

Ultima ratio

**Вестник Российской Академии
ДНК-генеалогии**

Том 3, № 8

2010 август

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	1255
ДНК-генеалогия, краниометрия, и происхождение европеоидов. <i>А.А.Клёсов</i>	1256
Возраст субклада R1b1b2-M269 и его субкладов (L23, L51, L11). <i>А.А. Клёсов</i>	1310
ARTICLES IN ENGLISH	
Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a1 tree. <i>I. Rozhanskii</i>	1316
Scotland's R1a1 Highland Clansmen, DNA Genealogy and the search for Somerled. Andrew MacEacharn (Australia) and Anatole A. Klyosov (USA)..	1325
ДИСКУССИИ И ПЕРЕПИСКА ПО ВОПРОСАМ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ, ИСТОРИИ, ЛИНГВИСТИКИ (ФРАГМЕНТЫ) DISCUSSIONS AND CORRESPONDENCE ON DNA GENEALOGY, HISTORY, LINGUISTICS (EXCERPTS). <i>Anatole A. Klyosov</i>	
1. О тюркских языках.	1359
2. On the split of DNA-lineages of the Jews and the Arabs.	1364
3. On DNA genealogy and the Tenth's (having DYS388=10). An open letter from Bill Tucker to a community of the Tenth's.	1366
4. DNA genealogy and mutation rate constants.	1370
5. On time-wise distances between pairs of haplotypes.	1376
6. R1a1 haplogroup in India.	1381
7. On "matches" between pairs of haplotypes.	1383
8. О скоростях мутации по Чандлеру	1384
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 18. <i>А. Клёсов</i>	
LETTERS IN ENGLISH: PERSONAL CASES (Letters 61 and 62) <i>Anatole A. Klyosov</i>	1398

ДНК-генеалогия, краниометрия, и происхождение европеоидов

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

Развернутая аннотация

В данной статье сделана попытка проследить древнейшие миграции анатомически современного человека, *Homo sapiens*, в Европу, и решить загадку, как первые европеоиды могли оказаться практически в одно и то же время в разных концах Евразии, а именно в центральной Европе и в южной Сибири. Для этого были сведены – в один контекст – данные по появлению древних людей в среднем и верхнем палеолите. Здесь стоит напомнить, что палеолит – это эпоха каменного века, и временные периоды палеолита различаются для разных территорий и соответствующих археологических культур («индустрий», «горизонтов»). Нижний палеолит – это совсем древнейшие времена использования каменных орудий, к *Homo sapiens*, как правило, не относятся, и простираются от нескольких миллионов лет назад до 100 тысяч лет назад на некоторых территориях. Средний палеолит в Европе – это примерно от 300 тысяч лет назад до 30 тысяч лет назад. Ясно, что большая часть этого периода тоже не относится к анатомически современному человеку. Верхний палеолит в Европе и части Евразии – это примерно от 50 до 12-10 тысяч лет назад, то есть до окончания ледникового периода. Здесь стоит привести недавние данные известного палеонтолога Curtis Marean, который в журнале *Scientific American* в августе 2010 года сообщил, что общими предками анатомически современных людей были кто-то всего из нескольких сотен мужчин и женщин, которые обитали на небольшой территории на самом юге Южной Африки между 195 и 123 тысячами лет назад (modern humans today descend from just a few hundred breeding pairs living in a single region at the tip of South Africa around 195,000 to 123,000 years ago).

Именно во времена перехода от среднего палеолита к верхнему на Земле появились первые европеоиды, то есть люди, имеющие определенный комплекс антропологических признаков, которых порой насчитывают до сорока, а то и больше. Когда и где появились европеоиды – современная наука пока не знает. Предложения выдвигались на протяжении последних более 200 лет, но соответствующие обоснования либо практически

отсутствовали, либо имели недостаточную доказательную базу. В настоящей работе сделана попытка выяснить место и время появления первых европеоидов, причем в контексте миграций *Homo sapiens* из Африки в Европу и северную Евразию, при рассмотрении археологических культур и родов-гаплогрупп мигрантов, а также их краниометрии, то есть формы черепа (черепного индекса) как одного из основных антропологических признаков. При таком рассмотрении оказалось, что первые европейцы прошли от Леванта (северной части Аравийского полуострова – восточной части при-Средиземноморья) на север, на Русскую равнину, где антропологические европеоиды образовались примерно 45-40 тысяч лет назад, мигрировали в Европу 40-38 тысяч лет назад как носители гаплогруппы I (или ее вышестоящей, сводной гаплогруппы II) , принеся ориньякскую индустрию с Русской равнины (куда ее зачатки были принесены из Леванта).



Из статьи ru.wikipedia.org/wiki/Левант

В те же времена европеоиды (или будущие европеоиды) мигрировали на восток, в Южную Сибирь, на этом пути (или ранее) разойдясь примерно 40-35 тысяч лет назад с монголоидной сводной гаплогруппой NO, и принесли

в Сибирь ту же ориньякскую индустрию. Это расхождение первых европеоидов с Русской равнины на запад и восток и определило парадоксальное на первый взгляд появление европеоидов практически в одно и то же время в противоположных концах Евразии, причем с той же ориньякской индустрией.

Первые европеоиды в Европе 40-38 тысяч лет назад были преимущественно долихоцефалами (имели удлинённый череп по сравнению с шириной лица), как показывают палеоантропологические данные, в то время как первые европеоиды Сибири примерно в те же времена были, видимо, брахицефалами (более округлая форма черепа). В немалой степени эта форма черепа сохраняется и поныне среди носителей гаплогрупп I1 и I2 (преимущественно долихоцефалы), и гаплогрупп R1a1 и R1b1 (преимущественно брахицефалы и мезоцефалы), хотя определенная динамика изменения черепного индекса была присуща тем и другим в ходе многих тысячелетий. Именно тем, что среди славян были представители трех основных гаплогрупп современных этнических русских – R1a1, I1/I2 и N1c, объясняется давняя загадка, почему черепной индекс древних славян варьирует в широких пределах, причем меняется от территории к территории, не обнаруживая каких-либо определенных территориальных закономерностей. На самом деле черепной индекс в значительной степени отражал распределение древних славян по гаплогруппам, которые в эпоху Новгородской и Киевской Руси (и позже) были уже в значительной степени перемешаны. Так что разнообразие черепного индекса среди древних славян скорее отражает их миграции, чем другие причины.

Может возникнуть вопрос, зачем ограничиваться только черепным индексом (наряду с рассмотрением гаплогрупп), когда в антропологии рассматривают более 40 показателей, из которых не менее 20 находятся в широком использовании среди специалистов, а десятков показателей (среди них объем черепной коробки, головной указатель, высотный указатель, скуластость, верхнелицевой указатель, орбитальный указатель [соотношение высоты к ширине глаз], расставленность глаз, ширина или длина глаз, носовой указатель [а также относительная ширина носа]) рассматриваются как основные. Не является ли возвращение только к черепному индексу чем-то архаичным, при наличии массы показателей в арсенале современной антропологии?

Мой ответ – нет, не является. Я умышленно не привожу данные по многим другим показателям (этому посвящена статья В. Рыжкова в следующем выпуске Вестника), потому что десятком показателей, да даже четырьмя-пятью можно порой описать всё, что угодно, тем более что каждый из них варьируется в широких пределах. Слишком много степеней свободы при

описании. На мой взгляд – это лучший способ увести интерпретации в тупик, или, напротив, в любые возможные варианты объяснений. Что на самом деле и есть тупик. Поскольку в итоге получается крайне запутанная картина, объясняющая всё на свете, с десятками и сотнями деталей, и базирующаяся на таблицах с сотнями и тысячами цифр. Это вовсе не преувеличение, а реальность. При этом концепция часто меняется, и опять можно всё объяснить на основе всех тех же сотен и тысяч цифр, и опять всё получается, как надо.

Подход, который я предпочитаю – попытаться объяснить закономерности с использованием только одного антропологического показателя, в данном случае классического черепного индекса, в отношении которого есть максимальное количество данных, и только тогда, когда становится ясным, что одного антропологического описания (в дополнение к гаплогруппам) недостаточно, только тогда стоит вводить дополнительные показатели, и то только по одному, пока ОПЯТЬ не становится ясным, что и второго показателя недостаточно, и нужно вводить либо другой, вместо второго, либо третий, в дополнение к второму. Это – долгий, но результативный процесс научного исследования.

Иначе говоря, я сторонник постепенного объяснения, от простого к сложному. Сначала надо объяснить разнообразие краниометрии среди казалось бы единой популяции, что за полтора-два года не могли объяснить, потому что исходили из единого понятия типа "славяне". А то, что славяне разные, догадывались, наверное, но меры не было. Теперь она есть. Вот и надо объяснить для начала принципиальные вещи, без того, чтобы вдаваться в избыточные детали.

Далее, видели, что в Европе в древности были в основном долихоцефалы, а потом пошло смещение к брахицефалам. Придумали теорию, что это люди те же, но у них со временем меняется форма черепа. То же перенесли и на славян, что сначала были славяне долихоцефалы (в Киеве), а потом стали меняться к брахицефалам, но почему-то начали меняться на востоке. Но мы-то теперь знаем, что это вариации в основном между древними носителями гаплогрупп I и R1a1. А такое даже как альтернативу ранее не рассматривали, кроме Г. Чайлда, и то он относился скептически к высадке брахицефалов на Пиренеях, хотя и сообщал, что есть такая точка зрения.

Так что моя позиция – надо объяснить принципиальные вещи, а остальные десятков параметров (как минимум) надо привлекать там, где не сшивается, где нет объяснений. Иначе нарушается принцип Оккама – привлечением избыточной информации, тем более с массой степеней свободы.

Далее, корреляционных диаграмм «популяционной генетики» я в данном изложении обычно избегаю, если только они не дают четкую иллюстрацию гипотезе (что бывает крайне редко), поскольку деревья гаплотипов обычно значительно более информативнее, когда речь идет о ДНК-генеалогии.

Вообще, какие подходы применять, зависит от поставленной задачи. На первый взгляд лучше изучения генома вообще ничего быть не может, но это не так, по крайней мере для современного уровня науки. Анализ генома часто дает совершенно расплывчатую картину там, где и 6-маркерные гаплотипы Y-хромосомы дают вполне четкий вывод. Иллюстрации приведены в последнем (июльском) выпуске Вестника. Я не сторонник подхода "или-или", я - за совокупность разных подходов. Например, корреляционные диаграммы в «популяционной генетике» или в краниометрии порой можно интерпретировать как угодно. Там часто облако точек, которое можно интерпретировать как угодно, было бы желание. Это - не наука, когда есть такое желание. Поэтому нужна совокупность перекрестных подходов. В настоящей работе, на мой взгляд, сделана именно такая попытка.

Наконец, я не сторонник философии, что надо всё объяснять как истину с самого начала. Так не бывает. У нас в руках обычно ограниченное количество данных, из этого и надо исходить. Поэтому надо формулировать временную концепцию, которая оптимально объясняет то, что есть. Будут новые данные - концепция будет совершенствоваться. Это только приветствуется - как новые данные, так и совершенствование концепции.

Предисловие

Происхождение европеоидов, или «кавказоидов» покрыто, банально говоря, мраком. Уже полвека считают, что они появились 60 тысяч лет назад, но как это произошло, и где - ответа нет. Одно из первых предположений было - на Кавказе (см. ниже), но как и когда - практически не обсуждалось. Да и сама дата 60 тысяч лет нуждается в перепроверке, так как была получена более тридцати лет назад (Nei, 1978a) при анализе «генетических расстояний» полиморфизма белков. Это само по себе особо критиковать не стоит, но у Нея эта дата была завязана на другие даты, а именно на разделение 120 тысяч лет назад негроидов, с одной стороны, и кавказоидов и монголоидов, с другой. Это, получается, еще до выхода человечества из Африки, по современным представлениям. Из кого тогда европеоиды произошли - тоже непонятно, если по этим старым данным

они образовывали совместную «расу» с монголоидами на протяжении 60 тысяч лет, причем, получается, в Африке, уже не будучи негроидами. Только из Африки вышли, стало быть, и тут же с монголоидами разошлись. Так ли это? Наверное, не так, поскольку негроидная компонента присутствует и в древних людях на Русской равнине, в стрелецком комплексе, связанном со слоем III Костенок 12 около 40 тысяч лет назад (см. ниже).

Само название «кавказоиды», под которым в науке (и в обиходных языках) и понимают «европеоидов», тоже появилось довольно своеобразно. В 1795 году немецкий антрополог Фридрих Блуменбах нашел на Кавказе череп, который показался ему верхом совершенства и изящества пропорций. Естественно, он принадлежал европеоиду, такой красивый, кому же еще?



Рис. 1. «Красивый череп», найденный Фридрихом Блуменбахом на Кавказе, который и положил начало термину «кавказионская раса»

Блуменбах считал, что белый человек, или европеоид, произошел на Кавказе, и потому племена, жившие на Кавказе, он считал образцом наиболее чистого и несмешанного типа «белой расы». Впоследствии Блуменбах отнес к кавкасоидам не только европейцев, но и жителей южной Азии и северной и северо-восточной Африки, но вычеркивал тех, которых мы сейчас назвали бы представителями гаплогруппы N «финно-угорской группы», в понятиях лингвистики), а именно лапландцев, финнов, мадьяр, а также турок (напомним, что в Турции только 4% гаплогруппы N, но 33% носителей гаплогруппы J ([Behar et al, 2010])). Так и принялось в научной литературе, а потом и в быту, как «кавказион» для обозначения людей европейского происхождения. Словарь Вебстера еще в 1938 году определяет это понятие так: “**Caucasian** - a member of the white division of mankind”. В

общем, белый человек. А вот слова *Caucasus*, то есть Кавказ, в словаре Вебстера того времени нет.

Wikipedia дает уже более обтекаемое и политкорректное определение: The term *Caucasian race* (also known as **Caucasoid** and sometimes **Europid** or **Europoid**) denotes the race or phenotypes of some or all of the indigenous human populations of Europe, North Africa, the Horn of Africa, West Asia, Central Asia, and South Asia. То есть в кавкасоиды зачисляются уже всех с более-менее светловатой кожей.

Но, впрочем, уже не только со светловатой. Вот еще определение: **Caucasoid** - one of the major geographical varieties of human beings, including peoples of Europe, Africa, the Near East, India, etc., who are generally characterized by tall stature, straight or wavy hair, etc.: loosely called the *white race* although it embraces many peoples of dark skin color.

То есть и темнокожие с вьющимися волосами уже тоже кавкасоиды. Неудивительно, что многие источники пишут, что понятие расы уже настолько размыто, что его не стоит и употреблять.

Мы употреблять и не будем. Мы ограничимся понятием «европеоид», то есть по современным меркам светлокожий человек обычно достаточно высокого роста, с прямыми светлыми волосами, не расплюснутым носом и не с выдвинутой челюстью, и рядом других более тонких антропологических характеристик, которые в настоящей работе нам не понадобятся. Естественно, сейчас в Европе есть все антропологические варианты европеоидов, включая и низкорослых с курчавыми волосами и смуглой кожей, что не удивительно, после многих тысяч лет совместного проживания представителей разных рас и антропологических признаков. Но мы в данной работе будем по мере возможности ориентироваться на «европеоидов» тысячелетия назад, когда такого размывания было, как можно полагать, несравненно меньше.

Итак, задача поставлена, антропологически примерно определена: выяснить, когда и где появились первые европеоиды, из кого (антропологически и гаплогруппно) они появились, то есть из представителей какого рода в терминах гаплогрупп Y-хромосомы ДНК, и как, какими миграционными путями они оказались в Европе, если не появились непосредственно в Европе с самого начала. Но это, как мы понимаем, вряд ли, так как первые люди – по современным представлениям – появились не в Европе, а в Африке. Многим (особенно неспециалистам) эта концепция «из-Африки» не нравится, но пока никто не смог представить никакой обоснованной альтернативы. А эмоции типа

«мне не нравится» в науке не принимаются. Что принимается – так это то, что самой древней из известных археологических находок, относимых к *Homo sapiens*, является череп Омо I, обнаруженный в Эфиопии, с датировкой 195 ± 5 тысяч лет назад.

Прежде чем выдвигать теории происхождения европеоидов, перечислим по пунктам те немногие факты и наблюдения, которые нам придется принять за основу. Некоторые из них противоречат друг другу, особенно когда за «факты» выдают уже интерпретации, но в науке такое, к сожалению, неизбежно. Даже когда в научной статье пишут «нашли костные остатки анатомически современного человека», это уже не факт, а интерпретация. Особенно когда на самом деле нашли только палец или зуб, что бывает нередко. Поэтому в случае взаимных противоречий «фактов» нам придется делать оптимизацию решения, в поиске которого придется снимать некоторые «факты» как противоречащие другим, и которые на поверку оказываются скорее интерпретациями, нежели фактами.

Приступаем (датировки и описания в пп. 2-18 и 21-22 приводятся по (Вишняцкий, 2006).

Выход из Африки, путь в Европу

1. Примерно 60-50 тысяч лет назад анатомически современный человек (далее – человек) вышел из Африки, и направился по Ближнему Востоку на север (его сородичи пошли также на восток до Австралии, но этот маршрут к теме настоящей работы не относится). В период 40-30 тысяч лет назад люди современного физического типа заселили Европу. В те же времена они начали заселение Южной Сибири и Северной Азии.

2. Ранее 38 тысяч лет назад человек появился на Русской равнине. Эта датировка определяется тем, залегают ли археологические памятники под или над горизонтом вулканического пепла кампанского игнимбритового извержения, произошедшего не позднее 38 тысяч лет назад (Fedele et al, 2002; цит. по Вишняцкий, 2006). Древнейший стрелецкий комплекс, связанный со слоем III Костенок 12, залегают под слоем этого пепла, значит, старше 38 тысяч лет. Заключительный этап развития этого комплекса (Сунгири) приходится на период от 28 до 25 тысяч лет назад.

3. То же самое – спицынская культура (Костенки 17, II), представлена в слоях, залегающих под слоем пепла, датировка – ранее 38 тысяч лет назад. В отношении «эволюционной продвинутости» (которая для идеальной среднепалеолитической индустрии будет равна -4, а для идеальной верхнепалеолитической +7, при охватывании в сумме примерно от 59 до 24

тысяч лет назад) спицынская культура имеет «индекс продвинутости» (ИП), равный 6.5. Это – самый высокий из всех европейских индустрий перехода от среднего палеолита к верхнему (ориньяк на Балканах от 1 до 5, ориньяк в Западной Европе от 3 до 6, ориньяк в Центральной Европе от 3.5 до 6). Только преориньяк в Леванте имеет ИП 6.5. Это означает, что в спицынской культуре Русской равнины практически по всем позициям – типы орудий, тип скальвания, техника объемного расщепления, подготовка камня к креплению, костяные орудия и так далее – выставлена максимальная оценка, как и преориньяку в Леванте. ИП равное 2.5 – это развитой верхний палеолит.

4. Датировки стрелецкой и спицынской культуры Костенок – древнее всех известных ориньякских комплексов в Евразии (на Апеннинах и Балканах они всегда залегают над пеплом). Происхождение спицынской культуры остается для антропологов загадкой.

5. Ориньяк на западе Европы появился не более 36 тысяч лет назад, в центральной Европе – не позже 38 тысяч лет назад (древность слоя III грота Гейсенклорстерле в Германии и слоя 3 стоянки Виллендорф II в Австрии).

6. Возраст памятников ориньяка в Европе уменьшается с севера на юг и с востока на запад.

7. На Западе Европы ориньяк появился в результате миграции извне, но азиатские и ближневосточные истоки маловероятны.

8. Индустрия слоя II Костенок 17 (спицынская культура) и по возрасту, и по характеру вполне подходит для того, чтобы рассматриваться в качестве возможного источника формирования ориньяка.

Переходим к Ближнему Востоку и Азии.

9. Ближний Восток – памятников много, периода 47-36 тысяч лет назад, ИП от -1.5 до 0 и до 2 на поздних этапах. Антропологический тип носителей неизвестен. Более поздние памятники – 38-36 тысяч лет назад, ИП от 5 до 6.5, люди современного физического типа. 36 тысяч лет назад появляется ориньяк, местное происхождение крайне маловероятно, скорее всего, миграция из Европы или из Передней Азии. В целом эволюция культуры от среднего палеолита к верхнему на Ближнем Востоке крайне замедленна, и имеет характер колебательных изменений.

10. На Аравийском полуострове данных по хронологии и истокам верхнего палеолита практически нет. То есть сами памятники есть, но нет определений возраста.

11. В Южной Азии описания археологически материалов скудны. Данных по верхнему палеолиту практически нет.

12. Восточная и Юго-Восточная Азия – изменения в культуре очень медленные, верхнего палеолита практически нет.

13. Передняя Азия – ориньякоидная индустрия, возраст древних комплексов более 36 тысяч лет, ИП от 0 до 3. Антропологический тип носителей неизвестен.

14. Малая Азия – единственный опубликованный комплекс верхнего палеолита (грот Караин) является ориньякским, возраст 28 тысяч лет.

15. Кавказ – верхний палеолит сравнительно недавний, 35-32 тысяч лет назад.

16. Средняя Азия – верхнепалеолитических памятников известно немного, на порядок меньше, чем среднепалеолитических. Датировок практически нет.

17. Ранние индустрии развитого верхнего палеолита (в состав которых входят спицынская культура и ориньяк – левантийский, балканский, западноевропейский [ориньяк 0 и ориньяк 1], центральноевропейский [ранний ориньяк] могут иметь общее происхождение.

