но она прослеживает шлейфы древних миграций родов, племен, народов по территориям и континентам, и дает подсказку лингвистам (в частности), в каких направлениях могли мигрировать древние языки, и под каким «лингвистическим углом» стоит сопоставлять языки даже отдаленных народов, если они определенно связаны шлейфом древних миграций. Понятно, что языки ассимилируются, меняются со временем, и по истечении тысячелетий их сопоставление крайне затруднено, забивается «шумовыми эффектами» других языков. Поэтому подсказки ДНК-генеалогии могут быть крайне полезными при «фильтрации» этих шумов.

В качестве примера, имеющего прямое отношение к теме настоящего исследования и вынесенного в заглавие данной статьи, можно привести миграционный путь одного и того же рода, который начался на Алтае, в южно-сибирском регионе, где сходятся современные Китай, Монголия, Тибет и Киргизия, и прошел через Среднюю Азию, северный Казахстан, среднюю Волгу (регион древних археологических культур, как сероглазовская, хвалынская, средневолжская, в диапазоне 13-11 тыс лет назад до 6 тыс лет назад), Восточно-Европейскую равнину (то, что потом получило спорное название «курганной культуры» или «курганной

культурно-исторической общности», или более принятое понятие «древнеямной культуры»), южнорусские степи (7 тысяч лет назад), Кавказ (6 тысяч лет назад), Анатолию/Малую Азию (6 тысяч лет назад), Ближний Восток, возможно, Междуречье и шумерский регион (5500 лет назад), по северной Африке до Атлантики, на Пиренейский полуостров (4800-4500 лет назад) с образованием популяции басков, и как культура колоколовидных кубков (4800-3600-3300 лет назад) прошла на Европейский континент и далее на Британские острова. Это – все один и тот же человеческий род, гаплогруппа R1b, временной интервал миграции – с 16 тысяч лет назад до 3300 лет назад, время прибытия на Острова – вторая половина 2-го тысячелетия до н.э. (Ссылки на все указанные положения приводятся в данном и предыдущих выпусках Вестника).

В начале этого пути носители гаплогруппы R1b имели характерную и необратимую мутацию в своей Y-хромосомальной ДНК. Эта же мутация осталась в их потомках и сейчас, в наше время, и потомки, каждый из которых имеет эту мутацию, составляют примерно 60% населения всей Западной и Центральной Европы. Эту же мутацию имеют и члены того же рода R1b, отдаленные родственники современных европейцев, которые сейчас живут на всем протяжении того же самого шлейфа древней миграции, от Алтая, от синцзяньских уйгур, до башкир (некоторые популяции башкир имеют до 70% этой гаплогруппы) до этнических русских (5% популяции) до многих кавказцев, турок, иракцев, до египтян (фараон Тутанхамон по предварительным данным имел ту же гаплогруппу), до многих берберов, до басков (до 93% той же гаплогруппы в популяции), и до ирландцев (до 98% этой гаплогруппы в популяции), шотландцев, англичан (большинство популяции имеет эту гаплогруппу).

ДНК-генеалогия прослеживает не только саму миграцию, по наличию гаплогруппы R1b (в данном случае) по всему шлейфу данного пути у современников, но и направление миграции. Дело в том, что со временем Y-хромосома, содержащая исходную, «входную» мутацию рода, которая для R1b1 индексируется как M343 (мутация из аденина в цитозин в определенном нуклеотиде хромосомы), обрастает другими мутациями, каждая из которых является «входной» в очередную новую подгруппу. И вот эти подгруппы, как матрешки, определяют очередность мутаций, и для каждой подгруппы можно рассчитать время ее возникновения, то есть время образования очередной мутации. Древнейшей – R1b-M343 – 16 тысяч лет. Одной из недавних, на британских островах, R1b1b2a1a2f4-L226 – 1240±160 лет, то есть 8-й век нашей эры, плюс-минус пара веков (Klyosov, 2010).

На первой половине этого пути, от уйгур до башкир и до многих кавказских народов доминируют агглютинативные тюркские языки. На второй половине языки агглютинативные, но зачастую неклассифицированные, происхождение их современной лингвистике неизвестно – например, шумерский язык, баскский, пиктский языки и им, видимо, родственные – древнекельтские языки (языков уэльсцев, корнишей, бретонцев, ирландцев, шотландских галлов, и древних галльских языков).

Напрашивается вполне обоснованное предположение, что гаплогруппа R1b – прототюркская на значительной части своего миграционного пути. Ее можно было бы назвать «прототюркской» и в самом начале ее образования, но тогда мы войдем в противоречие с современной лингвистической классификацией, согласно которой распад ностратической макросемьи произошел не ранее 15-13 тысяч лет назад, и 16 тысяч лет назад понятие «прототюркской» популяции, рода, является спорным. Возможно. Хотя вряд ли эти 15-13 тысяч лет назад определены с математической точностью. Назовем ее «прототюркской» в том смысле, что носители этой гаплогруппы в наше время во многом говорят на тюркских языках, во всяком случае на первой половине миграционного пути. Но поскольку зарождение данной гаплогруппы произошло в алтайском регионе (или регионах соседних), то становится понятнее, почему в алтайскую семью языков попали, помимо тюркских, также монгольские языки, тунгусо-маньчжурские, корейские и японо-рюкюские. В современной Корее и Японии гаплогруппы R1b практически нет (в Японии 52% гаплогруппы O из Юго-Восточной Азии, 35% гаплогруппы D, того же региона, а также Центральной Азии и Тибета, и 8% «монгольской» гаплогруппы C, в сумме уже 95%). Как видно, это в целом те же территории, и эти гаплогруппы, рода, популяции, а именно в первую очередь R1b, Q (в значительной степени сибирские народы) и C, и создавали тюркские языки в те времена или намного раньше, поскольку возраст гаплогрупп C и Q оценивается примерно в 50 и 45 тысяч лет, соответственно. Так что либо придется считать, что на протяжении 40-30-тысячелетней истории эти популяции, рода, пребывали в некоем состоянии неких ностратических языков, динамика которых остается неизвестной (а что динамика была, сомневаться не приходится), и ностратический же язык гаплогруппа Q унесла с собой в Америку примерно 40 тысяч лет назад (по некоторым данным 46 тысяч лет назад (Hamilton and Buchanan, 2010), или лингвистам придется внести корректировки во времена существования ностратических языков в сторону их большей древности.

Что касается второй половины миграционного пути гаплогруппы R1b, от Кавказа до Европы, то этот путь тоже, и, видимо, не случайно, проходит в своей первой части по территории тюркских языков, и затем по



«неклассифицированной территории» шумерских, древнеегипетских, баскского и последующих доиндоевропейских языков Европы времен от 4800 лет назад до первого тысячелетия нашей эры (как, например, в случае пиктского языка).

Можно ли эти языки отнести к «прототюркским»? Вопрос открыт, и полностью зависит от определений понятия «прототюрские языки». Если это определить как языки, на которых говорили носители древней гаплогруппы R1b, то это вполне окажутся прототюрские языки, просто по определению. И тогда доиндоевропейские языки Европы, перечисленные выше – это тоже прототюрские языки.

Можно выйти из этого положения, назвав древний язык гаплогруппы R1b эрбином. Тогда прототюрских языков вообще не было, а был эрбин, который и находится в основе уйгурских, башкирских, ряда кавказских языков, шумерского языка, баскского языка и прочих доиндоевропейских языков Европы, принесенных гаплогруппой R1b.

Наконец, вполне возможно, что эти прототюрские языки уже называли по-другому, например, сино-кавказскими языками. Туда определяют баскский язык некоторые лингвисты, в сино-кавказскую языковую семью, куда входят кавказские, тибетские, енисейские, китайский, и бурушаски языки. Тогда получится, что прототюрские языки Азии, от Алтая до Поволжья (башкиры, татары, у которых доминирует гаплогруппа R1b) плавно переходят в сино-кавказские языки, в которые естественно, как следует из описания миграционного пути гаплогруппы R1b, входят северо-кавказские языки (в частности, абхазо-адыгские и нахско-дагестанские), хуррито-урартские языки и иберский язык, далее – хаттский язык, шумерский, далее – опять в соответствии с миграционным путем гаплогруппы R1b – баскский язык, южнолузитанский, пиктский, и в континентальной Европе, по мере заселения гаплогруппой R1b континентальной Европы и Средиземноморья – аквитанский, лигурийский, ретийский и лемносский (языки тирренской семьи), этрусский (который тоже можно отнести к тирренским языкам). Если в соответствии с парадигмой современной лингвистики это трудно назвать прототюрскими языками, то можно назвать эрбином. Главное, что становится понятно, что объединяет эти языки, какой род нес эти языки по Евразии, откуда и куда. Более того, судя по тому, что родственные им являются и енисейские языки, а также пакистанский бурушаски, который обнаруживает параллели с енисейскими и северокавказскими языками, то картина прототюрских языков, или эрбина, становится еще более цельной. Видимо, древняя родственность с гаплогруппой Q, которая образовалась от одного предка (гаплогруппа P) с гаплогруппой R1b, объясняет и определенную родственность эрбина («прототюрских

языков») с нивхским и языками на-дене Северной Америки. Если так, то родственные корни этих языков уходят на 45-40 тысяч лет вглубь, поскольку именно в те времена носители гаплогруппы Q отбыли из южной Сибири, с Алтая, в Америку. А значит, ностратический язык того времени не был неким аморфным, статичным образованием, в нем уже строились языковые связи, отзвуки, отражения которых мы наблюдаем сейчас.

Каково же взаимоотношение эрбина, или хотя бы отчасти прототюркских языков, с индоевропейскими языками? Обе эти языковые семьи, или группы, по известным положениям современной лингвистики, образовались из ностратического языка. Попробуем описать это в рамках синтеза понятий как лингвистики, так и ДНК-генеалогии.

Из одного и того же ностратического субстрата (ностратической макросемьи) в интервале 15-13 тысяч лет тому назад зародились две основные группы языков Евразии, которые в отдаленном будущем получили название прото-индоевропейской и урало-алтайской языковых групп (семей). Это зарождение и развитие тоже было довольно многоступенчатым, и по интерпретациям некоторых лингвистов урало-алтайская семья разошлась на уральскую и алтайскую примерно 7 тысяч лет назад, а алтайская семья выделила тюркскую языковую группу примерно 6 тысяч лет назад. Образование индоевропейских языков относят примерно к 11-10 тысячам лет назад.

Как это происходило? Какие популяции, человеческие рода могли принимать участие в создании и развитии этих языков? Здесь на помощь приходит ДНК-генеалогия.

Естественно, как уже отмечалось выше, ДНК-генеалогия, основанная на анализе мутаций в ДНК (в основном в мужской Y-хромосоме), не может дать информацию лингвистического характера. Но она дает информацию о древних миграциях, на основании анализа ДНК наших современников и ископаемых костных остатков людей древности. Сопоставление шлейфа гаплотипов, то есть определенных последовательностей в ДНК в популяциях, со шлейфом языков, позволяет проводить синтез новых концепций, проводить их оптимизацию, основываясь на весьма противоречивой информации из разных источников - лингвистических, археологических, ДНК-генеалогии.

Подобный синтез приводит к следующим выводам:

1) Гаплогруппа, род R1a1, который в настоящее время составляет до 62% в центральных и южных областях России (в первую очередь Орловская и

Белгородская области и примыкающие к ним регионы), и идет на некоторое радиальное понижение на Украине, в Белоруссии, Польше, а также в Средней Азии (среди таджиков, киргизов), в Индии и Иране (высшие касты в Индии имеют до 72% носителей гаплогруппы R1a1, причем их гаплотипы практически совпадают с гаплотипами этнических русских гаплогруппы R1a1, но совершенно кардинально различаются с гаплотипами гаплогруппы R1b1, носители которых составляет до 60% Центральной и Западной Европы) - эта гаплогруппа образовалась 21000±3000 лет назад в Южной Сибири и примыкающих регионах, в первую очередь алтайского региона Синцзянь-Уйгурского района, и сформировала прото-индоевропейский язык. Миграция этой гаплогруппы прошла по направлению Алтай - Тибет - Индия - Пакистан - Афганистан - Иранское плато - Анатолия - западная часть Малой Азии - Балканы, с прибытием на Балканы примерно 12-10 тысяч лет назад. Эти данные не противоречат данным лингвистов об образовании праиндоевропейского языка примерно 11-9 тысяч лет назад, но, конечно, не делают Анатолию "прародиной" этого языка. "Прародиной" в шатком смысле значения этого термина в той же степени могут являться и Балканы, и Иранское плато, и вообще весь миграционный путь гаплогруппы R1a1 от Южной Сибири до Балкан. Понятие "прародины" как некоего конкретного места в данном контексте обесмысливается. Так что в равной степени оказываются правы и те, кто помещал "прародину" в Индию, в Афганистан, в Иран, в Анатолию и на Балканы, а также в Придунавье и прилегающие регионы.

Гаплогруппа R1b, фактически близкородственная гаплогруппе R1a, и образованная от общего предка, гаплогруппы R1, возникла примерно 16 тысяч лет назад в том же регионе, что не удивительно. Предок был один. Просто при образовании гаплогруппы R1a у предка гаплогруппы R1a появилась мутация под индексом M420, а именно мутация аденина в гуанин в определенном нуклеотиде Y-хромосомы, а при образовании R1b мутация под индексом M343 прошла из аденина в цитозин, в другом участке Y-хромосомы. Обе мутации практически необратимы в течение сотен тысяч лет, так что представляют по сути неистребимую метку, пока существует хоть один человек, имеющий эту мутацию. А ее имеют все потомки рода, к настоящему времени - сотни миллионов людей в родах R1a и R1b.

Во времена образования обоих родов, 21 тысячу и 16 тысяч лет назад, язык обеих гаплогрупп был ностратический. Поскольку миграционные пути гаплогрупп были разные и проходили в разные времена, так получилось, что они стартовали примерно в равных языковых условиях, из ностратики, но позже, в ходе миграции, выработали разные языки, сами или с помощью других родов - гаплогруппа R1a, как уже отмечена - прото-

индоевропейский, а гаплогруппа R1b - прото-тюркский. Или сино-кавказский, это уже как лингвисты договорятся. Названия не доказывают, о них договариваются.

Как было описано выше, миграционный путь гаплогруппы R1b оставил шлейф как самой гаплогруппы и ее подгрупп, или субкладов (в понятиях ДНК-генеалогии), так и тюркских языков (хотя потом в ряде случаев это определенно результат наслаения более поздних тюркских языков, нашей эры), и далее, по ходу миграционного маршрута других (в понятиях современной лингвистики) неиндоевропейских языков. Миграционный путь гаплогруппы R1a оставил шлейф индоевропейских языков, хотя первая часть пути пока неизвестна, и только можно предполагать, что он проходил через Малую Азию на Балканы, и то предполагать только потому, чтобы «спасти» анатолийскую теорию с ее положением, что 11-9 тысяч лет назад праиндоевропейский язык был в Анатолии. Данных ДНК-генеалогии на этот счет нет, они появляются только 12-10 тысяч лет назад на Балканах. С Балкан гаплогруппа R1a1 переходит 4800 лет назад на Русскую равнину, очевидно, со своим праиндоевропейским языком, и далее переносит его в Индию и Иран примерно 3500 лет назад. Таким образом, до прибытия и определенное время после прибытия в Европу гаплогруппы R1b1b2 (примерно 4800-4500 лет назад) она оставалась неиндоевропейской, и не пересекалась в своей массе с гаплогруппой R1a1 (ушедшей на восток 4800 лет назад, возможно, именно под натиском прибывающей гаплогруппы R1b1b2).

Кстати, ДНК-генеалогия не обнаруживает индоевропейской (в языковом смысле) гаплогруппы R1a1 на большей части Европы после прибытия R1b1b2, то есть после 4500 лет назад, и в последующие полторы тысячи лет, до начала первого тысячелетия до н.э. Похоже, уцелели только те R1a1, которые ушли на Русскую равнину. В Индии и в Иране гаплогруппы R1b1 в древности практически (или совсем) не было, и даже сейчас фиксируются только ее следы. Так что доказательств «индоевропейскости» гаплогруппы R1b1 ранее 1-го тысячелетия до н.э. практически нет. Если гаплогруппа R1a1 принесла индоевропейские языки в Индию и Иран в середине 2-го тысячелетия до н.э., что привело к появлению санскрита и древнеиранских языков (и далее средне-иранских и новых иранских языков), и далее индоевропейских славянских и балтских языков, и прочих ветвей индоевропейской семьи, то в отношении гаплогруппы R1b, сейчас заселяющей до 80% Европы, подобных данных в те времена, относящимся к их прибытию в Европу в 3-2 тыс до н.э. просто нет. С ними ассоциируются только доиндоевропейские языки в Европе того времени.

Только не ранее конца 2-го тысячелетия до н.э., и особенно середины 1-го тысячелетия до н.э. обе гаплогруппы, R1b1b2 и R1a1, пришли в Европе в тесное культурное взаимодействие, результатом которого носители гаплогруппы R1b1b2 перешли на индоевропейские языки, которые в основном и остаются в современной Европе. Это началось, видимо, с вульгарной латыни, преобразилось в латынь классическую, и далее в кентумный вариант индоевропейских языков. Это же относится и к древнегреческому языку, который начал распространяться с конца 2-го тысячелетия до н.э. Прототюркские языки первой половины миграционного пути гаплогруппы R1b1 перешли в поздние формы языка, которые и стали современными вариантами тюркских языков, от Алтая на север в Сибири, на восток до Монголии, на юг по части Китая, на запад по Средней Азии до Поволжья, от Кавказа (частично) до Ирана и Афганистана (частично), до Турции и Молдавии, Румынии, Болгарии, Албании и бывшей Югославии. Это – наложение путей древних миграций гаплогруппы R1b и более поздних нашествий тюркоязычных завоевателей уже в нашей эре. А сино-кавказские языки, которые ясно просматриваются вдоль всего этого миграционного пути гаплогруппы R1b, так и остались наполовину гипотетическими, «неклассифицированными», до достигнутыми консенсуса в лингвистической науке.

### *ЛИТЕРАТУРА*

Малов, С.Е. (1952) Древние и новые тюркские языки. Известия АН СССР. Отделение литературы и языка, т. XI, вып. 2, с. 135-143.

Hamilton, M.J., Buchanan, B. (2010) Archaeological support for the tree-stage expansion of modern humans across Northeastern Eurasia and into the Americas. PLOS One, 5, 1-9, Advance on-line publication e12472, doi:10.1371/journal.pone.0012472.

Klyosov, A.A. (2010) Subclade R1b1b2-L226 (“Irish III”) – the latest update. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 3, № 7, стр. 1211-1214.

# Чудеса Санскрито-Русской грамматики

Светлояръ

Петербург, июль 2010

Произнося каждое слово, мы сами, осознанно или неосознанно, наполняем окружающий нас мир вибрациями... Но хорошо ли мы сами понимаем тот язык, на котором говорим? Много ли мы знаем о его корнях и его происхождении? Как такое могло случиться, что Санскрит и Русский настолько близки друг к другу, что их впору назвать не просто близкими родственниками, но даже и кровными братьями? И уж совсем удивительным выглядит то, что несмотря на чудовищную диахронию (разницу во времени), обращение к Санскриту позволяет восстановить первоначальный, простой и ясный смысл многих слов, которые мы используем в нашей речи каждый день, считаем Русскими, но смысла которых мы уже не понимаем. А ведь такое глубинное сплетение «архаичных» явлений не только в нашем языке, но и в нашей культуре безусловно свидетельствует о глубокой древности Русской цивилизации и о непрерывности её существования в течении по крайней мере последних нескольких тысяч лет...

Вот какую интересную историю рассказала Светлана Васильевна Жарникова в своём докладе «Северная прародина индославов» на Первом Всероссийском Конгрессе Ведической Культуры Ариев-Индославов, состоявшемся в Санкт-Петербурге в январе 2010 года (Жарникова, 2010):

«О том, что русский язык и санскрит похожи, говорили еще исследователи XIX века. А санскритолог Дурга Прасад Шастри в 1960 году на конференции сказал: „Если бы меня спросили, какие два языка наиболее близки в мире, я не задумываясь бы ответил: русский и санскрит“ ... Раньше использовали для сравнения литературный русский язык. Когда же Дурга Прасад Шастри приехал в Москву, Наталья Романовна Гусева рассказывала, что через две недели он отказался от переводчика, потому что он понимал, о чем говорили. Но самым потрясающим было то, когда он приехал в одну из подмосковных деревень, и спросил на английском языке: „Чей это дом?“ Наталья Романовна Гусева переводила ему с русского на английский. Хозяйка ответила: „Это наш дом“. Шастри спросил, на каком языке она ответила. Гусева сказала, что на русском. Он удивился: „Как на русском, это же санскрит, на котором звучит: „Это наш дан“. Он спрашивает дальше: „А это чей дом?“ Хозяйка отвечает: „Это дом сына“. Шастри опять спросил, на

каком языке ему ответили. Гусева ответила: „На русском“. „Как на русском, это же санскрит: „Это дан суну“. Тогда он спросил про третий дом. Хозяйка отвечает: „Это дом снохи“. Тут у Шастри подкосились ноги, и он сел на траву. Потому что на санскрите это будет звучать: „Это дан снухи (снуши)“. Поэтому, вернувшись в Индию, он сделал выводы о потрясающем сходстве русского и санскрита...»

Вернувшись в Индию, Дурга Прасад Шастри выступил на конференции Общества индийской и советской дружбы в 1964 году, где сделал буквально следующие заявления: „Удивляет то, что в двух наших языках схожи структуры слова, стиль и синтаксис. Добавим ещё большую схожесть правил грамматики - это вызывает глубокое любопытство у всех, кто знаком с языкознанием, кто желает больше знать о тесных связях, установившихся ещё в далёком прошлом между народами СССР и Индии... Как бы я хотел, чтобы Панини, великий индийский грамматист, живший около 2600 лет назад, мог бы быть здесь со мной и слышать язык своего времени, столь чудесно сохранённый со всеми мельчайшими тонкостями! ... В европейских и индийских языках нет таких средств сохранения древних языковых систем, как в русском. Пришло время усилить изучение двух крупнейших ветвей индоевропейской семьи и открыть некоторые тёмные главы древней истории на благо всех народов“ (Шастри, 1964).

Шастри был, однако, не единственным, у кого от удивления подкосились ноги...

Задолго до Шастри на удивительное сходство Русского с Санскритом обратили внимание отечественные языковеды А.Ф. Гильфердинг (Гильфердинг, 1853), профессор Петербургского университета Ф.А. Браун и профессор Харьковского университета Щерцль. Вот что пишет об этом В.М. Флоринский в книге «Первобытные славяне по памятникам их доисторической жизни», изданной в Томске в 1894 году (Флоринский, 1894, стр. 15):

«В 1871 году проф. Харьковского университета Щерцль напечатал свой объёмистый труд по сравнительной грамматике славянских и других родственных языков (Щерцль, 1871, 1873). О литовском языке он говорит, что этот язык „по древности звуков и по целости своей грамматики, между индоевропейскими языками настоящего времени занимает первое место. Так напр., семь санскритских падежей в нём ещё сохранились (равно как и в славянских языках), удержалось и двойственное число, конечное s как обозначение именит. падежа при существительных и пр. Самая древняя форма этого языка была, так называемое, древанское или древне-прусское наречие, вымершее во второй половине XVII в.“ (т. 1, стр. 82). О славянских

языках Щерцль выражается так: „Эта отрасль, вместе с литовской семьёй, стоит в весьма близком родстве с языком санскритским, что объясняется особенно занимаемым ею пространством на востоке Европы, находящимся ближе к предполагаемому центру индо-европейских языков. (По той же причине языки кельтские, отодвинутые от востока больше остальных, удалились столь значительно от древнего типа). Кроме того, в славянских языках проглядывает особое стремление придерживаться древнейших форм и полных соответствующих им звуков, гласных и согласных. В этом отношении они совпадают с языком литовским: фонетика их стоит ближе к санскритской; по благозвучию они превосходят язык древней Индии; несовместных с духом языка накоплений согласных они избегают особенно вставками гласных“ и т.д. (стр. 87).

Передавая вкратце принятые ныне наукой общие положения об отношениях славянства к санскриту, мы не можем касаться здесь частных этого, весьма любопытного и поучительного для народной истории вопроса. Изучая лексический и грамматический состав славянского языка в связи с санскритом, легко убедиться каждому, даже не специалисту в этой области, что славяно-литовский язык, действительно, родной, ближайший брат древне-индийскому, что оба они выделились в первой линии из пра-арийского языка, или, точнее сказать, дольше всех остальных европейских языков оставались во взаимном соприкосновении и меньше всего подвергались чуждому влиянию соседних, не арийских рас. Связь эта так очевидна, что если бы не дальнейшие грамматические отступления и перестановки в значении некоторых слов, то можно бы думать, что древне-индийский и славяно-литовский язык есть продолжение одного и того же диалекта, лишь разлучённого пространством и временем».

Здесь следует отметить, что эти высказывания верны, только если под «славяно-литовским» понимать древнерусский язык. В литовском языке фонетика сильно изменена по сравнению с русским и санскритом, и выговор гораздо ближе к польскому языку. Поэтому следует учитывать, что терминология 19 века устарела и не соответствует современным представлениям о литовском языке (Слатин, 2010).