18. Антропологических свидетельств присутствия *Homo sapiens* в Европе ранее 35 тысяч лет назад очень мало, и они не связаны с ориньяком. Откуда в Европу пришел ориньяк – остается неизвестным. Степень участия в этих культурах неандертальцев и анатомически современных людей в современной антропологии остается неизвестной.

Русская равнина как исходная позиция древних миграций на запад, в Европу, и на восток, в Южную Сибирь и на Алтай

19. Русская равнина вообще не рассматривается (и не рассматривалась) в рамках западной «популяционной генетики» как место нахождения каких-либо гаплогрупп древности. Согласно отцам-основателям «генетической генеалогии» и их последователям, на Русской равнине ранее 15 тысяч лет назад вообще никого не было. Миграционных путей древних людей того времени на Русской равнине по их представлениям также не было.

Последняя статья с анализом древних миграционных путей всех гаплогрупп Русскую равнину даже не рассматривает (Chiaroni, Underhill and Cavalli-Sforza, 2010). Все пути идут только на уровне Средней Азии или южнее. Сводная гаплогруппа IJK по данным этих авторов проходит по Малой Азии, превращается в IJ на западе Малой Азии, и как I уходит в Центральную Европу. Гаплогруппа R, которую изначально помещают на северо-восток Средней Азии, заметно южнее о. Балхаш, уходит как R на запад через Каспийское море в степи между Каспийским и Черным морем (что также не отвечает современным данным и расположению гаплогруппы R1a1, на чем мы остановимся ниже), и гаплогруппа N уходит опять с севера Средней Азии (территории севернее Индостана) на север и далее на запад по северу Уральских гор, почему-то там же и останавливаясь. Русская равнина на этой карте – огромное белое пятно.

20. В Южной Сибири выявлен ряд палеолитических комплексов с возрастом от 30 до 40 тысяч лет, или даже несколько древнее. Согласно недавнему сжатому обзору (Kuzmin et al, 2009, и ссылки там же), находок скелетных фрагментов *Homo sapiens* в Сибири имеется восемь, включая те, что с датировкой до 20 тысяч лет назад. Это – (1) двойное захоронение детей в Мальте (близ Иркутска), с ¹⁴C-датировкой 19880±160 лет назад, (2) фрагменты черепа на стоянке Афонтова гора 2 в Красноярске, (3) нижняя челюсть на стоянке близ Дивногорска, (4) нижняя челюсть на стоянке на Алтайской равнине, в южной части Западной Сибири около Барнаула, (5) два зуба из Денисовой пещеры (датировка для слоя 11 более 37 тысяч лет назад; там же – скорлупа страусиных яиц, что свидетельствует о климатических условиях в те времена), (6) зуб и фрагменты костей из пещеры Окладникова, с ¹⁴C-датировками 24260±180 и 34190±760 лет назад, (7) зуб из пещеры Логово Гиены, и (8) таранная (надпяточная) кость, с самой древней датировкой для (предположительно) *Homo sapiens* в Сибири – 43 тысячи лет назад, у деревни Байгара Тобольского района Тюменской области (Kuzmin et al, 2009). Последний образец имеет размер примерно 5x4.5 см, и по оценкам принадлежал взрослому человеку возрастом от 20 до 50 лет. Отнесение этого фрагмента к *Homo sapiens* было проведено на том основании, что найденная кость морфологически сходна с надпяточной костью *Homo sapiens* из Skhul (Израиль) с датировкой между >100 и 90 тысяч лет назад. Как авторы подчеркивают, это отнесение является пока условным, и если окажется, что это был неандерталец, то он был самым северным из неандертальцев, обнаруженных в Сибири. Удивительно, что с надпяточной костью неандертальца сравнение не проводили. Некоторые отнесения этих находок к *Homo sapiens sapiens* являются спорными, и по некоторым данным находки (5) и (6) принадлежали неандертальцам (Turner, 1988, 1990), по другим – анатомически современному человеку (Alekseev, 1998; Shpakova and Derevianko, 2000). Наконец, недавний анализ

ДНК показал, что длинные кости из пещеры Окладникова (6) с большой вероятностью принадлежали неандертальцу (Krause et al, 2007).

21. Там же, на Алтае, на стоянках Усть-Каракол (слои 8-11) и Ануй 3 (слои 11-12), найдены изделия, часто воспринимаемые как «визитная карточка ориньяка» - высокие нуклевидные скребки и микропластинки с ретушью. Некоторые авторы прямо считают, что это ориньяк.

22. Радиоуглеродная датировка материалов алтайских стоянок Кара-Бом (уровни обитания 5 и 6) и Кара-Тенеш (слой 3), а также Малояломанской пещеры дает от 43 тысяч лет (Кара-Бом) до 33 тысяч лет (Малояломанская пещера).

23. Полагают, что европеоиды прибыли в Южную Сибирь с Русской равнины. Цитата: «Из Восточной Европы палеоевропейцы перевалили через Урал и распространились по предгорьям и низкогорьям Южной Сибири до Байкала, где они основали 24 тыс. лет назад стоянки Мальта и Буреть. Тип наземных жилищ Бурети и Мальты, исключительное богатство костяного инвентаря, костяные женские статуэтки, каменный инвентарь – все это, безусловно, западные, европейские аналоги (Окладников, 1964). А.П. Окладников и З.А. Абрамова (Окладников и Абрамова, 1974) считали, что сибирские, в том числе и байкальские каменные изделия этого времени несопоставимы с дальневосточными. Последние генетически тяготеют к Юго-Восточной Азии (Япония, Индокитай). Предположение этих исследователей подтвердил американский антрополог К. Тернер (1990), который установил физическое родство жителей Мальты с палеоевропейцами (кроманьонцами) вообще и людьми Костёнок и Сунгиря, в частности. При этом он категорически отвергал какое-либо родство мальтинцев с палеоиндейцами Америки и жителями Центральной Азии» (Малолетко, 2001).

Упомянем «генетические расстояния» (в деталях обсуждается ниже) и о ранней датировке появления европеоидов

24. Масатоши Ней в своей довольно старой работе (Nei, 1978a) на основе «генетических расстояний» полиморфизма белков рассчитал, что расхождение европеоидов (кавказоидов) имело место 60 тысяч лет назад, а негроиды отделились от них 120 тысяч лет назад. С позиций современной науки ясно, что последняя оценка значительно завышена (в древность). Иначе будущие европеоиды-монголоиды (фактически, сводная гаплогруппа NОР) должны были отделиться от негроидной популяции ещё в Африке, за многие десятки тысяч лет выхода за пределы Африки. Это не проходит ни по филогении, ни по срокам.

Переходим к краниологии и краниометрии

25. По так называемому «черепному индексу» (отношение ширины черепа к его длине, от переносицы до макушки) людей подразделяют на долихоцефалов (у мужчин это отношение ниже трех четвертей, 0.75 до 0.65, с переходом к гипердолихоцефалам (0.65 до 0.60) и ультрадолихоцефалам (0.60 до 0.55), а также мезоцефалов (0.75 до 0.80), и брахицефалов (0.80 и выше), с переходом к гипербрахицефалам (0.85 до 0.90), хотя цифры могут несколько различаться в разных классификациях. В этой работе будут использоваться дробные показатели, хотя чаще их умножают на 100. Ясно, что черепной индекс может служить основой только для очень приблизительной классификации, но не проработав очень приблизительную классификацию, мы не можем себе позволить вдаваться в более тонкие детали.

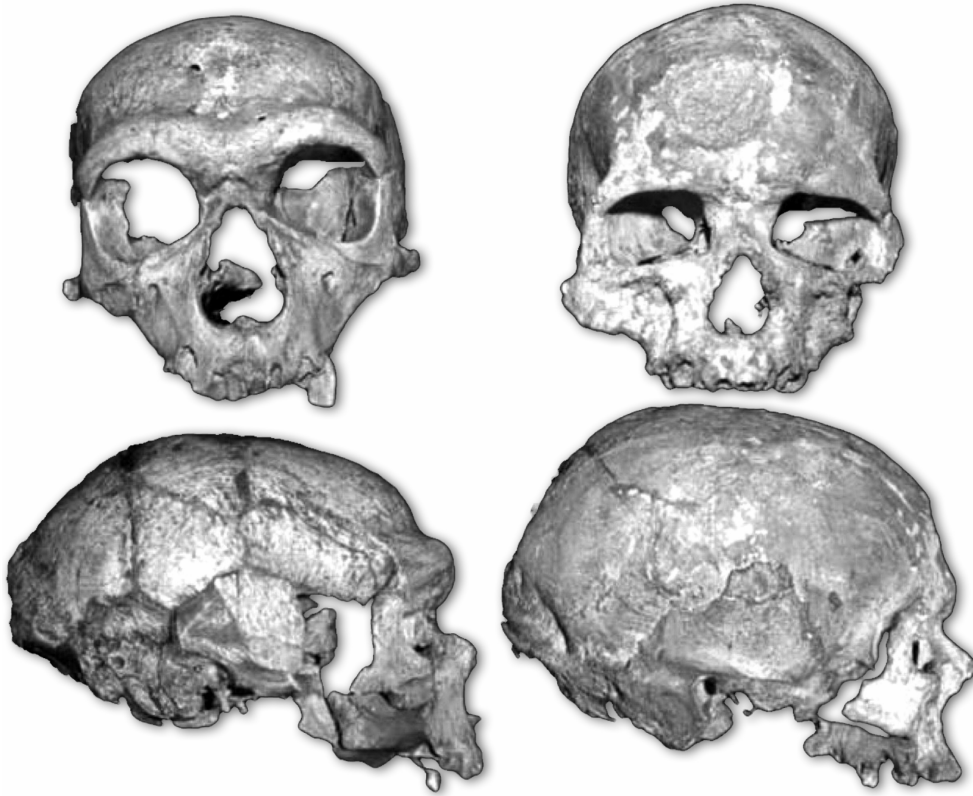


Рис. 2. Череп неандертальца (слева) La Chapelle-aux-Saints (черепной индекс 0.75), 50 тысяч лет назад, и кроманьонца 1 (черепной индекс 0.74). Из работы (Weaver, 2009). Черепные индексы в цитированной статье не приведены.

26. Для физического типа европейца верхнего палеолита (между 50 и 12-10 тысяч лет назад) был характерен краниологический полиморфизм, то есть

разнообразие людей с разным черепным индексом. За основной тип принимают кроманьонца 1 (юго-запад Франции; абсолютная дата - 30 тысяч лет до настоящего времени) - череп долихокранный (0.74). К этой основной характеристике добавляют массу других, но в настоящей работе мы детализации будем избегать, кроме необходимых вариантов, поскольку она и завела многие работы по краниологии в тупик. Впрочем, по кроманьонцам есть много других черепных индексов - между 0.71 и 0.76, а также 0.79, 0.86 - последнее уже выраженные брахицефалы.

27. У древних европейцев были выявлены немало долихоцефалов, с индексами

- 0.67 - 0.69, например, стоянки в Боснии-Герцоговине, бронзовый век,
- 0.69 на Сардинии, *Caverna delta Matta*,
- 0.70 *Grimaldi 6* (Италия),
- 0.70 *Piedmost 14* (Моравия),
- 0.71 *Mladec 1* (Моравия),
- 0.73 *Piedmost 3* (Моравия)
- 0.73 *Erteboelle* (Норвегия),

Долихоцефальными были и неандертальцы, с черепными индексами между 0.68 до 0.73, но они же были и мезоцефалами (0.75, 0.76, 0.77) и брахицефалами (0.80 и до 0.84-0.85). Долихоцефальными были древние люди (в том числе не обязательно предки современного человека) из *Olduvai* (0.66), *Broken Hill* (0.71), *Qafzeh 6* (0.68-0.74 по разным данным), *Skhul IX* (0.68) и *Skhul IV* (0.72), но *Skhul V* имел индекс 0.75, а *Shanidar-1* 0.74. Эти и многие другие черепные индексы приводятся по списку <http://www.andyblackard.com/data/CranialIndexStudy.htm>, по краниометрическим таблицам W.W. Howell (<http://konig.la.utk.edu/howells.htm>), и по данным, цитированным в работе (Рыжков, 2010).

28. Позже по времени в Европе появляются брахицефалы - ККК (культура колоколовидных кубков) с черепным индексом 0.80-0.84, альпийские кельты 0.80 до 0.88, волжские сарматы 0.80 - 0.81, шотландцы бронзового века 0.81, древние жители на территории современной Англии (0.81) и Уэльса (0.81), представители минойской цивилизации 0.81, бронзового века на Карпатах 0.81, осетины 0.82, армяне 0.84, турки 0.84, грузины 0.86, представители современных венгерских секлеров 0.81. Последние - аналоги российских казаков, привилегированные пограничные «вольные служивые» (Клёсов, 2009а). Брахицефалы, как понятно из черепного индекса, "короткоголовые", у них лицо шире и "глубина" черепа меньше, так что отношение между ними сдвигается вверх, и превышает три четверти (некоторые считают, что

для того, чтобы считаться брахицефалом, черепной индекс должен быть выше, чем 80.9%).

29. Согласно Гордону Чайлду (Childe, 1926; перевод 2005), предполагаемое вторжение «неолитических брахицефалов» в Европу произошло из Северной Африки через Гибралтар (Чайлд при этом цитирует других исследователей), это были носители ККК (культуры колоколовидных кубков) и говорили они не на индоевропейских языках. Они «вклинились между низкорослыми долихоцефалами средиземноморского типа и высокими долихоцефалами севера», и впоследствии заложили в Европе основы бронзового века.

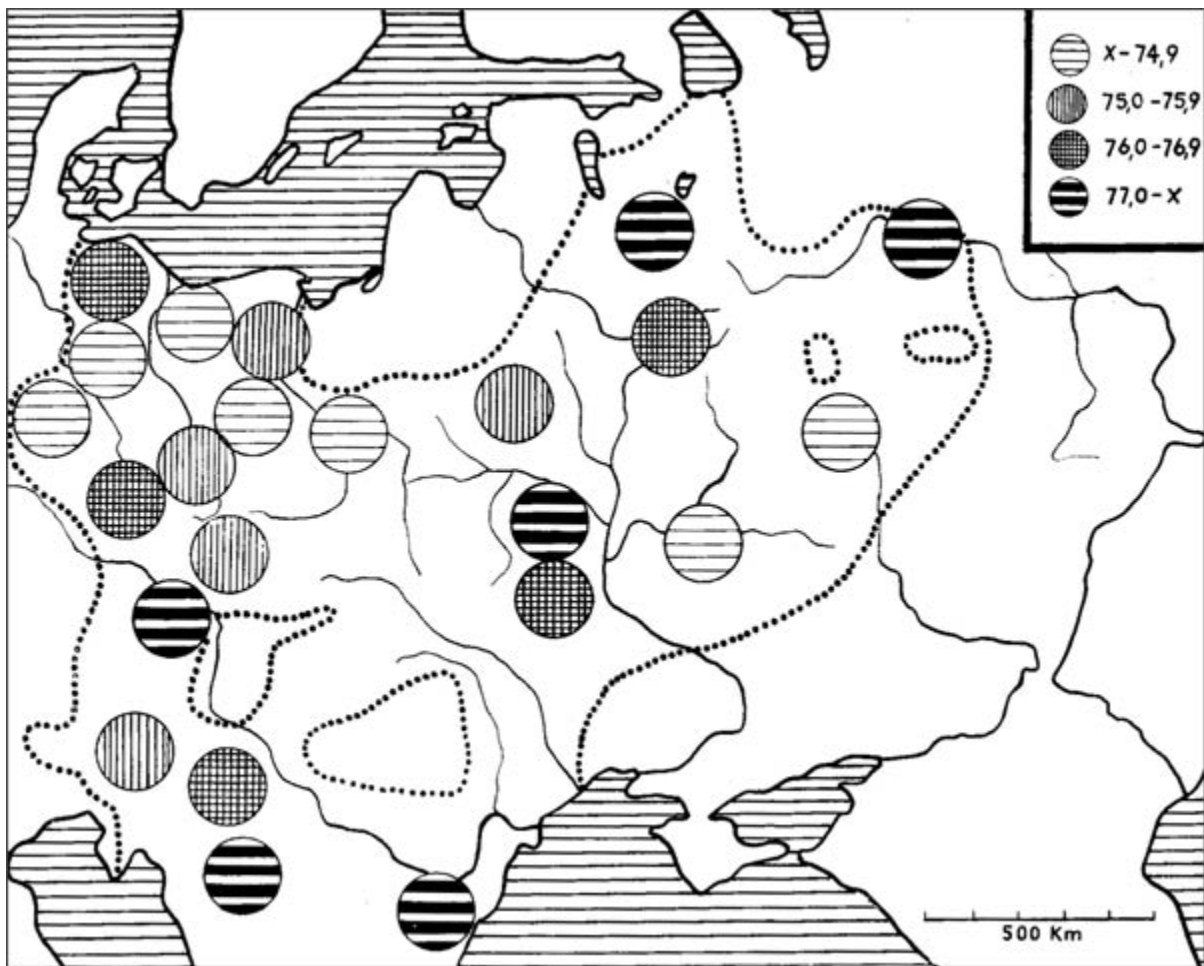


Рис. 3. Распределение черепных индексов среди древних славян по территориям центральной и восточной Европы. Символы на рисунке обозначены в верхнем правом углу. По данным (Schwidetzky, 1938).

30. Среди долихоцефалов в Европе немало скандинавов, а среди брахицефалов и мезоцефалов - славян. Долихоцефалы также - негры

Африки (как и мезоцефалы), а брахицефалы - также монголы. Но негры и скандинавы резко различаются по форме челюсти (прогнатизм): негры - прогнатные долихоцефалы (то есть узкоголовые, но челюсть выдается), а скандинавы - ортогнатные долихоцефалы (челюсть не выдается). Монголы - прогнатные брахицефалы, а славяне - ортогнатные брахицефалы. Есть южноевропейские долихоцефалы - часть средиземноморцев, они обычно малорослые и смуглокожие, темноволосые. Есть североевропейские - часть скандинавов, они обычно высокие и светлокожие, светловолосые.

31. По данным Schwidetzky (1938), среди древних славян Русской равнины наблюдаются все варианты «черепного индекса» - среди восьми исследованных регионов в двух преобладали долихоцефалы (оба - к югу, между Днестром и Доном), в трех - мезоцефалы (в районе современных Украины-Белоруссии), и еще в трех - мезо-брахицефалы - на севере, западе и востоке (рис. 3). По семи племенам и регионам распределение следующее:

- вятичи, в основном (и поровну) долихоцефалы и мезоцефалы, брахицефалов 13%, гипербрахоцефалов (свыше 0.85) - 2.1%
- поляне и дреговичи, практически то же самое,
- кривичи, почти так же, но со смещением к брахицефалам (9.7%) и гипербрахицефалам (18%),
- северяне, почти исключительно долихо- и мезоцефалы, со смещением к первым (53% и 45%, соответственно),
- древляне, почти исключительно мезоцефалы (86%) с небольшой долей долихоцефальности (14%),
- костромичи, почти поровну долихо-, мезо- и брахицефалов (по трети в каждой группе),
- новгородцы, в основном мезоцефалы (59%) и брахицефалы (32%), с малой долей долихоцефалов (7.6%) и гипербрахицефалов (1.9%).

В целом долихоцефалов больше всех у северян (53%), мезоцефалов у древлян (86%), брахицефалов у костромичей и новгородцев (32-33%), и гипербрахицефалов у кривичей (18%).

Примеры черепов различных форм приведены на рис. 4 - 6.

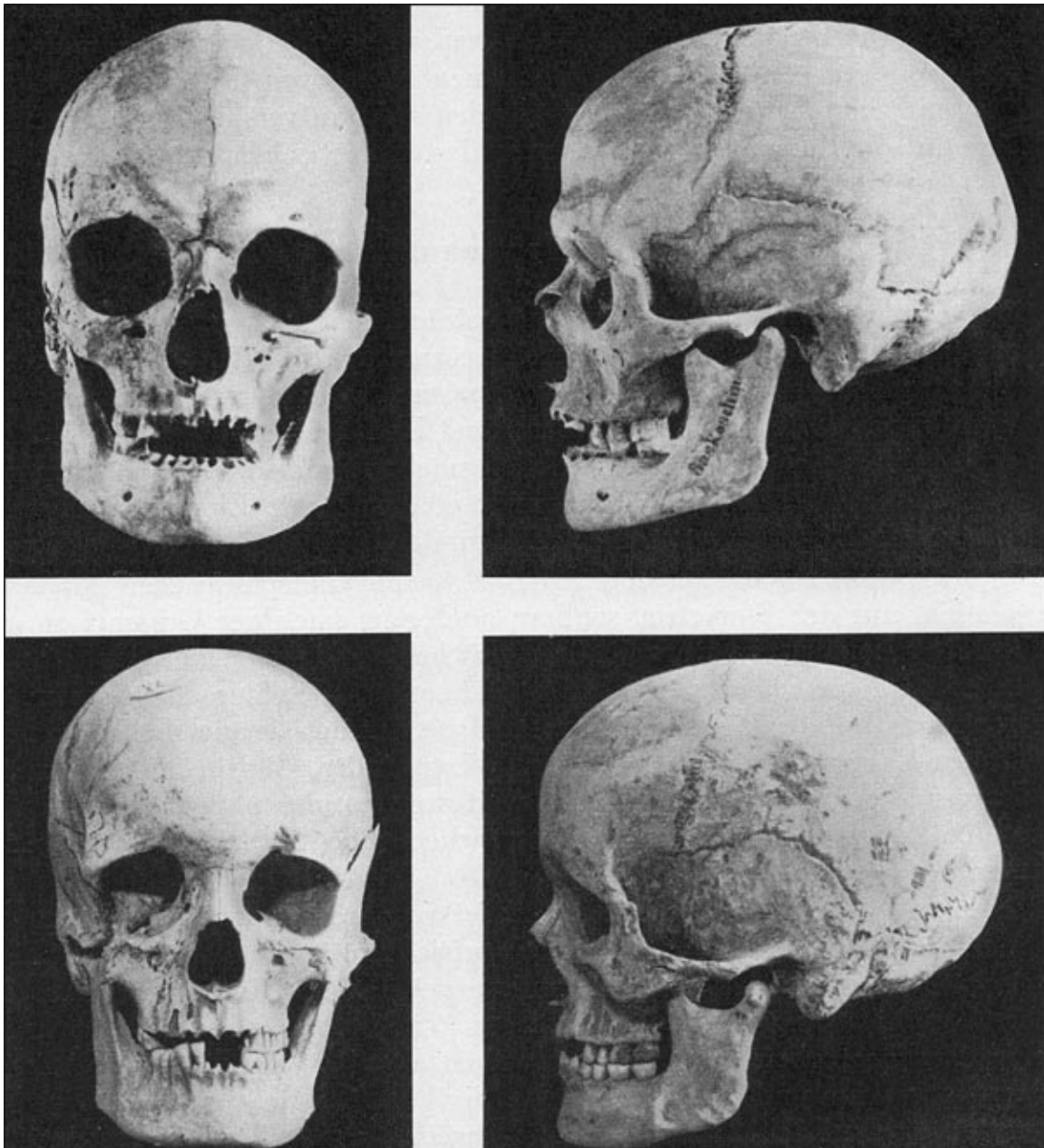


Рис. 4. Древние славяне, «нордическая раса» (по Schwidetzky, 1938).
Измерение ширины черепа к «глубине» дает отношение 0.72 для обоих черепов - верхнего и нижнего. Это - долихоцефалы.

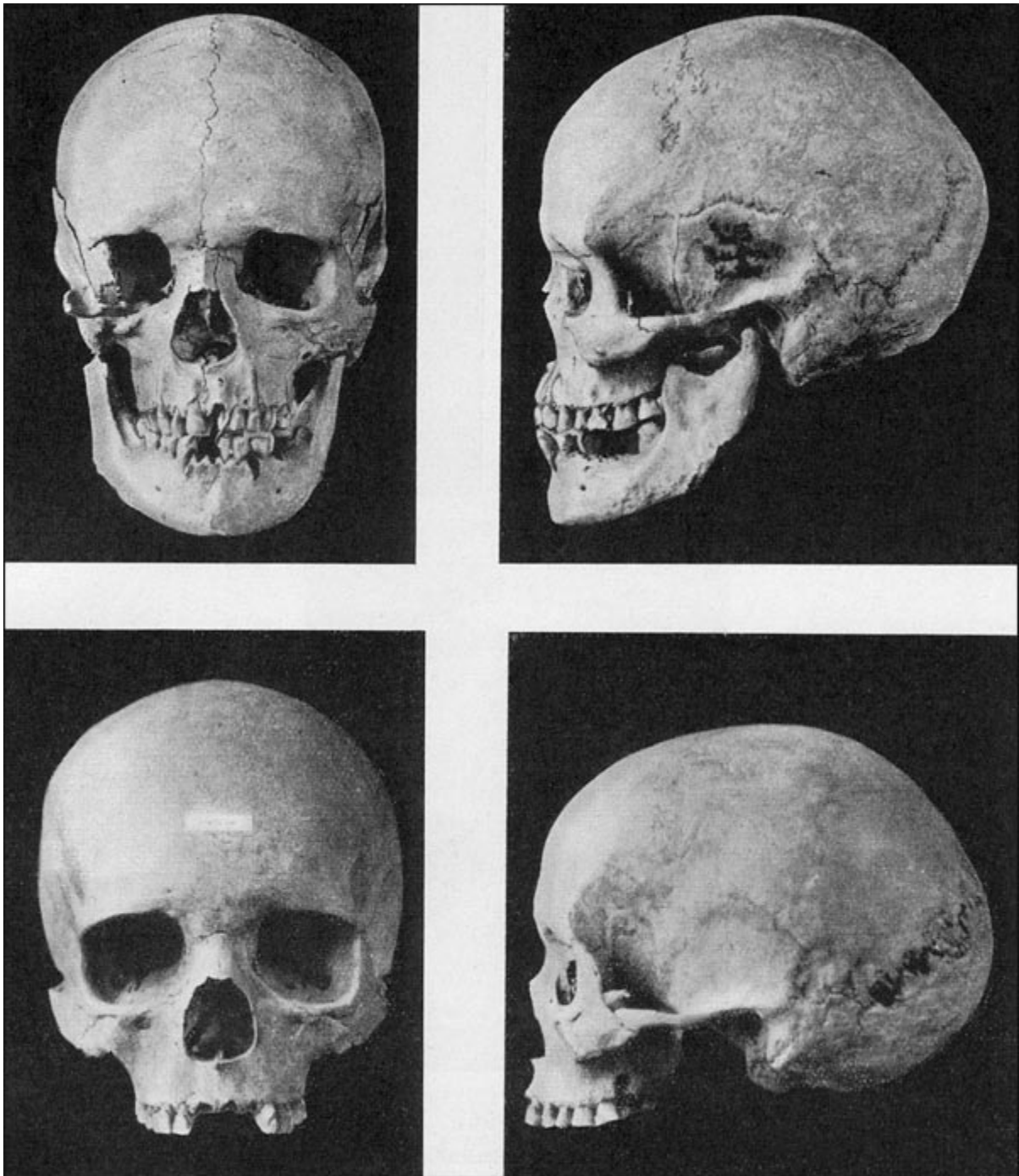


Рис. 5. Древние славяне, «восточноевропейская раса» (по Schwidetzky, 1938). Измерение ширины черепа к «глубине» дает отношение 0.75 для верхнего черепа, и 0.82 для нижнего. Это, соответственно, мезоцефал и брахицефал.

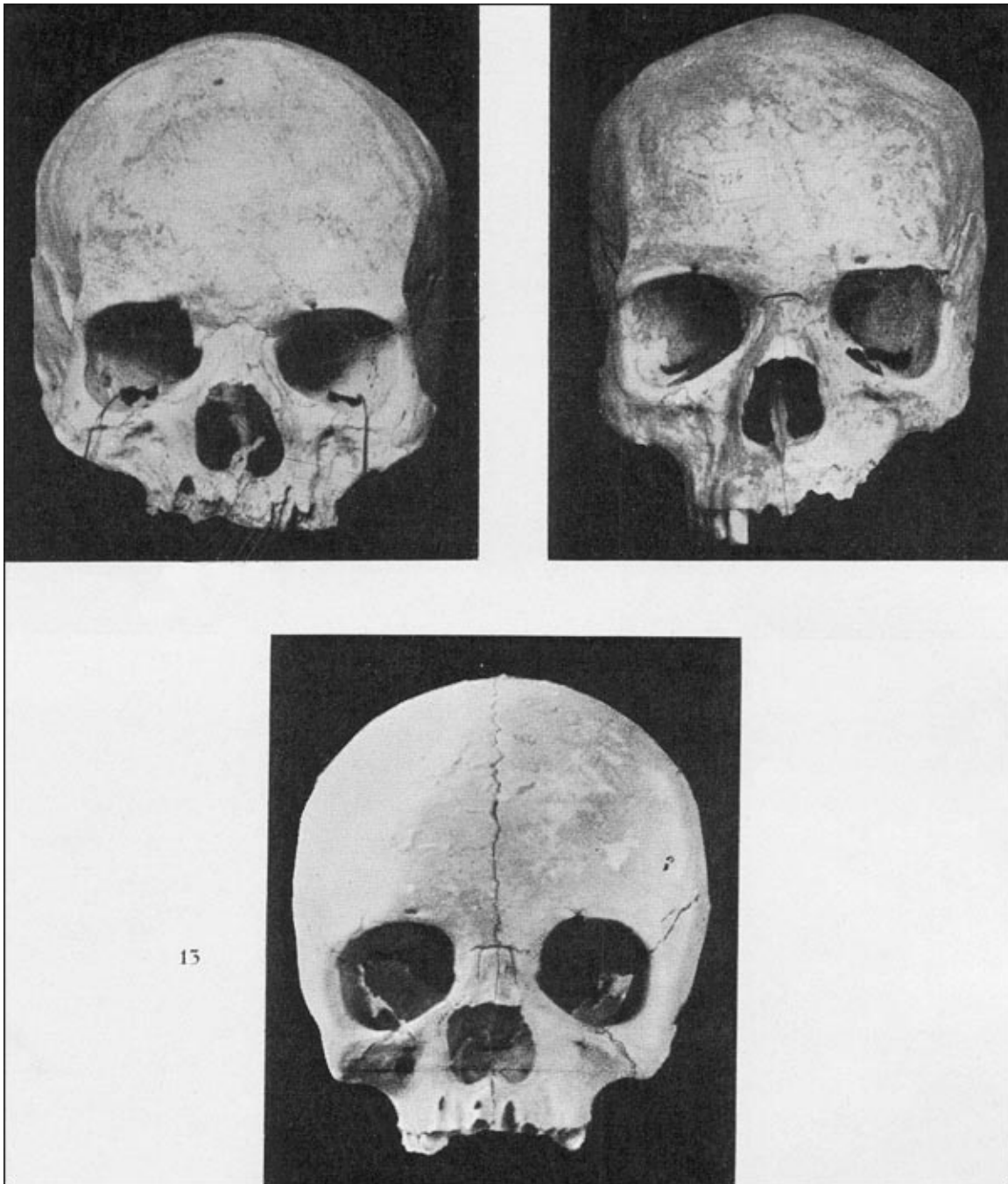


Рис. 6. Древние славяне (по Schwidetzky, 1938). Видно, что это не долихоцефалы (ср. с рис. 4), даже не глядя на глубину черепа.

Последующие данные взяты из материала <http://www.andyblackard.com/data/CranialIndexStudy.htm>. Они нам будут нужны ниже при формулировании концепции и ее обсуждении.

32. Есть отрывочные данные по скифам, черепной индекс 0.72 – 0.77. Под рубрикой «степи России» цитируются черепные индексы в Пензе и Тамбове, 0.79, на Дону 0.80. Серия «волжские сарматы» из 18 человек показала средний черепной индекс 0.81 (брахицефалы). С другой стороны, черепа 8-го века н.э. на территории современной Украины – 0.74.

33. По Алтаю есть немного данных, в интервале черепных индексов 0.76 – 0.81.

34. У американских индейцев (северная и южная Америка) наблюдаются все варианты черепного индекса, от 0.63 до 0.95. Среди них ирокезы от 0.71 до 0.82, индейцы Мичигана 0.73, индейцы Небраски 0.78, ацтеки 0.79, индейцы северо-запада Америки 0.81, команчи 0.85, индейцы Никарагуа 0.89, индейцы майя 0.94, древние индейцы (пре-инка) 0.94-0.95. В целом индексы свыше 0.84 имеют 96% индейцев вичита, 89% индейцев Британской Колумбии, 88% апачей, 87% мохава, 67% виннебаго, 65% команчей, 51% индейцев южного Орегона, 49% навахо, 20% чероки, 15% ирокезов, 10% индейцев племени сиу. У ряда индейских племен черепной индекс 0.84 и выше имеют только 5-7%.

35. Для сравнения, черепной индекс древних носителей культуры колоколовидных кубков – в юго-восточной Англии 0.80 – 0.84, в Шотландии (Aberdeen) 0.80 – 0.88, у альпийских кельтов 0.80 – 0.88, у жителей древней Помпеи 0.80, в современной Италии (среднее для 20 человек) 0.80 – 0.83, там же, в современной Болонье (северная Италия) 0.83 – 0.84, среди финнов (среднее для 29 человек) 0.79, у лапландцев (среднее) 0.82 – 0.83, по другим данным 0.85, среднее по другой серии данных 0.87. Наконец, у протодравидов в Индии варьируется от 0.66 до 0.78, плюс изолированный черепной индекс у современного индийца 0.78.

36. «В отдаленной древности на территории Европейской России преобладали долихоцефальные формы черепа. Мы встречаемся с ними уже в эпоху каменного века, хотя тогда, именно в неолитический период (а отчасти, по-видимому, и в бронзовый), попадают уже и более широкие черепа» (Д. Анучин. Россия в антропологическом отношении. Брокгауз и Ефрон, Энцикл. Словарь).

37. «Наиболее обширным краниологическим материалом мы располагаем относительно курганного периода, и в особенности относительно курганов IX–XI вв. в Средней России. Здесь (в губерниях Московской, Ярославской, Костромской, Владимирской, Рязанской, Тверской, Смоленской, а также Петербургской, Орловской, Черниговской, Киевской и др.) были найдены при раскопках тысячи черепов, большинство которых относится к

долихоцефальным, вроде найденных в древнегерманских могилах. Для некоторых местностей, особенно Москвы, удалось собрать краниологический материал и для последующих эпох из кладбищ XVI–XVIII вв. Из этого материала выводится заключение, что брахицефалия, редкая в древности, с течением веков все возрастала, а долихоцефалия, наоборот, постепенно исчезала и стала в настоящее время очень редкою. Такой же процесс изменения формы черепа происходил и в Германии и Австрии» (там же).

38. «С другой стороны является вопрос, какому же племени принадлежал долихоцефальный тип курганных черепов? Некоторые исследователи, в том числе проф. Гарнецкий, приписывали его племени инородческому на том основании, что современные славяне и русские – брахицефалы. Другие, и между ними проф. Богданов, высказывали предположение, что это были славяне. Последнее мнение основывалось на том, что преобладание долихоцефалии характеризует не только черепа из московских, рязанских, тверских курганов... но также и из курганов смоленских, могилевских, черниговских, киевских, в том числе несомненно славянских, княжеских» (там же).

39. «У чехов теперь также господствует брахицефальная форма черепа (еще в большей степени, чем у русских), но древние могилы их страны, по всем признакам славянские, характеризуются долихоцефалией находимых в них черепов» (там же).

40. «Из немногочисленных еще наблюдений, произведенных, главным образом, над фабричными Московской и Рязанской губ., оказывается, что ...ширина головы, напр., в ее отношении к наибольшей длине головы представляет колебания показателя от 71 до 93, переходя, следовательно, от типичной долихоцефалии (не уступающей курганной) до крайних степеней брахицефалии. Но долихоцефальные формы составляют теперь исключения; преобладают формы более широкие... средняя величина головного показателя, 81,5–82,5 (Воробьев, Зограф, Анучин) (там же).

41. «Весьма сходная величина среднего головного показателя была найдена и для населения некоторых других Среднерусских губерний, а равно для привислянских поляков (80,8, по Элькинду), но у белорусов, малорусов, поляков и особенно у австрийских славян – несколько большие цифры (82,5–85)» (там же).

42. «Из наблюдений доктора Воробьева над фабричными уроженцами Рязанской губернии (325 особей,), можно... вывести заключение, что наиболее высокорослые особи (рост в среднем 167,2 см) отличаются и более

выраженной брахицефалией (показ. ширины головы в среднем – 82,1)» (там же).

43. «Раскапывая курганы средней России, мы встречаем в громадном преобладании долихоцефалов, к которым в более новых могилах примешивается всё большее и большее число короткоголовых....От Москвы к северо-востоку и юго-востоку идет преобладание короткоголового типа, а к западу – длинноголового» (Богданов, 1882).

44. «Первыми жителями, о которых только повествует нам история, в юго-восточной России были скифы, а они, сколько можно судить по имеющимся изображениям, были по чертам лица не монголы, а по черепу долихоцефалы, как это можно видеть из описанного мной собрания скифских черепов, добытых раскопками В. Б. Антоновича, Д. Я. Самоквасова и Т. Б. Кибальчича. Монголы были у скифского народонаселения только как примесь... Этот скифский длинноголовый череп очень сходен с тем длинноголовым черепом из Гамарни, который нашел Д. Я. Самоквасов в могиле с каменными орудиями Киевской губернии.... Здесь краниология приводит к тому же предположению, к какому не раз приходили и историки, что славянские племена искони жили, с каменного века в России, но что они известны были в истории под другими именами и в особенности скифов. Если принять, что название славян придано было впоследствии тем же скифам, то мы выясняем себе вполне краниологию Киевского округа» (там же).

45. «Но славяне были и в Новгороде, и новгородские славяне влияли на Киев; каков же был их краниологический тип? На это у нас также уже существуют некоторые фактические ответы. К сожалению, по отношению Новгорода мы не имеем таких резко-определенных хронологических серий, какие были даны для Киевской губернии раскопками археологов, но сравнивая курганные черепа вообще из Новгородской губернии с черепами из жальников, описанными покойным Волкенштейном, и черепами из более общих могил кладбищенских близ самого Новгорода, мы видим: 1) курганные являются в значительной степени длинноголовыми, особенно мужчины; 2) что могилы в жальниках и в самом Новгороде, принадлежащие более новому времени, характеризуются преобладанием короткоголовых, так что и здесь является также хронологическая последовательность типов черепа, как и в Киевских и Московских населенных пунктах; 3) что короткоголовостью, почти вдвое большей в процентном отношении, отличаются женские и женоподобные черепа, как будто новгородцы себе приобретали жен из другого, отличного от них, племени; 4) короткоголовый тип как будто сосредоточивается по преимуществу в кладбищах около Новгорода, в жальниках Валдая и курганах Старой Руссы;

в других же местностях, как в Лужском уезде, и других, больше длинноголовых. Наконец, что всего интересней, самые древние черепа Новгородской области, как видно из коллекции А. А. Иностранцева, длинноголовые, и притом не субдолихоцефалические, а чисто долихоцефалические.... С нахождением населения длинноголового в эпоху каменного века в значительной численности в известных местностях Новгородской земли является параллель с Киевской областью, где тоже пока следы каменного века представлены только длинноголовым черепом» (там же).

46. «Рядом с крайними брахицефалами, каковы, например, обитатели средней Франции (оверньяты), северной Италии, Тироля, славянских стран, мы встречаем и долихоцефальные племена в среде южных народностей на почве Германии, Скандинавии и России. Брахицефальный тип уже существовал в Европе в течение каменного века; с другой стороны, долихоцефалы преобладают между древнейшими найденными до сих пор черепами, как и между черепами древних германских и славянских могил» (Анучин, 1884).

47. «В Германии, например, констатировано, что в древних курганах ее (Hunengraber) было погребено высокорослое население, с преобладающей длинной и узкой, так наз. долихоцефальной, формой черепа. Эти курганы, очевидно, заключают в себе остатки древних германцев; между тем современное немецкое население имеет преобладающей формой головы — короткую и широкую, брахицефальную, и долихоцефалия встречается только спорадически, или на таких окраинах, как побережье Немецкого моря, в Швеции и т. д. Очевидно, тип черепа нынешних немцев не тот, что был у древних германцев, как и характерная древняя белокурость германского племени встречается теперь у меньшинства населения, тогда как большинство — шатены, с немалой примесью брюнетов. Подобное же явление видим мы и на славянской территории России. Древнейшие курганные черепа, как из скифских и скифо-сарматских, так и из славянских курганов, выказывают преобладание долихоцефалии, тогда как у современного русского населения преобладает брахицефалия. И это применимо в одинаковой степени как к южно-русскому, так и к северно-русскому населению, причем у современных малоруссов встречаются, по видимому, даже более сильные степени брахицефалии, чем у великоруссов» (Анучин, 1892).

48. «Все известные нам тюрки отличаются короткоголовостью, и такой же тип представляют и черепа из некоторых древних тюркских курганов (напр. в Зауралье)... Возможно, во всяком случае, что среди древних славянских племен были и коротко- и длинноголовые, как и теперь есть —

одни с преобладанием белокурости (поляки), а другие — темноволосости (южные славяне), одни — высокого роста, другие — более низкого и т. д.... Но если допустить, что древние русские славяне были долихоцефалы и — судя опять-таки по курганным находкам — вообще высокого роста, то как объяснить изменение этого типа в брахицефальный и, в большинстве случаев, менее рослый? На этот счет могут быть высказаны только более или менее вероятные догадки» (там же).

49. «Д-р Эмме, в Кобелякском уезде Полтавской губ., измеряя крестьян в своей амбулатории, констатировал среди них до 30 % длинноголовых, а проф. Краснов, производя измерения над населением Харьковского уезда, нашел у великоруссов более долихоцефалов, чем у малоруссов. Сравнение черепов из старинных московских кладбищ XVII и XVI вв. показывает, что в это время брахицефальный тип уже был преобладающим, тогда как в курганах Московской губ. X-XI вв. преобладал еще тип долихоцефальный. Но и в это отдаленное время кое-где, особенно в курганах восточной части губернии, встречалась уже примесь короткоголового типа» (там же).

50. «На Кавказе, как и в Европейской России, мы встречаемся, по отношению к форме черепа, с преобладанием долихоцефалии в древности (судя по черепам из древних могил) и с распространением брахицефалии в настоящую эпоху. Лишь немногие из современных кавказских народностей выказывают присутствие долихоцефального элемента (натухайцы, азербайджанские татары), тогда как большинство характеризуется высокими степенями брахицефалии (напр. абхазцы, грузины, армяне, айсоры, горские евреи, дагестанцы, кумыки)» (Д.Н. Анучин. Россия в антропологическом отношении. Брокгауз и Ефрон, Энцикл. Словарь).

51. «Финны Среднего Поволжья (мордва, черемисы) сливаются в своих антропологических признаках с соседними великорусами... Тип угрофиннов, вогулов и остяков — древней югры — заслуживает в особенности изучения, так как это, по-видимому, — наиболее узкоголового племени, хотя и выказывающее в чертах лица некоторые монголоидные признаки» (там же).