В 2007 году, спустя 136 лет после Щерцля и 47 лет после Шастри, современная нам индийская исследовательница Др. Инду Лекха, подводя итог своим более чем 30-летним исследованиям славянских языков, написала в предисловии к своей опубликованной в Индии книге «Cognate words in Sanskrit and Russian» («Родственные слова в Санскрите и Русском») (Lekha, 2007) по поводу «этого, весьма любопытного и поучительного для народной истории вопроса»: «Интересно отметить, что, несмотря на огромную разницу во времени и пространстве, Санскрит и Русский



настолько поразительно похожи друг на друга в своих индоевропейских основах, что это вынуждает нас поверить в то, что оба эти языка произошли из одного и того же первоисточника».

Итак, от удивления ноги подкосились уже у очень и очень многих учёных по всему миру, но только не у наших собственных отечественных современных профессиональных лингвистов, которые, очевидно, с головой погрузившись в высокие материи, набрали полный рот воды и предпочитают хранить полное молчание о чудесном родстве Русского и Санскрита. Одновременно с этим многие и многие добросовестные учёные в разных странах и в разное время неизбежно сходятся в одном: и Русский, и Санскрит происходят из одного и того же арийского праязыка и являются, с лингвистической точки зрения, кровными братьями.

Справедливости ради необходимо сказать, что незадолго до своего ухода наш выдающийся отечественный славист Олег Николаевич Трубочёв, подводя итоги своих лингвистических исследований в области этногенеза славян, всё же нашёл в себе смелость и выступил с крайне важным заявлением, после которого был, однако, подвергнут форменному остракизму «за инакомыслие» в стенах Российской Академии Наук. Однако заявление О.Н. Трубочёва настолько важно, что мы считаем необходимым привести его здесь полностью:

«Решить, или во всяком случае поставить вопрос, когда появился праславянский язык, наиболее склонны были те лингвисты, которые связывали его появление с выделением из балто-славянского единства, приурочивая это событие к кануну новой эры или за несколько столетий до него (так - Лямпрехт, см. [33], а также Лер-Сплавинский, Фасмер). В настоящее время отмечается объективная тенденция углубления датировок истории древних индоевропейских диалектов, и это касается славянского языка как одного из индоевропейских диалектов. Однако вопрос сейчас не в том, что древняя история праславянского может измеряться масштабами II и III тыс. до н.э., а в том, что мы в принципе затрудняемся даже условно датировать „появление“ или „выделение“ праславянского или праславянских диалектов из индоевропейского именно ввиду собственных непрерывных индоевропейских истоков славянского. Последнее убеждение согласуется с указанием Мейе о том, что славянский - это индоевропейский язык архаического типа, словарь и грамматика которого не испытали потрясений в отличие, например, от греческого (словаря) (Мейе, 1951, 14, 38, 395)» (Трубочёв, 2003).

Мы же должны добавить к этому ещё и следующее. Имена славянских божеств Сварог, Перун, Ярила, Купала, Лада, Макошь и Мара образованы

по строгим правилам грамматики Санскрита, являются грамматически правильными словами, их происхождение и смысловое значение полностью проясняются посредством Санскрита (Светлояръ, 2010а,б,в,г,д), а многие из них даже отмечены в санскритских словарях. Имена Свентовит, Даждьбог, Велес, Хорс и Стрибог являются диалектными формами, несущими в себе санскритские корни, также полностью проясняющие их происхождение и смысловое значение. Причём открываемый с помощью Санскрита грамматический смысл всех этих имён полностью (то есть абсолютно!) совпадает со значением каждого из этих божеств в славянской мифологии! Так на каком же языке должны были говорить наши предки, называющие всех своих самых могущественных и любимых божеств именами, являющимися в большинстве своём совершенно правильным классическим или ведическим Санскритом?!

Последствия из этого обстоятельства весьма и весьма серьёзны. И, в частности, мы получаем полное право задать следующий вопрос: если Русский язык, превосходно сохранившийся до наших дней, причём в живой, активной форме, по крайней мере так же древен как и Санскрит, то чем занимались дожившие до наших дней носители этого наречия, то есть Русские люди, на протяжении последних нескольких тысяч лет? Или, говоря проще, куда исчезла из современных школьных учебников наша многотысячелетняя история?

Далее, оставаясь в рамках здравого смысла и понятной каждому логики, мы также имеем полное право сделать следующие умозаключения.

Если Русский и Санскрит являются, с лингвистической точки зрения, кровными братьями, то и грамматика этих двух диалектов одного и того же арийского праязыка должна быть если и не на 100% одинаковой, то в любом случае крайне схожей. Подобно тому, как два брата-близнеца бывают похожи друг на друга. То есть, грамматические правила, действующие в одном диалекте (например, в Санскрите), должны сохранять свою силу и в другом диалекте (например, в Русском языке). И даже более того, смешав грамматические правила Санскрита и Русского мы должны получить грамматически правильное и осмысленное выражение как минимум в одном из этих двух диалектов.

И если Санскрит называют языком Богов, то и его кровный брат - Русский язык - в не меньшей мере заслуживает того же звания!

А если Русский язык - язык Богов, то его носителями должны были бы быть...

Но ведь „Слово о полку Игореве“ так прямо об этом и говорит, называя русских людей Дажьбожьими внуками (Слово о полку Игореве, 1800):

„Уже бо, братіе, не веселая година въстала, уже пустыни силу прикрыла. Въстала обида въ силахъ Дажь-Божа внука. Вступилъ дѣвою на землю Трояню, всплескала лебедиными крылы на синѣмъ море у Дону плещучи, убуди жирня времена. Усобица Княземъ на поганя погыбе, рекоста бо братъ брату: се мое, а то моеже; и начяша Князи про малое, се великое мльвити, а сами на себѣ крамолу ковати: а поганіи съ всѣхъ странъ приходяду съ побѣдами на землю Рускую.“

Так и Велесова книга называет русских людей внуками богов и указывает на совершенно отличные особенности их миропонимания [Влескнига II, 2006, Дщ. 24б, стр. 121):

„... потому как [мы] - Дажбовы внуки и не должны идти за другими следами чужими...“

Последние записи Велесовой книги относятся примерно к 9 веку. „Слово о полку Игореве“ уверенно датируется 12 веком. А это значит, что ещё более чем 1000 лет назад Русские люди прекрасно помнили о своей божественной природе! И тому есть множество исторических подтверждений, потому как божественные по своей природе люди даже спустя столетия после появления новых иноземных религий оставались носителями божественного сознания и действовали сообразно своему божественному предназначению. И чтобы понять это, надо прежде всего вспомнить, что является одним из важнейших признаков божественности. А самое главное отличие сознания божественного от сознания паразитического заключается в следующем. Божественное сознание реализует себя согласно следующему утверждению: „Есть я, и есть не-я. Я буду всем, что есть не-я“. Для сознания паразитического другие не представляют никакой ценности, а в лучшем случае совершенно безразличны, и в основе его действий лежит принцип обезличивания и захвата: „Есть я, и есть не-я. Всё, что не есть я, будет мной“.

Знание о кровном родстве Русского и Санскрита позволяет нам сделать и ещё одно очень любопытное умозаключение. Совершенно особая добросердечность русских людей (правда, иногда превосходящая всякие мыслимые и немыслимые границы), их способность к сопричастию и к сопереживанию уходят своими корнями в глубокую Ведическую

Древность, почти забытую нами по нашей же собственной беспечности, но всё же ещё сохранившуюся в Индийской традиции под именем Адвайта-Веданты, что очень точно выражается в Русском языке словом «недвойственность»... Изначально присущая Русским неразорванность, непрерывность, неразделённость сознания (выражающаяся до сих пор у очень многих в неумении и нежелании делить на «моё и твоё»), но также и в уникальной способности нации, доведённой до крайне бедственного состояния, создавать непобедимое братское единство и побеждать вопреки любым обстоятельствам) и составляет самую сущность того, что в Индийской традиции известно как нирвана (निर्वाण), и для достижения которой многие прилагают невероятные усилия, пытаясь преодолеть мучения собственного духа, разорванного самомнением и эгоизмом и раздробленного до атомарного состояния жаждой наживы и самоутверждения... (Удивительным образом русское слово «нервный» также оказалось созвучным санскритскому слову निर्वाण [нирвāṇa]...)

Итак, всё изложенное неоспоримо свидетельствует о том, что нашему появлению на Земле предшествовал огромный исторический опыт, отразившийся в нашем языке. Но если мы не сумеем воспользоваться опытом наших предков, то мы будем обречены всё время заново изобретать велосипед и наступать на одни и те же грабли, и так до тех пор, пока из наших черепов не будут вышиблены последние остатки разума. Утеря памяти об опыте прошлых поколений делает нашу жизнь совершенно бессмысленной. А в то же время ключ к генетической памяти и к прошлому опыту находится у каждого не то что прямо под носом, а непосредственно на языке... И не в смысле идиоматического выражения, а в самом что ни на есть простом и буквальном смысле.

В последнее время было очень много разговоров о Роде и народе, и многие даже стали придерживаться мнения, что «народ» - это тот, кто НАРОДился от Рода и поэтому это здорово, потому что рождаемость... Но так ли это на самом деле? А что нам говорит об этом наш арийский праязык?

Исходный глагольный корень रुद् [руд] в значении «рыдать, плакать, проливать слёзы, стенать, реветь, рычать, а также возвышать свой голос, кричать [от боли]» находится в своде глагольных корней (धातुपाठ, (Śāstri, 1994) под номером 1067 -

२.१०६७ रुदिर् अश्रुविमोचने

Санскритский глагол, образованный от глагольного корня रुद् [руд] в настоящем времени, третьем лице, единственном числе звучит так (Светлояр, 2010е):

रोदिति [родити] = [она/он] рыдает, льёт слёзы, стенает, ревёт, возвышает свой голос, кричит [от боли]...

Это слово чудесным образом созвучно с русским словом «родить», выражающим крик от боли и слёзы счастья матери, и первый громкий крик только что родившегося ребёнка... А если так, то и слово «родитель» должно означать, в буквальном смысле, «тот, кто преодолел боль, дал тебе жизнь».

Грамматика Санскрита, и в особенности грамматика Ведического Санскрита, разрешает образование существительного от глагольного корня रुद् [руд] (Светлояр, 2010е), которое звучит как

रोद् [род] = тот, кто рыдает, льёт слёзы, стенает, а также тот, кто возвышает свой голос, кричит, рычит, ревёт...

Отрицательная частица न [на] в Санскрите означает то же самое, что и отрицательная частица «не» в Русском языке. Поэтому повеление «не дай ему быть тем, кто стенает или возвышает свой голос» на Санскрите звучит так

न रोद् भवतु [на род бхавату]

или, учитывая, что Санскрит, также как и Русский язык, разрешает опускать глагол (в ситуации, когда это не приводит к потере смысла), в краткой форме [прямого приказания] -

न रोद् [на род] = не стенающий! не возвышающий голос!

А это и есть именно та скрытая команда, которая в действительности управляет поведением «народа». При этом, поскольку сознание, не знакомое с Санскритом (и тем более с арийским праязыком), не может адекватно интерпретировать слово «на-род!», то логический анализатор в мозгу моментально отключается (причём одновременно у целого «народа»), беспрепятственно пропуская такое привычное и одновременно «непонятное» ему слово непосредственно в подсознание (причём в

подсознание целого «народа»), которое, в свою очередь, прекрасно понимая истинный смысл команды «на-род!» (поскольку генетическая память об арийском праязыке ещё не стёрта), но совершенно не подчиняясь сознательному контролю, без промедления начинает выполнять приказ «на-род!» = «Не стнай! Не возвышай своего голоса! Молчи!».

А Александр Сергеевич Пушкин завершает свою поэму «Борис Годунов» (1825) уже совершенно гениальной фразой: «Народ безмолвствует...» (то есть «безмолвствующий безмолвствует»)!

Примечательно, что именно для Русского языка очень характерны тавтологические санскритско-русские выражения: «трын-трава», «трава-мурава», «руки белые», «лес дремучий», «карнаухий»... (Слатин, 2010).

Поэтому мы вынуждены признать, что наши предки были гораздо умнее нас, употребляя вместо слова «народ» слово «люди»...

А Санскрит подсказывает нам, что слово «люди» означает что-то вроде «неунывающие», «приводящие в движение», «смышлёные»... (Слатин, 2010; Светлояръ, 2010е).

Удивительные смыслы открываются нам с помощью Санскрита и в русских сказках, которые, как известно, и сами по себе являются кладезью мудрости. Возьмём, для примера, сказку «Царевна лягушка».

Сюжет этой сказки хорошо известен каждому с самого раннего детства, поэтому мы напомним только, что самым главным предметом в этой сказке является Кошечья игла, в которой сосредоточена смерть Кощея и которую Иван Царевич обязательно должен найти и сломать, иначе он никогда больше не увидит свою суженую - Василису Премудрую.

Казалось бы, если мы говорим «Кошечья игла», то нам должно быть всё ясно и понятно и без перевода. А тем не менее, это выражение допускает и ещё одно совершенно неожиданное прочтение, проясняющее истинный смысл русской народной сказки...

Следующая фраза, крайне похожая на наше выражение «Кошечья игла», имеет в Санскрите вполне внятное, осмысленное значение (Светлояръ, 2010ж):

कोश एव विग्लः [коша ева виглаḥ]

Здесь санскритское слово कोश: [кощаḥ] означает «ёмкость для хранения жидкостей, корзина, посуда, коробка, ящик, футляр, оболочка, кожух, кожура, скорлупа, хранилище, сокровищница, сейф, ларец, сумка, мешок» (Arte, 1957-1959).

Грамматика подсказывает нам, что «Кощей», будучи образованным от санскритского корня कुश् [кущ], или, соответственно, от санскритского существительного कोश [коща], в действительности, скорее немощен и подобен мешковине, истлевающей над золотом. А Александр Сергеевич Пушкин во вступлении к поэме «Руслан и Людмила» прямо так и пишет: «Кощей над золотом чахнет».

Санскритское слово विग्ल: [виглаḥ], созвучное русскому слову «игла», означает «окончательно опустивший руки, полностью упавший духом, отчаявшийся, страдающий от паралича воли, обессиленный, истощённый». Исчезновение начальной «в» при переходе санскритского слова विग्ल [вигла] в русское «игла», возможно, подчиняется той же закономерности, что и исчезновение начальной «в» в русском слове «улица», в то время как в Украинском языке произносится «вулиця».

Любопытно, что с учётом смыслового содержания древней номинальной основы विग्ल [вигла], известное идиоматическое выражение «посадить на иглу» неожиданно получает очень точное, очень современное и очень простое толкование «принудить к параличу воли, приводящему к бездействию, и, как следствие, к бессилию, истощению и отчаянию», полностью проясняющее причины этого «горького катаклизма»...

Использование частицы एव [ева] в качестве связки в значении «как, только лишь» (Tubb, Boose, 2007) даёт нам в результате следующий перевод:

कोश एव विग्ल: [коща эва виглаḥ] = упавший духом, потерявший надежду, отчаявшийся, обессиленный, истощённый, испытывающий паралич воли, бездеятельный (विग्ल: [виглаḥ]) как (एव [ева]) мешок (कोश [коща]) = Кощеева игла

И, ведь действительно, Иван Царевич не отступает, не покупается на Кощеево золото, не сгибается под угрозами Кощея, никогда не испытывает страха, не отчаивается, не страдает параличом воли, но действует по собственному разумению и убеждению, делает то, что считает

необходимым, находит слабинку у врага и, поддерживаемый добрыми и надёжными помощниками, побеждает, уничтожая при этом самый корень зла, заключённый в «Кощеевой игле»!

Вот так знание и понимание арийского праязыка позволяет нам добыть ключ к сокровенному смыслу Русской сказки и открыть так тщательно скрываемую тайну «Кощеевой иглы»!

Теперь и нам должно стать совершенно ясно, что же в действительности означает «Кощеева игла» и почему она должна быть именно переломлена! Перед нами открывается истинный смысл совершаемого Иваном Царевичем и возвращения к нему Василисы Премудрой и нам остаётся лишь ещё раз искренне удивиться тому, какой глубокий смысл несёт в себе Русская народная сказка!

Удивительное созвучие (कोश एव विग्लः [коша ева виглаḥ] = Кощеева игла) выражений на Санскрите и Русском вовсе не случайность, а прослеживаемая и во множестве других случаев закономерность, обусловленная кровным родством этих двух языков и необычайной схожестью их грамматических структур.

Таким образом, чем ближе мы подходим к нашим корням, тем проще и естественней, но вместе с тем и удивительней становятся объяснения смысла слов. Да и сам глагольный корень, выражающий смысл «идти» на нашем арийском праязыке, лежит в основе русского слова, которое знакомо каждому.

Глагольный корень ऋ [ṛ] в значении «идти, двигаться» находится в своде глагольных корней (धातुपाठ, (Śāstri, 1994) под номером 1497 -

९.१४९७ ऋ गतौ

Тогда, следуя сутрам Восьмикнижия Пāṇини, и опуская для краткости промежуточные выкладки (полный вывод со всеми деталями смотри в работе (Светлояръ, 2010з), получаем -

१) ऋ [ṛ]

Используя суффикс अ [a] (अच्) после глагольного корня ऋ [ṛ] получаем -

२) ऋ अ [ṛ a]



Далее Пāṇини сообщает нам, что в Ведическом Санскрите действует следующее правило:

७.१.१०३ बहुलं छन्दसि [उत्, ऋतः, धातोः, अङ्गस्य]

Конечный ऋ [ṛ] глагольного корня, именуемого अङ्ग, в Ведическом Санскрите (छन्दसि) произвольно (बहुलम्) замещается उ (उत्) [u].

Тогда

१.१.५१ उरणपरः [स्थाने]

Если гласные, входящие в стяжение अण् (अ, इ, उ[ण]), замещают ऋ, то им обязательно следует र्.

и мы получаем

(ऋ->उर्) अ

३) उर [ura] - тот, который идёт, движется.

Арте приводит в своём словаре следующее значение ведического слова «ура» (Arte, 1957-1959):

उर a. Going (Ved.) = идущий, движущийся (Ведический Санскрит)

Таким образом, Русское «Ура!» буквально означает «Поднимайся, двигайся, пошли!», а огромная сила его воодушевляющего воздействия полностью объясняется тем, что это слово, вошедшее в нашу кровь с молоком матери ещё в Ведические времена, напрямую обращается к древним архетипам, продолжающим жить в нашем подсознании, и говорит с ними на родном и понятном им арийском праязыке, воскрешая память о нашем героическом и славном прошлом. Удивительно также, что буква «а» санскритского слова «ура» во множественном числе, мужском роде должна в соответствии с правилами санскритской грамматики стать долгой и мы получим громогласное Русское «Ура-а-а!» (Слатин, 2010). И каждый раз, когда мы произносим слово «Ура!», мы громко и уверенно говорим на превосходном, изумительном Ведическом Санскрите!

Упомянутое выше Восьмикнижие представляет из себя грамматику Санскрита, созданную Пāṇини более 2500 лет назад (Jijñāsu, 2000, 2004; Sharma, 1999-2003; Śāstrī, 1969-1972, 1994; Khanduri, 2001; Димри, 1972, 1973; Dixit, 2007). Эта грамматика и поныне считается одной из самых совершенных грамматических систем, созданных за прослеживаемый исторический период времени (Prasad, 2005), а по мнению Ф.И.

Щербатского, она является „одним из величайших произведений человеческого гения“ (Щербатской, 1988 (Концепция буддистской нирваны, стр. 221).

Но самое удивительное заключается, пожалуй, в том, что мы, фактически, до сих пор каждый день пользуемся правилами грамматики Пāṇини, совершенно не замечая этого...

Например, беря за основу санскритский глагольный корень स्वृ [स्व] (произносится как «сври»), означающий «звучать, славить», и рассматривая русский суффикс «ель» как если бы он подчинялся правилам грамматики Пāṇини, мы без особого труда образуем хорошо знакомое нам слово «свирель»...

Итак, исходный глагольный корень स्वृ [स्व] в значении «звучать, славить» находится в своде глагольных корней (धातुपाठ, (Śāstri, 1994) под номером 932  
१.९३२ स्वरु शब्दोपतापयो:

Далее, начиная с глагольного корня и следуя сутрам Восьмикнижия Пāṇини (Светлояр, 2010а) -

१) स्वरु [स्व]

В Русском языке суффикс ель следует после глагольного корня и служит для обозначения субъекта, который интенсивно и преимущественно выполняет действие, выражаемое глагольным корнем, или для обозначения объекта, который служит инструментом, посредством которого выполняется действие, выражаемое глагольным корнем.

Итак, если в Русском языке нам требуется назвать предмет, который используется в качестве инструмента для осуществления действия, выражаемого глагольным корнем (и в нашем случае - используется в качестве «инструмента для извлечения звуков»), то мы можем использовать суффикс ель (как один из возможных вариантов), который должен следовать после глагольного корня -

२) स्वरु [स्व] ель

Рассматривая суффикс ель как если бы он подчинялся сходным грамматическим правилам что и суффиксы класса सन् в Санскрите, выражающие свойство интенсивности, намерения или повторяемости действия, мы получаем право применить следующее правило Восьмикнижия -

६.४.१६ अञ्जनगमां सनि [ञलि, अङ्गस्य, दीर्घः]

Соответствующий длинный звук замещает конечный звук основы, именуемой аङ्г и оканчивающейся звуком стяжения अच् (अ इ उ[ण्] ऋ लृ[क्] ए ओ[इ] ऐ औ[च्]), а также основы, образованной от корней हन् "убивать" и गम् "идти", если суффикс класса सन् (то есть सन्, क्यच्, काम्यच्, क्यङ्, क्यष्, णिङ्, णिच्, यङ्, यक्, आय, ईयङ्), начинающийся со звука стяжения झल् (झ भ[ञ्] घ ढ ध[ष्] ज ब ग ड द[श्] ख फ छ ठ थ च ट त[व्] क प[य्] श ष स[र्] ह[ल्]), следует.

स्व् (ऋ->ऋ) ель

३) स्वृ [स्वर्] ель

Далее, строго следуя сутрам Восьмикнижия -

१.४.१३ यस्मात् प्रत्ययविधिस्तदादि प्रत्ययेऽङ्गम्

Форма, начинающаяся с той составляющей, после которой в соответствии с грамматическими правилами должен следовать суффикс (प्रत्ययविधि), называется अङ्ग, если суффикс следует.

स्वृ именуется अङ्ग.

७.१.१०० ऋत इद्धातोः [अङ्गस्य]

इ замещает конечный ऋ (ऋत्) глагольного корня, именуемого अङ्ग.

१.१.५१ उरणपरः [स्थाने]

Если гласные, входящие в стяжение अण् (अ, इ, उ[ण्]), замещают ऋ, то им обязательно следует र्.

स्व् (ऋ->इर्) ель

४) स्विर् [स्विर] ель

३.४.११३ तिङ्शित्सार्धधातुकम् [धातोः, प्रत्ययः, परश्च]

[Суффиксы, обозначаемые стяжением] तिङ् (३.४.७८ तिसस्त्र...महिङ्), а также [суффиксы,] содержащие श् в качестве इत् (शित्), [называются] सार्धधातुक.

३.४.११४ आर्धधातुकं शेषः [धातोः, प्रत्ययः, परश्च]

Остальные (शेष) [суффиксы, следующие после глагольного корня, называются] आर्धधातुक.

Поскольку суффикс ель не служит для образования глаголов от глагольных корней, то разумно было бы отнести его к классу суффиксов, именуемых आर्धधातुक в рамках Восьмикнижия Пāṇини. Тогда

७.३.८६ पुगन्तलघूपधस्य च [सार्वधातुकार्धधातुकयोः, गुणः, अङ्गस्य]

गुण замещает гласную стяжения इक् (इ उ[ण्] ऋ लृ[क्]) основы (अङ्ग), оканчивающейся приращением पुक् (७.३.३६) или имеющей краткую гласную на предпоследнем месте (लघूपध), если за этой основой следует суффикс, который именуется सार्वधातुक или आर्धधातुक.

गुण должна заместить предпоследний гласный इ [и] основы स्विर् [свир]. Однако, рассматривая суффикс ель как если бы он имел क् в качестве इत्, получаем -

१.१.५ क्ङिति च [इको गुणवृद्धी, न]

गुण и वृद्धि не замещают звуки стяжения इक् (इ उ[ण्] ऋ लृ[क्]), если тот, который обуславливает эту грамматическую операцию, имеет क्, ग् или ङ् в качестве इत्.

и мы приходим к окончательной форме

५) स्विर् [свир] ель = свирель - «то, что используется для извлечения звуков»

Учитывая, что в Русском языке суффикс ель следует после глагольного корня и служит для обозначения субъекта, который интенсивно и преимущественно выполняет действие, выражаемое глагольным корнем, или для обозначения объекта, который служит инструментом, посредством которого выполняется действие, выражаемое глагольным корнем, мы получаем буквальный перевод слова «свирель»: «то, что используется для извлечения звуков»!

(А между прочим, и Сварог, и Сварга - это слова, однокоренные со словом свирель (Светлояръ, 2010а)...) )

Итак, что же здесь произошло? Мы взяли санскритский глагольный корень, содержащийся в своде корней, возраст которого составляет никак не менее 2500 лет, добавили к древнему корню современный русский суффикс, применили к нашей «смешанной грамматической конструкции» строгие правила санскритской грамматики, изложенные в Восьмикнижии Пāṇини, возраст которого также составляет не менее 2500 лет, и... получили в

результате великолепно звучащее Русское слово! Ну разве это не чудо! Разве это не волшебство! И получается, что если мы произносим слово «свирель», то мы говорим и на Санскрите и на Русском одновременно! А если быть ещё точнее, то, начиная говорить на Санскрите, и заканчивая на Русском, мы произносим слово, наполненное простым и ясным смыслом! Множество тысячелетий нашей истории и опыта наших предков сжались в одно мгновение в одном лишь самом обычном слове, и оказалось, что для того, чтобы вспомнить и вновь прикоснуться к своим собственным корням, уходящим в глубокую древность, достаточно произнести всего лишь полслова *свирель*... Просто нужно знать, что *эта* свирель - волшебная...