52. «В Средней Азии мы находим с глубокой древности борьбу двух этнографических элементов — оседлого иранского и кочевого тюркского, соответствующих двум расовым типам — белому (арийскому) и монгольскому. Смещение двух элементов выразилось как в языке (иранском — таджикском и тюркском — узбекском), так и в типе с его то монголоидными, то более правильными, иранскими черепами, сопровождающимися и большей бородатостью. В черепе, однако, преобладает брахицефалия, достигающая высоких степеней у таранчей, горных таджиков и др., череп которых представляет в этом отношении

любопытное сходство с брахицефальным типом Зап. Европы (Савойи, Оверни и т. д.) и вместе с тем заметное отличие от черепа собственно персов... Антропологические типы Ирана и вообще Передней Азии требуют, однако, более детального изучения. Если там и распространен долихоцефальный элемент, присутствие которого уже можно было предполагать на основании положения страны между Индией (с ее резко выраженной долихоцефалией) и Кавказом (древние могильники которого изобилуют долихоцефальными черепами), то, с другой стороны, та же Передняя Азия была, как мы знаем, и родиной крайних брахицефалов (между прочим, армян)» (там же).

53. «Влиянием типов Передней Азии объясняют некоторые и брахицефалию современных евреев (особенно горских, кавказских, но также караимов и русских евреев), распространившихся в России... Собственно семитический тип – долихоцефальный, сохранившийся еще отчасти и теперь у так наз. испанских евреев, в Испании, Болгарии, отчасти в Лондоне, Амстердаме и т. д.; но у австрийских и русских евреев он превратился в брахицефальный, нередко даже светловолосый» (там же).

54. «Долихоцефалия является редким исключением вообще у современных славян, у поляков, чехов, словаков, сербов, которые все характеризуются, по-видимому, преобладанием брахицефалии. Немецкие ученые склонны думать, что и изменение формы германского черепа последовало от смещения со славянским элементом, вошедшим в значительной дозе в состав нынешнего населения Германии. Однако, представляется еще вопросом, действительно ли все современные славяне выказывают преобладание брахицефалии. Современные болгары, по-видимому, по преимуществу долихоцефалы: в пользу этого говорит, во-первых, тот факт, что болгарские черепа, добытые из несомненно болгарских кладбищ д-ром Радаковым, во время последней Русско-турецкой войны, и доставленные в московский антропологический музей, оказались долихоцефальными, а с другой стороны, это же подтверждают наблюдения над современными болгарскими, поселившимися в Крыму, которые, по измерениям над живыми особями г. Гинкулова, оказались также почти все долихоцефалами. Если это так, то мы имеем и теперь одно славянское племя с преобладанием долихоцефалии» (Анучин, 1892).

Немного о генетических расстояниях (определения понятия см ниже)

55. А.Ф. Назарова еще в 1999 году (Назарова, 2009, и ссылки там же) провела анализ частот аллелей ряда генетических маркеров у алтайцев и ряда народов Сибири, показала, что эти частоты можно группировать как

«европеоидные», «монголоидные» и промежуточные между ними, и предположила, что алтайцы (предковые популяции Южной Сибири) могли быть прародителями как американских индейцев, так и европеоидов, а также некоторых современных популяций монголоидов (Назарова, 2009, стр. 184). «При этом от ствола монголоидов, уже имевших ряд европеоидных признаков, отщепилась ветвь финно-угорских племен, которая пошла... на северо-запад, и, расселившись от Западной Сибири, Урала и Волги до Скандинавского полуострова, дала, в конечном счете, настоящих европеоидов – марийцев, мордовцев, удмуртов, эстонцев и финнов» (там же, стр. 186).

56. «Являясь по морфологическим признакам этносом, принадлежащим к монголоидной ветви человечества, алтайцы имеют антропологические признаки европеоидов» (Назарова, 2009, стр. 50). «Алтайцы принадлежат к какому-то пласту древних европеоидов, поскольку сходное распределение частот аллелей групп крови АВО присуще русским, белоруссам и, в меньшей степени, финнам» (там же, стр. 52). «Возможно, древние европеоиды – предки северных алтайцев имеют общее происхождение с предками русских и ряда других европеоидных популяций» (там же, стр. 53). «У манси еще осталась часть монголоидных внешних признаков, которые уже утрачены более западными группами финно-угров; у коми и коми-пермяков монголоидные внешние признаки присутствуют в меньшей степени, чем у манси, а у финно-угров Урала и Поволжья – марийцев, удмуртов, мордовцев и других этносов монголоидные признаки антропологического характера практически полностью отсутствуют» (там же, стр. 58, и ссылки там же). «До настоящего времени остается пока неясным вопрос о времени и месте разделения общего ствола европеоидов и монголоидов на две отдельные ветви» (там же, стр. 183).

О взаимоотношении краниологии и ДНК-генеалогии

Подводя итог предыдущему разделу, следует подчеркнуть, что тематика соотношения антропологии и ДНК-генеалогии еще не разработана. Похоже, что ее пока практически и не касались в научном отношении. Здесь имеется в виду взаимосвязь основных антропологических показателей, таких, как долихоцефалия и брахицефалия, с одной стороны, и гаплогрупп Y-хромосомы, с другой.

Эта взаимосвязь наверняка не является простой и однозначной, но принципиальные отношения должны существовать, как показано ниже. Более того, они должны быть приведены в систему, поскольку мы описываем происхождение человека в отношении происхождения его

родов и ДНК-генеалогических линий, и они определенно должны унаследовать основные антропологические показатели, в том числе такие инерционные, как строение скелета и, в частности, черепа.

Естественно, такие отношения, хотя и инерционные, не являются абсолютными. Если Y-хромосома не зависит от вклада женщин, и является в этом отношении стабильной на протяжении десятков тысяч лет, то антропологические показатели зависят от вклада женщин. Поэтому со временем они могут "плыть". Задача ДНК-генеалогии - выяснить степень этой "инерционности" антропологических показателей. Хотя, как показывают пока немногочисленные данные по геному человека и популяций (например, Atzmon et al., 2010; Behar et al., 2010), обобщенные геномы популяций часто и в значительной степени коррелируют именно с набором гаплогрупп Y-хромосомы в популяции, в то время корреляции с мтДНК или отсутствуют, или не проявляются в заметной степени (Клёсов, 2010a).

Ниже мы попытались реконструировать связь некоторых краниологических показателей (в первую очередь пропорций черепа) с историей некоторых гаплогрупп. В этой реконструкции мы исходили из разрозненных "фактов", а, точнее, наблюдений антропологов в отношении древнейших и древних людей Европы. В целом складывается, что североевропейские долихоцефалы - это гаплогруппа I, и в особенности I1. К ним относятся скандинавы гаплогруппы I1, немцы гаплогруппы I1, русские гаплогруппы I1 (Клёсов, 2009h). Видимо, это же относится и к гаплогруппе I2, поскольку в Болгарии, например, относительно много долихоцефалов и мало брахицефалов (п. 54 выше). Южные европейцы-долихоцефалы - это гаплогруппа J2, преимущественно южные итальянцы J2, греки J2.

Гаплогруппы R1a и R1b - в основном брахицефалы, как, наверняка, вся сводная гаплогруппа NOR. Действительно, финны в основном брахицефалы (среди финнов среднее для показанной выше выборки 0.79, у лапландцев среднее 0.82 - 0.83, по другим данным 0.85, среднее по другой серии данных 0.87, см. п. 35), как и немцы, которые на две трети - носители гаплогрупп R1a и R1b. Те 24% немцев, кто имеют гаплогруппу I, как правило, («нордические») долихоцефалы. Подавляющее большинство "фабричных русских" в начале 20-го века оказались брахицефалами (см. также пп. 40-42). Эти замеры проводились в Москве и области, где в основном были R1a, немного N1c (финно-угры, сейчас в России 14%), и мало I (юг страны, запад и Прибалтика, сейчас суммарно 21%).

Более общая картина рассмотрена ниже.

«Генетические расстояния»

Перейдем к «генетическим расстояниям», определяемым по данным электрофореза (по положению на электрофореграмме белковых полос, различающихся для одних и тех же белков вследствие генетического полиморфизма; в ряде случаев полиморфизм закрепляется у разных популяций, передаваясь по наследству, и проявляя различные, но воспроизводимые электрофореграммы). Отдельные локусы (по отдельным белкам) могут давать «смазанную» информацию, смазанную постепенным стиранием расовых и других различий, поэтому в литературе разработан метод суммарных «генетических расстояний», в котором частоты по отдельным локусам суммируются, усредняются, и приводятся к единой шкале (Nei, 1971, 1972, 1973, 1974, 1977, 1978b; Nozawa et al, 1982; Ward and Skribinski, 1985; Cavalli-Sforza et al, 1971, 1988; Назарова, 1999, 2002, 2005; Nazarova, 2006, 2008, 2009a, 2009b). Это дает показатель под названием «генетическое расстояние» между популяциями, и принимается за меру временной дистанции от их общего предка. Генетические расстояния рассчитываются как «угол расхождения популяций», в виде усредненного отношения функции суммы «генетических расстояний» по каждому локусу и суммарному числу аллелей в локусах (Cavalli-Sforza and Bodmer, 1971). Естественно, современные методы оперируют картиной снипов полного генома человека и усредненными геномами представителей популяций, что дает несравненно более полную картину, но имеет и свои тонкости. «Генетические расстояния» в этом отношении можно рассматривать как первое приближение.

Формулировка и обоснование концепции о связи ДНК-генеалогии, краниологии и «генетических расстояний» в популяциях

Нам предстоит связать приведенные выше, на первый взгляд, совершенно разрозненные данные, в одну концепцию. Но перед этим сделаем некоторые предварительные замечания к собранным данным. Начнем с краниометрии. Как видно, никаких четких закономерностей даже для отдельно взятых популяций, этнических групп, территорий нет. Почти везде черепной индекс варьируется в весьма широких пределах. Для древних славян, например, на одной территории между Волгой и недавними западными границами СССР, и между Балтийским и Черным морями есть все варианты – от долихоцефального до брахицефального, причем вперемежку (рис. 3, пп. 36-49). Западнее – до Центральной Европы – то же самое, хотя брахицефалы в целом южнее, долихоцефалы – севернее. Но дело в том, что «славяне», как и почти любой другой народ, состоит из нескольких основных различных родов, или гаплогрупп, в первую очередь

R1a1 (от 40 до 70% по разным территориям среди этнических русских), I2 (15%), N1c (14%), I1 (6.5%), остальные в количествах 5% и ниже (Клёсов, 2009h,i). У каждого из этих родов – совершенно различная история, уходящая порой на десятки тысяч лет в древность. Естественно, даже и предполагать нельзя, что у славян краниометрия будет одинаковой или сходной. До недавнего времени антропологи этого не знали, поскольку в краниологии понятие рода, или гаплогруппы отсутствует. Без него же, этого понятия, совершенно безнадежно пытаться выявить какие-либо определенные и воспроизводимые закономерности в краниометрии смешанных родов/гаплогрупп, например, объединенных лингвистическим понятием «славяне».

Естественно, никто не гарантирует, что и с введением понятия рода/гаплогруппы краниология тут же обретет четкость и однозначность. Начнем с того, что для большинства изученных и сведенных в таблицы черепов гаплогруппа их носителей неизвестна и для многих так и останется неизвестной. Там можно только предполагать, более или менее обоснованно, что мы и попытаемся сделать в настоящей работе. Таким более-менее обоснованным предположением является то, что носители древнейшей в Европе гаплогруппы I были долихоцефалами, а носители азиатских по происхождению гаплогрупп R1a и R1b были брахицефалами. Тогда можно полагать, что древнейшие жители Европы, 40-20 тысяч лет назад, были долихоцефальными носителями гаплогруппы I, в те же времена древнейшие жители Южной Сибири (и Алтая) были брахицефальными носителями гаплогруппы R и ее дочерних гаплогрупп Q и R, далее брахицефальными же носителями гаплогруппы R1 и ее последующих гаплогрупп R1a и R1b. Действительно, современные алтайцы (черепные индексы 0.76 - 0.81, см. выше п. 33) даже через десятки тысяч лет отнюдь не долихоцефалы. Здесь, впрочем, следует отметить, что многие популяции (рода) проходили бутылочные горлышки, что могло приводить к дрейфу черепных (и прочих) антропологических показателей.

Немедленно после завершения ледникового периода в Европе, 12-10 тысяч лет назад, туда прибыли брахицефальные носители R1a1 (Klyosov, 2009), внося вариабельность, то есть полиморфность, в краниометрию в Европе. Окончательное «вторжение брахицефалов» в Европу, как описывал Гордон Чайлд, произошло с прибытием носителей гаплогруппы R1b1b2 4800-4500 лет назад, на заключительном этапе своего пути из Южной Сибири через Центральную Азию, Русскую равнину, через Кавказ в Переднюю Азию и на Ближний Восток, и далее через Северную Африку до Атлантики, и через Гибралтарский пролив на Пиренейский полуостров. Оттуда, под давлением североафриканских носителей гаплогруппы E (среди их потомков современные берберы) носители R1b1b2 4800-4500 лет назад

двинулись на север как «культура колоколовидных кубков», как ее впоследствии назвали археологи, принеся гаплогруппу R1b1b2-P312 в виде ее субклада R1b1b2-L21 в континентальную Европу. Отсюда брахицефальные R1b1b2 распространились по Европе, вплоть до Британских островов. Действительно, черепной индекс древних носителей культуры колоколовидных кубков – в юго-восточной Англии 0.80 – 0.84, в Шотландии (Aberdeen) 0.80 – 0.88, у альпийских кельтов 0.80 – 0.88 (см. п. 35 выше). И даже через тысячелетия черепной индекс жителей древней Помпеи 0.80, в современной Италии по ряду примерно 0.80 – 0.83, там же, в современной Болонье (северная Италия) 0.83 – 0.84 (см. п. 35 выше). Это – типичные брахицефалы.

В отношении славян мы видим долихоцефальных «нордических славян» (пример - рис. 4), по всей видимости, носителей гаплогруппы I1, которая, по-видимому, составляла значительную часть среди северян (откуда названия Северский Донец, Северская земля и Новгород-Северский), с их 53% долихокранности и только 2.5% брахикранности, и дреговичей, к югу от Москвы, с 47% долихокранности и 10% брахикранности. Вятичи, к северу, на Средней Оке и до верховьев Москвы-реки, уже имели 15% брахикранности, и, видимо, заметную долю гаплогруппы R1a1. Кривичи (смоленские, изборские и северные) уже были почти на треть брахикранны, и, видимо, имели еще более высокое содержание гаплогруппы R1a1. Новгородцы и костромичи имели, видимо, максимальное содержание R1a1, судя по их брахицефальности – 34% у первых (наряду только с 7.6% долихоцефальности) и 35.5% у вторых (29% долихоцефальности) (см. п. 31 выше).

Таким образом, разнотип славян в краниометрии получает свое разумное объяснение, равно как и сходные брахицефальные характеристики носителей R1a и R1b, как и должно быть для родственных гаплогрупп (точнее, подгрупп одной гаплогруппы).

Поскольку известно, что на своем миграционном пути носители R1a1 довольно активно заселили Индостан (включая нынешний Пакистан), где вошли в состав дравидов и «неиндоевропейских племен», с возрастом общего предка от 12400 лет (Пакистан) до 8000 лет (Индия) (Клёсов, 2009b), можно ожидать наличия брахицефалов или близких к ним и в Индии. Действительно, у протодравидов в Индии черепной индекс варьируется от 0.66 до 0.78 (см. п. 35), что в верхнем диапазоне близко к брахицефалам.

Носители гаплогруппы Q, как родственной P, R, R1a/R1b, тоже – по предлагаемой концепции – должны нести брахицефальные признаки. Действительно, много американских индейцев, будучи носителями

преобладающей гаплогруппы Q, являются брахицефалами и гипербрахицефалами (см. п. 34), особенно индейцы Южной Америки (ацтеки 0.79, индейцы Никарагуа 0.89, индейцы майя 0.94, древние индейцы (пре-инка) 0.94-0.95).

В общем, другого ожидать и трудно, что древние рода-гаплогруппы якобы не сохраняют свои устойчивые краниометрические характеристики. Если краниометрические признаки действительно были бы изменчивы в ходе сотен поколений, то корреляции с гаплогруппой не наблюдалось. Но она со всей определенностью есть.

Теперь давайте определимся с монголоидностью. Что это такое? Есть целый ряд антропологических признаков монголоидов, среди которых уплощенное лицо, выраженно черные волосы, слабая растительность на лице и на теле, характерные узкие глаза, и так далее. Обычно монголоидность характеризуется прогнатной брахицефальностью, то есть короткоголовость наряду с выдающейся челюстью.

Но есть и глубинные, биохимические признаки «монголоидности», на глаз незаметные. Это – характерные для монголоидов полиморфные формы белков. В ходе эволюции мутации происходят и в гаплотипах Y-хромосомы (которые, как правило, генов и их фрагментов не содержат), и в генах других хромосом. Когда мутации происходят в генах, то синтез белков нарушается в определенных аминокислотных остатках, и продуктом биосинтеза является белок с другой, замененной аминокислотой. Часто это не сказывается на жизнедеятельности организма, но мутация гена и, соответственно, модификация белка наследуются. В итоге разные популяции расходятся по полиморфному составу белков и изоферментов, и это может служить «меткой» популяции, как и метки в гаплогруппах и гаплотипах. Понятия «генетическое расстояние», или «частоты генов» являются скорее жаргоном, потому что на самом деле измеряют расстояние между полосами белков на электрофореграммах, и преобразуют эти расстояния в индексы, описанные выше. Расширенная таблица «частот генов» для 16 типов белков и ферментов, и групп крови, в каждом по две-три аллели, и для 63 популяций-этносов дана в книге А.Ф. Назаровой (2009, стр. 252-260), хотя по некоторым этносам данные приведены всего по двум-трем белкам, а для латышей – всего по одной группе крови (три аллели).

Попробуем из этих данных сконструировать количественную (или полуколичественную) биохимическую характеристику «европеоида» и «монголоида», и оценить ее применимости на практике.

Например, «генетические частоты» по локусу GC2 (группо-специфического белка, связывающего витамин D) для очевидных европеоидов шведов (0.28), шотландцев (0.29), сербов (0.30), русских (0.32), чехов (0.32), англичан (0.29), французов (0.27), итальянцев (0.26), басков (0.31), поляков (0.34), немцев (0.29) равны в среднем **0.30±0.02**. Напротив, соответствующие частоты у явных монголоидов – якутов (0.17), монголов (0.20), ненцев (0.21), удмуртов (0.24), вьетнамцев (0.20), чукчей (0.22), эскимосов Америки (0.17), манси (0.19), японцев (0.23), китайцев (0.24), саамы (лопари) (0.23) равны в среднем **0.21±0.03**. Сюда же попадают финны – 0.22. В то же время для алтайцев этот показатель равен **0.26**. Похоже на переходную форму (см. пп. 55-56).

Еще пример – «генетические частоты» по локусу HP1 (гаплоглобина, он же альфа-глобулин) для тех же групп – шведов (0.40), шотландцев (0.36), сербов (0.39), русских (0.39), чехов (0.36), англичан (0.41), французов (0.39), итальянцев (0.37), басков (0.44), поляков (0.36), немцев (0.41) равны в среднем **0.39±0.03**, в то время как соответствующие частоты у явных монголоидов – якутов (0.32), монголов (0.29), ненцев (0.26), удмуртов (0.27), вьетнамцев (0.29), чукчей (0.31), эскимосов Америки (0.35), манси (0.41), японцев (0.24), китайцев (0.30), саамов (0.59) равны в среднем **0.30±0.05** (без саамов) или **0.33±0.10** (с саамами). Финны по этому показателю (0.36) тяготеют скорее к «европеоидным» частотам. А у алтайцев – **0.34**, опять переходная форма (см. пп. 55-56).

Как видно из приведенных данных, «европеоидность» или «монголоидность» частот по отдельным локусам может иметь место, но попадаются исключения, свидетельствующие или о «смазанности» показателей – ведь эти показатели брались у современных людей, порой с перемешанными генами разных популяций за прошедшие тысячелетия и десятки тысяч лет, или о тривиальных погрешностях определений, которые никогда нельзя исключить полностью. Кстати, следует отметить, что в этом контексте гаплогруппа Y-хромосомы является «бинарной» – либо она одна, либо другая, и сохраняется десятки тысяч лет без изменений. Нет и не может быть смешанных гаплогрупп Y-хромосомы. Это – метка навечно, и истребляется только со своим носителем. В этом смысле гаплогруппа Y-хромосомы всегда сопровождает потомков древнейших людей, и передвигается вместе с ними. Она может вытесняться другой гаплогруппой, но тогда становится древнейшей меткой той, другой гаплогруппы. С другой стороны, она не отражает именно перемешиваемости генов, их сегодняшнего состояния, причем как мужчин, так и женщин, как отражают «генетические частоты». Как мы видим, информация по генетическим частотам и по гаплогруппам-гаплотипам Y-хромосомы является взаимно дополняющей.

Что эти данные показали в отношении времени и места происхождения европеоидов, и, что существенно, могут ли генетические расстояния вообще показать время и место происхождения европеоидов? Понятно, что здесь речь идет не о данных как таковых, а об интерпретации полученных данных. Данные показали, что если по отдельному локусу GC2 генетические расстояния между явно европеоидными и монголоидными популяциями равны в среднем 0.30 ± 0.02 - 0.21 ± 0.03 (см. выше), и по локусу HP1 равны в среднем 0.39 ± 0.03 - 0.30 ± 0.05 , то есть являются значимыми, то значимыми они являются и по суммарным генетическим расстояниям, по нескольким аллелям на многих локусах. Для более наглядной интерпретации данным отметим, что если брать данные по 28 аллелям 12 локусов белков, ферментов и групп крови, тогда:

- 0.10-0.18 - расстояния малы, популяция родственная и практически смешанная
- 0.20-0.35 - расстояние велики (популяции с очень отдаленным родством, выходящим за пределы 20-30 тысяч лет - по оценкам),
- 0.40-0.70 - расстояния очень велики, родство (ближайший общий предок) выходит за пределы 35-50 тысяч лет.