Автор выражает свою искреннюю и глубокую признательность Николаю Владимировичу Слатину за его научный перевод Велесовой книги и за его неоценимую помощь и поддержку при подготовке окончательной редакции этой работы.

### *Литература*

Влескнига II: Влескнига (2006). Исходные тексты. Буквальный перевод. Перевод с древнерусского, подготовка древнего текста, примечания: Н.В. Слатин. - Омск, 496 с.

Гильфердинг, А.Ф. (1853). О родстве языка славянского с санскритским. Санкт-Петербург: Типография императорской академии наук, 160 с.

Димри, Д.П. (1972). Индийская и русская филологическая традиция. (Опыт сравнения на материале морфемного анализа). Диссертация на соискание учёной степени кандидата филологических наук. Москва, МГУ.

Димри, Д.П. (1973). Пāнини и его "Восьмикнижие". Москва, Наука, "Народы Азии и Африки", №6, стр. 96-103.

Жарникова, С.В. (2010). Материалы первого всероссийского конгресса ведической культуры ариев-индославов. Межрегиональная организация "Лайя-Йога" (<http://www.vedaarii.ru>), Санкт-Петербург.

Мейе, А. (1951). Общеславянский язык. Москва.

Светлояръ (2010а). Космическая свирель Сварога. СПб.

Светлояръ (2010б). Из варягов в арии. Перун против норманской теории. СПб.

Светлояръ (2010в). Солнечная триада: Ярила, Арьи и Ярга. СПб.

Светлояръ (2010г). Ночь накануне Ивана Купала. СПб.

Светлояръ (2010д). Лада, Макошь, Мара... СПб.

Светлояръ (2010е). С чего начинается Родина? СПб.

Светлояръ (2010ж). Тайна Кощеевой иглы. СПб.

Светлояръ (2010з). Что означает Русское "Ура!"". СПб.

Слатин, Н.В. (2010). Личная переписка автора с Николаем Владимировичем Слатиным. Омск - СПб.

Слово о полку Игореве (1800). Гироическая песнь о походе на половцов удельнаго князя Новагорода-Северского Игоря Святославича, писанная старинным русским языком в исходе XII столетия. Москва, В Сенатской Типографии.

Трубачёв, О.Н. (2003). Этногенез и культура древнейших славян. Лингвистические исследования. Издание второе, дополненное. М.: Наука.

Флоринский, В.М. (1894). Первобытные славяне по памятникам их доисторической жизни. Опыт славянской археологии (Извлеч. из Известий Императорского Томского Универс. за 1894 г. кн. VII). Типо-Литография П.М. Макушина, Магистратская №4. Томск.

Шастри, Д.П. (1964). Связь между Русским языком и Санскритом. Материалы конференции Общества индийской и советской культуры (округ Мирут 22-23 февраля 1964 года, г. Газиабад, Уттар Прадеш). В книге: Н.Р. Гусева. Русские сквозь тысячелетия. Арктическая теория. - М.: Белые альвы, 2007.

Щербатской, Ф.И. (1988). Избранные труды по буддизму. М.: Наука.

Щерцль, В.И. (1871). Сравнительная грамматика славянских и других родственных языков. Часть 1. Фонетика. Университетская типография. Харьков.

Щерцль, В.И. (1873). Сравнительная грамматика славянских и других родственных языков. Часть 2. Словообразование. Университетская типография. Харьков.

Царевна лягушка. Русская народная сказка в переложении А.Н. Толстого.

Apte, V.S. (1957-1959). The Practical Sanskrit-English Dictionary. Prasad Prakashan, Poona.

Dixit, Pushpa (2007) (पुष्पा दीक्षित). अष्टाध्यायी सहजबोध. A Modern & Scientific Explanation To Pāṇini's Aṣṭādhyāyī (4 volumes). Pratibha Prakashan. Delhi-110007, 2007

Jijñāsu, Brahmadata Ji (2000). Aṣṭādhyāyī-bhāṣya-prathamāvṛtti. 3 volumes. Ram Lal Kapoor Trust.

Jijñāsu, Brahmadata Ji (2004). The Tested Easiest Method of Learning & Teaching Sanskrit (TEMOLATS). The Study of Sanskrit by the Ashtadhyayi System in Six Months Without Cramming. A Novel and Marvellously Successful Experiment. First book. Second edition. Ram Lal Kapoor Trust.

Khanduri (2001). Aṣṭādhyāyī-sūtrapāṭha of Pāṇini. Edited by Acharya Pt. Satyanarayan Shastri Khanduri. Krishnadas Academy. Varanasi.

Lekha, Indu (2007). Cognate words in Sanskrit and Russian. Pratibha Prakashan, XVI+230 c.

Prasad, Narayan (2005). Sarasvatikaṅṭhābharaṇa - the Magnum Opus of Sanskrit Grammar. Journal of the Oriental Institute, M.S. University of Baroda, Vadodara, Vol.55, Nos.1-4, September 2005 - June 2006 Issue, pp. 41-49; Issued - May 2007.

Śāstrī, Cārudev (1969-1972). Vyākaraṇacandrodaya. 5 volumes. Motilal Banarsidass.

Śāstri (1994). Aṣṭādhyāyī sūtrapāṭha. With Vārttikas, Gaṇas, Dhātupāṭha, Pāṇinīya Śikṣā, Paribhāṣāpāṭha and Sūtra Index. Edited by Śankararāma Śāstri. Introduction by Ratna Basu. Delhi: Sharada Publishing House.

Sharma, Rama Nath (1999-2003). The Aṣṭādhyāyī of Pāṇini. 6 volumes.  
Munshiram Manoharlal.

Tubb, G.A., Boose, E.R. (2007). Scholastic Sanskrit. A Manual for Students. The  
American Institute of Buddhist Studies at Columbia University in the City of  
New York. New York.



**ДИСКУССИИ И ПЕРЕПИСКА ПО ВОПРОСАМ  
ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ, ИСТОРИИ,  
ЛИНГВИСТИКИ  
(ФРАГМЕНТЫ)**

**DISCUSSIONS AND CORRESPONDENCE ON  
DNA GENEALOGY, HISTORY, LINGUISTICS  
(EXCERPTS)**

*Anatole A. Klyosov*

**On the Ballantyne's et al (2010) paper on father-son mutation rate constants**

Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M.(2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341-353.

(Excerpts from discussion letters)

MY LETTER:

The data in the paper (see above) are certainly very interesting to consider (and re-consider) in detail.

Now, the main conclusion. The Ballantyne's data are fine, except they are applicable only to 12 and 25 marker haplotype formats in the FTDNA standard [and, of course, to many various shorter haplotype formats, for which I have more than 30 mutation rate constants on my list, though for each one Ballantyne's data should be examined and verified], since some markers for the 37 and 67 marker formats are missing in the quoted paper. Also, the Ballantyne's data have some systemic problem, characteristic to father-son pair studies – statistics is not there. On the first glance, how could it be, since they have studied nearly 2000 father-son pairs?

Let me explain it. Indeed, they have studies nearly 2000 father-son pairs, and measured mutations in 186 markers. Sounds impressive, isn't it? However, let us look at concrete data. In the first 12 markers (according to the standard FTDNA nomenclature) there are 3 mutations in DYS393 among 1750 father-son pairs, 2 mutations in DYS390 among 1758... well, you got the idea. As you already see, statistic is not here, and the overall, average numbers will not be very reliable. Anyone who understands mutations in DNA genealogy, would have already raised his/her brow: DYS393 is at least 4-times slower marker compared to DYS390, however, in the quoted data they are just about the same.

However, let's continue. For the next 10 markers numbers of mutations are as follows: 7, 5, 3, 6, 0, 0, 6, 9, 1, 6. There are 48 mutations altogether in those 12 markers, which gives 4 mutations per marker in 1727±49 father-son pair (they varied for different markers, which is also not a very good thing, but a realistic, almost unavoidable one). It gives  $4/1727 = 0.00232 \pm 0.00033$  mutations per marker per generation, and  $0.028 \pm 0.004$  mutations per haplotype per generation (the margin of error is calculated taking into account that there were only 48 mutations in the dataset). My mutation rate for the first 12 markers (in fact, it is the same as the Chandler's one) is  $0.00183 \pm 0.00009$  and  $0.022 \pm 0.001$  per marker and per haplotype per generation, respectively. As you see, these figures (Ballantyne's and mine/Chandler's) are almost within the same margin of error. However, my mutation rates are calibrated for 25 years per generation. That means that the Ballantyne's data would exactly fit my data for 32 years per generation ( $0.028 \times 25 / 32 = 0.022$ ). This makes sense. You see, the systemic problem with father-son data is that they can work only with "generations", while history works with years, NOT with generations. Therefore, the father-son data need to be calibrated anyway, as in this case with my data, calibrated elsewhere.

Anyway, let's remember, that for 32 years per generation the Ballantyne's data coincide with my mutation rate constant for 12 marker haplotypes (and with John Chandler data taken for 25 years per generation, though in his case it was for an unspecified "generation", as in the Ballantine's case).

If we calculate their data more precisely, per each transition separately, we get 277.157 mutations per (theoretical, extrapolated) 10,000 pairs father-son, that is the mutation rate of  $0.0277 \pm 0.0040$  per haplotype, which is the same value as above, and all the above considerations are equally applicable.

If we move to 25 marker haplotypes, than a number of mutations was 14, 4, 0, 0, 3, 2, 0, 19, 12 (DYS459a,b were combined, as well as 464a,b,c,d), that is 54 mutations were added, making the 25 marker format having  $48 + 54 = 102$

mutations per  $1704 \pm 86$  father-son pairs. This will give  $102/1704 = 0.0600 \pm 0.0059$  mutations per haplotype, that is  $0.0024 \pm 0.0002$  mutations per marker. My calibrated mutation rates give 0.046 and 0.00183 mutations per haplotype and per marker, respectively. If to calculate the Ballantyne's data more precisely, they would give 594.915 mutations in 25-marker haplotypes per (theoretical) 10,000 father-son pairs, that is the average mutation rate will be 0.0595 per haplotype, which is practically the same value of 0.060, calculated above. Again, the Ballantyne's series is on the higher side. However, they would exactly fit my mutation rate at 32 years per generation,  $0.0595 \times 25 / 32 = 0.046$ .

**First conclusion:** the Ballantyne's mutation rates would be O.K. at 32 years per generation, and in this case they would fit my mutation rates for 25 years per generation.

Unfortunately, the Ballantyne's study misses markers from the standard 37- and 67-marker haplotypes, and the respective mutation rates cannot be calculated.

**Second conclusion:** My mutation rates are correct for 25 years per generation, as I use them for calculations.

Now, a few words about the Chandler's data. His 12-marker average mutation rate is practically identical with mine (0.022 mutations per haplotype per generation), but his 25-marker panel is grossly off being too high. He overestimated, as I see it, DYS464, since did not take recLOH into consideration. Hence, he brought in toooooo many extra mutations. The same was with his 37 marker haplotypes, his data are not applicable for calculations. I have described it in my paper in *J. Gen. Geneal.*, 2009 (vol. 5, pp. 186-216). For the 25 marker format the Chandler's average mutation rate is 0.0695 per haplotype per generation (in my case it is 0.046 at 25 years per generation, for Ballantyne's it is 0.0595 at 32 years per generation). Furthermore, according to the Chandler's data, only DYS464a,b,c,d contribute  $0.00566 \times 4 = 0.02264$ , that is 33% of the whole 24 marker panel (!). Obviously, their "weight" is grossly exaggerated on the Chandler's list. Anyway, the Chandler 25 marker mutation rate fits mine and Ballantyne's ones at 38 years per generation ( $0.0695 \times 25 / 38 = 0.046$ ,  $0.0695 \times 32 / 38 = 0.0585$ ;  $0.0695 \times 32 / 37.4 = 0.0595$ ).

In other words, the Chandler's data work for 12 marker panel with 25 years per generation, but for 25 marker panel with 38 years for generation. Therefore, the Chandler 25 marker panel is erroneous. Even more erroneous is his 37-marker panel, which gives an average mutation rate for the panel of 0.182. If fact, it is 0.09, that is two times less. It would work for Chandler only for 50 years per generation. Nice.

## RESPONSE:

Thanks for your insights. When I do my TMRCA I omit all of the multi-copy markers. Thus any errors that John made in calculating the mutation rate for DYS 464 don't affect my calculations. I am currently using 30 years as the generation interval in my program, which is very similar to Ken's Generations 5 program. It is certainly difficult to know the generation interval in ancient times with precision. In any case, I find this topic extremely fascinating and have certainly appreciated your insights on the DNA list. I still think that the issue of trying to figure out which markers to use for specific calculations is a thorny one. I feel quite comfortable including the faster markers in situations where the TMRCA is less than 1000-2000 years, but figuring out which markers to include with in situations where the TMRCA is over 10,000 is more challenging.

## MY RESPONSE:

As you well know, discussions on the mutation rates can be endless, because a number of variants - which markers to pick and in which situations and which of them omit and what a generation length to pick - is endless. In a situation such as this one the problem is solved in four stages.

Stage one: someone should move ahead and make a decision (for himself, at this stage). I made it for myself, and for the last two years I employ a firmly defined set of mutation rate constants for 6-, 12-, 17-, 25-, 37-, 45-, 67 marker haplotype formats and for twenty-five more formats used in the literature. All of them form a cross-linked net of figures. All of them are published. All include fast- and slow-markers, which is the right way to do. By this way statistics is the best, and time intervals for analysis are the widest - from a few generations to thousands of generations.

Stage two: to verify these mutation rate constants with real, practical examples, both private genealogies and historical events. I ran hundreds of them, and came to a conclusion that my set of mutation rate constants works the best. To do it properly, I always make corrections for back mutations, introduce corrections for asymmetry of mutations (in some cases, when needed), make corrections for recLOH, resolve branches using haplotype trees (the must), use the logarithmic method for cross-verification of data, where possible (VERY useful and informative), and set a generation length (25 years) firmly as an integral part of my set of mutation rate constants. As you well know, you can not just say - "I use 30 years", or "32", or "20", or "25" without affecting your mutation rate constants, because in reality we always determine a product  $KT$ , where  $K$  is the mutation rate constant and  $T$  is a number of generations to a common ancestor. You just cannot separate these factors without changing the outcome. A generation length

is a part of the equation, you cannot say "I currently use this" without a proper, mathematical justification. That is why father-son data are useless unless you have a mathematically (!) determined the generation length. A conclusion: I have done Stage Two. It is finished.

Stage three: you run multiple examples and convince people, including the genealogists, that your set of mutation rates and the approaches are correct and it does work. A firm rule: you cannot change game rules with different genealogies and other data, you cannot remove markers as you wish in one case and bring them back in other cases. I analyze those data and genealogies almost every day, and publish the most representative and interesting in our Proceedings in a separate section "Personal cases". More than 60 cases are already published, and this is a small fraction of all. The rules are always the same. My firm conclusion: my system does work.

Stage four: establishing the consensus, that this set of data is good to work with. Skeptics, of course, will be, as always, but this is life.

A few secondary remarks. DYS464 are very useful markers in composing of haplotype trees, because those recLOH is a branch-forming and branch-resolving event. That is why I never remove DYS464. Their recLOH are very visible, and I use them as one mutational event, one-step (despite it looks like 2-, 4-, 6-mutational event). It does not introduce a significant mistake even in some dubious situations, it is always within a margin of error.

Best regards.

## **R1a1-M458 in Italy and principles of DNA genealogy**

AN INCOMING LETTER:

I came across a number of your highly interesting articles on genetic genealogy when researching a German client's ancestry. You have him in the map of the "Central European Branch" of R1a1a7. I understand that you have a lot of R1a data on file, so I hope you might be able to point us in the right direction, or "cluster".

We were able to trace, in what is sort of an educated guess, my client's ancestry back to a family, which is first documented around 1100 AD in Northern Italy, north of Milan. The first name bearers there have clearly Germanic given names, as is the case for at least half the early and high medieval population there. So far, we have been unable to find any other male

line apart from my client's. And it is extremely improbable that that we will ever find some appropriate line. Also, so far, we have been unable to find a really good explanation for the family name. The area shows a number of medieval family names similar to this type and, seemingly, referring to localities. I recently came to the conclusion that the name might, theoretically, also have some Slavic roots, but lacking any knowledge of Slavic languages, I am not sure about that.

In any case, we were rather surprised to find his haplogroup being R1a1a7 (M458+, SNP tested), instead of some "Germanic" or "Roman" or whatever group. Of course we cannot exclude illegitimacy on the way, but let us assume for the moment that paper trail and DNA genealogy are consistent - otherwise, all the fun would be lost.

More specifically, the client belongs to what you have defined as the "Central European Branch". The map clearly shows that he is, geographically, quite far from everybody else, and whatever I do, the closest I can get in terms of MRCA is a little over 30 generations, and those I've contacted weren't able to trace their genealogy farther back than 18th or 19th century, and usually end up somewhere in Poland.

According to your papers, the age of the "Central European Branch" of R1a1a7 is something around 2500-2700 years. I think Peter Underhill is far too high with his guess - however I'm just a historian and barely able to understand all those calculations, let alone the implications of population dynamics.

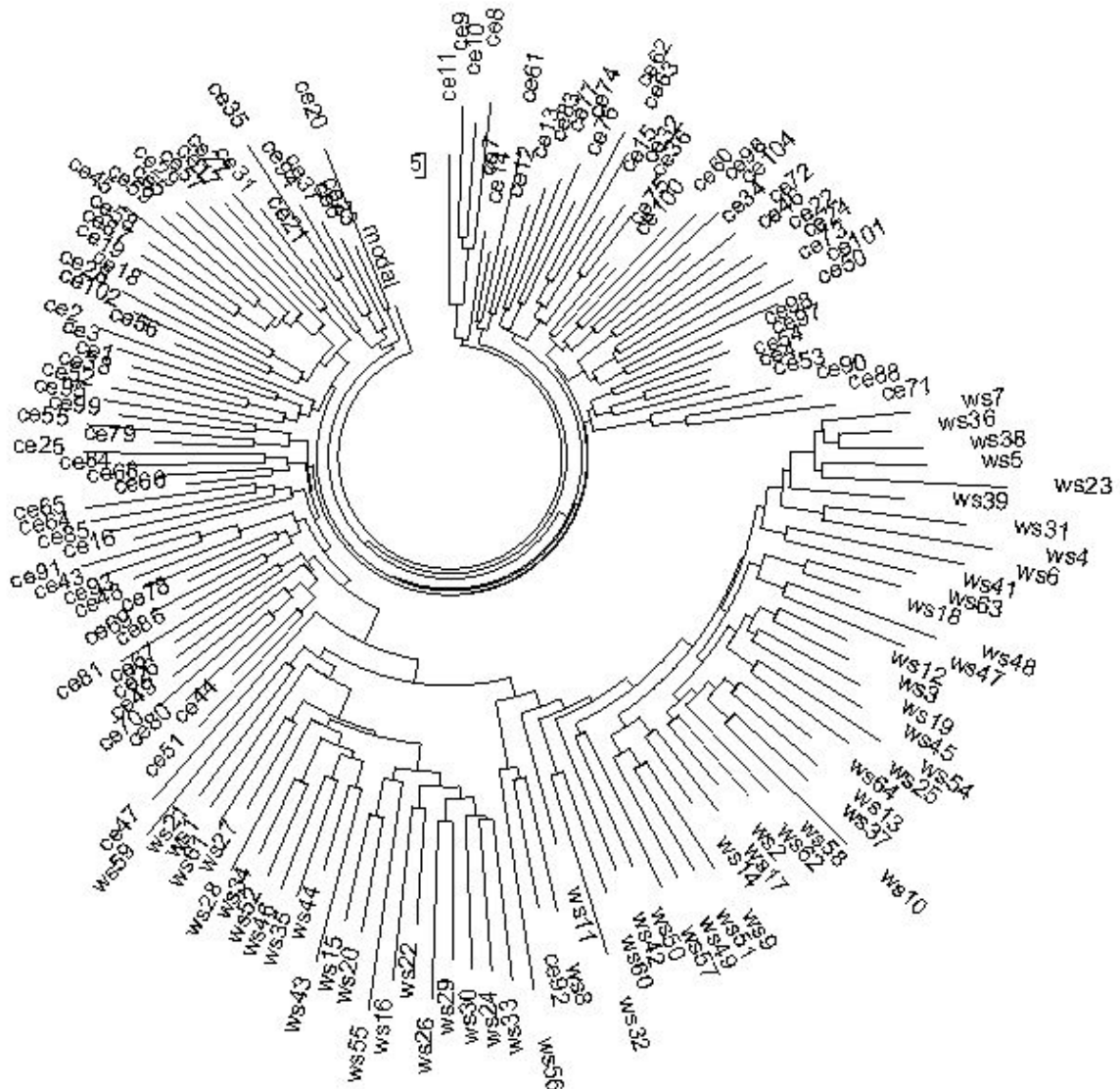
We know that Lombardy - the area where my client might be associated - was settled by the Germanic Longobards during the 6th century AD. We also know that the Lombards were accompanied by a number of non-Germanic tribes they had picked up during their journey through Eastern Europe; it would take a bit of additional research to get a better idea which tribes exactly were involved in the migration. So at the moment my best guess is that my client descended from a member of one of those non-Germanic tribes, who went with them and settled in Lombardy. I just wonder why there weren't more of them (well; maybe they haven't yet been tested), and/or, how I could discern the "Germanic" DNA in that area.

Also, I cannot find any detailed studies about the distribution of haplogroups in Northern Italy, migrational patterns in that area, or anything referring to aDNA except the articles about the German and Central Asian cases.

So - what do you think? Where should we search? Is there some sort of more specific cluster you could put that haplotype in?

MY RESPONSE:

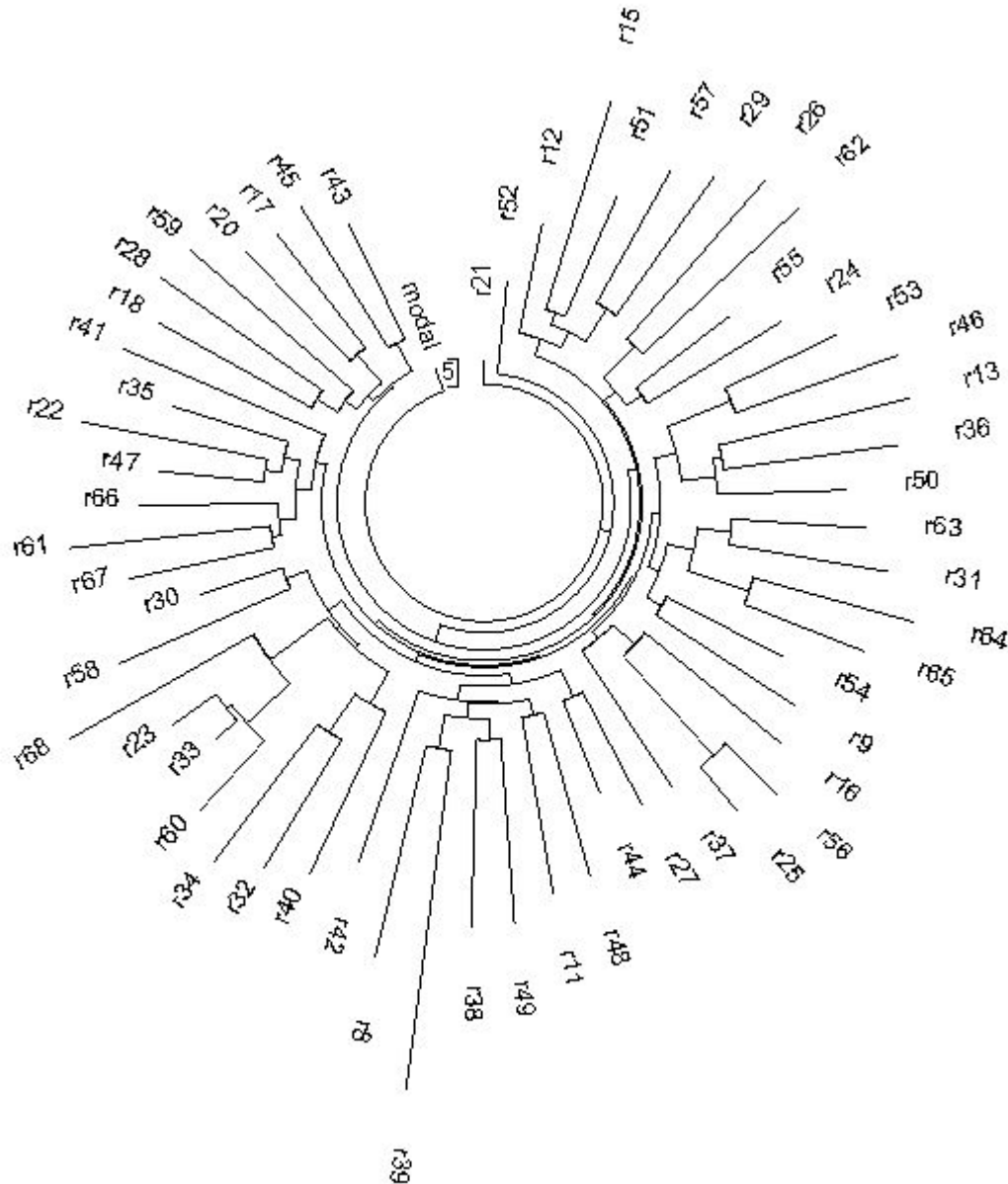
Attached are two haplotype trees, one a 67 marker one, in which your client's haplotype under a name ce96 sits in the upper right "corner"; another is a 69 marker tree (including DYS464ef), in which he is under name r57.



A 67 marker haplotype tree of R1a1-M458 subclade. Haplotypes marked CE belong to the Central European branch, and WS are those which belong to the Western Slav branch (Klyosov and Rozhanskii, 2010).

The first tree combines so-called "Central European" and "Western Slav" branches of R1a1 haplogroup. The second tree shows the "Central European branch", those who include so-called recLOH mutation, which forms a separate sub-branch. Explanations are partly given in

<http://maps.google.ru/maps/ms?ie=UTF8&hl=ru&msa=0&msid=114781513110833464918.0004689cce3eb079d8da4&ll=54.876607,14.677734&spn=36.666387,76.376953&z=4>



A 69 marker haplotype tree of R1a1-M458 subclade (including DYS646e and 464f), the Central European branch (Rozhanskii and Klyosov, 2010).



The first tree embraces individuals with M458 SNP mutation in their Y-chromosome. They are of a Slav (or a proto-Slav, if you wish) origin. Their ancestor moved (migrated) to the West in the middle-to-end of the 1st century BC from the East European Plain (its Western part).

His (ce96) closest neighbors in the tree are ce104 and r15, ce100 and r12, and also ce75, ce60, ce34, r29, r51. I am forwarding to you their names and the FTDNA and YSearch ID indexes.

Peter Underhill was, unfortunately, totally incorrect with his calculations. They are based on wrong assumptions. Even more unfortunately, the whole area of "academic science" follows this wrong way for the last six or so years. A damage which was done to the field is hard to overestimate. They are "population geneticists", and mutation rates and the respective calculations are certainly not their forte.

Personally I have not studied much of Northern Italian haplotypes and haplogroups (I know the situation in general, and have studied R1b1b2 group there, but not really R1a1, which there are only a handful of representatives there). It might be that R1a1 in Italy were those "Barbarians" (though they sometimes made their way to become Patricians and Kings of Italy, as we all know). We also remember a story on a sword and a scale..., and words "Vae victis" (woe to the conquered). Anyway, the story of R1a1 in Rome and Italy in general is still awaiting their historians. If you want to close on it, I might be of help. Start with ethnonyms Venetian, Veneto, Veneti, etc.

#### RESPONSE:

Oh. You are right about Venetian, Veneto, Veneti. One should follow that further. The Venetians of course are settling a little east of the area around the Lago di Como, but this really looks interesting - most especially because of the possible connection to the people called Wenden in German.

I tried to calibrate the data by comparing the Altai R1a1a\* with the age of the archaeological findings there, but of course I am an absolute greenhorn in those calculations. On the other hand, those thoughts about population bottlenecks and slower growth also might apply in some cases.

#### MY RESPONSE:

Regarding the Altai R1a1 data, very often it is hard to compare them with archaeological data, due to lack of our knowledge. Often the DNA data go deeper in time, since archaeology cannot claim that they have reached the

bottom of history (of course). Often the DNA data are much more shallow due to population bottleneck. Rarely (indeed) archaeological and DNA data match each other. That is why they badly need each other.

"Slower growth" is irrelevant in this context, but population bottlenecks are ALWAYS important.

Regarding your questions on barbarians as Italian kings, of course you, being a historian, know what I am talking about. *De jure*, Odoacer was not an Emperor of Rome, but *de facto* he was. Look up into Edward Gibbon's "The History of the Decline and Fall of the Roman Empire", vol. IV. Odoacer, "the bold barbarian", a Germanic chieftain, deposed Romulus Augustus on September 4, 476, and become the ruler of Italy. He was granted the title Patrician only because he was not allowed the title of Emperor, he returned the Imperial insignia to Constantinople and ruled as King of Italy being blessed by the Eastern Empire. As Gibbons notice, "Odoacer was the first barbarian who reigned in Italy, over a people who had once asserted their just superiority above the rest of mankind". And then "the patient Romans were insensible prepared to acknowledge the royalty of Odoacer and his barbaric successors".

Regarding a sword and a scale... look up in Plutarch, LIVES, vol. III, Camillus. Remember Brennus, who invaded Rome ca 390 BC? Plutarch: "Brennus in a scoffing and insulting manner pulled off his sword and belt, and threw them both into the scales; and when Sulpicius asked what that meant, "What should it mean", says he, "but woe to the conquered" (*Vae victis*).

RESPONSE:

I'm still trying to understand the mathematics behind all that DNA genealogy, and to me it seems that the biggest problem is the mutation rate applied. I understand that research is still in progress, and that results can vary extremely (e.g. Underhill/Zhivotovsky vs. "rest of the genealogical world"). I also understand that father-son rates do not seem to apply directly because they ignore other, "demographic" influences. I also understand that it may be relevant whether one includes markers like DYS464 or not. Just now there is no access to the Chandler article (the jogg.info website seems to be down temporarily), so I am not sure if he offers father-son rates or "effective" ones. In any case, the Chandler rates are much higher than yours, and if I apply the Chandler rates, I get TMRCA results on R1a1a7 with recLOH mutation which are way too young - just a little over 50 generations, which simply doesn't work. The R1a website puts that group's age at 2400 years (or 96 generations). My own data set includes a little over 60 67-marker-haplotypes, all supposedly R1a1a7, all with markers DYS464a-f (excluding those with a-g).

How did you calculate the mutation rates for the FTDNA marker series in Table 1 of your "DNA genealogy, mutation rates, etc." article? And how do you get from columns 2 to 3 in Table A of the same article?

MY RESPONSE:

The mathematics behind "all that DNA genealogy" is very straightforward, and based on theory of probability and chemical kinetics, with some twists (though completely mathematically justified) related to back mutations, symmetry of mutations, etc. All separate parts of my approach are well known in those areas of science, though nobody seemingly brought them together just because there was no such a need. Now, with the appearance of DNA genealogy, such a need became a necessity. Hence, I did it.

Since "population geneticists" are not familiar with chemical kinetics and its apparatus, they failed with their approaches to mutation treatment. In some simplest cases their approaches work, for instance, where there is only one lineage in the dataset, and a common ancestor lived quite recently (typically, no more than 1000 years ago). A dataset with two and more lineages they simply through into a "blender", grind and apply some funny "mutation rates", which are about 2.0 - 3.6 times less than actual mutation rates (they use 0.00069 mutations per marker per generation, however, in reality they are between 0.00135 to 0.0025, for a selection of 30 different haplotype formats, as you can see in Table 1 in my paper which you have cited). As you see, they (a) do not resolve branches, and, mind you, each branch has its own common ancestor, (b) they did not care about which haplotype format they employ, and for all (!! ) they use the same "magic" 0.00069 mutation rate, (c) they do not care how old is the dataset (in terms of a timespan to the common ancestor, hence, they do not introduce any correction for a back mutation, which in fact vary from 1.0 to 4.8 times (see Table A in the cited paper).

As a result, they get absolutely phantom timespans to common ancestors, and make "historical" conclusions taken from their blend. It is mind boggling, how unprofessional and ignorant those people can be, and they RULE academic science! As a result, that "academic science" of the last ten years or so became so damaged, when we talk on dating, chronology, and historical "conclusions" based on those "calculation". This is, first and foremost, such names as Zhivotovsky, Underhill, Cruciani, Kivisild, Behar, and other "reputable" names in population genetics. On the other hand, they do a great job (except Zhivotovsky, of course, who is a mathematician) on typing haplotypes and haplogroups, and collecting good databases. I would not have mentioned names,

this is not my style, but after their "Response" to my critique in Human Genetics all bets are off.

This is a brief summary of a current situation in DNA genealogy. Those folks do not want to listen to my reasoning in that area (the mentioned Response in "Human Genetics" on my critique was a good example), because, probable, they are weak to admit that they have produced too much wrong data for the last several years in that area. As to my work, currently I productively collaborate with very good genealogists, and they are astonished how well my calculations fit to their documentary evidences.

Regarding father-son mutation rates. They are supposed to be the best way to lay a ground for mutation rates to be used in DNA genealogy. Unfortunately, it is only "supposed to be". Reality is more complicated, and for precise (or appropriate) data we should have hundreds of thousand, or even millions of father-son pairs. So far it is unthinkable and astronomically expensive. The problem is that mutations are seldom, and statistics is not there. As a result, father-son mutation rates from different studies vary from about 0.0016 to 0.0046 mutations per marker per generation. This uncertainty, of course, is not applicable for calculations in DNA genealogy. The good thing is that mutation rates which I use, for different haplotype formats ranged from 0.00183 (12- and 25-marker haplotypes) to 0.0020 (17-marker and 45-marker haplotypes) to 0.00216 (67-marker haplotypes) to 0.00243 (37-marker haplotypes) mutations per marker per generation (of 25 years), that is fit well within the father-son (wide) range. These mutation rates were obtained from calibration of a number of mutations in haplotypes in extended genealogies with known timespan to a common ancestor. They are confirmed in dozens of "conventional" genealogies (I have published a number of studies of this kind) and in a good number of historical events, dates for which are more-or-less known. I am now working with professional genealogists on a joint paper to show how "documentary" genealogy and my calculations nicely fit each other. I do not have a slightest doubt that my mutation rates and calculations are incorrect. Of course, they can be tweaked a little bit (however, it would be rather silly, since it would be within a margin of error anyway), but principally they are correct. Statistics of mutations themselves introduce a larger variation compared with a (potential) variation of mutation rate constants.

Regarding your remark that "I also understand that father-son rates do not seem to apply directly because they ignore other, "demographic" influences", they can be applied (see the preceding Discussion in this issue - AK), and "demographic" influences have nothing to do with it. Typically, all those "demographic influences" is just a smokescreen for the skeptics. Of course, there "population

bottlenecks", migrations, etc., but all of them can be objectively analyzed using the same approaches.

You have also noticed "I also understand that it may be relevant whether one includes markers like DYS464 or not". It is not a problem again. So-called recLOH factor is identifiable and does not provide any problem. On the opposite, it is a very valuable marker(s).

*>... I am not sure if he (Chandler) offers father-son rates or "effective" ones. In any case, the Chandler rates are much higher than yours, and if I apply the Chandler rates, I get TMRCA results on the "light blue pins group" (i.e. R1a1a7 with recLOH mutation) which are way too young - just a little over 50 generations, which simply doesn't work.*

Chandler offers neither father-son nor "effective" ones (though the latter needs a definition). He has collected thousands haplotypes from databases and counted mutations. In fact, his 12-marker average mutation rate is practically identical with mine (0.022 mutations per haplotype per generation), but his 25-marker panel is grossly off as too high. He overestimated, as I see it, DYS464, since did not take recLOH into consideration. Hence, he brought in too many extra mutations. Same was with his 37 marker haplotypes, his data are not applicable for calculations. That is why you are absolutely right, it does not work.

And you know why? You are the first one who said it (except me, of course, since I have published it and had lengthy discussions with the editor). Is it not amazing? Dozens and hundreds (probably) people mentioned the Chandler's mutation rates, and nobody has bothered to examine them and say that they are unrealistic, as you did. It is again mind boggling. If someone would have taken a dataset and applied the Chandler's mutation rates to 12- and 25-marker panels, he/she would see that results will be grossly different. They would not fit each other. Again, it seems that nobody bothered to do it.

*>How did you calculate the mutation rates for the FTDNA marker series in Table 1 of your "DNA genealogy, mutation rates, etc." article? And how do you get from columns 2 to 3 in Table A of the same article?*

A good question. It means that you indeed think about details. I like it. First, on Table A. Column 2 shows an average number of mutations per marker, how they are observed and calculated directly. For example, if a dataset of 100 of 25 marker haplotypes contain 400 mutations from the base haplotype, then  $400/100 \times 25 = 0.16$  mutations per marker. At the mutation rate of 0.002 it would give you  $0.16/0.002 = 80$  generations, that is  $80 \times 25 = 2,000$  years to a common ancestor.

However, one should know that at 24 generations and deeper one should introduce a correction for back mutations. At 80 generations it is about two centuries. Not a big deal, but still some. Since "forth" and "back" mutations must have the same mutation rate (a copying enzyme does not know to which side it makes a mistake when copying), then a plain probability tells us how to make that correction. This is formula (4) in the paper.

At a small number of (observed) mutations per marker (less than 0.046, that is 23 generations and less),  $\exp \sim 1$ , and the formula gives no corrections (it is too small). "2" in the denominator and "2" in the nominator just cancel each other. At 0.16 of mutations per marker (see above), that is "apparent" 80 generations, or 2000 years,  $\exp = 1.1736$  (check yourself, take  $a_1 = 1$  for a simple case, that is mutations are symmetrical). With  $\exp = 1.1736$  a corrected number of mutations per marker is  $2.1736/2$  times higher, that is  $80 \times 1.0868 = 87$  generations. Check it at the bottom of the first page of the Table A, next to 0.16 (first column) and 80 (second column). It is 87. The last column shows 2175 years (the corrected value). Simple?

RESPONSE:

Ah. That explains a lot. Thank you very much.

Also, as you had explained, for the panels with 25 markers and more, logarithmic approach doesn't work.

My RESPONSE:

I understand that you want to play around with different combinations of markers; everyone does it or did it or will do it. It is a natural phase for a novice, however, I have done it years back and do not want to do it again. It does not make sense for me to take the Chandler rates with or without certain markers, this way leads nowhere.

I have a clearly defined set of mutation rate constants for more than 30 different haplotype formats, so why do I need the Chandler's table? Everyone has tried to work only with the slowest markers, etc., this is not a good way either, since you lose statistics. Only the fast markers are not good and only the slowest markers are not good. A good system should contain both, that is I remove nothing from those 67 markers.

Hence, you should ask yourself - either you are just playing with different combinations of markers to get a sense of it, or you want to create your own system for calculations. In the last case you are joining a huge crowd of

irreproducible approaches and irreproducible data, in which other people do not have any interest.

*>Also, as you had explained, for the panels with 25 markers and more, logarithmic approach doesn't work.*

No, it is not true. I have used logarithmic method not only with 25-, but also with 37- and 67-marker haplotypes. It all depends on a size of a dataset and on how "old" it is. For example, for a hundred of 25-marker haplotypes with a common ancestor of 800 years "old" as many as 24 haplotypes will be "base" (identical to each other). This will be perfect for 25 marker haplotypes. In fact, logarithmic method works fine with all complications of DYS464, since it does not consider a number of mutations, recLOH, etc. It just needs identical haplotypes.

## **О гаплогруппах и языках**

Эта дискуссия возникла в ответ на отрицания лингвистов и нелингвистов, что никакой связи языков с гаплогруппами не и, пожалуй, быть не может.

Это, конечно, недалекие представления. Естественно, никто не говорит о связи абсолютной, как любят говорить скептики, «исключительной», «однозначной» связи. Они постоянно пытаются подловить на «однозначности», на исключениях, на частных случаях. В гуманитарных науках вообще нет ничего «исключительного» и «однозначного», да и в науках естественных это тоже редкость. Иначе бы не было математической статистики. Тем более в новых науках, только зарождающихся и находящихся в стадии первичного накопления и осмысления материала. Другое типичное «возражение», что этого «нет в Википедии», нет в книгах и учебниках, не упоминается в «классических работах» 20-летней давности. Иной раз думаешь, где эти «ученые» получали свое образование и кто их учил способности к научному мышлению.

К дискуссии по теме про гаплогруппы и языки. Здесь есть несколько принципиальных положений. Первое - что гаплогруппа это род, а изначально род, во время его образования, имел, естественно, один язык. Вообще во время образования рода это был один человек, и естественно, у него был свой язык, как и язык его детей и внуков и правнуков. Так что род начинался одним языком.

Конечно, можно придумать ситуации типа "Маугли", когда сын терял язык, и принимал новый, но я сейчас говорю не об исключениях, а о типичной ситуации.

Итак, род в своем начале - один язык. Дальше - либо этот язык поддерживается родом долгое время, либо идут разные события, и языки теряются, относительно быстро меняются, сами рода и ветви исчезают, и так далее. Короче, то же самое, что и с генеалогическими линиями, ветвями, родами, людьми. В итоге, в гаплотипах и гаплогруппах к настоящему времени подходят всего несколько выживших линий, несколько доминирующих ветвей. Они ясно видны на дереве гаплотипов. Остальные, подавляющее большинство, до нашего времени не дожили. Так и в языках - в настоящее время остались несколько главных ветвей, остальные не дожили. Здесь система аналогична и очевидна.

Поэтому так же, как и в ДНК-генеалогии, можно анализировать эти лингвистические ветви в их динамическом развитии, и попытаться понять, используя подобные же приемы, откуда идут корни этих языков, и какие гаплогруппы были в их основе. Лингвистическим вариантом этого поиска является глоттохронология, которая страдает от массы нерешенных или недостаточно проработанных вопросов. Глоттохронология базируется на эмпирических подходах, отсюда трудности. Так и непонятно, насколько константа выпадения слов является константой (точнее, ясно, что не является, но вопрос - насколько можно считать, что с определенными допущениями является), насколько одни и те же константы применимы для языков разного строя, и так далее. ДНК-генеалогия точнее, потому что базируется на сугубо природных явлениях - частично обратимых мутациях в гаплотипах и практически необратимых (бинарных) мутациях в ДНК, которые являются необратимой меткой за времена жизни человечества.

Поэтому база для новой науки - это данные лингвистики, глоттохронологии, ДНК-генеалогии, их стыковка с привлечением любых независимых данных, которые могут помочь в разрешении проблемы. Такой науки еще по сути нет, она только возникает, но уже есть первые, очень обещающие данные. И когда неспециалист начинает вещать, что это все не имеет смысла, что нельзя связывать гаплогруппы (в древности) и языки (в древности), то возникает законное возмущение. При этом когда негативист выдвигает тупые положения, что "лингвистика не согласна", "лингвистика возражает", "вы против лингвистики", когда лингвистика эти вещи еще и не рассматривала, остается только удивляться, насколько его ментальность далека от подходов науки.

Пока есть, наверное, только один, но показательный пример идентификации гаплогруппы и языка в древности. Совершенно ясно показано, что принос арийских языков, которые в данном случае получили название индоевропейских, в Индию, был произведен гаплогруппой R1a1.



Об этом говорит и известное сходство санскрита и русского (украинского, белорусского, литовского и т.д.) языков, и одни и те же гаплогруппы R1a1 у "индоевропейских" индийцев (до 72% в высших кастах) и у этнических русских (до 62% в южных районах России - курская, орловская, белгородская области), и не только гаплогруппы, но и гаплотипы, которые практически идентичны вплоть до 67-маркерных гаплотипов.

Таким образом, оказалось возможным реконструкция дат и маршрутов праиндоевропейского языка. Это - положительный пример. Естественно, многое нужно уточнять, то суть уже ясна.

С другими языками и гаплогруппами ситуация намного менее ясная, но определенно должна быть подобная ситуация. В целом вырисовываются схемы для угро-финских языков, для тюркских и прото-тюркских языков. У доиндоевропейских языков в Европе должны быть, наверное, несколько источников-гаплогрупп. Из самых древних - гаплогруппа I, а также, по-видимому, гаплогруппы J2, G, E1b, и, начиная с 4800-4500 лет назад - мощное вливание языка (языков) гаплогруппы R1b. Обычно на Западе язык гаплогруппы R1b при ее прибытии в Европу постулируется как "индоевропейский", но ни одного доказательства этому нет. Просто индоевропейский, и всё. А как же? Ведь сейчас - индоевропейский. Но неиндоевропейские языки в местах преобладания древних R1b говорят об обратном. Лингвистика под этим углом пока, насколько я понимаю, это и не рассматривала.

Поэтому когда негативист вещает о том, что "лингвистика против", и начинает называть "бредом" работы лингвистов, которые только начали прорабатывать этой вопрос, остается только пожимать плечами. Естественно, у этих лингвистов не может быть, чтобы все было совершенно правильно. Так ни у кого не бывает. Но надо аргументировано отводить одни варианты, подтверждать другие, в общем, чем наука и занимается.

Я в своей концепции исхожу из того, что на первой части своего миграционного маршрута по Евразии гаплогруппа R1b определенно связана с (современными) тюркскими языками, и ее возраст - от 16 до 6 тысяч лет назад. То есть язык ее носителей был с хорошей вероятностью прототюркским. Не обязательно начиная с 16 тысяч лет назад, те времена по представлениям современных лингвистов бали временами ностратических языков. Это можно анализировать, можно внимательнее рассмотреть, на каком ФАКТИЧЕСКОМ материале лингвисты определяют дату распада ностратических языков 15-13 тысяч лет назад, и насколько такая датировка на самом деле обоснована.

Далее маршрут гаплогруппы R1b доходит до Кавказа, датировка опять 6 тысяч лет назад (по гаплотипам), и опять в ряде случаев (современные) тюркские языки. Вопрос - автохтонные, уходящие как минимум до 8-6 тысяч лет вглубь, или принесенные и навязанные недавно, уже в нашей эре? Это тоже можно анализировать. Возможно, окажется и то, и другое, но это тоже можно анализировать.

Далее, путь гаплогруппы R1b проходит в Анатолию и к шумерам (возможно). Следы тех же языков, что на Кавказе? Следы тех же, что в Поволжье (тюркские и прототюркские)? Это можно анализировать. То, что получило название сино-кавказские языки? (см. статью в этом выпуске Вестника).

Далее, путь к берберам, к изоляту R1b в Камеруне и Чаде, к баскам. Те же языки (с учетом динамики, конечно), что в Поволжье, на Кавказе, в Анатолии, у шумеров, берберов, Камерун/Чад (возможная компонента)? Это тоже можно анализировать.

Далее, доиндоевропейские языки Европы, их можно долго перечислять. Те же языки (их компоненты), что в Поволжье, на Кавказе, у шумеров, берберов, басков? Это тоже можно анализировать.

Есть такой анализ? Наверное, есть фрагменты. Еще в 19-м веке было показано, что языки пиктов и басков сходны. Показано, что язык басков в ряде положений сходен с некоторыми кавказскими языками. Так что пока мозаика складывается. Но нужно анализировать дальше. А дальше это может привести и к определенному месту этой цепи языков и бореальной и ностратической системе.

И говорить сейчас, что это "против лингвистики", что "лингвистика возражает" - это просто показывать свою некомпетентность и неспособность к пытливному научному мышлению.

## **О возрасте гаплогруппы R1b1b2 на Кавказе**

Дискуссия возникла с вопроса, почему разные источники датируют появление (или пребывание) носителей гаплогруппы R1b на Кавказе по-разному.

По моему разумению, единой даты просто не может быть. Есть три источника подобной информации - 1) расчеты по гаплотипам R1b1 с их интерпретацией, 2) археологические данные, которые именно на R1b1

никогда не указывают, так что там просто некие догадки, на чем-то основанные или (скорее) не основанные ни на чем, кроме как на наличии «материальных признаков» с их порой радиоуглеродным датированием (скорее исключение, чем правило), и 3) просто общие соображения, по типу "я так вижу". Да, еще есть лингвистика, но там вообще дело крайне смутное, и, как правило, в подобных случаях базируется просто на песке в отношении древних языков и тем более их датировок.

Что дает ДНК-генеалогия? Она дает возраст субклада R1b1b2-M269 на подходе, а именно между Поволжьем и Кавказом, как возраст 7600 лет, она дает возраст R1b1 этнических русских около 7000 лет, она дает возраст R1b1b2 на Кавказе примерно 6000 лет. Но это - по выжившим потомкам, линиям и гаплотипам наших современников. Она, как правило, до дна не достает. Но что есть, то есть. Поэтому дата 6000 лет для R1b1b2 на Кавказе это верхний потолок, то есть ближний к нам.

То, что дает археология - могут быть и древние G, и J2, и J1, и E. Может и что еще. Поэтому там просто можно зафиксировать возраст (с которым тоже непростые отношения) и гадать, кто бы это мог быть. Сопоставлять материальные, культурные признаки с таковыми на других территориях.

Что касается R1a1, то у нас пока данные, что R1a1 появились на Русской равнине 4800 лет назад, и на Кавказ они пришли 4500 лет назад, а Анатолию - 4000-3600 лет назад. Дата 5200 лет для R1a1 на Кавказе мне незнакома, и было бы интересно узнать, на чем конкретном она базируется, кроме как на интерпретации Велесовой Книги. Я не могу исключать, что R1a1 были в Анатолии и Малой Азии 12-10 тысяч лет назад на пути с востока на Балканы, но никаких конкретных данных к этому нет. К этому есть только два косвенных положения - 1) чтобы спасти анатолийскую теорию "индоевропейских языков" (ясно, что не "анатолийскую прародину"), и просто предполагать, что в Анатолии будущие арии проходили в те времена и несли с собой язык, и 2) археология в Анатолии и Малой Азии с датами стоянок 10000, 9800 и 9500 лет назад в восточной, средней и западной Турции, соответственно. Но это могли быть опять же G, J2, J1, E, не только R1a1. В общем, мы не знаем. Западные авторы постулируют, что это были R1b1 (например, Balaresque et al, 2010), но именно постулируют. Ни с чем, на мой взгляд, это не согласуется.

**Соображения при чтении автореферата диссертации на соискание ученой степени доктора биологических наук Кутуева И.А. «ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕОГРАФИЯ НАРОДОВ КАВКАЗА», Уфа, 2010**

<http://vak.ed.gov.ru/common/img/uploaded/files/vak/2010/announcements/biolog/02-08/KutuevIA.pdf>

Информация богатая, что делает работу значимой. К сожалению, поскольку работа сделана по канонам "популяционной генетики", она содержит целый ряд ошибок и погрешностей. Но тут ничего не сделать, это системные проблемы популяционной генетики вообще и российской попгенетики в частности.