Приведем экспериментальные данные (генетические расстояния приведены в работах [Назарова, 1999, 2002, 2005; Nazarova, 2006, 2008, 2009a, 2009b]), хотя обсуждение генетических расстояний проводилось А.Ф. Назаровой в другой направленности, чем приведено ниже.

Между европеоидами:

Русские и немцы 0.16 ± 0.04

Как видно, популяция практически смешанная.

Русские и финны 0.15 ± 0.04

Немцы и финны 0.12 ± 0.03

Это - интересный случай. Финны, имеющие в большинстве мужскую (Y-хромосомную) гаплогруппу N1c, такую же, как у якутов, других сибирских народов, и значительной доли китайцев, путем метисации с европеоидами за последние три тысячи лет (расчеты по гаплотипам приведены в работах [Клёсов, 2009c,d]) фактически изменили свою расовые признаки - как морфологические (что довольно очевидно), так и биохимические.

С другой стороны, генетические расстояния, измеренные в европейских популяциях с помощью широко применяемых в популяционной генетике индексов F_{st} (в данном случае попарные сопоставления усредненных частот

аллелей в 11-маркерных гаплотипах Y-хромосом популяций, указанных на рис. 7) показали, что финны наиболее далеко удалены от всех остальных. Принципиальное отличие генетических расстояний на рис. 7 и генетических расстояний, рассматриваемых в настоящей работе, состоит в том, что расстояния на рис. 7 не «смазаны» женскими генетическими факторами. Они отражают только современный состав мужской популяции. Как видно, «европеидность» современных финнов обусловлена практически исключительно вкладом женщин.

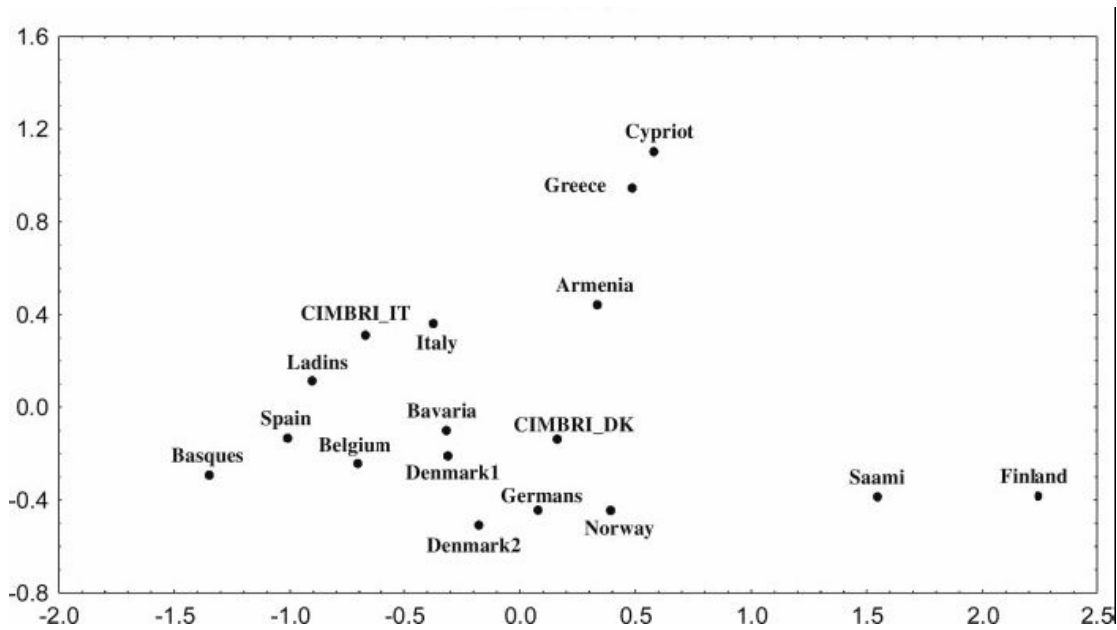


Рис. 7. Генетические расстояния, измеренные в обычных единицах F_{st} , в данном случае попарные сопоставления усредненных частот аллелей в 11-маркерных гаплотипах Y-хромосом указанных популяций. Из работы (Borglum et al, 2007).

Между европеоидами и монголоидами:

Русские и нгасаны	0.48±0.06
Немцы и нгасаны	0.48±0.06
Русские и монголы	0.38±0.06
Немцы и монголы	0.38±0.06
Русские и алтайцы	0.36±0.05
Немцы и алтайцы	0.31±0.05
Русские и якуты	0.32±0.05
Немцы и якуты	0.23±0.05
Русские и эвенки	0.32±0.05
Немцы и эвенки	0.21±0.04

Русские и ненцы	0.19±0.04
Немцы и ненцы	0.22±0.04

Из этих данных видно, что нгасаны, относящиеся к коренным народам севера и принадлежащие к самодийской языковой группе (вместе с ненцами) продолжают оставаться популяционным изолятом, и по оценкам разошлись с европеоидами не менее 40-45 тысяч лет назад. Видимо, это и есть времена образования монголоидов и европеоидов, причем данные свидетельствуют в пользу азиатского, сибирского региона образования монголоидов, но пока не говорят о регионе образования европеоидов. Как будет обсуждаться ниже, монголоидная сводная гаплогруппа N0 мигрировала с Русской равнины на восток, но европеоиды, видимо, остались на Русской равнины еще на многие тысячелетия.

Поскольку финны, как отмечалось выше, фактически стали европеоидами, то генетическое расстояние их от нгасанов тоже велико, 0.45±0.05. Почти такое же, как у русских и немцев.

По якутам и эвенкам данные выше противоречивы, но по ненцам явно указывают на их смещение в европеоидную сторону. Действительно, если якуты (тюркская группа языков) на 85-94% относятся к гаплогруппе N (N1c), то эвенки (тунгусско-манчжурская группа языков) представляют сейчас смешанную популяцию, и содержание гаплогруппы N у них варьируется от 55 до 19%, в зависимости от выборок.

Между монголоидами:

Монголы и алтайцы	0.13±0.03
Монголы и якуты	0.15±0.04
Якуты и нгасаны	0.14±0.04
Якуты и алтайцы	0.17±0.04
Алтайцы и ненцы	0.18±0.04
Монголы и эвенки	0.22±0.04
Якуты и эвенки	0.22±0.04
Алтайцы и эвенки	0.22±0.04
Монголы и нгасаны	0.23±0.05
Якуты и ненцы	0.24±0.05
Монголы и ненцы	0.26±0.05
Алтайцы и нгасаны	0.28±0.05

Если первая половина этой таблицы приводит относительно родственные популяции, то вторая половина – уже довольно отдаленные, хоть и

монголоидные. Это находит вполне очевидное объяснение в рамках ДНК-генеалогии, поскольку все указанные популяции представляют собой сочетание гаплогрупп N, Q, C, O, R1a, R1b в разных пропорциях, и в различных сочетаниях субкладов, то есть подгрупп этих гаплогрупп. Эта мозаика, плюс наложение женских митохондриальных гаплогрупп, а фактически - мозаика генетических факторов - и определяют генетические расстояния. Только благодаря наличию изолятов в популяциях и исторически медленному процессу глубокого перемешивания, рекомбинации генетических факторов и гаплогрупп, генетические расстояния продолжают наблюдаться.

Между монголоидами и финнами:

Нгасаны	0.45±0.05
Монголы	0.31±0.05
Алтайцы	0.31±0.05
Эвенки	0.24±0.05
Якуты	0.24±0.05
Ненцы	0.19±0.04

Здесь мы опять видим, что финны значительно отошли от монголоидов, но мы уже знаем, почему. Это скорее финские женщины далеки от монголоидов, или, более корректно, от сибирских народов. Данные продолжают показывать смещение современных ненцев к европеоидам.

Генетические расстояния позволили выявить две популяции, фактически представляющие собой изоляты по отношению как к европеоидам, так и к монголоидам. Одна - это американские индейцы. Причина их «изоляция» совершенно понятна. Как будет пояснено ниже, их миграция из Сибири (видимо, Южной Сибири) на американский континент началась не позднее 35 тысяч лет назад, возможно, и раньше. Вот что показывают генетические расстояния:

Между американскими индейцами и всеми европеоидами (см. выше):
0.58±0.06

Между американскими индейцами и всеми монголоидами (см. выше):
0.42±0.08

Это и есть разделение с монголоидами 35-40 тысяч лет назад, с европеоидами - еще раньше, предположительно 50-55 тысяч лет назад. Полученные результаты не противоречат тому, что разделение будущих монголоидов с будущими европеоидами произошло на Русской равнине, или несколько восточнее (см. ниже).

Другая популяция-изолят – это лопари, они же саамы, живут в основном на севере Скандинавии и России (Кольский полуостров), численность всего 60-80 тысяч человек, в основном в Норвегии. Генетические расстояния:

Между лопарями и всеми европеоидами (см. выше):	0.41±0.05
Между лопарями и всеми монголоидами (см. выше):	0.40±0.06
Между лопарями и американскими индейцами:	0.67±0.07

В популяции саамов 46% гаплогруппы N, 32% I1a, 13% R1a1, и 5% R1b. Ясно, что она смешанная. Но, тем не менее, она показывает глубокую историю раннего отделения от европеоидов и монголоидов. Это проявляется как в генетических расстояниях, рассматриваемых в настоящей работе, так и генетических расстояниях мужской популяции (рис. 7). Из рис. 7 видно, что саамы значительно ближе к финнам, чем к остальным европейским популяциям. По-видимому, женщины-саамы своих мужчин не оставили, и продолжают держать статус популяции-изолята.

Итак, генетические расстояния между популяциями отражают несколько факторов – выявляют сдвиг современных популяций к европеоидам, или, наоборот, к другим расам, выявляют популяции-изоляты, и позволяют оценивать времена расхождения популяций для популяций-изолятов или смещенных к изолятам. В рассмотренных выше случаях генетические расстояния позволили расположить популяции по близости или удалению их генетических расстояний, позволили предположить, что монголоидные популяции сформировались в Азии, но не смогли решить вопрос о месте возникновения европеоидов. Дело в том, что генетические расстояния не могут решить дилемму – находится ли популяция-изолят в настоящее время на том же месте, где и десятки тысяч лет назад, или она мигрировала с территории своей прародины. Например, саамы в настоящее время живут на севере Европы, и являются популяцией-изолятом в отношении генетических расстояний как от европеоидов, так и от монголоидов. Рассмотрение генетических расстояний не дает никаких оснований для решения вопроса о их «прародине». С другой стороны, рассмотрение гаплогрупп саамов показывает, что доминирующей гаплогруппой является N1c, 46% от всей популяции. Это указывает на путь саамов из южной Сибири на север по траектории против часовой стрелки до места их нынешнего пребывания.

В работе (Tambets et al, 2004) при изучении мтДНК 445 саамов и более 17 тысяч европейцев и ряда выборок сибирских народов, а также при изучении Y-гаплотипов 127 саамов и 2840 евразийцев и сибиряков показано, что преобладающими митохондриальными гаплогруппами саамов

являются западноевропейские V и U5b1b. Еще одна мтДНК гаплогруппа, N1, практически отсутствует среди 781 протестированных самоедов и других сибиряков, но присутствует среди западно- и центрально-европейских популяций. В то же время гаплогруппа N1c, к которой относятся большинство мужчин-саамов, образовалась в Сибири всего примерно 6300 лет назад (Клёсов, 2009с). И здесь мы опять имеем загадку – как могло получиться, что популяция, существующая всего 6300 лет, во всяком случае, ее мужская часть, находится по генетическим расстояниям в удалении как от монголоидов, так и от европеоидов на 35-40 тысяч лет. Загадка на самом деле решается легко – генетические расстояния в равной мере зависят от вклада женщин и мужчин, и в данном случае вклад женщин оказался преобладающим. Это сибирские женщины происходят от значительно более древних популяций, не мужчины.

Итак, южная Сибирь является местом древнего обитания монголоидов, европеоидов, и предков американских индейцев, которых непросто отнести к какой-либо из обычных рас. Вполне возможно, что предки американских индейцев отправились в миграционный переход на север еще до завершения разделения европеоидов и монголоидов. Говорить о некоей «древней пра-популяции» в Южной Сибири, из которой произошли все эти три группы – это фактически говорить о сводной гаплогруппе NOR, которую можно переписать условно переписать как NOQR. Здесь N и O – монголоиды, Q предки американских индейцев, ряда сибирских народов и части монголов, R – европеоиды, давшие начало более половины нынешнего населения западной, центральной и восточной Европы. Но эта сводная гаплогруппа разошлась по гаплогруппам еще на Русской равнине, как описано ниже.

Видимо, типичными представителями самых древних европеоидов являются скандинавы – шведы, норвежцы, датчане, исландцы, у которых преобладает гаплогруппа I1 (48%, 42%, 34% и 33%, соответственно). Это – северные европеоиды. Свидетельством размывания расовых признаков является немалая доля этой гаплогруппы у финнов – от древних 100% гаплогруппы N у них осталось (по регионам) от 62 до 77% N, и уже четверть Y-хромосомного пула заняла гаплогруппа I1 (20-26%). Иначе говоря, у финнов идет заметный дрейф от монголоидной гаплогруппы N к европеоидным.

Еще два типа европеоидов – средние и южные – представлены в разных переходных вариантах носителями гаплогруппы R1a1 (типичные представители – большинство русских, поляков, украинцев, белорусов, словаков, чехов, венгров) и R1b (типичные представители – ирландцы, испанцы, баски, французы, датчане, половина немцев, две трети

итальянцев). Очевидно, что во втором типе перемешаны средние и южные европеоиды.

ГЛАВНАЯ ЧАСТЬ

Заселение Русской равнины, центральной Европы, Евразии, появление европеоидов и монголоидов: обобщенная картина в рамках ДНК-генеалогии, краниологии, биохимии

Свод данных, приведенный выше (см. пп. 1-56), а также формулировка и обоснование концепции, приведенные в предыдущем разделе, закладывают основу для создания обобщенной картины заселения Евразии анатомически современными людьми в период 60-40 тысяч лет назад (предположительно сводной гаплогруппой IJKT-M522), включая возникновение и разделение долихоцефальных и брахицефальных европеоидов (I и P→Q+R) и брахицефальных монголоидов (NO→N+O) примерно 40-35 тысяч лет назад, миграцию (будущих) европеоидов через Евразию с прибытием их в Европу после ледникового периода, примерно 12-10 тысяч лет назад (R1a1) и намного позже, 4800-4500 лет назад (R1b1b2).

Зачастую имеющиеся данные далеко неполны, обрывочны, противоречат друг другу, особенно когда это фактически не данные, а интерпретации. Поэтому наша задача – рассмотреть эти данные в совокупности, убрать на второй план, во всяком случае в настоящее время, те данные, которые не вписываются в единую картину с большинством других данных, объединить данные палеоархеологии, ДНК-генеалогии, краниометрии и биохимии («генетические расстояния»), и в какой-то степени лингвистики. «В какой-то» – потому что данные лингвистики относятся к относительно недавнему временному периоду, и по сравнению с остальными методологиями наименее точны и объективны. Пока, во всяком случае.

Свод данных по культурной и антропологической динамике перехода от среднего палеолита к верхнему (пп. 2-18 выше) показывает, что индустрии от Африки до Ближнего Востока в период между 60 и 30 тысячами лет назад отличались малой «культурной продвинутостью», находились в стадии предельного «застоя», стагнации, имея характер небольших колебательных изменений (п. 9 выше). Большинство их относится к неандертальским, или происхождение неизвестно, с большой вероятностью также неандертальские. Фактически только одна индустрия на Ближнем Востоке (Левант) характеризуется как продукт *Homo sapiens* – это ахмаринан, менее 38 тысяч лет назад, индекс продвинутости от 4 до 6.5 (Вишняцкий,

2006). В то же время спицынская культура (Костенки, более 38 тысяч лет назад) на Русской равнине еще в более раннее время достигает индекса продвинутости 6.5 (цит там же). Естественно, «более» или «менее» раннее время здесь могут означать преемственность культур, особенно поскольку временной указатель, соединяющий их, практически один и тот же. Поскольку других, дополняющих или противоречащих данных нет, мы принимаем, что миграционный маршрут после выхода *Homo sapiens* из Африки примерно 60 тысяч лет назад (что вполне может оказаться и 50, и 45 тысяч лет назад, поскольку противоречащих этому данным тоже нет) проходил последовательно через Левант и Русскую равнину со стоянкой в Костенках более 38 тысяч лет назад. Это – преориньяк (см. пп. 3-8 выше), или ориньяк Русской равнины.

В период около 38 тысяч лет назад (Центральная Европа) и 36-32 тысячи лет назад (Западная Европа), то есть в течение ближайших тысячелетий после Русской равнины, ориньяк появляется в Европе (п. 5), с индексом продвинутости от 3.5 до 6.0, причем появляется он в результате миграции извне, но не с Ближнего Востока (п. 7), и возраст памятников уменьшается в направлении от Русской равнины (с севера на юг и с востока на запад, см. пп. 6-7).

Отсюда совершенно справедливо следует заключение, что миграционный маршрут *Homo sapiens* проходил из Африки через Левант и Русскую равнину с последующим продвижением на запад, в Европу, примерно 38-32 тысячи лет назад, но, возможно, и ранее. После 38 тысяч лет назад это уже были европеоиды, и к этому времени они уже продвинулись и в Южную Сибирь, опять же с Русской равнины. На это указывают данные о преемственности культур Южной Сибири (с возрастом от 40 до 30 тысяч лет, см. пп. 19-22 выше), причем культур именно *Homo sapiens* (п. 20), с культурами Русской равнины и их продвижением с запада на восток (п. 23). Действительно, в те времена европеоиды оказались практически одновременно и в Европе, и в Южной Сибири. Поскольку приобретение «европеоидности», то есть сложной комбинации многих специфических антропологических признаков, не могло произойти случайно и одновременно в разных концах Евразии, то совершенно очевидно, что источник и регион «европеоидности» был один, из которого европеоиды и разошлись в противоположные стороны. Тех, кого потом назвали кроманьонцами, ориньякцами, прибыли с Русской равнины в Европу около 40 тысяч лет назад, и носители тех же антропологических признаков прибыли с Русской равнины на алтайские стоянки (см. пп. 20-23 выше) в те же времена. Наиболее древние датировки – от 43 до 34 тысяч лет назад (пп. 20-22). Более того, там же, на Алтае, найдены типичные изделия ориньяка (п. 21).

Что это были за гаплогруппы? Есть не так много вариантов, из которых можно выбрать, поскольку выбор резко сокращается тем, что (1) это должны быть европеиды, то есть носители этих гаплогрупп в историческое время должны заселить Европу, и (2) времена первичного расхождения на запад, в Европу, и на восток, в Сибирь – более 35 тысяч лет назад. Совершенно очевидно, что речь может идти только о гаплогруппах I и будущих R1a/R1b, в настоящее время заселяющих почти всю Европу. К гаплогруппе I (основные подгруппы I1 и I2) относится примерно 20% современного европейского населения, к гаплогруппе R1b – от 70% на западе и северо-западе Европы со снижением до 43% в центре и далее до 21% и ниже (6% в России) на востоке, к гаплогруппе R1a – от более чем 60% в Восточной Европе (включая европейскую часть России) со снижением на запад. Иначе говоря, на европеоидные гаплогруппы I и R приходится до 90% современного европейского населения.

Более 35 тысяч лет назад гаплогруппы R1a и R1b еще не образовались, поэтому в отношении Русской равнины речь может идти только об их «родительской» сводной гаплогруппе NOP, до и то поначалу в составе сводной гаплогруппы IJKT-M522. В какой-то период времени из нее, получив снип-мутацию M429, отделилась сводная гаплогруппа IJ, и она ушла в Европу около 40 тысяч лет назад (или раньше) либо как сводная, с последующим разделением на I-M170 и J-M304, или это разделение произошло раньше, и в центральную Европу прибыла только I-M170, в то время как J-M304 ушла в Малую Азию и затем к Средиземноморью. Эти детали еще предстоит выяснить. В любом случае, гаплогруппа I пришла в Европу уже европеоидной, европеоидной и осталась. Это – старейшая гаплогруппа Европы. Время ее разделения на субклады I1 и I2 определяют как 28 тысяч лет назад, сама же гаплогруппа I должна быть намного старше, что не противоречит времени ее прибытия в Европу с Русской равнины около 40 тысяч лет назад или даже ранее. Это, конечно, никак не согласуется с оценками Ней (см. п. 24).