Одна крупная ошибка - это использование в работе "метода Животовского", что моментально обесмыслило все временные расчеты по датировкам гаплотипов и субкладов. Величина ошибки непредсказуема, она зависит от популяции, и обычно гуляет в диапазоне ошибки от 150% до 400%. Поэтому там, где у диссертанта 12 тысяч лет, это может быть и 3 тысячи лет, и 5, и 8 тысяч. То есть датировки в самом деле никакого смысла не имеют. А автор сопоставляет их с датировками климатологов и археологов, что делает работу в этом отношении еще хуже, чем она на самом деле есть. Что странно - метод Животовского давно рассмотрен и отвергнут, неужели диссертант совсем не следит за обсуждениями предмета его исследований?

Далее, автор постоянно напирает на субклад R1a1-M458 и его значимость для популяций Кавказа, более того, на нем (в частности) делает вывод, что миграций из Европы на Кавказ почти не было (или были незначительные). Но дело в том, что этого субклада на Кавказе и быть не должно, если не считать случайных "туристов". Этот субклад происхождения польско-украинско-белорусского, и целиком ушел на запад примерно 2500 лет назад, осев в Центральной Европе и среди западных славян. Сам автор, П. Андерхил (хотя эти выводы по ЦЕ и ЗС, он, конечно, сделать не мог) тоже пришел к выводу, что миграций на восток этого субклада не было. Что, диссертант об этом не знает? Поэтому для Кавказа этот субклад совершенно неинтересен и не показателен. Его могли оставить, скажем, солдаты-украинцы или белорусы, служившие в тех краях, или что-то в этом роде.

То, что диссертант пишет, что им "впервые показано существование отчетливого потока генов из популяций Восточной Европы в популяции Кавказа", говоря в первую очередь о R1a1, то это немного смешно. Не

говоря о том, что R1a1 - это не гены, а негенные области Y-хромосомы. Генами диссертант, как я понимаю, и не занимался.

Далее, диссертант все время педалирует, что гаплогруппа R1b1 пришла на Кавказ из Передней Азии и из Ирана (что, в общем, одно и то же в данном контексте). Никаких доказательств к этому не дается, просто повторяются некие клише. Митохондриальные - может быть, не знаю, но не R1b1b2, тем более что автор сам пишет, что корреляций между мтДНК и хромосомными данными практически нет. Дело в том, что в Иране R1b1 тоже очень мало. В недавней статье Muges, специально посвященной R1b, показано, что основное скопление R1b1 в Азии (авторы смотрели только до Урала) - в Поволжье, у башкир. Кавказ на картах зачернен не в пример сильнее Ирана. Показаны 14 карт, по субкладам, и практически на всех в Иране просто белое пятно, ничего нет. Наконец, вот цифровые данные по Ирану - из 150 протестированных человек гаплогруппу R-M207, то есть R как таковую, имеют 0, гаплогруппу R2 - 1.3% (то есть 2 человека из 150), R1b-M343\* - 0, и древний V88 (которого на Кавказе нет) 0.7%. R1b1b2-M269 в Иране тоже меньше, чем в Поволжье (где ее общий предок датируется 7600 лет назад), и в таблицах в статье вообще не отмечается (а вот в Турции - есть и отмечается). Субклада этой группы, R-L23, в Иране тоже не отмечено (из 150 человек), а у башкир и на Кавказе 29 и 32 человека, соответственно. В Пакистане - всего 5 (из 176 человек). В Турции - 58 из 611 человек (9.5%). Короче, в Иране R1b практически нет, а в Поволжье и на Кавказе масса. Что, диссертант об этом не знает? А если не знает, зачем постоянно педалировать Иран, когда их там нет или мало по сравнению с Кавказом? И в Поволжье они что, из Ирана появились? Нет, они из южной Сибири, с Алтая и прилегающих краев. Не зря их нет ни в Индии, ни в Пакистане.

Так что и здесь у диссертанта прокол. Он пишет - "наличие гаплогрупп G, J и R1b1b2-M269 свидетельствует о преимущественно переднеазиатском происхождении генетического пула Кавказа". Он что, не понимает, что это разные рода и передвигались они исторически разными путями, и разными путями пришли на Кавказ? Гаплогруппа G может и из Ирана, вытесненная отсюда ариями (R1a1) начиная с 3500 лет назад и далее медянами-R1a1; J1 и J2 - из Месопотамии и Средиземноморья, может, и из Ирана, а R1b1b2-M269 - с севера, от "курганной культуры" и ей предшествующих, включая и средневожскую культуру, и сероглазовскую.

Хотя далее сам же диссертант пишет, что Alu инсерция в популяциях Кавказа такая же, как и в Волго-Уральском регионе и в Центральной Азии. Такая же величина "генетической дифференциации" этой инсерции на Кавказе и в Волго-Уральском регионе. Неужели у диссертанта в голове не

зашевелилось, что это неспроста? Что это отражение миграций на Кавказ именно оттуда? Нет, видимо, не зашевелилось. И никто не подсказал.

То, что у чеченцев много J2a (47%) - интересно. Это явно вбрасывание с юга. Может, от ингушей. У них есть и J1, и R1a, и другие гаплогруппы.

Автор злоупотребляет некими постулатами, даже не сообщая, что это просто постулаты, а просто пишет - "распространение трех субклейдов... I1\*, I2b и I2a... шло из трех европейских рефугиумов (Франко-Кантабрийского, балканского и стоянки на юге современной Украины)". Ни ссылок, ничего. Откуда он это взял - непонятно. Очередная басня? Нет же у автора ничего, что бы это подтверждало, никаких данных. И ни у кого в мире нет. Похоже, что у них там на юге Украины было общежитие - и R1a1 туда прописывали, теперь вот I2a. I1\* вообще пока не нашли, только после бутылочного горлышка 3500 лет назад, а диссертант уже знает, где она зимовала, не видя самой гаплогруппы.

Но поскольку диссертация по «популяционной генетике», то ладно, будем считать эти «исторические экскурсы» просто недоразумением. Не нужно было диссертанту вообще касаться вопросов истории, раз не умеет ни считать, ни интерпретировать эти данные. Ограничился бы статичной «популяционной генетикой», просто описав, где какие гаплогруппы, и все было бы нормально. Никак этого «попгенетики» не поймут.

# ПОЛЕМИКА

## Предисловие (А.А. Клёсов)

Несколько месяцев назад я направил в редакцию журнала «Вопросы языкознания статью» про возможное происхождение (прото)тюркских языков, опубликованную в январском выпуске Вестника. Предположительный ответ редакции я в целом мог предсказать, но было интересным узнать реакцию лингвистов на ДНК-генеалогию, ее методологию, характер ее выводов.

В общем, реакция была ожидаемой, только намного хуже. Интерес оказался нулевым, и даже отрицательным. В рецензии не было проявлено даже минимального интереса в ДНК-генеалогии, да и вообще не в чем. Вспоминается ответ В.В. Иванова на вопрос, почему лингвисты не привлекают данные археологии для своих концепций. Ответ был - потому что не согласуются с нашими данными.

Понятно, что с их точки зрения наши данные (и мои в частности, может и в особенности) не только не согласуются, но и выглядят просто несуразными. Я прекрасно понимаю, что некоторые из них, может и большинство, может и все, нуждаются в исправлениях и корректировках, или в аргументированном опровержении, и это само по себе уже было бы важным для лингвистики (и для нас) переоценкой исходных положений лингвистов, часто построенных на песке, о чем они должны знать. (Вспоминается фраза Иллича-Свитыча, которую он произнес, глядя на карту - "А что если нам поместить прародину индоевропейцев на Балканы?"). Вот это "а что если" - в немалой степени часть методологии лингвистов, да и не только у них.

Но судя по ответу рецензента из "Вопросов языкознания", даже обсуждение подходов ДНК-генеалогии их не интересует. Мне было отвечено, что никаких неясностей во взаимоотношении ИЕ и тюркских языков не существует, оба образовались из ностратического 15-13 тысяч лет назад, причем тюркская ветвь отделилась в середине 1-го тыс до н.э., а сами тюркские языки сформировались в начале нашей эры. Никаких прототюркских языков, стало быть, и не существовало, не о чем и говорить. Баскские языки - сино-кавказской группы, поэтому никаких прото-тюркских там нет и не было.

И не приходит в голову лингвисту-рецензенту, что в эту (гипотетическую для многих же лингвистов) сино-кавказскую группу определяют языки от

енисейских до кавказских до шумерских до баскских до лигурийских до этрусских до лемносских, то есть весь миграционный маршрут гаплогруппы R1b, в первой половине которого там современные тюркские языки. Да если даже и нет - все равно "эрбин". А с учетом того, что в эту группу определяют и нивхские, и америндские на-дене, то вот и гаплогруппа Q вылезает. С учетом того, что по последним данным гаплогруппа Q ушла в Америку 46 тысяч лет назад (радиоуглеродный анализ; по моим оценкам там было 45-40 тысяч лет, см. выпуск Вестника за август этого года), то есть за 30 тысяч лет до "распада ностратического языка", то это означает, что ностратический язык был вовсе не неким аморфным бульоном, а уже всю дифференцировался еще 50-40 тысяч лет назад.

Я помещаю здесь только те замечания лингвиста-рецензента, на которые я ответил. Остальные не стоят и внимания.

### **Ответ-комментарии автора (А.А. Клёсов) по отзыву на статью «Основная загадка во взаимоотношениях индоевропейской и тюркской языковых семей и попытка ее решения с помощью ДНК-генеалогии: соображения нелингвиста»**

Автор признателен рецензенту за рассмотрение статьи, и, в общем, не удивлен. Примерно то, что по сути ожидалось. Это напоминает письмо мне от читателя, что такого быть не может, потому что не отражено в Википедии. Иначе говоря, в ответ на мои конкретные данные и датировки, полученные при изучении миграций народов количественными методами с применением новых подходов, получаю ответ, что таких датировок и данных современная лингвистика не знает. Немудрено, что не знает. Иначе наука не развивалась бы.

На самом деле статья была о том, что некий древний род (в генетическом смысле), мигрируя со стороны Южной Сибири, от Алтая, прибыл в Европу после тысячелетий миграции, и принес с собой неиндоевропейский язык. Возможные остатки от этого языка - баскский, пиктский, пракеельтские языки и другие доиндоевропейские языки в Европе. Сейчас этот род занимает по численности почти две трети центральной и западной Европы и говорит на индоевропейских языках. Вопрос - что это был за доиндоевропейский язык? В смысле - откуда взялся? Кто его принес?

Вот о чем статья.



В статье высказано предположение (отнюдь его не абсолютизируя), что это был прототюркский язык. Высказано на основании двух основных положений. Первое – что сами тюркологи находят тюркский субстрат в современных европейских языках, и второе – что по крайней мере первая половина этого миграционного пути связана с современными тюркскими языками, а вторая половина (после разрыва между Поволжьем и Кавказом) связана с кавказскими языками, шумерскими, древнеегипетскими, берберским, баскским и другими праИЕ языками Европы. Вопрос – был ли это один и тот же язык древности в его естественной динамике? Мог ли это быть тот прототюркский язык, который так трудно сейчас узнать из-за напластования тысячелетий?

Вот о чем статья. Как я и писал, в ней (по понятным причинам) не проводился лингвистический анализ. В ней было обрисовано возможное направление лингвистического анализа.

Что я ожидал от рецензии в лучшем случае, прекрасно понимая, что лингвисты не знакомы с методологией ДНК-генеалогии?

Что:

(а) лингвисты давно провели подобный лингвистический анализ, именно в поисках прототюркского субстрата в перечисленных (и других) праиндоевропейских языках Европы, и, несмотря на их старания, такой субстрат не был обнаружен,

или

(б) анализа под таким углом не проводилось, практически ничего в этом отношении сказать нельзя, вопрос остается открытым.

или

(в) вопрос мало изучен, но имеются определенные данные, не противоречащие данному предположению.

Но я получил четвертый ответ, в котором ни о первом, ни о втором, ни о третьем не было и речи.

Так ЧТО мне (и редакции) сообщает уважаемый рецензент?

В ответе было вот что:

- 1) Тюркологи, на которые я ссылаюсь, являются или любителями, или маргиналами от науки.

[мой ответ: принимается как вероятный консенсус определенной группы лингвистов. Но это не есть ответ на основной вопрос статьи, даже если они маргиналы. Ноготь, так сказать, остается невырезанным]

- 2) Мои предположения являются безумными с точки зрения современной лингвистики.

[мой ответ: принимается как парафраз, что мои предположения являются новыми и оригинальными, и если подтвердятся, то это будет прорыв в современной лингвистике. Но для этого нужно ответить в стиле (а), (б) или (в), см. выше]

- 3) Что тюркская семья входит в алтайскую семью, алтайская, как и индоевропейская, - в ностратическую макросемью, и что тюркская семья - молодая, примерно как славянская по глубине.

[мой ответ: спасибо за азбуку, я имею представление. Но это опять не о том, о чем статья].

- 4) Что "никакая гаплогруппа, возникшая 16 тысяч лет назад, не могла возникнуть на тюркоязычном человеческом материале, поскольку образование тюркской языковой семьи не может быть по лингвистическим соображениям датировано ранее середины 1 тыс. до н.э."

[мой ответ: я нигде не связываю гаплогруппу 16 тысяч лет назад, или ее потомков 16-4 тысячи лет назад - а именно об этом периоде речь - с современными тюркскими языками. Как не связываю древних ариев с современными славянскими языками].

- 5) Что распад алтайской языковой семьи и выделение тюркской ветви датируется приблизительно 6-м тыс. до н.э., и что «даже распад... ностратической макросемьи (объединяющей в себе, в частности, алтайские и индоевропейские языки... датируется от 13 до 11 тыс. до н.э.»

[мой ответ: это совершенно не противоречит тому, о чем я пишу. А пишу я о том, что 21 тыс лет назад образовался род, ставший впоследствии «индоевропейским», это род R1a1, а 16 тыс лет назад образовался род, ставший впоследствии неиндоевропейским, каким и прибыл в Европу 4800-

4500 лет назад. Это – род R1b1. Примерно 10-6 тысяч лет назад этот род заселял среднюю Волгу, археологические культуры указаны в статье, тогда же и там же жили предки современных башкир того же рода R1b1. Это время, по данным лингвистов, и соответствует примерно времени выделения (прото)тюркской ветви. Так что никакого противоречия нет].

- 6) Что баскский язык «уж точно не является родственным тюркским языкам».

[мой ответ: это или сугубо эмоциональное восклицание рецензента, не имеющее научной ценности, или осознанное заявление на основе специально проведенных исследований. Из приведенной фразы это заключить невозможно. Насколько мне известно, баскский – язык неклассифицированный, в отношении которого есть ряд противоречивых мнений. Известны находения параллелей между баскским и пиктским языками, и тот, и другой – в основном род R1b1, как и многие популяции Кавказа и Поволжья. Так что здесь ДНК-генеалогия дает лингвистам подсказку, которую вряд ли стоит отвергать с порога, не разобравшись].

- 7) Что «с индоиранцами на территории Европы – более спорный вопрос (см. спорные труды О.Н.Трубачева по этой тематике; бесспорно только, что они бывали в Восточной Европе, про Западную же, кажется, никто пока не догадывался)»

[мой ответ: «индоиранцы» в данном контексте – это или жуткий жаргон или элементарная неряшливость. Не знаю, как ее терпит современная лингвистика. Речь, как понимаю, идет о наличии пра-индоевропейских, а попросту говоря, арийских языков в Европе, Восточной и Западной. Носители этих языков в древние времена – род (гаплогруппа) R1a1, те же (члены того же рода) принесли арийские языки в Индию и Иран. Если лингвисты «не догадывались», то вопрос о R1a1 в древней Европе, как Восточной, так и Западной, достаточно проработан в ДНК-генеалогии].

- 8) Что «автор отождествляет носителей гаплогруппы I с носителями баскского языка», и что «они никак не могли быть носителями баскского языка в 4 тыс. до н.э., только предка баскского языка. Баскский язык никак не может быть пратюркским или его предком, он существует сейчас, а пратюркский существовал в сер. -1 тыс. – на рубеже н.э.»

[мой ответ: мы с рецензентом говорим мимо друг друга. Во-первых, не гаплогруппы I, а гаплогруппы R1b1b2, но это детали. Носители этой гаплогруппы как являются носителями современного баскского языка, так

являлись и носителями древнего баскского языка. Гаплогруппа никуда не девается, она остается той же и спустя десятки тысяч лет. Выше рецензент писал, что «выделение тюркской ветви датируется приблизительно 6-м тыс. до н.э., а в этом замечании уже уходит на рубеж нашей эры. Я далек от того, чтобы придирааться, но надо все-таки держаться четких ориентиров. По времени баскский язык в Европе был принесен между 4800-4500 и 3700 лет назад, что, помимо его неиндоевропейского строя, не противоречит быть прототюркским того времени. Просто надо дать четкие определения, что есть прототюркские языки, иначе без этого трудно обсуждать, и даже рассматривать замечания рецензента.

- 9) Что «профессионалы не предполагают родства тюркских языков с баскским».

[мой ответ: см. выше п. 6. «Не предполагают» - это хороший оборот в данном контексте. Хотелось бы, чтобы рецензент опирался на конкретные работы и на ссылки. Не обязательно их мне сообщать (это было бы слишком хорошо и доброжелательно), но хотя бы для себя].

В общем, ситуация ясна. Я еще раз отмечу, что благодарен рецензенту за рассмотрение моей статьи, но, похоже, ребенок выплеснул вместе с водой.

Прошу ознакомить с моим ответом уважаемого рецензента. Если его заинтересуют некоторые аспекты ДНК-генеалогии, буду рад его ознакомить.

Анатолий А. Клёсов  
Бостон

\*\*\*\*\*

Как и ожидалось, рецензент не ответил.

**ОТВЕТЫ НА ВОПРОСЫ**  
**радиослушателей передачи Агентства Русской Информации**  
**(АРИ), вышедшей в эфир 1-го октября 2010 г. Ведущий**  
**передачи - историк Владислав Карабанов (<http://ari.ru/radio>)**

**Анатолий А. Клёсов**

1.

>Как быть тем кто по этой генеалогии не вписывается в русский народ, но сам осознает себя русским?

ДНК-генеалогия не «вписывает» и не «выписывает» кого-либо в русский народ, как и в остальные народы. Народ – это относительно недавнее образование, обычно не более одной-двух тысяч лет, а ДНК-генеалогия оперирует многими тысячелетиями, а порой и десятками тысяч лет. ДНК-генеалогия оперирует родами (в терминах этой науки – гаплогруппами), которые произошли от одного общего предка. Каждый род имеет характерную мутацию в ДНК ВСЕХ членов рода, и общий предок – это тот, у которого эта мутация впервые появляется, и которая наследуется всеми членами рода, в ходе тысячелетий.

Как по кругам на воде можно вычислить, откуда эти круги пошли (например, где плеснула рыба, или куда бросили камень), так и по мутациям в ДНК можно вычислить, откуда эти мутации пошли и с какого времени. А отсюда понять, где и когда жил общий предок рода, иначе говоря, откуда и когда пошел определенный род.

Русский народ более чем на три четверти состоит из трех родов – это:  
-- род R1a1 (в среднем 48% русских, это – восточные славяне),  
-- род I (23% русских, которые делятся на северных славян – например, балтийских, скандинавских, а также древних русских, которые жили на Русской равнине с незапамятных времен, и южных славян, балканских), и  
-- род N1c (14% русских, это в основном угро-финский, уральский род, а до того – южно-сибирский, алтайский)

Остальные 15% – это еще с десятков других родов, «средиземноморский», «кавказский», «монгольский», «древний курганный», «греческий» и другие, которых у русских от 5% («древний курганный») и ниже, до 0.4% («монгольский»). Здесь все названия условные, хотя все они имеют определенную привязку к указанным терминам.

Все это русские люди, этнические русские, и все справедливо осознают себя русскими. Русский народ – это братское и равноправное объединение всех этих родов, которое сложилось – по официальной истории - в течение последних полутора тысяч лет, а на самом деле и раньше.

2.

Москва

>...Есть мнение, что именно понимая, как сильно генетика может повлиять на сложенную таким трудом "историю" в её нынешнем прочтении в СССР и объявили генетику лженаукой. Можете прокомментировать?

Не стоит считать тех невежд такими ясновидящими. Все было гораздо проще. Просто «начальникам от науки» того времени, в конце 1940-х годов, нужно было узаконить свои личные идеи о том, что самый главный фактор в развитии организмов – это среда, и что меняя среду можно развернуть развитие организма (а заодно и общества) в любую сторону. А тут, понимаете, некие гены, которые придумали враги народа. С «врагами» жестоко расправились, генетику и генетические исследования запретили, и продолжалось это до середины 1960-х годов. В результате этого советская, а далее и российская генетика отстали от мирового уровня практически навсегда. Вот такие последствия действий «начальников от науки» в условиях репрессивного общества.

3.

>Мормоны имеют самые большие генеалогические базы. Не проявляют ли они интереса к А. Клёсову?

Нет, не проявляют. А зачем им? Один из краеугольных камней религии мормонов – что американские индейцы произошли от евреев, и что индейцы – потомки потерянных «12 колен израилевых». Священное Писание мормонов, под названием "Книга Мормона - Новые свидетельства об Иисусе Христе" упоминает Америку и американских индейцев в главе 13 Первой Книги Нефия под заголовком "История Америки предвещается", стих 13: "И было, что я увидел, как Дух Божий воздействовал на других иноверцев, и они, выйдя из неволи, также перешли большие воды". В примечании к главе Книга говорит, что это - об американских индейцах, стих 14: "И было так, что я увидел великое множество иноверцев в земле обетованной, и гнев божий на потомстве братьев моих, и увидел, как они были рассеяны и поражены иноверцами".

Казалось бы - при чем здесь американские индейцы, когда "отделенная большими водами" может быть и Австралия, и Полинезия, не говоря, скажем, об Италии за Средиземным морем. А иноверцы могут быть и

австралийские аборигены, и кто угодно за соответствующими "большими водами". Ан нет - во вступном разделе к Книге Мормона, озаглавленном "Некоторые интересные сведения в Книге Мормона" говорится, что глава 13 Первой Книги Нефия - это "История Америки предсказана 2500 лет назад", и что стих 14, целиком воспроизведенный выше - это "Участь Индейцев".

Чтобы понять, откуда появилась Америка вообще и индейцы в частности в интерпретации указанных отрывков, поскольку сама Книга этих слов не приводит, можно обратиться к разделу "Происхождение Книги Мормона", вступном в саму Книгу. И вот что там есть по словам самого Иосифа Смита, который явил миру Книгу Мормона в 1830 году, в описании явления ему вестника по имени Мороний, посланного к Смигу от имени Бога: "Он (Мороний - АК) мне сказал о сокрытой книге, написанной на золотых листах и содержащей историю прежних жителей того материка (Америки) и источник их происхождения". Слово "индейцы" посланник Мороний тоже не употребил, как, впрочем, и Иосиф Смит, и остается только гадать, каких "прежних жителей того материка" посланник имел в виду.

Короче, ДНК-генеалогия показала, что американские индейцы к евреям не имеют ни малейшего отношения. Так что вряд ли мормоны, точнее, их начальники, мной и моими исследованиями заинтересуются. Книгу-то Священного писания Мормонов продолжают тиражировать...

#### 4.

>Какие ещё интересные исследования сделаны ДНК-генеалогией?

Уже очень много. В конце сайта <http://aklyosov.home.comcast.net> помещены ссылки на журнал «Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии», который вышел уже в 21 номерах (с сайта - бесплатное скачивание), объемом более трех тысяч страниц, и там много этих интересных исследований описано. Это и изучение прибытия ариев (гаплогруппа R1a1, та же, что и у половины этнических русских) в Индию 3500 лет назад, и рассмотрение ископаемых гаплогрупп с датировками 4600 лет назад, 3600 лет назад, 2000 лет назад - в Зауралье, в Германии, в Монголии и Китае, и связь их с ДНК наших современников, и когда предки современных западноевропейцев прибыли в Европу, и связь антропологии с ДНК-генеалогией, и связь лингвистики с ДНК-генеалогией, и про походы древних кимбров в древнюю Римскую империю, и про то, что древние шотландские аристократические рода зачастую имеют ту же гаплогруппу, что и этнические русские (R1a1), и что ту же гаплогруппу имели многие древние викинги, и откуда появились древние европеиды в Китае, и откуда пришли в Америку древние предки американских индейцев, и как

рассчитывать времена жизни наших предков по мутациям в ДНК, и многое-многое другое.

5.

>Как появилось название народа "русский", ведь были Великоросы, малоросы и белорусы.

ДНК-генеалогия на этот вопрос ответить не может, названия народов в ДНК не записаны. В общем, на этот счет имеется много версий, но ДНК-генеалогия предпочитает не толпиться вместе с гадалками, а заниматься своим четким делом. Если я сейчас напишу одну версию про название «русский», ее тут же оспорят десяток других. Мне такая игра в угадку неинтересна.

6.

>Не является ли название "русский народ" дискредитированным православием и социализмом. Не стоит ли выработать новое устойчивое самоназвание для национально мыслящих Русов?

Нет, вовсе не является. Нашим предкам такая постановка вопроса очень не понравилась бы. А это – важный критерий, когда хотите что-либо ломать. И вообще, я бы не стал так насаждать на православие. По тому же критерию. В стране миллионы православных, верующих всей душой, зачем же их оскорблять?