Динамика разделения сводной гаплогруппы KT-M9 на «дочерние» группы изучена плохо. Раньше всех отделилась, видимо, гаплогруппа L-M11, и сейчас мы ее видим в основном в Индии (как L1) и Пакистане (как L3), с единичными случаями в Средиземноморье и на Ближнем Востоке. Затем стала разделяться сводная гаплогруппа KMNOPS-M526. Это группа постоянно ревизуется специалистами, с ней много неясностей. Представители гаплогруппы K рассеяны по всему миру – от Африки до Евразии и Австралии. M-P256, как и S-M230 оказались в основном среди папуасов Новой Гвинеи. Поэтому они нас в данном контексте не интересуют. Оставшаяся же NOP и есть сводная монголоидно-

европеоидная гаплогруппа. Ее расхождение на монголоидную (NO) и европеоидную (P) гаплогруппы и определяет время образования монголоидов и европеоидов. Этот процесс, естественно, не был одномоментным, и разделение гаплогрупп не было столь четким, как выглядит на бумаге в виде схемы. Люди сводной гаплогруппы IJKT жили поначалу одним племенем, и это было, возможно, еще в Леванте. Все они имели снип-мутацию M522, которая отличала их от племен гаплогрупп E, C, G, H и других, но они об этом не знали. Передвигаясь от Леванта на север, на Русскую равнину, некоторые люди или их группы отделялись, продолжая нести ту же снип-мутацию M522, кто-то из них дошел до будущих Костенок, уже приобретя мутацию гаплогруппы I, кто-то приобрел мутацию гаплогруппы N, O, или P, как и те, которые впоследствии не выжили вместе с их снип-мутациями, и таких было большинство. Но они продолжали сходитьсь и расходиться своими небольшими коллективами, приводя к причудливым вариантам субкладов. То, что мы сейчас видим – это результат сложной игры проб и ошибок природы в отношении их снипов.

Там же проходил сложный генетический процесс многочисленных каскадных и прочих событий, который привел одних к европеодности, других – к монголоидности, третьих – к другим антропологическим вариантам, у четвертых продолжала доминировать негроидность. Дело чистого случая, что сейчас при раскопках находят одних, а не других и не третьих. Тот, у кого появилась – совершенно случайно – снип-мутация M170, которая потом стала определяющей для гаплогруппы I, ушел со своей группой на запад, и уже имел выраженные европеодные признаки. С ним в группе были носители самых разных снип-мутаций, но совершенно случайно выжил тот, европеоид с M170. Он и положил начало европеоидам гаплогруппы I Европы, и одного из его потомков и нашли при раскопках, датировав костные остатки как давностью 40-38 тысяч лет.

Его родственник, европеоид со снип-мутацией M45, потомков которого потом определили в гаплогруппу P, жил на Русской равнине в составе семьи, все члены которой имели снип rs2033003, гаплогруппа NOP. Снип M45 появился уже позже. Тот факт, что европеоидами стали и тот, с гаплогруппой I, и этот, с будущей гаплогруппой P, не мог иметь место без участия женщин. Мужчины геным материалом сами не обмениваются. Поэтому какие бы каскадные генетические процессы ни происходили, европеодные признаки переносились с мужчины на мужчину только женщинами. Вполне возможно, что это именно женщины и выработали европеодные признаки, но опять же с активным участием мужчин. В итоге признаки европеодности и гаплогруппы никак в то время не коррелировали. Так получилось, что в составе той же сводной гаплогруппы

NOR были и монголоиды, и европеоиды. По данным ISOGG (<http://www.isogg.org/tree/>), гаплогруппа NO отделилась от NOR примерно 40-35 тысяч лет назад «к востоку от Аральского моря». Датировка в целом согласуется с теми, что приводятся здесь для генезиса гаплогрупп на Русской равнине, тем более она все равно не более чем ориентировочная. Обоснования, почему именно к востоку от Аральского моря, в работе ISOGG не дано. Это вполне и с тем же успехом могло быть и к западу от Аральского моря, и на Русской равнине. Главное – что отделилась гаплогруппа будущих (или уже тогдашних) монголоидов. Иначе говоря, все оценки сводятся к тому, что разделение европеоидов и монголоидов произошло примерно 40 тысяч лет назад, тогда же европеоидные носители гаплогруппы I мигрировали на запад, в Европу, европеоидные носители гаплогруппы R мигрировали на восток, к Южной Сибири, и это в целом сходится с алтайскими и прибайкальскими датировками стоянок *Homo sapiens*.

Носители европеоидной гаплогруппы R могли разделиться с монголоидной NO и на Русской равнине, и к востоку от Аральского моря, и уже в Южной Сибири, этого мы пока не знаем. Но знаем, что от сводной гаплогруппы R отделилась гаплогруппа Q, ее носители ушли на север и затем через Берингов пролив в Америку по оценкам примерно 35 тысяч лет назад. Общий предок американских индейцев гаплогруппы Q1a3a жил 16300±3300 лет назад (Klyosov, 2009) при расчете по гаплотипам, и между 11 тысяч и примерно 18-22 тысяч лет назад по археологическим данным (Haynes, 2002; Lepper, 1999; Bradley and Stanford, 2004; Seielstad, 2003). Оценки по климатологическим данным – между 18 и 15 тысяч лет назад (Fagundes, 2008). Предположительная дата начала миграции носителей гаплогруппы Q из Южной Сибири (предположительно Алтай) в сторону Америки 35 тысяч лет назад основана на том, что скорость миграций человека в те времена (без повозок и лошадей) оценивается примерно в 1 км в год (Barton and Jones, 1990). Иначе говоря, миграция могла занять около 15 тысяч лет.

Носители монголоидных гаплогрупп N и O после их отделения от сводной группы NOR разошлись, и первые заселили север Китая (опять районы Южной Сибири и примыкающие к ним), и далее часть из них мигрировали на север Сибири (северная Азия) и по северной части Урала на запад, до Белого и Балтийского морей, и далее заселили Финляндию (до 77% популяции имеют гаплогруппу N1c) и будущие русские земли до Пскова; вторые (гаплогруппа O) заселили Китай, Корею, Японию, юго-Восточную Азию.

Видимо, единственное серьезное различие между европеоидами гаплогрупп I и P было то, что первые были долихоцефалами, вторые – брахицефалами и мезоцефалами (см. пп. 25-35). Гаплогруппа P дала брахицефальные же $R \rightarrow R1 \rightarrow R1a + R1b$, и R2. Носители гаплогруппы R2 живут в основном в Индии, со временем жизни общего предка 7300 лет назад (Клёсов, 2009e). Краниометрия их неизвестна, хотя в Индии много мезоцефалов (см. п. 35).

Носители древней ветви R1a1 расселились по Южной Сибири до южной части Центральной Азии, то есть до северо-западного Китая (Klyosov, 2010), где говорят на языках алтайской группы, что согласуется с их древним алтайским происхождением (Клёсов, 2010b). Краниометрия их неизвестна, хотя носители афанасьевской культуры и «алтайские арии» в среднем мезоцефальны. Другая ветвь R1a1 дошла до Европы примерно 12 тысяч лет назад (Klyosov, 2009), то есть сразу после отхода ледника на север, расселилась по Европе вплоть до Средиземноморья и до Египта, примерно 5 тысяч лет назад мигрировала на Русскую равнину, прошла на восток, создав ряд археологических культур, от срубной до абашевской и андроновской, заселила Южный Урал и Зауралье, вплоть до территории современного Китая, и примерно 3500 лет назад продвинулась в Индию и на Иранское плато как арии (Клёсов, 2008a; 2009e,f; 2010c). Тем самым было положено начало семье индоевропейских языков, и ее части – индоиранских языков. Поэтому данную ветвь гаплогруппы R1a1 уместно назвать арийской. Ее языки – доиндоевропейские (между ориентировочно 12000 и 3500 лет назад, с началом расхождения по ветвям доиндоевропейских языков примерно 6 тысяч лет назад, когда арии начали активное расселение и перешли на Русскую равнину, включая Прибалтику. Оттуда и появилась балтославянская ветвь индоевропейской языковой семьи), включая доиндоевропейские языки Анатолии и Передней Азии, куда арии перешли с Русской равнины через Кавказ примерно 3800-3600 лет назад (Клёсов, 2010c). Это было почти в то же время, что и переходы ариев в Индию и Иран, поэтому приставки «индо», строго говоря, в Анатолии и Передней Азии нет и быть не может (как не могло быть «американского» английского языка при дворе короля Артура). В языковом отношении доиндоевропейский язык Митанни, например, правильнее назвать арийским (но, конечно, не языком «индоариев»). Не было в Митанни индоариев в те времена.

Другая, «неиндоевропейская», но алтайская ветвь R1a1 основала афанасьевская культура в Южной Сибири, практически на месте своего возникновения. Гаплотипов там пока определено мало, а те, что есть, действительно значительно отличаются от «индоевропейских», от гаплотипов Русской равнины, но показывают время жизни общего предка

всего 825 ± 320 лет назад (Klyosov, 2010). Это означает, что древние гаплотипы R1a1 в тех краях прошли жесткое бутылочное горлышко популяции примерно в 12-м веке, возможно, в результате монгольских-китайских нашествий. То, что это значительно более древняя популяция R1a1, показывает тот факт, что скелетные остатки афанасьевской культуры показывают некоторые, но вполне определенные антропологические различия с остатками андроновской культуры. Оба типа – европеоиды, но видно, что разных популяций, разных исторических периодов. По современным данным, афанасьевцы являлись носителями протоевропеоидного антропологического типа. Примечательно, что антропологи сделали заключение, что «носители афанасьевской культуры в Южной Сибири появляются внезапно и уже со сложившимися характерными чертами культуры» (Википедия, «Афанасьевская культура»).

Брахицефалы гаплогруппы R1b прошли миграционными путями из Южной Сибири, где образовались примерно 16 тысяч лет назад (Клёсов, 2008b, 2010d), через Центральную Азию, основав на пути ботайскую культуру северо-западного Казахстана, с датировкой 5700-5100 лет назад, где, по современным данным, впервые одомашнили лошадь и создали древнейшую сбрую. Далее они оставили шлейф гаплотипов R1b в Приуралье, вышли на Русскую равнину и создали средневожскую, самарскую, хвалынскую (в среднем течении Волги) и древнеямную («курганную») археологические культуры и культурно-исторические общности 8-6 тысяч лет назад и позднее (Клёсов, 2010c); общий предок современных этнических русских гаплогруппы R1b1 жил 6775 ± 830 лет назад (Klyosov, 2009). Это все – задолго до прихода ариев на Русскую равнину. По совокупности лингвистических данных, это была неиндоевропейская, скорее прототюркоязычная гаплогруппа, говорившая на древнем агглютинативном языке (Клёсов, 2010c). С Русской равнины носители R1b1 перешли через Кавказ в Анатолию (6000 ± 820 лет назад, л.н.), и через Ближний Восток (Ливан, 5200 ± 670 л.н.; древние предки современных евреев, 5650 ± 710 л.н.) и Северную Африку (современные берберы гаплогруппы R1b, 3875 ± 670 л.н.) перешли на Пиренейский полуостров примерно 4800-4500 лет назад (общий предок современных пиренейских басков жил 3900 лет назад) и далее на Британские острова (в Ирландии 3800 ± 380 и 3350 ± 360 л.н. по разным популяциям) и в континентальную Европу (Фландрия, 4150 ± 500 л.н., Швеция 4225 ± 520 л.н.). Путь в континентальную Европу с Пиренеев – это путь и времена культуры колоколовидных кубков, предков пракельтов и праиталиков (Клёсов, 2010e,f).

Как следствие североафриканского пути на запад, в Египте и сейчас население имеет 7-10% R1b1. Даже в глубине Африки, в Камеруне-Чаде-Нигере есть популяция R1b1a-V88, с временем общего предка 4400 лет назад

(Клёсов, 2010g). Возможно, потому в северной Нигерии отмечены мезоцефалы, с черепным индексом 0.76 (ссылку на табличные данные см. выше).

Параллельно следы древних носителей R1b прослеживаются на Сардинии (4500±580 л.н.), Балканах (4050±890 л.н.), отдельно в Словении (4050±540 л.н.), в Италии (4125±500 л.н.) [Клёсов, 2010d,h]. Это – начало времен тюркских языков в Европе (Клёсов, 2010c) и исчезновения из Европы «пра-индоевропейской» гаплогруппы R1a1, которая заселяла Европу с 12-10 тыс. до н.э. Гаплогруппу R1a1 фактически спасло то, что 4800 лет назад, в начале 3-го тыс. до н.э., ее носители перешли из Европы на Русскую равнину, как описано выше (Рожанский и Клёсов, 2009).

Эти миграции и определили сложный краниометрический ландшафт современной Европы (см. пп. 39-54). На самом деле он вполне согласуется с данными ДНК-генеалогии, с ландшафтом гаплогрупп в Европе, в основном с распределением гаплогрупп R1a1, R1b1b2, I1 и I2, на которые приходится до 90% современных европейских гаплогрупп. Этот вывод справедлив и в отношении краниометрического ландшафта среди славян, что уже более 150 лет озадачивает антропологов. На самом деле привнесение того фактора, что славяне принадлежат трем-четырем основным родам-гаплогруппам – R1a, I1/I2 и N1c, которые развивались отдельно друг от друга на протяжении десятков тысяч лет, вполне объясняет вековую загадку, более того, дает антропологам количественную меру для дополнительной классификации краниометрических результатов на научной основе. Появление новых данных по ископаемым ДНК и их гаплогруппам позволит вернуться к краниологии на новом, значительно более продвинутом уровне.

Литература

Алексеев В.П. (1989) Историческая антропология и этногенез. М.: Наука.

Анучин, Д.Н. (1884). Антропология и этнография. «Русская мысль», 1884 год, декабрь. В кн. Русская расовая теория до 1917 года в 2-х томах. Сборник оригинальных работ русских классиков под редакцией В. Б. Авдеева, том. 2

Анучин, Д.Н. Великоруссы (1892). Брокгауз и Эфрон. Т. X. СПб. В кн. Русская расовая теория до 1917 года в 2-х томах. Сборник

оригинальных работ русских классиков под редакцией В. Б. Авдеева, том. 2

Анучин, Д.Н. Россия в антропологическом отношении. Ф.А. Брокгауз и И.А. Ефрон, Энциклопедический словарь.

Богданов, А.П. (1882). Изучение черепов и костей человека каменного века побережья Ладожского озера. Санкт-Петербург. В кн. Русская расовая теория до 1917 года в 2-х томах. Сборник оригинальных работ русских классиков под редакцией В. Б. Авдеева, том. 2

Брокгауз, Ф.А., Ефрон, И.А. Россия. Население: Россия в антропологическом отношении. Энциклопедический словарь.

Вишняцкий, Л.Б. Культурная динамика в середине позднего плейстоцена и переход к верхнему палеолиту. Дисс. докт. истор. наук, автореферат, Санкт-Петербург, 2006, 37 стр.

Клёсов, А.А. (2008a) Откуда появились славяне и «индоевропейцы»? Ответ дает ДНК-генеалогия. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, № 3, 400-477.

Клёсов, А.А. (2008b) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №4, 568 – 629.

Клёсов, А.А. (2009a) Секлеры Восточной Европы и их гаплогруппы и гаплотипы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, № 1, 2-51.

Клёсов А.А. (2009b) Древнейшие восточно-азиатские ветви гаплогруппы R1a. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, №5, 879 – 890.

Клёсов А.А. (2009c). Обсуждение статьи «Путь Y-хромосом гаплогруппы N из Юго-Восточной Азии в Европу против часовой стрелки» (Rootsi с соавт., Eur. J. Human Genetics, 2007) Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, № 1, 52 – 68.

Клёсов, А.А. (2009d) Гаплотипы угро-финских русских (северных) славян: семь племен? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, № 3, 370-389.

Клёсов, А.А. (2009e) Расчет времен жизни общих предков гаплогруппы R2 в Индии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, № 5, 891-895.

Клёсов А.А. (2009f) Критические комментарии к статье «Индийское происхождение гаплогруппы R1a1 подтверждает автохтонное происхождение браминов и кастовой системы» (Sharma et al, Human Genetics, январь 2009). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, №3, 443 – 451.

Клёсов А.А. (2009g) Еще одно доказательство перехода ариев (гаплогруппа R1a1) в Индию и Иран с Русской равнины. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, №7, 1217-1229.

Клёсов, А.А. (2009h) Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племен? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 2, №5, 801 – 815.

Клёсов А.А. (2009i). Гаплотипы восточных славян: девять племен? "Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии" (ISSN 1942-7484)., т. 2, №2, 232 - 251.

Клёсов, А.А. (2010a) Анализ генома популяций евреев и сопоставление с выводами ДНК-генеалогии. Критический разбор статей “Abraham’s children in the genome era: major Jewish Diaspora populations comprise distinct genetic clusters with shared Middle Eastern ancestry” (Atzmon et al, Amer. J. Human Genet., published online June 3, 2010) и “The genome-wide structure of the Jewish people (Behar et al, Nature, on-line publication June 9, 2010), on-line publication e1000285. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 3, №7, 1144-1164.

Клёсов А.А. (2010b) Древние («неиндоевропейские») гаплотипы гаплогруппы R1a1 в северо-западном Китае. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 3, №6, 925-941.

Клёсов А.А. (2010c) 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. (2010d) Гаплогруппа R1b (часть I и II). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 3, №2, 249-299; №3, 406-475.

Клёсов А.А. (2010e) «Картирование» Европы по временам миграций субклада R1b1b2-L21. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 3, №2, 191-201.

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

Клёсов А.А. (2010h) Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу (часть I и II). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 3, №6, 896-902, 903-915.

Малолетко, А.М. (2001) Ранние миграции и расовая эволюция *Homo sapiens*. Эволюционная биология. Материалы конференции "Проблема вида и видообразования". Томск: Томский государственный университет, т.1, стр. 309-324

Назарова, А.Ф. (1999) Генетические данные к проблеме дифференциации северных монголоидов, европеоидов и америндов на территории Евразии. Вестник антропологии, 6, 205-215.

Назарова, А.Ф. (2002) К проблеме дифференциации северных монголоидов, европеоидов и америндов на территории Евразии. Цитология и генетика, 36, № 6, 46-53.

Назарова, А.Ф. (2005) Генетические, антропологические и культурологические доказательства палеоазиатского происхождения популяций северных монголоидов и американских индейцев. Вестник Нижегородского университета им. Лобачевского, сер. Биология, 2005, вып. 1(9) 135-141.

Назарова, А.Ф. (2009) Популяционная генетика и происхождение народов Евразии. Генетический портрет. «Белые альвы», Москва, 298 стр.

Окладников, А.П. (1964) К вопросу о древнейшей истории Монголии. Первобытная Монголия: в сборнике: *Studia Archeologica Instituti Historiae Academiae Scientiarum Republicae Populi Mongoli*. v. 3. fasc. 8 – 10. – Ulan-Bator.

Окладников, А.П. (1964) Сибирь в древнекаменном веке. Эпоха палеолита. Древняя Сибирь (Макет I тома «Истории Сибири»). Улан-Удэ.

Окладников, А.П., Абрамова, З.А. (1974) Первоначальное освоение палеолитическим человеком Сибири и Дальнего Востока. Первобытный человек, его материальная культура и природная среда в плейстоцене и голоцене М.

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

Тернер, К. Г. (1990) Ребенок верхнепалеолитической стоянки Мальта. Изв. СОАН СССР. Сер. истор., филос и филол. 1990 Вып. 2.

Чайлд, Г. (2005) Арийцы. Основатели европейской цивилизации. М., Центрполиграф.

Alekseev, V. (1998) The physical specificities of Paleolithic hominids in Siberia. In: Derev'anko A.P., Shimkin D.B., Powers W.R. (eds.). The Paleolithic in Siberia: New Discoveries and Interpretations. – University of Illinois Press. – Urbana and Chicago, 1998, pp. 329 – 335.

Atzmon, G., Hao, L., Pe'er, I., Velez, C., Pearlman, A., Francesco, Palamara, P.F., Morrow, B., Friedman, E., Oddoux, C., Burns, E., Ostrer, H. (2010) Abraham's children in the genome era: major Jewish Diaspora populations comprise distinct genetic clusters with shared Middle Eastern ancestry. Amer. J. Hum. Gen. 86, No. 6, 850-859. doi:10.1016/j.ajhg.2010.04.015

Barton N.H., Jones J.S. The language of the genes // Nature, 1990. – pp. 415 – 416.

Behar, D.M., Yunusbayev, B., Metspalu, M., Metspalu, E., Rosset, S., Parik, J., Rootsi, S., Chaubey, G., Kutuev, I., Yudkovsky, G., Khusnutdinova, E.K., Balanovsky, O., Semino, O., Pereira, L., Comas, D., Gurwitz, D., Bonne-Tamir, B., Parfitt, T., Hammer, M.F., Skorecki, K., Villems, R. (2010) The genome-wide structure of the Jewish people. Nature, doi:10.1038/nature09103, published online June 9, 2010.

Borglum, A.D., Vernesi, C., Jensen, P.K.A., Madsen, B., Haagerup, A., Barbujani, G. (2007) No signature of Y chromosomal resemblance between possible descendants of the Cimbric in Denmark and Northern Italy. Amer. J. Phys. Anthropol., 132, 278-284.

Bradley, B., and Stanford, D. (2004) The North Atlantic ice-edge corridor: a possible Paleolithic route to the New World. *World Archaeology* 36, 459 - 478.

Cavalli-Sforza, L.L., Bodmer, W.F. (1971) *The Genetics of Human Populations*. Freeman, San Francisco.

Chiaroni, J., Underhill, P.A., Cavalli-Sforza, L.L. (2009) Y chromosome diversity, human expansion, drift, and cultural evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 106, 20174-20179.

Childe, G. (1926) *The Aryans: A Study of Indo-European Origins*.

Fagundes, N.J.R., Kanitz, R., Eckert, R., Valls, A.C.S., Bogó, M.R., Salzano, F.M., Smith, D.G., Silva, W.A., Zago, M.A., Ribeiro-dos-Santos, et al. (2008). Mitochondrial population genomics supports a single pre-clovis origin with a coastal route for the peopling of the Americas. *Am. J. Human Genet.* 82, 583 - 592.

Haynes, G. (2002) *The Early Settlement of North America: The Clovis Era*. Cambridge University Press, 52.

Howells' Craniometric data <http://konig.la.utk.edu/howells.htm>

Howells, W.W. (1989) *Skull Shapes and the Map: Craniometric Analyses in the Dispersion of Modern Homo*, Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology (Harvard Univ. Press, Cambridge, MA), Vol. 79

Howells, W.W. The essay - *The Importance of Being Human*, pp.71-72

W.W. Howells (1995) *Who's Who in Skulls: Ethnic Identification of Crania from Measurements*, Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology (Harvard Univ. Press, Cambridge, MA), Vol. 82.

Keogh, J. et al (2005) ISBS, Beijing, China, pp.126-129.

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

Klyosov, A.A. (2010) A comment on the paper "A Western Eurasian Male is found in 2000-years old elite Xiongnu cemetery in Northeast Mongolia", by Kim

et al. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 4, 623-634.

Krause, J., Orlando, L., Serre, D., Viola, B., Prufer, K., Richards, M.P., Hublin, J.-J., Hanni, C., Derevianko, A.P., Paabo, S. (2007) Neanderthals in Central Asia and Siberia. *Nature*, 449, 902 – 904.

Kurki, H.K., Ginter, J.K., Stock, J.T., Pfeiffer, S. (2009) Body size estimation of small-bodied humans: Applicability of current methods. *American Journal of Physical Anthropology*, July.

Kuzmin, Y.V., Kosintsev, P.A., Razhev, D.I., Hodgins, G.W.L. (2009) The oldest directly-dated human remains in Siberia: AMS ¹⁴C age of talus bone from the Baigara locality, West Siberian Plain. *Human Evolution*, 57, 91 – 95.

Lepper, B.T. (1999) Pleistocene Peoples of Midcontinental North America, in: *Ice Age People of North America* (Bonnichsen, R. and Turnmire, K., eds): Oregon State University Press, 362 – 394.

Nazarova, A.F. (2006) The history and geography of processes of differentiation of North Mongoloids, Amerinds and Caucasoids on the territory of Eurasia according to the data of classical and molecular genetics and anthropology. *International. J. of Anthropology*, 21, 49-59.

Nazarova, A.F. (2008) Biological and nonbiological evidence for Paleoasian origin of northern Mongoloids, Caucasoids, and Amerindians. *Doklady Biological Sciences*, 420, 187-191. Докл. РАН 420, № 3, 424-429.

Nazarova, A.F. (2009a) The closeness of the Finnish Ugric, Slav and Germanic populations according to anthropological and genetical data. *J. Evolutionary Biology Research*, 1, 18-26.

Nazarova, A.F. (2009b) Genetic relationship between Finno-Ugric, Slavic, and Germanic populations as estimated from anthropogenic data. *Doklady Biological Sciences*, 426, 1-4. Докл. РАН 426, № 4, 563-567.

Nei, M. (1971) Interspecific gene differences and evolutionary time estimated from electrophoretic data on protein identity. *Am. Nat.*, 105, 385-398.

Nei, M. (1972) Genetic distance between populations. *Am. Nat.*, 106, 283-292.

Nei, M. (1973) The theory and estimation of genetic distance. In: Genetic Structure of Populations (N.E. Morton, ed.), University of Hawaii, Honolulu, pp. 45-54.

Nei, M. (1974) A new measure of genetic distance. In: Genetic Distance (J.F. Crow and C. Denniston, eds.), Plenum Press, New York and London, pp. 63-76.

Nei, M. (1977) Genetic distance. In: Genetics (E. Matsunaga and K. Omoto, eds.), Yuzankaku Publ., Tokyo, pp. 29-62.

Nei, M. (1978a) The theory of genetic distance and evolution of human races. *Jap. J. Human Genet.* 23, 341-369.

Nei, M. (1978b) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, 583-590.

Nozawa, K., Shotake, T., Kawamoto, Y., Tanabe, Y. (1982) Electrophoretically estimated genetic distance and divergence time between chimpanzee and man. *Primates*, 23, 432-443.

Ruff, C.B. (2002) Variation in human body size and shape. *Annu. Rev. Anthropol.* 31, 211-232.

Ruff, C.B., et al. (2005) *Journal of Human Evolution* 48, 381-392.

Seielstad, M., Yuldasheva, N., Singh, N., Underhill, P., Oefner, P., Shen, P., and Wells, R.S. (2003). A novel Y-chromosome variant puts an upper limit on the timing of first entry into the Americas. *Am. J. Hum. Genet.* 73, 700 – 705.

Schwidetzky, I. (1938) *Rassenkunde der Altslawen*. Stuttgart.

Shpakova, E.G., Derevianko, A.P. (2000) The interpretation of odontological features of Pleistocene human remains from the Altai. *Archaeol. Ethnol. Anthropol. Eurasia*, 1, 2000, pp. 125 – 138.

Tambets, K., Rootsi, S., Kivisild, T., Help, H., Serk, P., Loogväli, E.-L., Tolk, H.-V., Reidla, M., Metspalu, E., Pliss, L., Balanovsky, O., Pshenichnov, A., Balanovska, E., Gubina, M., Zhadanov, S., Osipova, L., Damba, L., Voevoda, M., Kutuev, I., Bermisheva, M., Khusnutdinova, E., Gusar, V., Grechanina, E., Parik, J., Pennarun, E., Richard, C., Chaventre, A., Moisan, J.-P., Barac, L., Peričić, M., Rudan, P., Terzić, R., Mikerezi, I., Krumina, A., Baumanis, V., Koziel, S., Rickards, O., De Stefano, J.F., Anagnou, N., Pappa, K.I., Michalodimitrakis, E., Ferák, V., Füredi, S., Komel, R., Beckman, L., Villems, R. (2004) The Western and

Eastern Roots of the Saami—the Story of Genetic "Outliers" Told by Mitochondrial DNA and Y Chromosomes. *Amer. J. Hum. Genet.*, 74, 661-682.

Turner II, C.G. (1988) Physical anthropology in the U.S.S.R. today. Part II. *Q. Rev. Archaeol*, 8, 4 - 6.

Turner II, C.G. (1990) Paleolithic teeth of the Central Siberian Altai Mountains. In: Derevianko A.D. *Chronostratigraphy in Paleolithic in North , Central, East Asia and America*. - Institute of History , Philology and Philosophy. - Siberian Branch of the USSR Academy of Sciences. - Novosibirsk, 1990, pp. 239 - 243.

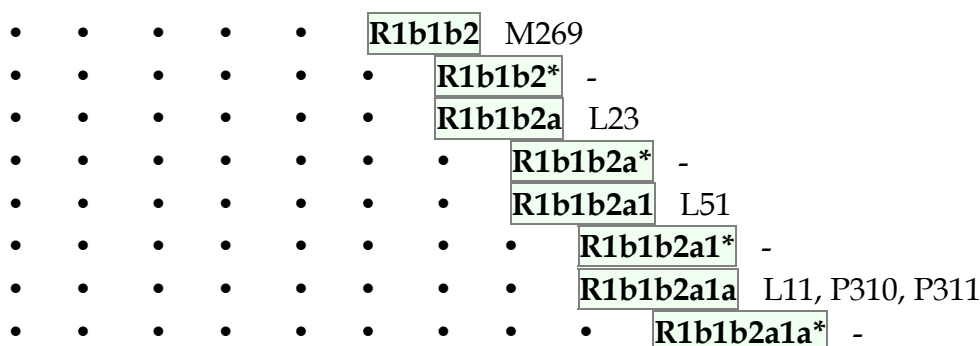
Ward, R.D., Skribinski, D.O. (1985) Observed relationships between protein heterozygosity and protein genetic distance and comparisons with neutral expectations. *Genetical Research*, 45, 315-340.

Weaver, T.D. (2009) The meaning of Neandertal skeletal morphology. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 106, 16028-16033.

Возраст субклада R1b1b2-M269 и его субкладов (L23, L51, L11)

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

В сети есть проект с неудачным названием R-ht35, что фактически включает гаплотипы субклада R1b1b2-M269, но исключает субклады P312 и U106. Иначе говоря, это следующая лестница субкладов (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpR.html):



Сам проект размещается по адресу
<http://familytreeDNA.com/public/ht35new/default.aspx>

В апреле и июле 2010 года в списке проекта значились 235 и 266 12-маркерных гаплотипов (и меньшее число более протяженных гаплотипов), соответственно, которые подразделялись на четыре группы:

L23-	L51-	L11-	18	19
L23+	L51-	L11-	72	80
L23+	L51+	L11-	15	15
L23+	L51+	L11+	24	24

Две последние колонки показывают число гаплотипов в каждой категории, в апреле и июле 2010 года соответственно, в сумме 129 и 138 гаплотипов, отнесенных к данным субкладам.

Помимо этого, 106 гаплотипов (в апреле) и 128 (в июле) были неотнесенными по указанным категориям, или не тестировались на субклады вообще. Они были включены в данный список организаторами сайта по виду гаплотипов.

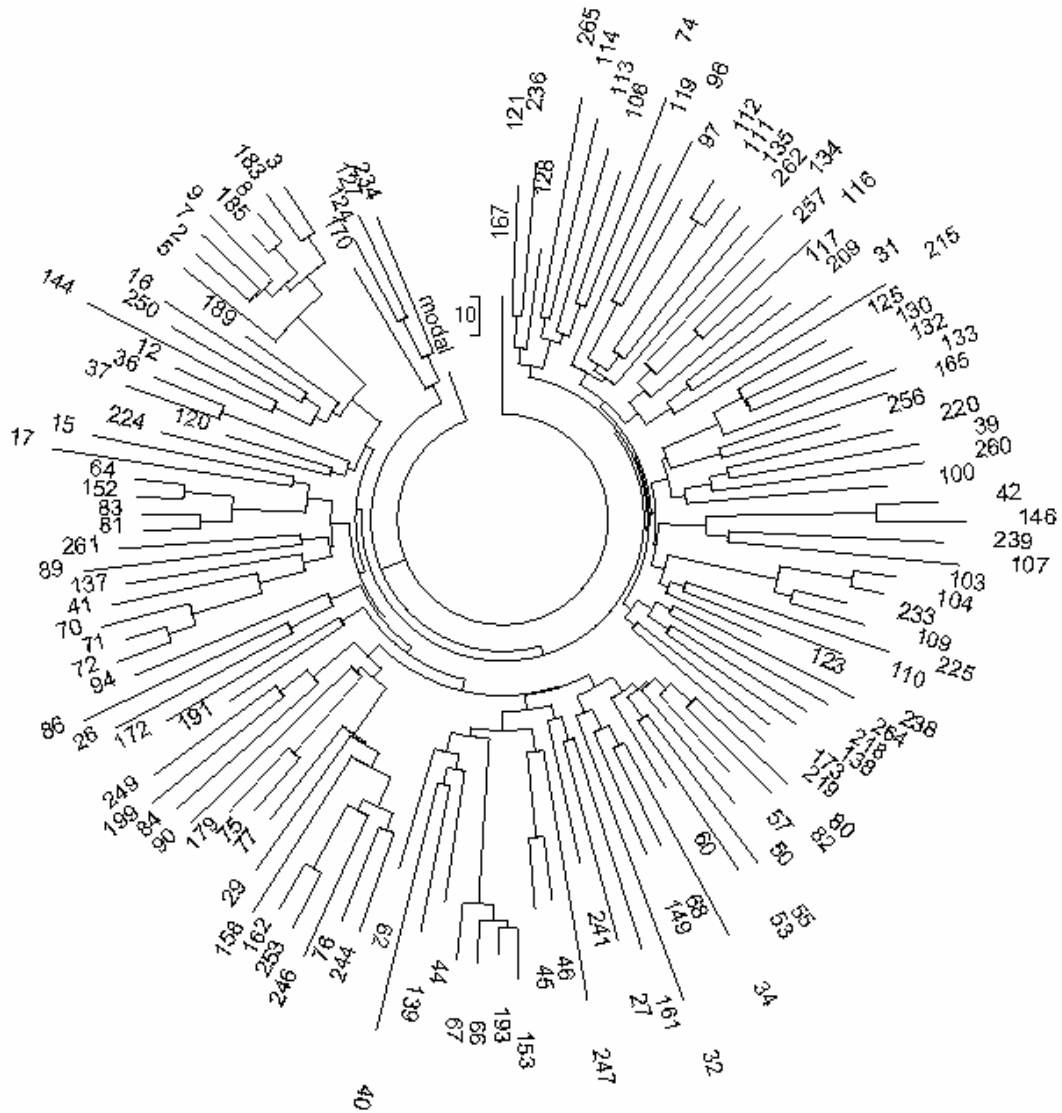


Рис. 2. Дерево из 128 67-маркерных гаплотипов проекта R-ht35 (M269+ R312- U106-), июль 2010 г. Номера гаплотипов с 1 по 19, а в 67-маркерном формате номера 2, 3, 5, 7-9, 12, 15-17 принадлежат субкладе (L23- L51- L11-), то есть M269*. Они почти все расположены в верхней левой ветви дерева из 17 гаплотипов (от 3 до 224), из которых 8 гаплотипов принадлежат молодой ветви (800±169 лет до общего предка)..

Видно, что деревья симметричные и однородные по высоте. Это уже указывает, что у дерева, скорее всего, есть один общий предок. Действительно, основываясь на подсчете мутаций (линейный метод определения времени жизни общего предка) и числа базовых гаплотипов в общем списке гаплотипов можно заключить, что общий предок всех (или

подавляющего большинства) в серии жил 5475 ± 570 лет назад. Это было получено следующим образом:

1) Все 233 25-маркерных гаплотипов июльского списка имели 1933 мутации от базового гаплотипа, приведенного ниже в 67-маркерном формате, что дает $1933/233/0.046 = 180$ поколений до общего предка без поправки на возвратные мутации, или 219 поколений с поправкой, то есть 5475 ± 570 лет.

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 16 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 –
11 11 19 23 15 15 17 17 37 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

2) Все 266 12-маркерных гаплотипов из того же списка имели 5 базовых гаплотипов, что дает $[\ln(266/5)]/0.022 = 181 \rightarrow 220$ поколений (с поправкой), то есть 5500 лет до общего предка. Это практически та же самая величина, что и полученная выше линейным методом.

Практическое совпадение этих двух величин показывает, что картина мутаций в гаплотипах описывается простой кинетикой первого порядка, то есть представляет одну принципиальную ДНК-генеалогическую линию.

Следует отметить, что для апрельского списка из 112 67-маркерных гаплотипов по первым 25 маркерам было получено 5725 ± 600 лет до общего предка, то есть та же величина в пределах погрешности расчетов. Все 235 12-маркерных гаплотипов содержали 4 базовых, что дало $[\ln(235/4)]/0.022 = 185 \rightarrow 226$ поколений (с поправкой), то есть 5650 лет до общего предка. Это опять практически та же самая величина, что и полученная линейным методом.

Взглянем на субклад (L23- L51- L11-), то есть M269*. В 67-маркерном варианте к нему относятся только десять гаплотипов (2, 3, 5, 7-9, 12, 15-17). Они почти все расположены в верхней левой ветви дерева из 17 гаплотипов (номера от 3 до 224), из которых 8 гаплотипов принадлежат молодой ветви с базовым гаплотипом

12 24 14 **10** 11 14 **11** 12 12 13 **14** 29 – **17** 9 10 11 11 25 15 19 **30** 15 15 16 **16** –
11 **10** 19 23 **17 16 17/18** 17 **38 38/39** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 **11** 10 12 **21** 23 16 10
12 12 **14** 8 12 22 20 13 12 11 13 **10** 11 12 12

(выделены 17 мутаций по сравнению с базовым гаплотипом всего дерева, скорее всего M269). Это 8 гаплотипов имеют 38 мутаций в 67 маркерах, что дает 800 ± 169 лет до их общего предка. 17 мутаций на 67 маркерах между базовыми гаплотипами M269 и M269* для данной серии помещает ИХ

общего предка около 5 тысяч лет назад, что примерно (в пределах погрешности) соответствует «возрасту» всего дерева. Неотнесенные гаплотипы 183 и 185 – из той же серии.

Рядом с этой молодой подветвью находится более старая подветвь из пяти гаплотипов (12, 16, 144, 189, 250), с базовым гаплотипом

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

(отмечены 20 мутаций от соседней молодой подветви). По количеству мутаций от указанного базового гаплотипа (59 мутаций на 5 гаплотипов) общий предок подветви жил 2250 ± 370 лет назад, а по дистанции от соседней молодой подветви ИХ общий предок жил $(4025 + 800 + 2250) / 2 = 3500$ лет назад.

Это все относительно недавние времена по сравнению с возрастом гаплогруппы M269, и, видимо, отражают прохождение бутылочных горлышек популяции M269 за последние тысячелетия.

Об этом же свидетельствует расчет «возраста» самого «молодого» субсклада из четырех, приведенных выше (L23+ L51+ L11+). Все 24 гаплотипа из этого субсклада в 25-маркерном формате имеют 170 мутаций, что помещает их общего предка на 4575 ± 580 лет назад. Его базовый гаплотип

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 16 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17

Аналогично, 14 25-маркерных гаплотипа предшествующего субсклада (L23+ L51+ L11-) имеют базовый гаплотип

13 24 14 11 11 14 **13** 12 12 13 13 29 – **17** 9 10 11 11 25 15 19 **30 15 16 17 18**

и 112 мутаций от него во всей серии. Это дает 5300 ± 730 лет до общего предка.

Эти два базовых гаплотипа, субскладов L11 и L51, отличаются на четыре мутации (учитывая дробные, усредненные величины аллелей). Это помещает их общего предка на $(2400 + 4575 + 5300) / 2 = 6140$ лет до общего предка. Им является субсклад R-L23.

Отсюда следует, что субсклад M269 должен быть древнее, чем 6200 лет назад.

Одна из ветвей субклада L23 на рис. 1 представлена гаплотипами между номерами 72 и 232 в правой нижней части дерева. Из 12 гаплотипов ветви восемь тестированы как L23, и четыре гаплотипа неотнесены, но четко попадают в эту ветвь на дереве. Базовый гаплотип ветви на первых 12 маркерах

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

Это – действительно базовый гаплотип субклада R-L23, как описано в работе (Клёсов, 2010). Все 12 гаплотипов ветви имеют от него 65 мутаций, что дает общего предка 3350 ± 530 лет назад. На самом деле субклад L23 имеет время жизни до общего предка 5475 ± 680 лет назад. Так что данная ветвь из 12 гаплотипов является лишь фрагментом субклада.

Литература

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

ARTICLES IN ENGLISH

Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a1 tree.

I. Rozhanskii

ABSTRACT

An approach has been developed to verify a convergence of Y-chromosome haplotype sets to single ancestors. This is a modification of the previously proposed method relying on the correspondence between the number of base haplotypes and the total number of mutations in the set [Klyosov, 2009]. The convergence parameter of the set is defined as the ratio of time spans to the (most recent) common ancestor (TSCA), calculated by logarithmic (from the number of base haplotypes) and linear (from the total number of mutations) methods, respectively. Parameters were calculated by using independent short fragments of extended (25 markers) haplotypes, and the average value was used for evaluation. This approach is able to employ relatively small number of extended haplotypes in order to estimate the convergence of trees to the single ancestor. The typical lower limit for evaluation is assumed as 20 haplotypes for 2000 years TSCA. The method is illustrated by examples from the phylogeny tree of R1a1 haplogroup.

INTRODUCTION

Anyone who ever calculated time spans to the common ancestors (TSCA) for Y-chromosome haplotypes knows that this is not a simple task. Apart from purely computational problems, it is very difficult in many instances to decide whether the set with the calculated base (modal) haplotype does converge to the single ancestor or there are several of them. This is the issue, because in the latter case the so-called «phantom» ancestor and incorrect TSCA are inevitably deduced. One can discard irrelevant haplotypes and select appropriate branches by analyzing the general structure of the tree, but this is not the general case. The tree itself appears sometimes either like a staircase or like an interwoven web, with heavily blurred boundaries between branches (Fig. 1). It is not easy to decide how to divide or combine closely positioned clusters. Decisions tend to be personally biased, that makes an analysis of large sets of extended haplotypes

increasingly unreliable, especially when the branches of the tree are not known *a priori*. There is a need in some independent method, which could allow us to estimate the means of division of the tree by branches.

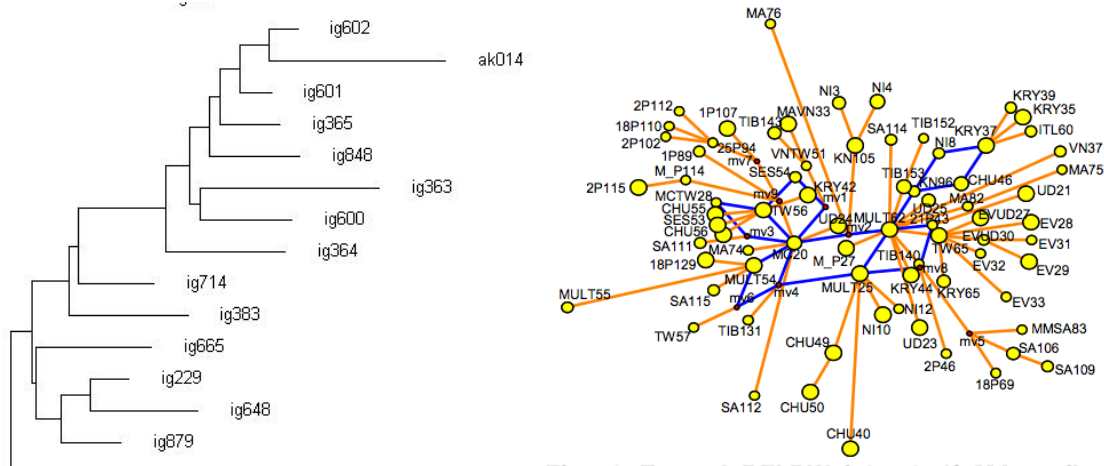


Fig. 1. Examples of trees in PHYLIP (left) and Network (right) software.