7.

>Кто спонсирует такие генеалогические исследования и с какой целью?

Если вы про меня – то я не получаю и не получал ни копейки (и ни цента) ни от кого, всё – из моего личного кармана. Так что я сам себе спонсор. Если вы об академической науке – есть правительственные гранты (в США, например), на которые подают на общих основаниях. В России исследования оплачиваются в системе Российской Академии наук, по программам «популяционной генетики», но там несколько иное направление, хотя и связанное с изучением ДНК. Вопросами истории они практически не занимаются.

Цель – познание нового, как и в любой науке. ДНК-генеалогия разрабатывает новую исследовательскую методологию, которая позволяет взглянуть под совершенно другим углом на историю, археологию, лингвистику, связать эти науки с миграциями древних народов, провести новые связи и параллели, объединить то, что раньше казалось в науке совершенно не связанным. Вот это и есть и цель, и средство, и достижение.



8.

>Интересно существует ли положительная динамика в посещении Вашего сайта и как Вы считаете есть ли перспектива у Русского национального движения. По моему наблюдению ,ещё 5 лет назад в интернете нелегко было найти подобные сайты,а сейчас огромное множество оных, хотя и много мусора и провокаций.

Вы сами ответили на свой вопрос. Только я бы внес ясность в то, что такое Русское национальное движение. На мой взгляд, это движение, которое направлено на принципиальное повышение благосостояния, духовного и материального уровня русского народа, но не за счет принижения других народов, как в духовном, так и в материальном отношении. ДНК-генеалогия сама вряд ли поднимет материальный уровень народа, но духовный, интеллектуальный – безусловно. А это в свою очередь неминуемо поднимет материальный уровень. Своими историческими корнями интересуется только свободный, раскрепощенный человек. Раб своих корней не знает, ему они неинтересны.

Резкое увеличение количества сайтов может быть связано просто как с расширением интернета, увеличением доступа к нему, так и, действительно, с интересом к «русскому национальному вопросу». Но здесь палка о двух концах – часть из них действительно мусор и провокации, человеконенавистнические утверждения и призывы, а часть (хотелось бы верить, что подавляющее большинство) – направлены именно на то, что я обрисовал выше – на подъем духовности, национальной гордости (и это хорошее чувство, предки бы это одобрили) и братства между народами. Всегда лучше подниматься с народами вместе, чем топтать кого-то. Тогда подъёма на самом деле не получается.

Я бы не хотел ставить себя в пример, но я с удовольствием изучаю и славянскую ДНК-генеалогияю, и у финно-угров, и у евреев, и у тюркских народов, и у многих других. И имею у всех хорошую репутацию. Плохо ли? Хотя славяне мне, конечно, ближе, у меня на 14 поколений вглубь, до 1575 года (куда я пока докопал) профессиональные военные, потомственный военно-боевой состав, гаплогруппа R1a1. Я в своем роду первый невоенный. Но ощущения не оставляют. Историческая память.

9.

>Где можно узнать про северную ветвь славян - R1N ?

Вы хотите сказать N1c. Найдите на сайте, указанном выше, Вестник №1 и №3 за 2009 год, там три больших статьи на эту тему.

10.

>Язычество - скорее мировоззрение, чем религия. Поэтому совсем необязательно "устраивать пляски вокруг пня", как это почему-то понимают христиане. Достаточно чувствовать свою связь с природой и природными силами, это внутреннее чувство. Многие язычники считают обязательным проведение ритуалов, но, как мне кажется, на определённом этапе развития это становится просто неактуальным. Хотя, у меня, например, прадед был язычник и колдун, я его хорошо помню. Лечил людей заговорами. Остальные в семье были неверующими, христианству никто не учил. Притом, был период, когда я сама отчаянно пыталась стать "доброй христианкой", но слишком пристальное изучение предмета отвратило меня окончательно и бесповоротно. А уж языческих ритуалов и переделанных праздников в православии столько, что это вообще трудно назвать христианством. А вопрос такой - если уж говорить об ариях и Индии и русах...не значит ли это что свастика и есть главный символ Русов?

Нет, не думаю, что свастика - главный символ. Во-первых, свастика - древний символ многих народов, племен, сообществ людей. Здесь вряд ли возможно выделение какого-то одного народа. Далее, я не знаю, можно ли назвать «русами» тех, кто пришли в Индию и на Иранское плато 3500 лет назад, это вопрос определений. Праславянами их назвать определенно можно, точнее, их братьями. Те, кто ушли, славянами уже не стали, стали индусами. Русы - это скорее западный и северный контингент, гаплогруппы R1a, I, N1c. Свастика к двум последним вряд ли относится. Да и вообще, в современном российском (и мировом) сообществе приходится считаться с реалиями, что свастика была символом (узурпированным, но от этого не легче) нацистской Германии. Поэтому размахивать свастикой в современном обществе - дело заранее проигранное. Одно дело исторические труды, музеи, профессиональные выставки, и другое - знамена со свастикой и символы на заборах. Профессиональная гинекология - одна вещь, а ее объекты на заборах и на плакатах - тоже могут не понять. С реалиями приходится считаться.

11.

>Кем являются фино-угорские племена? Почему с одними мы вполне благополучно живем в одной стране, а с другими не можем, например с эстонцами.

Это уж вы спросите у тех эстонцев, которые до сих пор помнят, как увозили в сибирские лагеря или расстреливали силами НКВД эстонцев сотнями, если не тысячами после «братского воссоединения» с прибалтийскими странами. И не только помнят, а десятилетиями рассказывали детям и

внукам. Такое, увы, долго не забывается. Эта параноидальная государственная репрессивная политика СССР таким боком встала, что до сих пор тошнит. И не только эстонцев, но и все подряд «братские народы». Не говоря уже о самом русском народе. Я был в Чехословакии в 1967-м, ДО известных событий, и нас, русских, советских, там на руках носили. Потом я побывал после, и страну было не узнать. Откровенная и массовая ненависть. Хорошо, что сейчас ситуация в целом выправилась, но такой любви к нам там уже не будет. Именно потому я и написал выше, что нельзя строить свое национальное благополучие за счет других народов. Это – путь к несчастью, а не к благополучию.

12.

>А может Велесова Книга, которая является безусловно подделкой тоже написана по типу работ Фоменко?

Откуда здесь слово «безусловно»? Тот же стиль, по которому генетика была «безусловно» лженаукой, вам не кажется?

Для меня, например, Велесова Книга является критерием, по которому я отличаю вдумчивых людей от агрессивных невежд, уж извините. Я, например, не знаю, насколько текст Велесовой книги испорчен переписчиками или фальсификаторами, но мне и в голову не придет сказать, что это «безусловно подделка». Во-первых, у меня нет к этому никаких данных. Во-вторых, я не принимаю примитивные «аргументы» тех, кто ее отвергает, типа, что «такой язык нам не известен». Здравствуйте, привет вам от науки, в которой многое еще неизвестно. Или что «оригинал не найден». Так он ни у одной летописи не найден. У Библии не найден. У «Слова о полку Игореве» не найден.

И вместе с тем все больше и больше данных, что текст Велесовой книги не придуман в 20-м или 19-м веке, во всяком случае ее БОльшей части. Все больше данных, что это действительно древние, многократно переписанные (как у всех летописей) тексты.

13.

>Будет ли А. Клёсов в России читать лекции

Я читал в прошлом году лекцию в МГУ, давал интервью (опубликованы), в том числе видеоинтервью (линки размещены в статье в Википедии). Что будет – не знаю, но наверное буду. Серия очерков по ДНК-генеалогии опубликована в моей недавней книге «Интернет (Заметки научного сотрудника)», изд-во МГУ (2010 год, 512 стр.):

<http://msupublishing.ru/content/view/127/>

14.

>Как Вы относитесь к истории славян описанной в славянских ведах Велесовой Книги? Для справки, изложенная в ней информация находит своё подтверждение ДНК-генеалогией.

См. выше. Действительно, ряд положений Велесовой Книги только сейчас находят подтверждение. Ясно, что они не могли бы придуманы неким фальсификатором-ясновидцем. Например, мы читаем в Велесовой книге про проторусское, протославянское племя скотичей, которые ушли (по смыслу, на запад), а сейчас в Шотландии (Скотланд, на их языке) обнаружались целые «пласты» гаплогруппы R1a1.

Да и вообще, какой фальсификатор станет вырезать на деревянных дощечках около сотни страниц современного убористого книжного текста, да и без дощечек такое смастерить займет годы труда, и все затем, чтобы создать подделку? Нормальный фальсификатор ограничился бы несколькими страницами текста, одной-двумя дощечками. И то была бы сенсация, что фальсификатору и нужно. Но сотня филигранно резных страниц? Увольте.

15.

>Как вы думаете, знали ли жители Древней Руси, откуда истоки христианской религии?

А откуда истоки? В том смысле, что как это могли себе представлять жители Древней Руси? Приходили греки, учили. Какие тут истоки?

Но главное не в том, а в том, что никто этих жителей и не спрашивал. Кого в воду загнали, кого повесили, кого на дыбу, кого живьем в землю закопали, и таких были сотни и тысячи. Какой уж там интерес к истокам... А потом втянулись.

16.

>Таджики арийцы или нет?

Давайте мы термин «арийцы» оставим нацистам в его испорченном смысле. Пусть будут арии. Так вот, когда арии (или будущие арии) продвигались к Индии-Ирану, они оставили многочисленное потомство в Средней Азии. Жили они там, а не просто продвигались. Это – так называемая андроновская археологическая культура, 4300-3000 лет назад. Раскопки и показали, что это были в основном R1a1, предки половины современных

этнических русских. Арии. От них множество жителей Средней Азии, в том числе многие таджики и киргизы, унаследовали арийскую гаплогруппу R1a1, и «арийское происхождение». Так что ариями (в историческом смысле) их вполне можно назвать. А в Таджикистане вообще культ ариев, они недавно праздновали год арийской цивилизации, Президент страны выступил с докладом про ариев, вполне научным. Разбор этого доклада тоже есть в моей книге «Интернет».

17.

Краснодар

>Хорошо сказано, Владислав - судите их по делам их, а не по словам.. Дела Израиля всем известны.. о чем разговаривать? Более того, сами израильтяне признают, что выходцы из бывшего СССР, эта новая волна иммигрантов, категорически отказалась примиряться с Палестинцами, и фактически заставила продолжать геноцид в Палестине и Секторе Газа. Кстати, семитской крови у израильтян очень мало, как это не прискорбно.. гораздо больше ее у арабов, которых они так ненавидят, и считают нелюдьми.

Здесь просто гроздь ошибок и несуразностей, от которых я предостерегал выше. Повторяю - не поносите другие народы, особенно когда не понимаете, о чем говорите (то есть вам, конечно, кажется, что понимаете, что и есть ошибка). Не нужно про «геноцид», когда опять же не понимаете. Не нужно и про «семитскую кровь», которой у израильтян якобы « мало», и про «ненависть», и про «нелюдей». Иногда стоит посмотретья в зеркало.

18.

>Про русских повторитеь пожалуйста, какие три народа в нас ?

Русские - один народ, но в него входят несколько родов, с разными историческими корнями, с разной древней историей миграций. У каждого рода - своя картина мутаций в ДНК, которая сразу узнаваема специалистами. Какие рода - см. выше.

19.

>В (будущем) Русском национальном государстве исследовании славян-ариев должно уделяться огромное и серьёзное внимание. Готовы ли научные материалы и доказательства для того чтобы это могли преподавать в учебных заведениях новой Руси.

Нет, пока не готовы. По той же причине, что это в первую очередь интересуется свободных, раскрепощенных людей. Дам горький пример - в маленькой Ирландии (как в Англии, Шотландии, Швеции, Германии, Италии и так далее) свой род (гаплогруппу) и гаплотип (это уже более

тонкая структура ДНК, индивидуального характера) определили как минимум 10 тысяч человек. В огромной России – человек триста. В сводной базе данных (и это те, кто заказал и сам оплатил тест) – более 150 тысяч человек. Сравните с примерно 300 (не тысяч, а человек) из России.

20.

>Генетика это хорошо, но антропология лучше.

Это звучит как примерно «физика это хорошо, но химия лучше». Лучше чем? Для кого? Для решения каких вопросов? Это – совершенно две разных методологии, совершенно разные объекты исследований, совершенно разные формы ответов на поставленные вопросы.

Например, антропология не смогла ответить на вопрос, почему у древних славян такие разные черепа, причем вариации идут на первый (и на второй) взгляд бессистемно. А ДНК-генеалогия сразу ответила, что славяне – это несколько разных родов, и у каждого рода – свои краниометрические показатели (то есть показатели размера и форм черепов). Вот вам и «лучше». Но антропология накопила массу данных по останкам древних людей, что ДНК-генеалогия, естественно, не может, ей нужны ДНК. Так что здесь не «лучше» или «хуже», а совместно.

21.

Краснодар

>Византия была - да сплыла, Хазары был - да сплыли.. а Русь жива, и стоит... и нынешний рассадник Израиль уйдет ту да же, вслед за византийцами и хазарами..

Вот живой пример агрессивного человеконенавистничества. Причем, судя по комментариям той же особы – комментариев невежественных. Интересно, что заставляет, или тянет таких людей выставлять свою агрессивную невежественность публично, напоказ? Вот это и есть «рассадник».

22.

>Упоминается в каких либо материалах то, что Иисус с 20 до 35 лет обучался ведической культуре в районе Индии? Именно за проповедование ведизма его и распяли

Мне такие сведения неизвестны. Вообще-то его распяли, судя по имеющимся данным и воззрениям, за два года до того, как он обучался ведической культуре, судя по сообщению выше. Это – интересный феномен.

23.

>Не монголы , а татаро монголы или слово татары вы не можете употребить в силу россиянской либеральной политкорректности.

Я не живу в России уже больше 20 лет, поэтому про эту политкорректность не имею понятия. Мои предки от татар обороняли южные рубежи государства Русского в 16-17 веках, почему же я должен быть «политкорректен»? Войска Ивана Грозного Казань брали, при чем здесь «политкорректность»? Татар на поле Куликовом громили, какая политкорректность? Но с татарами плечом к плечу выстояли в Великой Отечественной. И после в армии вместе служили, и воевали вместе и в Афганистане, и на Даманском. Поэтому никакая политкорректность здесь не поможет. И горе делили, и радость. Это – жизнь.

24.

>Про монго-татар я как вижу много "непонятливых". А говорить об этом нужно потому, что то не правда. Не было никаких монгол. Их придумали, что бы опорочить русских, дохристианскую историю Руси. «Мол были дикие кочевники, и чистых русских нет». Вот зачем нужна сказка про татаро-монголов. А Фоменко это прикрытие монгольской теории. Его задача опорочить оппонентов. Может быть действительно стоит посвятить отдельную передачу. Если Вы сочтете иначе, это мое последнее сообщение по данной теме. Пока Вы сами не созрете, я беспокоить вас больше "монголами" не буду.

Я не понял посыл автора этого сообщения. Ну, допустим, «монгол» как таковых не было, это более поздний термин. Но что это меняет? Ну, этих «монгол» было относительно мало среди завоевателей Руси того времени. Но что это меняет? То, что «чистых русских нет» - это тоже непонятно, что автор имеет в виду. «Чистых» вообще никого нет, ни одной народности, всегда смешения нескольких родов. Но что это меняет? Это же всегда результат рекомбинации мужской и женской ДНК, и всегда были «иноземные примеси» - то жена турчанка, то француженка, то муж скандинав, или испанец, а то, как Ганнибал, дед А.С. Пушкина, вовсе эфиоп. И Пушкин, выходит, вовсе «не чистый». Дай нам Бог побольше таких «нечистых».

Короче, пусть «монгол» не было в том смысле, что они себя именно как «привет, монгол» не называли. Китайцы себя как «китаец» тоже не называют. Это что, предмет дискуссии? Пусть «татаро-монгольская орда» были и китайцы, и татары, и русские (да, бывало), и кипчаки, и половцы, и печенеги, и кого там только не было, но что это меняет? Города брали,

людей убивали, в полон угоняли? Были и Рязань, и Козельск, и Москва, и Киев, и иго было, и дань платили. Или и это уже отвергается? Тогда извините, нам не по пути.

25.

>Знают ли наши политики об открытиях А. Клёсова?

Наверное, и В. Путин, и Д. Медведев на ночь зачитываются. И Лужков через это пострадал. Мало читал. Или, напротив, много.

А если честно, у них, политиков, пока другие приоритеты. Как-то и Буш интереса не выказывал, и вот теперь Обама молчит. И Кондолиза тоже не выступает по части ДНК-генеалогии. А зачем это политикам? Только если они действительно хотят поднять интерес народа к своим историческим корням, но где вы таких политиков видели? Только если его, политика, за это во власть выберут, но судя по интересу самого народа, это не есть то, на что политики станут сейчас делать упор.

26.

Краснодар

>О том, что Рюрик был из Руси, а норманнская теория - миф, об этом хорошо и подробно написано у Льва Прозорова в книге Святослав. Там есть и причины, и влияние христианства, и причина того, что в европейских языках слова раб и славянин равнозвучны..

И это ошибка (последняя фраза). В английском языке например, они не равнозвучны. Раб - это «слэйв», а славянин - «слав». Это - большая разница, типа как «государь» и «милостивый государь». И пишутся эти слова по-разному.

Я бы не советовал по-попугайски повторять славянофобские высказывания. Вот как об этом говорят некоторые справочники:

«В XVIII—XIX вв. в западноевропейской публицистике популярностью пользовалась ошибочная (или тенденциозно славянофобская) точка зрения, согласно которой, напротив, слово «славянин» происходит от слова со значением «раб»; полемика с этим мифом встречается ещё в «Дневнике писателя» Ф. М. Достоевского».

Дело в том, что греческом языке очень похожи слова «раб», и «добывать военные трофеи». Поэтому славяне с тем же успехом можно произвести от «добывающие военные трофеи». Некоторые считали, что причина того, что славяне - один из самых многочисленных народов Европы было то, что их



якобы массами брали в рабство. Сейчас выяснилось. Что причина совсем в другом – славяне и их предки представляли активно мигрирующие европейские (и не только европейские) популяции. Викинги, например, в немалой степени состояли из славян. В середине 1-го века до нашей эры был целый ряд волн славянских миграций с Русской равнины на запад, и эти волны продолжались до конца 1-го тысячелетия уже нашей эры.

27.

>Татаро-монголы конечно были, но нужно понять что в том войске татар (которые "появились" только 100 лет назад) и монгол (моголов) как-бы не было. :) Было восточное войско собравшее в себя всё воинство которое было на территории Сибири и Дальнего востока (Великой Тартарии) на тот момент.

Вторая часть верна, первая – нет. Мои предки обороняли Русь от татар еще в 16-17 веках. Какие же 100 лет назад? Взятие Казани полками Ивана Грозного что, сто лет назад было?

28.

>Будет ли А. Клёсов в России?

См. выше. Два года назад я был в России в составе официальной делегации Госдепартамента США, в городе Кирове. А год назад, как уже писал выше, читал лекции в МГУ, и не только по ДНК-генеалогии, но и по медицине, и по инженерии. Тоже мои специальности. Так что еще, наверное, буду.

29.

Москва.

>Про Монголов, возможно, стоит отдельную передачу сделать, и не только на основании А. Клёсова и генеалогии, вопрос многим интересный. Сейчас же обсуждается Норманнская теория... Возможно стоит подробнее остановиться на том, КОМУ было нужно наших предков представлять дикими и недалёкими?

Да вряд ли у кого-то была такая конкретная цель. У неверных теорий есть много разных причин. И политических причин, и искренних заблуждений, и личный эгоцентризм, типа если я так считаю, то так это и есть...

30.

>Недавно присоединился. Скажите еще раз вкратце про народы участвовавшие в этногенезе русских.

См. выше.

31.

>Я рекламировать ничего не хочу, статья на мой взгляд, сильная о том, что ИСТОРИЯ всегда предвзята

Наука на ранней стадии формирования гипотез всегда «предвзята», потому что данных мало, и интерпретация идет в основном на интуиции, на догадках, на стремлении доказать, что автор и раньше был прав, потому идет «сгибание» интерпретаций новых данных под ранние представления автора. А если автор еще и начальник-администратор (директор института), или академик РАН, то есть руководитель научного направления, то всё, данная конкретная предвзятость становится нормой и законом в «официальной» науке. Ученые тоже люди, с их, людей, недостатками и слабостями. Далее предвзятость входит в учебники, и ее уже изменить КРАЙНЕ трудно. Она уже забронзовела.

В науках естественных такое намного реже, а в науках гуманитарных, в том числе исторических, сколько угодно. Куда ни копнуть, везде гнилые нитки. К сожалению.

32.

>Владислав, спасибо Вам огромное за то, что вы делаете для нашей нации.

Да, я разделяю эти слова. Любителей много, но историков, способных держать мозг не зашоренным, очень мало. Такой историк опять же должен быть свободным и раскрепощенным. Это – редкость.

33.

>Нашествие "монголов" было, но только трактуют его по-разному. Официальная версия - нападение, иго. На самом деле, эти "моноголо-татары" - наемники у попов и князей неевского и его папаши.

Первая половина – верна. Вторая – так себе. Этак можно любую историю подтянуть под «наемников» того или другого. Есть конкретные исторические события, и есть их множественные интерпретации и подгонки под желаемый сценарий.

34.

>Статьи А.А. Клёсова есть в Интернете, их можно найти, например, на сайте Академия Тринитаризма, там они даны с иллюстрациями. Прекрасный русский язык, понятно даже не специалистам. Пыталась говорить с профессиональными филологами, они не хотят знать, да к тому же Вы, вероятно, замечали, люди какой национальности занимаются

русской филологией.... Для тех, кто интересуется и историей, и магией в ней, можно посоветовать познакомиться с книгой Карпеца "Русь Мироеева".  
Кстати, Вы читали? Ваше мнение?

Если вопрос ко мне – то нет, не читал. Я много чего не читал, даже страшно осознать, сколько. Но по части магии стараюсь не читать, у меня естественно-научное образование. Насчет Тринитаризма не знаю, я к этой Академии отношения не имею, они мои статьи сами выставляют. Я, естественно, не возражаю. Но наиболее полная сводка с линками на все материалы – на моем сайте, приведенном выше.

Что касается профессиональных филологов – вы правы, они знать не хотят. Вообще там шаг в сторону – побег. Потому многие и побежали на самом деле. И национальность, думаю, там не при чем.

35.

>Почему молчат об этом учёные в России?

Да как сказать? У многих несколько идеализированное представление об ученых. А у них своя тема, свой грант, свой начальник, которому вовсе не нравится, что кто-то отклоняется от изучения трудов самого начальника. У них план, диссертация, и так постепенно сваливаются в колею, из которой выхода уже нет. Тепло и сыро. Часто не очень тепло, но всё лучше, чем остаться за воротами.

36.

>Существует ли у Вас стратегия приобщения Славянской молодёжи к Родной Вере и воспитания в Русском Духе? Доказано, что русская нация одна из чистых по крови, а значит монгольское иго-миф.

Вопрос, наверное, не ко мне. Стратегии у меня нет, знаете, дом-работа-дом. Но думаю, что для русского духа я все-таки что-то полезное делаю. Насчет «чистоты крови» я не понимаю, у русской нации есть все, что у других людей. Вообще не «чистотой крови» силен народ, а заботой о неимущих, о поощрении передовых, и, как следствие этого – прочной экономикой, эшелонированной наукой, хорошим материальным обеспечением семей, большими жилищными площадями, доступной медициной и хорошим высшим образованием. Если так, то гори огнем «чистота крови нации».

Что касается «монгольское иго – миф», то это смотря по тому, где вы делаете ударение. Если на «монгольское» - то это вопрос определений; действительно, там в основном не «монголы» были. Если же на «иго» - то не

согласусь. Иго было, и с этим даже не стоит спорить. Оброк Орде платили? Значит, было.

37.

>Уходили же рыцари крестоносцы на восток, жили там долгие годы, но с Европой постоянный контакт не теряли. Те же тамплиеры вернулись в Европу как домой. Так же могли и наши воины вернуться.

Естественно. Так и бывало. Бывало и по-другому. Но если вы о славянских «норманах» и «варягах», то так это часто и было. Многие вообще связи с Русью не теряли, ходили дружинами по Волжскому пути от Балтики до южного Каспия (до Ирана, Передней Азии) и обратно. Кстати, гаплогруппа R1a1 так и идет шлейфом – от Балтики до Ирана и Турции и обратно.

38.

>Прокомментируйте пожалуйста: Могло ли быть, что были изгнаны на запад часть семей (прокляты, отрешены от власти), а потом их опять пригласили те, кто нуждался в военной помощи? Я, например, не считаю русскими людей, которые свалил зарубеж и там, из-за бугра подают советы.

Тогда не считайте за людей, кто из деревни уехал в город, или наоборот. Особенно если из города подают советы. Лампочку, понимаешь, предлагают вкрутить, дорогу проложить, интернет провести. Какие же это люди, не так ли?

Эйнштейн, например, тоже «свалил» из Германии в США. Видимо, его тоже за человека не стоит считать.

Вам не кажется, что это некая нацистская точка зрения?

39.

>Владислав, я считаю, что мы не заслуженно отвергаем также вариант того, что русские 50 % финны. У нас в Лысково финское городище 2-го тыс. до н.э. Москва - финское название, Рязань-Эрзянь.... печора, югра, Муром - Муррома, Кострома, Вохма... я думаю, что это нисколько не уменьшит нашего достоинства, а наоборот - сделает почву под нашими ногами прочнее!!!

Я не знаю, откуда эта цифра 50%, и как такое измеряют. То, что финское городище – естественно. И что названия в ряде случаев финские – нет проблем. И в Финляндии, и в Германии тоже есть немало русских названий. Что же в этом плохого? Но если взять данные по геному русских и финнов – то у русских с финнами перекрывание процентов на 10-15, как

и по гаплогруппам. А вот с французами – практически полностью, процентов на 90. Откуда 50% финнов во Франции?

Это я вовсе не к тому, что быть финнами зазорно. Просто не нужно искажать на пустом месте.

40.

>К вопросу о карих глазах. Пушкин R1a.

Это верно, А.С. Пушкин – R1a1 (что то же самое, что R1a в данном контексте). Но у него не только глаза были карие, но он в немалой степени негроид был. А R1a1 он получил от своих русских предков, которые, по сведениям, еще у Александра Невского служили. Это опять к вопросу о «чистоте нации», на чем вообще не нужно заикливаться. От этой «чистоты» многие беды идут.

41.

>А можно предположить, что произошло на Руси, из-за чего варягам пришлось вернуться, разве не осталось воинов к тому времени.

Да мало ли что? Нет пророка в своем отечестве. Меня вот приглашают в Россию лекции читать, а что, разве не осталось ученых в России?

Барклай-де-Толли и Багратион были военачальниками в Русской армии, а что, русских не нашлось? В 17-м веке в русской армии был иноземный легион, что, русских не осталось? Грузин (осетин) И.Сталин был Верховным главнокомандующим, что, русских не нашлось? Сами еще массу примеров найдете.

Не было на Руси того времени разделения славян на «наших» и «не наших». Вполне возможно, что этот Рюрик (имя в данном случае нарицательное) был как у себя в Новгороде, или на Верхней Ладoge, часто проезжал с дружиной по Волжскому пути, язык тот же. Имел авторитет, боевую славу. Что ж его не позвать на княжение?

42.

>Где можно купить книги А. Клесова

Я так понимаю, что книги по ДНК-генеалогии, потому что есть и другие. Одну я описал выше, «Интернет», там серия популярных очерков по этому предмету. Вот-вот выйдет книга «Происхождение человека», больше 1000 страниц, изд-во Белые Альвы, там фактически развернутый учебник по ДНК-генеалогии. Журнал по ДНК-генеалогии – на сайте, указанном выше,

там моих около сотни статей-рассказов. Там же, на сайте, еще много рассказов, в том числе и по ДНК-генеалогии. В частности, много про ДНК-генеалогию евреев, у них из-за изолированности жизни на протяжении тысячелетий выработались четкие ДНК-генеалогические линии, большинство ведут именно на Ближний Восток. Потому я и отреагировал на безумное высказывание дамы (см. выше), что у них мало «семитской крови». Дама просто не в курсе, но зла у нее много. Там же, на указанном сайте, есть моя популярная статья по геному евреев по всему миру, из нее станет яснее, что такое геном и какова значимость подобных исследований. Так вот, у евреев по всему миру геном похожий, практически не отличим от генома арабов, и все это сходно с другими популяциями Ближнего Востока.

43.

>Владислав, Рад, что Вы наконец поняли, что варяги это наши. Осталось понять, что славяне это не совсем "мы". Сейчас все больше и больше сведений о том, что на Руси были воины и крестьяне, которые не смешивались. "Русь" это воины, "славяне" это те, кто служил "Руси". Отсюда пошло принесенное в Европу Русью слово "slaves" - рабы. Цивилизацию, о которой Вы говорите создала Русь, не славяне. Антропология тоже была разная, одни темноволосые и кареглазые, другие светлые с голубыми глазами, кто есть, надеюсь пояснять не нужно.

Это, конечно, мешанина, в которой смысла немного. Остается только удивляться, откуда такие фантастические представления. С каких это пор славяне – это «не совсем мы»? А кто? Какой род? Какой геном? Три основных рода – это и крестьяне, и дворяне, и дети боярские, и прочие воины (дворяне и дети боярские – это и были профессиональные воины, до того времени, когда чиновникам стали давать дворянство за выслугу лет). Воины и крестьяне не смешивались, как и сейчас не смешиваются, потому что для того, чтобы быть воином, надо ежедневно тренироваться соответствующим образом. И не надо разделять Русь и славян, это по меньшей мере неумно. Русь и славяне – это неразрывное целое.

44.

>Славяне не способны создать людоедскую империю, они могут создать страну независимых городов - Гардарику. Гардарика - ранний аналог демократии и капитализма, если упростить. А для создания империй нужен другой менталитет. А они иначе государство и не понимают только как империю и централизацию/

Давайте не будем. Много вы знаете про Гардарику. И про «людоедские империи» не надо. Сколько же можно говорить шаблонами? Любое государство – это и «людоедство», и «светоч», просто зависит от того, какое

у говорящего устройство мозга. Для одних человек – это совершенство творения, для других – поел, на горшок и спать. Вот это мы здесь в комментариях и вопросах и видим.

Государство – любое – это и организация жизни жителей, и форма (и средство) подавления. Одно без другого немислимо. В этом, если угодно, диалектика. Но один видит только организацию и прогресс, другой – только подавление и регресс. Не надо кидаться в крайности.

45.

>Спасибо за тему. Скажите, пожалуйста, посещаете ли Вы форум [www.rodstvo.ru](http://www.rodstvo.ru) ?

Если вопрос ко мне – да, посещаю и активно там работаю.

46.

>А как Вы относитесь к Чудинову, который находит и утверждает, что на всех древних каменных памятниках, есть надписи на русском языке?

Отношусь когда сочувственно, когда с пожиманием плечами. А когда – с интересом к его высказываниям. Его надписи якобы на русском языке давностью 50-100 тысяч лет меня не интересуют. У каждого есть свои заморочки.

47.

>Как объясните разный цвет глаз русских людей? Некоторые утверждают, что кареглазые имели полюбому в роду каких то манголов или кавказцев.

Да у русских людей есть всё, не только разный цвет глаз. От карликов до великанов, от блондинов до брюнетов. Главное, чтобы два глаза были, а уж цвет – это дело десятое.

48.

>Как на Ваш взгляд можно тогда объяснить тот факт, что несмотря на генетическое родство со скандинавами у нас так различаются языки?

А как они различаются? У нас с ними одна языковая группа – индоевропейские языки. И русский, и шведский, и норвежский, и датский – одна языковая семья. Языкам, чтобы разойтись, много времени не нужно. Я в США живу, и у нас в Бостоне один английский язык, в Алабаме другой, в Миссисиппи третий. А в Англии – опять другой, хотя разошлись меньше, чем 400 лет назад.

49.

>Объясните в чем разница между ариями и славянами? Вроде бы разные понятия, а говорите как об одном и том же народе?

Понятия разные потому, что «славяне» понятие многозначное. В лингвистике славяне те, кто говорят на языках славянской группы. Время образования этих языков – примерно середина 1-го тысячелетия нашей эры. Поэтому в рамках понятий лингвистов раньше того времени славян не было.

Арии – это племя (или род), которые пришли в Индию и Иран 3500 лет назад. Поэтому в рамках понятий лингвистов славян тогда не было. Но в рамках понятий народов, родов, ДНК-генеалогии, арии и были предками славян, во всяком случае на Русской равнине. Точнее, предками славян были арии. Это для половины славян и для всех ариев – гаплогруппа R1a1.

Ничто не мешает назвать жителей Русской равнины 3500-5000 лет назад славянами. Потому что с точки зрения верований – это и были славяне. Лингвисты, конечно, замашут руками и поднимут гвалт, но кто и когда лингвистов уполномочил быть законодателями в вопросе, кто и когда был славянами как нашими предками, предками нынешних славян? Лингвисты порой много на себя берут в этих вопросах. Термины не диктуют, о них договариваются, идут на компромиссы. Славяне – это не только язык. Это – род, верования, Традиция, Обычай. Лингвисты здесь не указ.

Поэтому арии на Русской равнине 4800-3000 лет назад (и позже) – это праславяне, а по сути – славяне. Предки нынешних славян. Род – один, R1a1. Другие славянские рода – I, N1c – братья славянам R1a1 по территории, по боевому и трудовому содружеству. Вместе проливали кровь, вместе строили страну. Поэтому – неразделимы.

50.

>Возможно наши предки проживавшие в тот момент на Руси опирались на опыт "западных" русских?

Конечно, и наоборот тоже. Сообщающиеся сосуды.

51.

>Это просто потрясающе, большое спасибо за такое интересное интервью.

Спасибо вам. Хорошая аудитория. Неравнодушная. И ведущий хороший. Толковый.



52.

>Хорошее интервью, все подтверждает, что нашли мистики!!!

Насчет мистиков не в курсе, незнаком. Я больше по научной, точнее, естественно-научной части. Для мистиков там места нет.

53.

>А как связаться с Анатолием Клёсовым?

Так уже связались.

54.

>Вообще по поводу имен, меня всегда удивляло, что у Толкиена некоторые имена вроде Боромир вполне славянские, а говорят, что он был вдохновлен кельтскими мифами...

Кельты, галлы, германцы, варвары, славяне – там все настолько перемешалось, что бесполезно проводить границы. Это ведь мы придумываем эти имена, как будто это были разные люди. Кто-то были разные, а в основном одни и те же, часто один и тот же род, один язык.

55.

>Анатолию Клёсову надо в Думе и Кремле лекцию прочитать.

У них другие заботы. Обычно личные, а где общественные способствуют продвижению личных, то и общественные. Закон природы. Интерес к корням русского народа, как я отмечал выше, в их личные заботы вряд ли входит. А значит, не будет и общественной заботы. Такие простые параллели многое объясняют в нашей (и их) жизни.

Спасибо за внимание.

Анатолий А. Клёсов  
Бостон

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Часть 20

**Анатолий А. Клёсов**

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

## LETTERS in ENGLISH: PERSONAL CASES, FAMILY CLANS and SUBCLADES

### Part 20

**Anatole A. Klyosov**

#### LETTER SIXTY-SIX

(Continuation from vol. 3, No. 7, pp. 1243-1248, Letter 56)

Our correspondence has started with a statement and a question: "My haplogroup is J2 (tested), haplotype is attached. I am trying to understand from where my paternal line might come from", and further on - "So my question is: given your results and having DYS426=10 in J2 can I exclude at least the Jewish option?" ... "May be I am an Arab?", and ended up with my final (at that time) comments:

*-- Your 37-marker haplotype tree is shown.... You can see a power of 37-marker data compared with 25-marker ones. In the 25-marker haplotype tree, your haplotype was sitting in the middle of nowhere (see the tree in the preceding letter). In the 37-marker tree the addition of 12 markers made an important change, and your haplotype (marked RF) now sits in the lower left "corner" being surrounded by several Jewish haplotypes and next to two Arabic haplotypes. It is not a very clear branch. Three Jewish haplotypes (209, 210, 211) are almost identical, hence, descended from a very recent common ancestor, who lived  $850 \pm 300$  years before present. The next set of Jewish haplotypes on the other side descended from a common ancestor who lived  $1275 \pm 380$  years before*

*present. However, these two sets descended from a very ancient common ancestor who lived approximately 7225 years before present (30 mutations between their 37-marker haplotypes). Of course, there were no Jews or Arabs those times.*

*It seems that your ancestors lived on the Mediterranean (where J2 came from) since times immemorial. When you have your 67 marker haplotypes, I can add something to the story.*

In the mean time, answering more questions from my correspondent, I wrote:

... It does not make much sense to calculate "common ancestors" when haplotypes are SO different within a small branch. You can only tell that their common ancestor lived a VERY long time ago.

... A difference between your 37-marker haplotype and #209, 210, 211 haplotypes (which are very similar between those three) is as many as 35 mutations per those 37 markers. This places YOUR common ancestor with those three individuals to around 8175 years ago. This already makes the picture pretty clear in a sense that those times there were no "Jews" or "Arabs". Though haplotype J2 was, all right. Your ancestor is there.

... It is quite clear that 67-marker haplotype tree will move your haplotype elsewhere. When haplotypes sit together, it does not make difference - 25-, 37- or 67-haplotype tree. The result will be the same. Your haplotype is "a lonely wolf", and depending on markers 38-67 it can be moved from one branch to another one. Therefore, once you have a 67-marker haplotype, let me know.

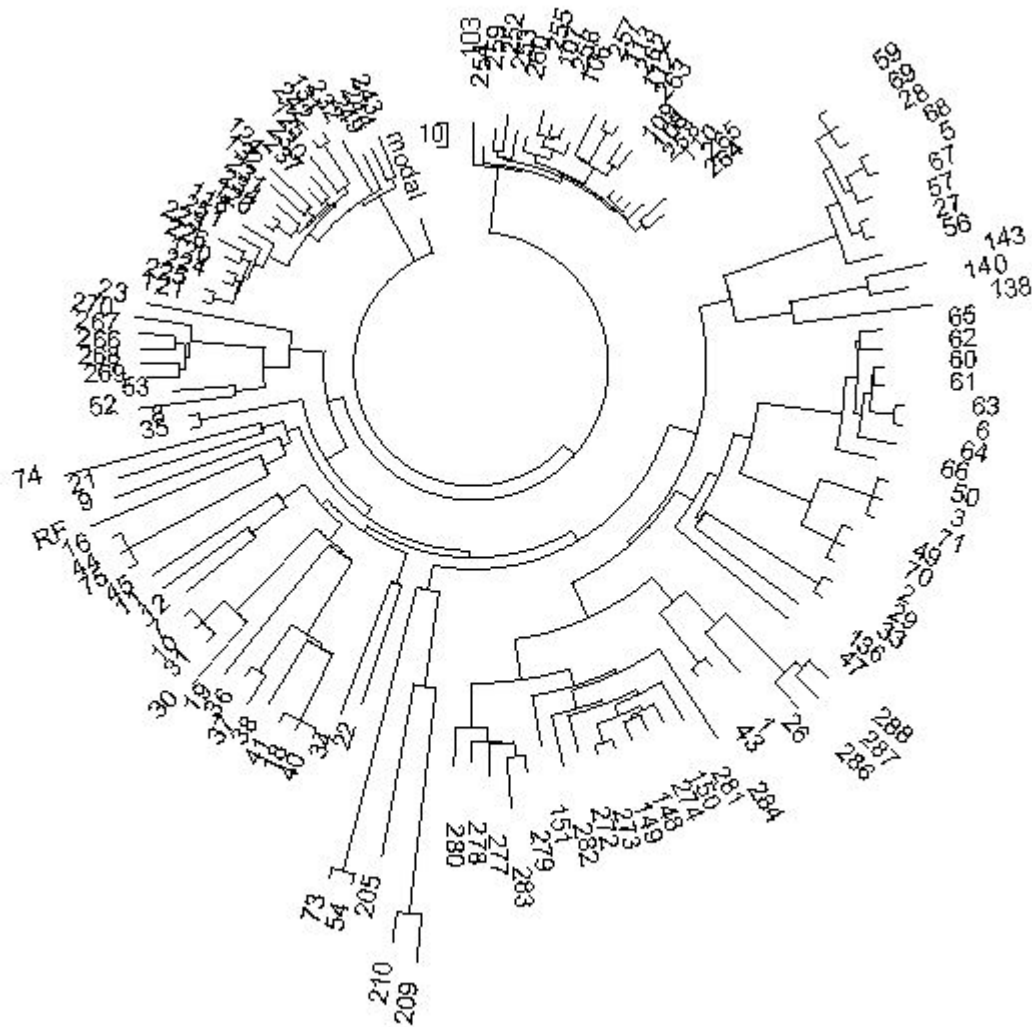
RESPONSE:

I've got today all the 67 DYS (attached). Do you think it's possible to get to some more interesting conclusion now?

MY RESPONSE:

The haplotype tree is attached (your haplotype, RF, is on 8 o'clock). The situation is clarified.

Your oldest common ancestors are neither Jews nor Arabs. They are Mediterranean people.



**A 67 marker haplotype tree of the Jews and the Arabs of haplogroup J2 and subclades. Haplotypes numbered below 100 belong to Arabs, those of 100 and above belong to the Jews.**

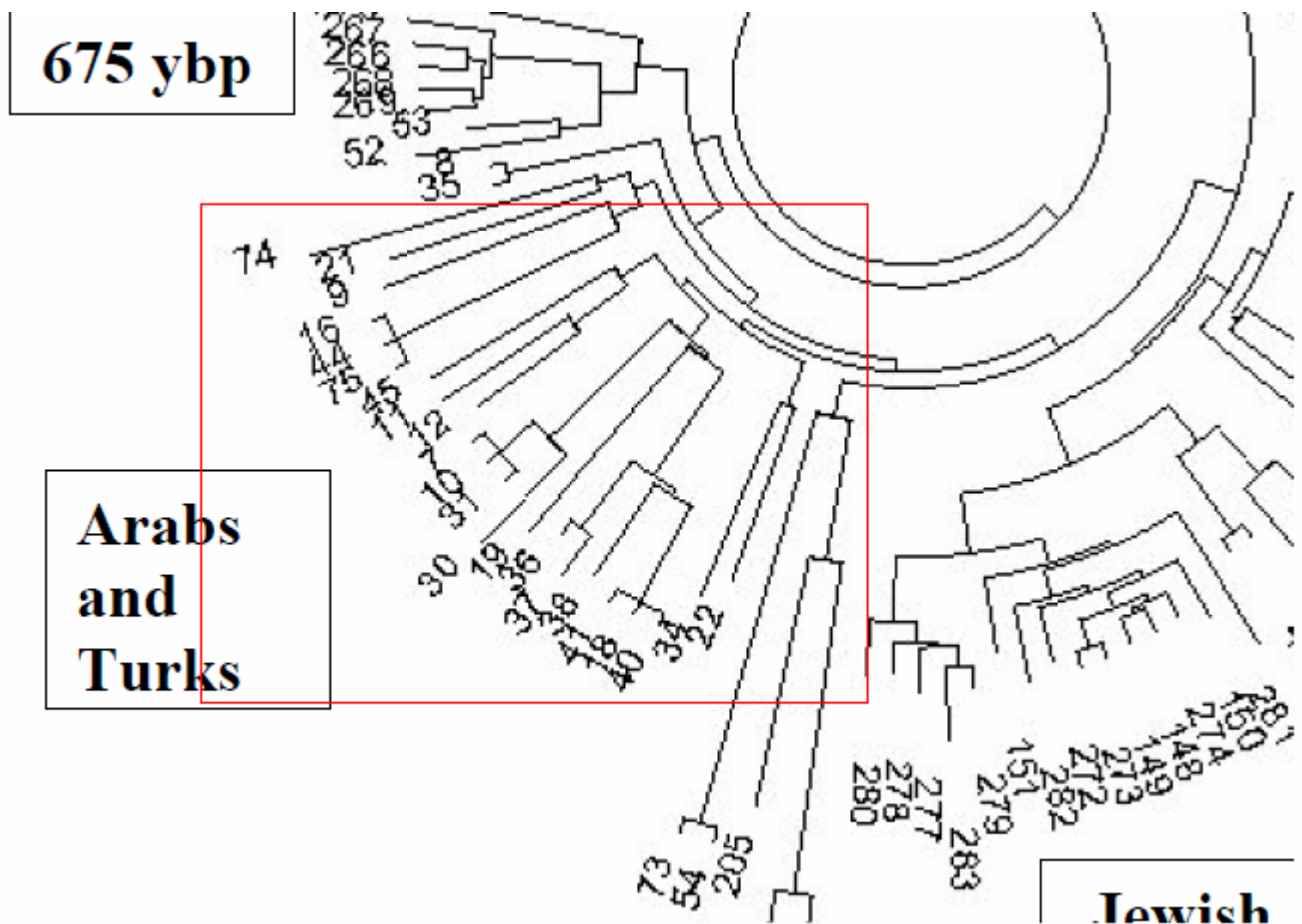
Even looking at your haplotype compared to the series of Jewish and Arabic haplotypes it becomes clear that it contains many very different mutations from the above two groups. You have quite different mutations in: the first 12 marker panel - two mutations which Jews and Arabs do not have; the the following 13 markers (to make it 25 marker haplotypes) - three more mutations; in the following 12 markers - four more unusual mutations (already 9 mutations in the 37 marker panel), and 7 more in the rest, 38 to 67 markers, which makes it 16 unusual mutations in 67 markers. This translates into thousand of years of difference between your common ancestors and the Jewish-Arabic ones.

More detailed consideration of your small branch showed that a nearest common ancestor of it lived 5600 years ago. Of course, there were neither Jews nor Arabs those times. So, now you can talk about Phoenicians, though it will be still a pure fantasy. However, now you have more ground than before.

I hope it helps.

RESPONSE:

Thanks again for your help, reading one of your works it seems that my position falls inside an Arab/Turk section of the diagram below, taking me closer to the Arabs. Has this fact any significance or the mutations takes me anyway too far from them?



MY RESPONSE:

Yes, they are Arabs and Turks NOW, however, your lineage split from a common ancestor more than 5000 years ago. You cannot equalize haplogroup and an ethnicity. Ethnicity is a much more recent feature.

If a difference would have been 500 or 800 years, your logic will be correct.

RESPONSE:

Is my understanding correct, that you have mixed different subclades of J2 haplogroup on you diagram? I am asking because I have read somewhere that if these diagrams are done mixing up different clades they could result back with "identical by state" and not "identical by descent" matches and that could drive toward wrong associations based on haplotypes that are similar by chance or by convergent evolution, but in my case I see that all the clades considered in the tree are offsprings of J2a.

What is the difference comparing with J2a4c or J2a4b or J2a or with other subclades too? Is it possible that two males belonging both to J2a4 develop the same mutation, bringing them together to J2a4c clade (or other) clades through different paths? I read that the TMCRA of the whole J2a4 should be more or less 8500 years ago, is this data correct?

I read that the last 30 markers of the 67-marker set are very slow-mutating ones and this is why they are used trying to figure out the structure of clusters and clades that go back many centuries or millenia. If this is correct how can I have a look strictly on those?

As you can see I'm getting a little puzzled...

MY RESPONSE:

*>As you can see I'm getting a little puzzled...*

You should not be. All questions you have touched are resolved in your case. In fact, my methodology was designed to resolve these questions in the very beginning.

*>Is my understanding correct, that you have mixed different subclades of J2 haplogroup on you diagram? I am asking because I have read somewhere that if these diagrams are done mixing up different clades they could result back with "identical by state" and not "identical by descent" matches and that could drive toward wrong associations based on*

*haplotypes that are similar by chance or by convergent evolution, but in my case I see that all the clades considered in the tree are offsprings of J2a.*

You are simply confused. This was my thesis in the first place, that different clades should not be mixed. This is exactly why I compose those haplotype trees, and RESOLVE these clades. Each branch represents difference clades and/or different lineages, and EACH one of them I analyze differently. Each one has its common ancestor.

Most of the people mix all those haplotypes together, count mutations (or, God forbid, squares of those mutations) and get one phantom ancestor for everything. This is absolutely incorrect. I do things correctly by resolving, separating those branches and clades.

We study the J2a4 branch (clade) separately, since it is a separate clade, and has one common ancestor. Furthermore, the branch consists of two subclades, J2a4b and Jea4b1, and so forth. Each one of them has its common ancestor. Only this way you can analyze clades. Then, you can compare clades to each other, and it gives you more and more information. .

*>What is the difference comparing with J2a4c or J2a4b or J2a or with other subclades too?*

Each subclade has its own history. All subclade together compose the tribe. It is like you can study separately history of England, Ireland and Scotland, and altogether it gives you history of British Islands. You can study history of all 50 US states separately, but you will not get a full picture of the US. Only comparing them together you will get history of the US.

The same things are with haplotypes and subclades.

*Is it possible that two males belonging both to J2a4 develop the same mutation, bringing them together to J2a4c clade (or other) clades through different paths?*

Of course, if those two males belong to J2a4c. Or I do not understand your question. Both Samuel Adams and John Hancock belonged to Massachusetts, and they both belonged to the United States. So what is a problem?

*>I read that the TMCRA of the whole J2a4 should be more or less 8500 years ago, is this data correct?*

I do not remember is it "correct" date (what if it is 8000 or 9000 years, would it be "incorrect"?). However, it looks as it in the right neighborhood. The Jewish J2a4 population is, of course, MUCH younger.

*>I read that the last 30 markers of the 67-marker set are very slow-mutating ones and this is why they are used trying to figure out the structure of clusters and clades that go back many centuries or millenia. If this is correct how can I have a look stricly on those?*

It is generally correct. That is why the 37 marker panel has an average mutation rate constant of 0.00243 mutations per marker per generation, and the 67 marker panel has 0.00216 mutations per marker per generation. As you see, it is slower. However, you will not gain anything by using only the last 30 markers. The margin of error will be much wider. All 67 markers are fine with many millennia, I work with them with African haplotypes down to 40,000 years. For a good work one has to combine both fast and slow markers. This is the best way.

Please do not confuse yourself, as most of other people. They worry about everything, and as a result cannot analyze data. All their energy goes into worrying.

## **LETTER SIXTY-SEVEN**

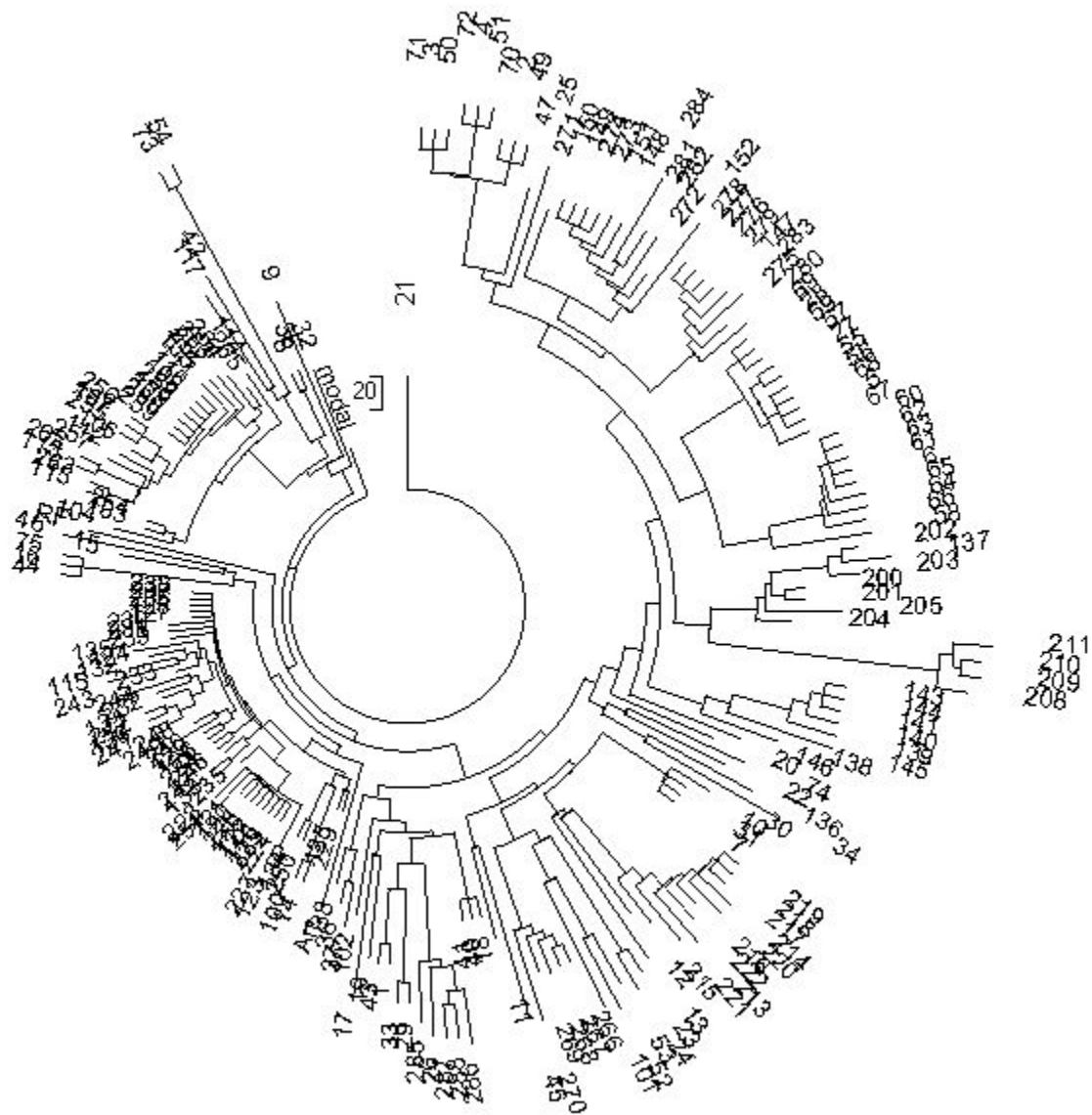
I just read your article on the **Origin of the Jews and the Arabs** from the evidence of the Y chromosome. I found it very interesting and logical. Thank you very much for writing it.

My ancestors were from Spain. I've been wondering whether or not my Y DNA is Sephardic Jewish, Arab, or another. My haplogroup is J2a4b. Can you please tell me from my Y-DNA markers (attached) whether or not you see evidence of either Jewish or Arab ancestry?

I don't know whether or not that would be helpful, but I tested positive for M172, M304, and M67. A Y DNA match of mine had some more markers tested and also showed positive for L26 and L27.

I would be very grateful if in your opinion you could please answer my question.





A 25 marker haplotype tree of the Jews and the Arabs of haplogroup J2 and subclades. Haplotypes numbered below 100 belong to Arabs, those of 100 and above belong to the Jews.

MY RESPONSE:

Your haplotype is not close to either the Arab or Jewish haplotypes. You do not belong to those populations. The haplotype tree is shown above, and your haplotype there is marked ARR (at 7 o'clock). This circular tree is attached just as an overall illustration, it is hard (but possible) to find your "ARR" haplotype. You can find it easily on the linear tree (attached), however, it takes several pages (not

shown here – AK). As you see, your haplotype is hanging sort of "nowhere" and is not associated with any branch. Almost all other haplotypes on the tree are Jewish (numbers above 100) and Arabic (numbers below 100). It is the same tree as given in the paper on the Jews and Arabs you have referred to.

Unfortunately, your haplotype is not really informative for such delicate searches, since it has only 25 markers. Compared to a 67 marker haplotype, you are losing as many as 42 markers, which might navigate you into a certain branch, or still place you "nowhere". However, this would be a much more reliable "nowhere".

RESPONSE:

Thank you very much! I have promptly tested for my 67 marker haplotype. Could you please give that a try and let me know if this haplotype is closer to the 'nowhere', Jewish, or Arabic branches of your study?

MY RESPONSE:

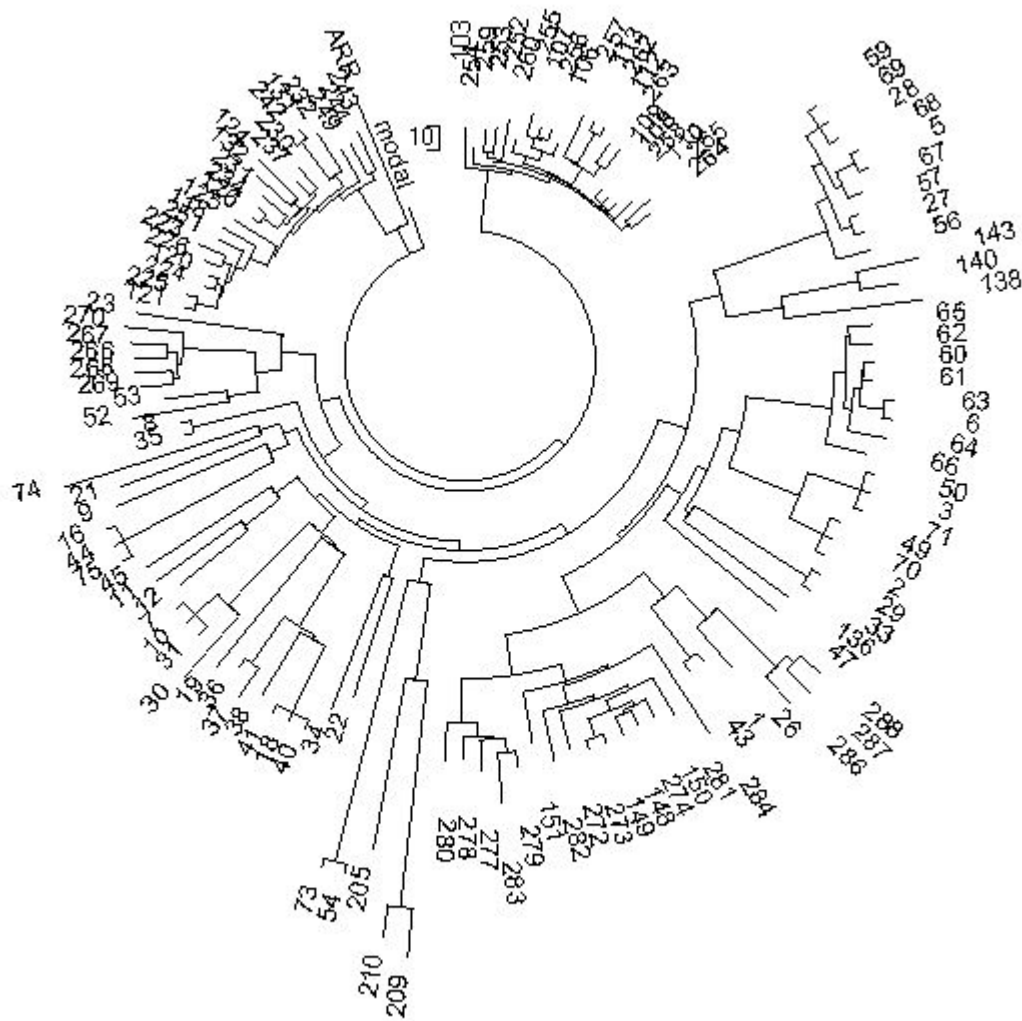
The 67 marker tree is attached. The haplotype (on the very top of the tree, marked ARR) is adjacent to the J2a4b Jewish branch, but it is not a part of it. As you see, it is completely separate from them. The Jewish J2a4b branch has a common ancestor of  $1200 \pm 210$  years before present, and your ancestor is much older. Therefore, you do not belong to a Jewish or an Arabic branch. You are a descendant from old Mediterraneans.

RESPONSE:

Thank you very much for your gracious response! When you wrote that my "ancestor is much older" than the Jewish J2a4b of  $1200 \pm 210$  years ago, what time frame can you confidently assign to "much older"?

The reason that I ask is because according to historical accounts such as the record at <http://www.thejerusalemconnection.us/news-archive/tag/sephardim> Israelites were indeed settling in the Spanish Iberian Peninsula as early as 2970 years ago (Solomon's reign) and 2700 years ago (result of Assyrian captivity of the Northern Israelite Kingdom).

Could my Ancestor's haplotype then possibly be from Israelites who went to Iberia from 2500-2900 years ago, or is my haplotype definitively older than the Exodus (i.e. 3400 years ago) or even Abraham (i.e. over 4200 years old) and thus not possibly from Jewish descendents?



**A 67 marker haplotype tree of the Jews and the Arabs of haplogroup J2 and subclades. Haplotypes numbered below 100 belong to Arabs, those of 100 and above belong to the Jews.**

Is my J2a4b haplotype so different from the Jewish J2a4b that it could not possibly have mutated from a common Israelite ancestor from 2900 years ago to 1200±210 years ago? If my haplotype is indeed older than the ancient Israelites that came to the Iberian Peninsula or even older than Abraham, then how did you determine the age of the origin of my J2a4b haplotype?

MY RESPONSE:

*>When you wrote that my "ancestor is much older" than the Jewish J2a4b of 1200±210 years ago, what time frame can you confidently assign to "much older"?*

It is "much older" because your haplotype is VERY different from all other haplotypes in the branch J2a4 on the tree. That is why it sits quite separately, on a distance from the Jewish J2a4 haplotypes in the branch.

To establish a time frame is rather easy - your haplotype has 25 mutations in all 67 markers from the base Jewish J2a4b haplotypes (it is the closest to). It translates to 5200 years of a mutational difference (in other words, it takes 5200 years on average for 25 mutations to occur between your haplotype and the Jewish branch). It brings a common ancestor for you and that Jewish branch you "associated with through a common ancestor" to 3200 years before present. The Jewish branch itself arose 1200 years ago.

*>The reason that I ask is because according to historical accounts such as the record at <http://www.thejerusalemconnection.us/news-archive/tag/sephardim> , Israelites were indeed settling in the Spanish Iberian Peninsula as early as 2970 years ago (Solomon's reign) and 2700 years ago (result of Assyrian captivity of the Northern Israelite Kingdom).*

Well, as you see your ancestor lived there earlier. Of course, DNA genealogy would not give you all details, but it gives you directions, food for thought.

*>Could my Ancestor's haplotype then possibly be from Israelites who went to Iberia from 2500-2900 years ago, or is my haplotype definitively older than the Exodus (i.e. 3400 years ago) or even Abraham (i.e. over 4200 years old) and thus not possibly from Jewish descendents?*

See above.

*>Is my J2a4b haplotype so different from the Jewish J2a4b that it could not possibly have mutated from a common Israelite ancestor from 2900 years ago to 1200±210 years ago? If my haplotype is indeed older than the ancient Israelites that came to the Iberian Peninsula or even older than Abraham, then how did you determine the age of the origin of my J2a4b haplotype?*

See above. As you see from the tree, your haplotype does not belong to the "Abraham branch" which is at the bottom of the tree.

RESPONSE:

Sir, you are very kind. G-d bless you for your help. Thank you very much for your clarification below. However, one thing is still not clear for me in your explanation below. Did you mean that my last common ancestor with a Jewish J2a4b was 5,200 years ago or did you mean that my last common ancestor with a Jewish J2a4b was 3,200 years ago?

MY RESPONSE:

5,200 years ago was not a timespan to a common ancestor, but, I quote - *“a mutational difference (in other words, it takes 5200 years on average for 25 mutations to occur between your haplotype and the Jewish branch). It brings a common ancestor for you and that Jewish branch you "associated with through a common ancestor" to 3200 years before present. The Jewish branch itself arose 1200 years ago”*.

Besides, there were no Jews 5200 years ago, though, I repeat, it is not a timespan to your common ancestor with the Jewish J2a4b branch. There were no Arabs either. There were Bedouins, and people who lived in the Mediterranean region. They were J2, J2a, J2a4, J2a4b, etc. Your deep ancestor was of the J2a4b clade, as we call it now. Some of them, much later, had joined the Jewry. Your ancestors were not among them. Your DNA-lineage from 3200 and up to now did not cross with either the Jews or the Arabs. If it would have, your haplotype would have been in the Jewish branch. However, as you see, it is not. The J2a4b subclade includes both the Jews and non-Jews, and, I gather, MUCH more non-Jews. You are among those.

It is possible (likely) that someone from your extended family, of hundreds or thousands people, joined the Jewry some time ago. Maybe 1200 years ago, maybe earlier or later. So he and you have a common ancestor 3200 years ago. Not a big deal (for the Jewry, that is).

The reason that the Jews (J2a4b or other clades) form their own, distinct branches, is that they have lived in a kind of isolation, therefore, developed their own lineages. You do not belong to them, hence, you have a quite different haplotype.

RESPONSE:

Thank you once again! So based on your explanation, I can conceive of my YDNA scenario this way. Thousands years ago, maybe before even Abraham, who lived 4200 years ago, according to your study, a Mediterranean (perhaps a Semite in the Middle East or Anatolia) who was J2a4b, had descendents. One of his many descendents became my ancestor about 3200 years ago. That ancestor also fathered a line apart from my line who about 2000 years later, or 1200 years ago had a mutation that at some point in history became a J2a4b Jewish line of descendants and those descendents are represented in your study. Those Jewish J2a4b descendents in your study and I then share an ancestor about 3200 years ago whose was a J2a4b but whatever his religion was, his DNA is not currently represented in modern Jewry.

MY RESPONSE:

Yes, this story is practically exactly what I have described before.

RESPONSE:

I do not need to claim Israelite Hebrew ancestry. I am content and thankful to be a Gentile who respects and loves G-d. Yet Israelis have told me that I have a "Jewish soul". Therefore, due to my spiritual reality, I suspect that even if it was not by my Y chromosome, just by virtue of having Spanish ancestry, because of the inquisition and persecution of Jews in my ancient homeland of Spain, it is possible that I had Sephardic Anusim or Converso ancestors.

Now, one thing I consider is the fact that 3400 years ago, the descendents of Abraham, Isaac, and Jacob left Egypt with representatives of 70 nations. They were the strangers, that were not descendents of Abraham, Isaac, and Jacob but they joined themselves to the Hebrew nation. I suspect that this is one of the reasons along with conversions and intermarriages for modern Judaism's DNA diversity. They did not carry Abraham's DNA but their descendents became Israelites.

I know you don't believe that my YDNA ancestor was Jewish. Chances are he was never Jewish. But let me respectfully remind you that 3200 years ago when modern day Jews and I had a common ancestor, was after the Exodus, after the conquest of Canaan, and after Israelites inhabited the promised land. So although the J2a4b Jewish mutation in your study is only 1200 years old, is it not conceivable that 3200 years ago the ancestors of the the J2a4b Jewish mutation were also Israelites? Is it not possible that after the Assyrian exile, my Y DNA ancestors went to Spain and then lost touch with their Jewish past?

As a scientist, you would probably want to see some DNA evidence of my theory in my previous paragraph. But I have none to offer you. All I can tell you is the following. I have been in contact with two individuals who share my Y DNA per FTDNA. They are both Puerto Rican. They both have no real evidence of Jewish ancestry. One, who shares my DNA pretty closely, is married to an Orthodox Jewess, he has the Machado-Joseph disease gene, he attends Shul with his wife and considers himself Jewish. Our other match studies Torah and attends a Messianic Jewish congregation.

If you were in my shoes and in the shoes of others who share my Y DNA and if you experienced what others like me experience as they share my sentiment of having a "Jewish soul"; if you strongly suspected that your heritage was taken from you because of prejudice and persecution and if like me you live wondering why Israelis and your own heart would tell you that you have a Jewish soul, then you would understand why having evidence of a Jewish ancestor would indeed be a big deal.

You has generously helped me. Perhaps G-d can use you to someday in the future discover what is yet unknown to help conversos, anusim, and 10 lost tribe members identify our ancestry. By the way, I would love to read your articles on the Lost Tribes that you have in Russian but I can't read or speak Russian so please let me know if you ever have them translated into English.

Very respectfully and very gratefully, ...

MY RESPONSE:

*>I know you don't believe that my YDNA ancestor was Jewish.*

No, it is incorrect. I was talking on haplotypes, not on faith. One can become Jewish today or tomorrow, if he wishes, and there is a procedure for it, but his haplotype will likely be very different from the Jewish (R1a1, for example) haplotypes.

So please do not mix faith and haplotypes. True, that often the Jewish people form clusters of their haplotypes, and they are easily recognizable. However, there certainly are some atheists among them, or Catholics, or Orthodox Christians. Haplotypes to not define faith. Faith does not define haplotypes or haplogroups. There is a probability, though, and every probability has a bell-shaped curve (in a simplest way), with its tails from both sides. Some are in the "core", and there are most of them, but some are in the tails. You can never predict reliably individual cases, in the core or in the tail the person will be.

Your haplotype is not a typical Jewish one. You are a part of a different lineage, DNA-wise. It means - very likely - that your predecessors were not a part of an isolated Jewish community. Or your predecessor, say, 500 years ago stepped into the Jewish community, and fathered a boy who was still J2a4b, but not of a "Jewish" stock. There are plenty of different scenarios. However the very fact that your parents and grandparents are not Jewish, as I understand, tells me that either your heritage was broken, and your Jewish ancestors departed from the faith, or the Jewish faith was never there, or something else.

I would advise you to keep faith and haplotypes separately.

Best regards, and with sympathy...

### **LETTER SIXTY-EIGHTH**

I am R1a1a\*, my haplotype is attached for your consideration. I was wondering which R1a1 branch would my paternal line be associated with based on your research.

#### **MY RESPONSE:**

You understand, that your (tentative) assignment to a branch is a matter of probability. Each branch can be considered as a "cloud", and edges of those clouds overlap with each other, hence, an assignment might be a good guess, might be not. Having said that, I believe that in your case I can make a reasonably good assignment.

Your haplotype is an "ordinary" one (just like mine). No fancy "protuberances" of mutations (those happen very rarely), no exotic "signatures". It is certainly not a "Young Scandinavian" (a kind of "Viking"), and it is R1a1a\*, after all, meaning you are one among zillions.

To make a long story short, your ancestral haplotype came from the Russian Plain (aka Eastern European Plain), directly. Here is the probability:

If to compare your haplotype with base (ancestral) 67 marker haplotypes of various branches, it deviates as follows:

From

- the Jewish (Ashkenazi) ancestral haplotype - by 28 mutations
- the Central European ancestral haplotype (M458) - 25 mutations



- the South-Eurasian - 25 mutations
- the Balto-Carpathian - 22 mutations
- the North-Eurasian - 22 mutations
- the North Carpathian - 19 mutations
- Old Scandinavian - 19 mutations
- West Eurasian - 19 mutations
- Russian Plain - 16 mutations (mutations in the panels: 1/12, 4/25, 13/37 and 16/67 markers). For a comparison, the Central European gives 4/12, 8/25, 18/37 and 25/67 markers).

16 mutations in the 67 markers translate to 3100 years a time-wise difference between the Russian Plain common ancestor and your haplotype. The Russian Plain common ancestor lived 4800 years before present. That is, you are his "legitimate" descendant. (If you would have differed by, say, 30 mutations, you would have a distance from him by 6500 years, which is just impossible, since he was not even born that time. On the same reason, your distance from the Jewish common ancestor is 6000 years, while the Jewish R1a1 common ancestor lived only 1100 years ago).

I hope it would be of help.

RESPONSE:

Thank you very much for this tentative assignment. I had thought I might lay somewhere between a Young Scandinavian and Old Scandinavian. Based on my STR values and ties to the British Isles I thought I might be a good candidate for an L176.1 SNP test. But perhaps that would be a waste of money given the relatively closer match to the Russian Plain haplotype. I believe I am about 40 generations removed from Somerled based on the haplotypes of the current Clan Donald chiefs.

## **LETTER SIXTY-NINE**

I found your contact info whilst doing a search for R1a haplogroup information. I am trying to sort out why my British grandfather's closest matches in Y-search are Pakistani, Russian and Polish. I was hoping you could take a look at our Y-search data and tell me if this is a singular mutation causing this or do we belong to a rarer grouping, we do not match other British Isles R1a which is what we expected. I would really appreciate your opinion. I have read some of your articles on your web-site and it appears you are very knowledgeable concerning R1a haplogroups. Hopefully soon I will have about a million SNPs from Illumina platform and am hoping that will be very informative.

MY RESPONSE:

First, please disregard and forget those "matches". They could make some sense for 37 or better 67 marker haplotypes, but not for 25 or 12 marker ones. Mutations are random, realistically there are only about a few dozen the most often combinations, and you compare "matches" with millions and millions of people. Of course those "matches" are plain coincidences in 99+% of cases.

25 marker haplotype are not good for looking for "ethnic" or "national", or regional roots. Some guesses could be made in case of some characteristic mutations, however, each one of them can be - again - just a random mutation. Hence, only certain combinations, or "signatures" can be seriously considered, but again, 25 marker haplotype does not contain many of them.

Your grandfather's haplotype is almost "average", "ordinary", it does not contain really definite "signatures" in the first 25 markers. A hint might be in "15" in the third marker from the left (DYS19). This is a typical allele for "Scandinavian" R1a1 haplotypes, often brought to the Isles by the Vikings. However, typical Central European and Eastern European haplotypes, which often contain "16" in that position, can easily mutate from 16 to 15 in any generation. Therefore, some supportive signature is needed. Such a supportive will be either 19-21 or 19-23 in the beginning of the 37-marker panel, but alas, you do not have the 37 marker haplotype. 19-21 would have mean certainly "Viking" signature (all McDonalds have it), however, 19-23 would be either "ancient Scandinavian" (of 4100 years before present) or the "Russian Plain" common ancestor (4800 years before present), whose descendants migrated to Central Europe and Eastern Europe.

Other mutations in "your" haplotype are just random, occasional ones. Clearly, the haplotype descended from a rather ancient ancestor. It has 7 mutations from the Russian Plain ancestral haplotype and 6 mutations from the "Old Scandinavian" ancestral haplotype, and as many as 9 mutations from the Central European ancestral haplotype. The last is too young to make 9 mutations out of it. So, it does not work. Therefore, you have either the "Old Scandinavian" or the "Russian" one. Without 37 marker haplotypes it cannot be resolved.

When/if you have it, write me.

RESPONSE:

Thank you for your response, this is good news as I was very puzzled about matches in India or Pakistan. I will see about "upgrading" to more markers to check as you describe.

## LETTER SEVENTY

Attached is a history I prepared regarding my Alexander family of Menstry/Logie Scotland. As you probably know, this area of Scotland was loaded with Alexanders. Our ancestors settled there before 1505. Also, many of these Alexanders were reportedly connected to Clan Donald. My 37 marker R1a1 haplotype is attached as well.

I know my numbers are somewhat similar to the Clan Donald numbers, but different in several respects. Who knows what may have happened way back in time. Any comments?

### MY RESPONSE:

Thank you for the very interesting story of your family. No, your family is unrelated to the Alexanders, (apparent) descendants of Donald the Eponymous, MacRanald of the Isles. I mean, it is related in a sense of being in the same tribe R1a1, however, you do not have a common ancestor with the Alexanders and Donald the Eponymous during the last three thousand years, at least.

The Alexanders, the MacAlisters, and their close relatives have two distinct alleles in their haplotypes, that is a pair 15-8 (you have 16-9 there) and a pair 19-21 (you have 19-23 there). Overall, your haplotype differs from that of those Alexanders by 18 mutations in the first 37 markers. For a comparison, the Alexanders themselves differ within their clan by less than 1 (one) mutation between their 37 marker haplotypes - on average.

On the other hand, your haplotype differs by 15 mutations from the Western Slavic ancestral haplotype, by 14 mutations from the "Young Scandinavian Scottish haplotype", by 13 mutations from the ancestral Russian Plain haplotype, by 13 mutations from the Central European ancestral haplotype, and by 12 mutations from the so-called "Old Scandinavian ancestral haplotype". In other words, your ancient ancestors left the Russian Plain some 4 thousand years ago and moved westward, eventually to the Isles.

### RESPONSE:

Thanks for your message. I read your article in detail. Very good. I understand where you are coming from. I am an engineer and can appreciate the statistics or probabilities.

I see that I go back Russia. Many of the Alexander's of Menstrie are supposed to be associated with the McAlisters and clan Donald. That may be true. Since my family was from that area, I thought I may be included. Who knows what may have happened way back in time. Perhaps when surnames were handed out, my family took Alexander because it sounded good or whatever. My line was probably one of the Vikings that came into Scotland at an early time. Thanks again.