METHOD

The cornerstone assumption in computational methods of DNA genealogy states that mutations in the non-coding regions of Y chromosome are strictly stochastic. As a consequence, the following equations can be derived [Klyosov, 2009]:

$$M = \mu N_0 t \tag{1}$$

$$N/N_0 = e^{-\mu t} \tag{2}$$

with M being the total number of mutation from the base haplotype during time interval t in the set, N_0 corresponding to total number of haplotypes in the set, N defining the number of non-mutated (\equiv base) haplotypes in the set, and μ being the average mutation rate per haplotype.

Equations (1) and (2) yield the apparent relation:

$$\ln(N_0/N) \sim M/N_0 \tag{3}$$

It turns to equality under the following conditions:

- reasonably large set is considered,
- there is one, and only one common ancestor, and
- multi-step mutations are absent.

Since multi-step mutations are rather rare and tend to be statistically insignificant, one can omit condition (c), and relation (3) can be applied to verify the condition (b). It can be re-written for convenience as:

$$v = \ln(N_0/N)/(M/N_0) \quad (4)$$

with v being defined as the parameter of convergence of the set to one common ancestor. The closer its value to unity and the lesser it deviates from this upon addition or withdrawal of presumably related haplotypes, the higher is the probability to consider the particular set of haplotypes as descending from the single common ancestor. Neither of factors affecting TSCA values (reverse mutations, asymmetry, size of haplotypes, differences in individual mutation rates per marker) should affect the parameter v , because the product μt remains the same both in (1) and (2).

This verification method can work efficiently, if condition (a) is fulfilled. That is, the set of haplotypes should be large enough. The critical issue is how to offer statistically significant number of base haplotypes, because their fraction falls exponentially as a function of time and length of the haplotype (see Eq. 2). For example, relatively young (28 generations by documental genealogy) Donald Clan retains now 25 % of its base haplotypes in 25 marker format, i.e. 21 from 84 [Klyosov, 2009], but its fraction will drop to mere 0.7 % after 100 generations from the ancestor. It is unlikely to find any base haplotypes in the set of the same size. If we limit our count by shorter 12 marker standard, we would expect 9.3 % of base haplotypes after 100 generation (7-8 from 84), that is enough for evaluation. However, the deviation of the number of base haplotypes just by one from the expected value (i.e., 6 or 9 from 84) would result in 15 % error in determination of the parameter v . It is too rough to be of practical use. This error can be reduced in case of much larger sets, but it not always possible to collect enough haplotypes.

Where can we take more data, if the number of samples is limited? There is a simple solution - pick them up from the «cuts» of extended haplotypes, which have remained after employing their 1st panels (12 markers) in calculations. Since equations (1) and (2) are universal, they should be valid for any sequence of markers, not necessary standard. It is enough to obtain only 3 characteristics of the set - N_0 , N and M , with tedious work on calibrating mutation rates being unnecessary for the scheduled task. In case of 25 marker haplotypes of FTDNA standard kit, this additional set can be compiled from haplotypes of the 2nd panel, considered as independent. Its base haplotype, the number of mutations and the convergence parameter can be calculated exactly by the same means as for the standard 12-marker panel. In an ideal case, parameters v for both sets should coincide, because they belong to the same samples. In practice, they

differ, but their average should be closer to the true value, provided there is the single ancestor with corresponding base haplotype.

The number and composition of such «cut» haplotypes can be arbitrary. It appeared to be convenient to use 3, rather than 2 independent sets of markers, taken from the standard 25 marker panel.

Set 1: DYS 393, DYS 391, DYS 388, DYS 389-2, DYS 458, DYS 459b, DYS 437, DYS 464c, DYS 464d;

Set 2: DYS 390, DYS 385a, DYS 385b, DYS 426, DYS 389-1, DYS 392, DYS 447, DYS 464b;

Set 3: DYS 19, DYS 439, DYS 459a, DYS 455, DYS 454, DYS 448, DYS 449, DYS 464a.

The calculation of the convergence parameters for all sets was carried out by MS Excel. Simultaneous calculations of TSCA were performed by the linear method, corrected by reverse mutations [Klyosov, 2009].

RESULTS AND DISCUSSION

Prior to discussion of practical examples, one can note that the proposed method allows not only estimate the probability of the convergence of sets to single ancestors. It can be also useful in analyzing the character of deviations from uniform convergence if they are observed. Let's consider possible cases, as shown in Fig. 2.

Case A. If the set is statistically significant, uniform, and it converges to the single ancestor, it leads, by definition, to $v = 1$. This case can be imagined as a tree with its branches fitting the circle. The size of the trunk corresponds to the number of base haplotypes, whereas the length of branches represents the total number of mutations.

Case B. If the set contains haplotypes both from the main tree and from some remote unrelated branch, the total number of mutations appears to be overestimated compared with the number of base haplotypes. Accordingly, $v < 1$, and the corresponding double tree fits the oblate ellipse. This is rather frequent case in STR phylogeny, which happens if generous young branches “pull” the base haplotype to themselves. In many instances, such branches can be visibly recognized upon drawing the tree.

Case C. Branches of the uniform tree are overlapped with those of the nearby tree, which is not directly related to the former. The set looks rather compact by eye, but it contains less base haplotypes than expected. It results in $v > 1$, and the whole «composite» tree fits the prolate ellipse. This case appears frequently, when sets are composed by some artificial criteria, disregarding «natural» mutations. The particular example is sorting haplotypes by the fixed values of selected markers, which is popular among beginners. It is very difficult to recognize unrelated haplotypes in such sets. Sometimes it is more convenient to recalculate the whole tree, rather than to unravel the knot.

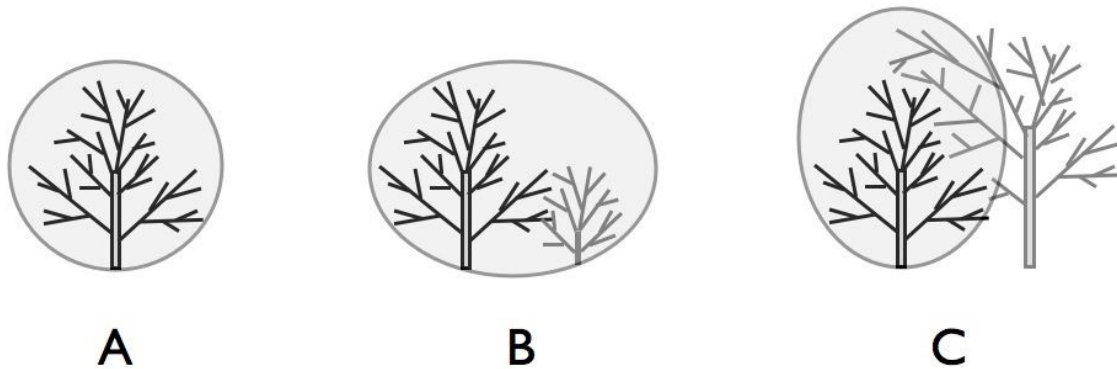


Fig. 2. Typical cases of the superposition of trees.

Even if $v = 1$, it is still important to confirm, that this is not accidental coincidence. If the set is large enough, one can apply rather strict test. The set is divided randomly by two parts, and convergence criteria and base haplotypes are calculated separately for both halves. If differences in their values are negligible, the whole branch can be considered as homogeneous.

If this test cannot be performed because of the limited size of the set, one can judge about stability of the tree indirectly, by comparing the base haplotype resulted from the optimization of v and the modal one. If they differ markedly, it might be (but not always) a sign of the superposition.

Finally, there is a useful hint when statistically significant sets of 67 marker haplotypes are considered, with TSCA and errors being calculated separately for 25- and 67 marker panels. The more these values are overlapped, the higher is the probability for the set to be descending from the single ancestor.

The present method has been developed in the course of the analysis of haplogroup R1a1, for which any information on its SNP phylogeny was nearly absent to the moment of beginning of that work. Base haplotypes of branches and their geographical distribution were published [Rozhanskii and Klyosov,

2009; Rozhanskii and Klyosov, 2010], while TSCA have been recalculated considering the growth of the database in time. Only average values of v were used in the analysis, without standard errors. The latter characterize mostly the mutation patterns in particular branches, rather than bear any statistical meaning.

Table. Examples of branches of R1a1 trees.

Branch	N ₀	v	TSCA (years)	
			25 markers	67 markers
Kyrgyz	79	1.01	875±120	900±110 ^{*)}
Ashkenazi	67	0.97	1125±150	1100±140
Northern Eurasian	53	1.00	1875±240	1950±220
Northern Carpathian	31	1.01	2300±320	1975±250
Western Slavic	65	1.00	2800±330	2250±240
Central Eurasian-1	56	1.00	3625±420	3725±420
Young Scandinavian	138	1.06	2050±230	1975±210
same, parent sub-branch	99	0.99	1850±220	2050±220
Central European	110	0.96	3525±380	2775±290
same, sub-branch 1	43	1.02	2125±280	2275±250
same, sub-branch 2 (recLOH)	67	0.98	2425±290	2475±260
Cluster «K» (polish FTDNA project)	64	1.06	3525±400	3275±370
Cluster «K» borderline (polish FTDNA project)	36	0.82	4425±540	3575±390

^{*)} - calculated for haplotypes in SMGF format (43 markers)

The first 6 branches show all signs of convergence: their parameters v are close to 1.00, they are stable upon random dissection of sets, and their TSCA match each other when calculated by different sets of markers. This method works well in the wide time scale, both for Kyrgyz and Central European branches, in spite of their 4 times difference in TSCA. These branches correspond to the case "A" (Fig. 2).

Young Scandinavian branch is an example of the case "C" (Fig. 2). Its convergence parameter deviates significantly from 1.00, while the base haplotype of the branch appears to be rather unstable, since it switches between several optima upon random dissection of the set. These are visible signs of superposition. Indeed, the tree of this branch is not entirely homogeneous, because it contains a younger compact sub-branch (so-called "Scottish" cluster), which adds some more mutations or even can "usurp" the base haplotype if outnumbers the rest of the set. When this younger sub-branch was withdrawn,

the remaining ("parent") branch immediately gave good convergence to the single ancestor.

The next example is the Central European branch, which seems to fit the case «B» (Fig. 2), with a superposition of parent and daughter sub-branches. However, this is another, non-standard case. More than half of the haplotypes (67 from 110) bear a complex mutation known as "recombinational loss of heterozygosity" (recLOH). One can find more information about this mutation elsewhere (<http://freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/~langolier/krahn.pdf>). In relevance to the present subject, it is important that it takes place in pair markers of palindrome regions of DNA and its probability is less than for the most of STR markers, but more than for SNP. The specific mark of recLOH in Central European branch is "doubling" of alleles in the quadruple marker DYS464a-d. For example, the present author (as well as dozens of his neighbours by this branch) bears alleles DYS464a-f **12-12-15-15-15-16** instead of characteristic for R1a1 sequence **12-15-15-16**. Formally, these are 4 consecutive mutations. In fact, this is a single, albeit rare event. Apparently, it is necessary to make correction to recLOH in order to obtain undistorted TSCA and base haplotypes.

This branch was divided by two parts, and parameters of both subsets were calculated separately. Both sub-branches showed good convergence parameters and TSCA, close to each other. Counting recLOH as a single mutation, one can calculate the genetic distance between two base haplotypes as 4 in 67-marker format. It puts the common ancestor of both sub-branches at 2725 ± 400 years before present, which matches closely TSCA obtained for the same branch using another dataset [Underhill et al., 2009; Klyosov and Rozhanskii, 2009], that is 2550 ± 360 ybp. Therefore, Central European branch shows patterns of the case «A», representing the homogeneous tree with the single common ancestor. Probably, recLOH mutation occurred at the very beginning of the history of this branch, and both sub-branches developed in the same fashion, producing virtually indistinguishable haplotypes. At the best of author's knowledge, it is one of very few examples when recLOH defines a genealogical line of such temporal, demographical and geographical scale.

Finally, the last two branches have been taken not from our review article [Rozhanskii and Klyosov, 2009], but from the website of the Polish FTDNA project. Data of R1a1 are represented there as clusters, which are composed according to the published method [Gwozdz, 2009]. These data give us the opportunity to examine how the present method competes with the other algorithms of the evaluation of genealogical lines (clusters, by somewhat cautious definition used in the project). A list of 64 haplotypes, assigned by the project administrator to the cluster «K», was treated by the same way as previously considered branches. This set shows close TSCA for 25 and 67

markers panels, while its base haplotype matches very closely that of the Western Eurasian branch (in fact, this is one of the most represented genealogical lines in Poland and surrounding countries). However, the convergence parameter of this set ($v = 1.06$) suggests, that some unrelated haplotypes can be still present there. It is very difficult to verify this suggestion and to recognize “intruders” by relying entirely on the method used in that project. It is an example of the case «C», with the aforementioned consequences.

Another set of 36 haplotypes has been defined in the project as belonging to the “cluster K borderline”. Although such definition is rather obscure, let’s consider this set as a separate genealogical line and treat it similarly. It becomes apparent (see the Table above), that this is nothing but a superposition of loosely bound fragments with «phantom» ancestor. Assignment of haplotypes in this set is unreliable and needs refinement by some other methods.

CONCLUSIONS

Examples listed above do not mean that the present method is able to displace existing algorithms used in STR phylogeny. It cannot produce a tree, but it is valuable as a tool for really **independent** verification of various approaches, which should yield genealogical lines descending from single ancestors. Since this approach deals with arrays of data, it is not very informative in positioning individual haplotypes on the tree. By the same reason, evaluations of smaller sets (typically, less than 20 25-marker haplotypes) are less reliable. However, this method is considered as complementary to other techniques of DNA genealogy, providing additional opportunities in research.

ACKNOWLEDGEMENTS. The author expresses his gratitude to A. Klyosov for the encouragement in developing this method and for fruitful discussions. Special thanks to P. Shvarev, who first recognized and characterized branches of R1a1. The very subject of this work would be impossible without his contribution.

References

Gwozdz, P. (2009) Y-STR Mountains in HaploSpace, Part I: Methods. *J. Genetic Geneal* (ISSN 1557-3796), **5**, No. 2, 137 - 159.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidence Written in Y-Chromosome, Part I: Basic Principles and the Method. *J. Genetic Geneal* (ISSN 1557-3796), **5**, No. 2, 186 - 216.

Klyosov, A., and Rozhanskii, I. (2009). Subclade R1a1a7-M458 – populations, geography, history. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), **2**, No. 7, 1200 – 1216 (in Russian).

Rozhanskii, I., and Klyosov, A. (2009). Haplogroup R1a1: haplotypes, genealogical lines, history, geograpgy. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), **2**, No. 6, 974-1099 (in Russian).

Rozhanskii, I., and Klyosov, A. (2010). Migrations from Southern Siberia and Central Asia to the Northern Europe from the viewpoint of DNA genealogy. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), **3**, No. 1, 66-77 (in Russian).

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J. et al (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Human. Genet., advance online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194

Web resources

Description of mutations in Y chromosome

<http://freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/~langolier/krahn.pdf>

Polish FTDNA project

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

Scotland's R1a1 Highland Clansmen, DNA Genealogy and the search for Somerled

Andrew MacEacharn (Australia)
and
Anatole A. Klyosov (USA)

We have examined over 300 R1a1 Highland Clansmen yDNA haplotypes searching for a common male ancestor of any of the studied clans, and whose name was Somerled hero of the Celts, who lived in the twelfth century. For this search we employed the emerging science of DNA genealogy, which is a merge of DNA sequencing and chemical kinetics. We identified the Old Scandinavian (4100 ybp) and Young Scandinavian (1900 ybp), the Gaelic and perhaps the Danish "*Dark Stranger*" clansmen lineages all with a common ancestor from the Russian Plains about 5000 years ago. This analysis ended with us defining the ancestral ethnicity of the R1a1 clansmen who gave Scotland her name and her culture.

Introduction

We know so little of this man called *Somerled*. Who was he, where did he come from? For a man of such reputed fame we find very little of him in historical documents. Historians contemporary with him write very little or nothing of him, except perhaps of his death. He is not mentioned unambiguously in any of the various Annals of Ireland such as Tighernac, Ulster etc in the times we know him as living in being 1100 - 1164AD. We do find an entry in the Annals of Ulster for the year 1164AD:

U1164.4

Somharlidh Mac Gilla-Adhamhnain and his son were killed and slaughter of the Men of Airthir-Gaedhel and of Cenn-tire and of the men of Insi-Gall and of the Foreigners of Ath-cliath.

In the above passage we find Somerled the son of Gilladomnan, not Gillebride. And also an entry in the Annals of Tigernach for 1164AD:

1164

Somerled son of Gilla Brigte king of the Hebrides and Kintyre, and his son Gilla Bright were killed by the men of Scotland, and along with them the Foreigners of Dublin were slaughtered.

In this entry we are told that Somerled has a son Gillebride.

Investigation of nearly every reference to the man *Somerled* in fact leads us nowhere. Many references to him are written retrospectively so can barely be relied upon as being historically factual.

Of his genealogy we understand his father was Gillebride son of Gilladomnan (1-3). We believe his ethnicity to be Gaelic but we do not know. Recently it has been reported his paternal ancestry is Norse (4, 5) and there seems to be some significant ground swell of attraction to this.

What of the Highland Clans? Where did they come from? Some such as Clan Donald (6), Clan MacAlister (7) and Clan MacDougal (8) claim direct paternal descent from Somerled. Others such as Clan Iness claim paternal ascendancy to Somerled (9, 10). Clan Innes, whose ancestral lands are in Morvern, claim a confederation existed called Siol Gillebride (The Seed of the Servant of St Bride) between the MacMaster, MacGilvray, MacInnes clans and the MacEacharn family. Other clans and families make no claims at all. Some such as the MacIains of Ardnamurchan understand their relationship to Somerled to be through Clan Donald (11). Most Highland Clans, in reality do not definitively know their paternal ancestry. Paper trails hold no value as we have no way to cross reference and verify these.

To understand the ethnic makeup of a Scottish Highland Clan we must first look back in time to the migration of two cultures which began over 1500 years ago. The first culture clashed with the indigenous peoples of Scotland with the eventual unification of these cultures by Kenneth MacAlpin, who shared Gaelic and Pictish ancestry, in the ninth century AD. The second culture being the Scandinavians who started their raids on Scotland and Ireland around 795AD.

In the 5th Century we see the beginning of a nearly half millennium long movement of the Scoti or Scots (12, 13) into Scotland from Ireland. Eventually Scotland would be named after this race of people. However, the roots of this race and its name could have had a much more ancient history. One of the oldest proto-Russian tribes had a name "Scotichi", and as such it was mentioned (and further described) in the very beginning of "The Book of Veles", arguably the oldest proto-Slavic text. The first lines of the book say - "Vendi were brothers with the Scotichi in the steppes" (14). Then the text describes that the Scotichi

split and moved, apparently to the West. According to some scholars, it was thousands of years ago and certainly in the BC times.

If we turn to linguistics, Russian *scot* is *cattle* in English, the latter in turn has its roots in late Latin *capitāle* (wealth, possessions), while the Russian word is related to *cātus-pad* in Vedic Sanskrit texts, which means “four-footed”, and “four” in Sanskrit is *catvāras* (15). This points to ancient connections between proto-Slavs and proto-Celts. They lived close to each other and had the same lifestyle.

Sometime around 500AD Fergus Mor Mac Erc and his brothers, Angus and Lorne, moved the power base of the Scoti from County Antrim in Ireland to Argyll in Scotland. The Scoti brought the Gaelic language and culture with them as they settled mainland Scotland. Fergus Mor Mac Erc is traditionally considered the “father of Scotland” and is credited with bringing the Stone of Destiny, Lia Fáil, to Scotland. Around the same time period we see the beginning of a movement of ecclesiastical men into Scotland, the most well known being St Columba, who founded Iona in 563AD. From this time onward expansion of the Irish Scoti was assisted in part by the spread of Christianity. This movement appears to have initially crossed from Northern Ireland into the Argyll area of Scotland. St Columba’s Church at Kintyre in Scotland is well known as one of the first mainland ecclesiastical sites in Scotland founded by an Irishman. Some time later St Columba founded his well documented monastery on Iona Island. His church in Kintyre is known as Cille Colum Cille or literally, the Cell of St Columba of the Cell. Another church situated above Loch Aline in Morvern, Somerled’s apparent ancestral lands, is named the same and may be contemporary with St Columba. Ancestors of one of the authors of this study lie in this graveyard.

Throughout Kintyre and Islay we see a litany of “clerical” placenames such as Kilmartin (the Church of St Martin), Kilellan (the Church of St Fillan) and Kilchoman (the Church of St Comgan) to name a few. There is no shortage of archaeological, cultural and historical evidence for this migration (16, 17). St Comgan and his sister St Kentigerna are well known to have travelled to Scotland after leaving Leinster in the late 600’s AD. With them came St Kentigerna’s son Fillan later to be named a Saint also. Clan Cowan, a Highland Clan, are one clan of many, whose name in itself may provide some clue to their origins. The clans original ancient name is MacEichgillychomgan, however by the mid 1600’s was already being written in English like M’Ilchoen when listed as some of the men murdered in Scotland’s largest and virtually unacknowledged massacre of over three hundred Highlander men women and children, the Dunaverty Massacre at Kintyre in 1647.

Starting from around 795AD the first of the Norse raids starts on Ireland and Scotland. The monastery at Raithlin Island is attacked and pillaged and for the next thirty or forty years monasteries in Ireland are attacked nearly yearly. Iona was raided many times. There was some resistance to these attacks; however by 842AD the Norse had settled Dublin, Cork and Waterford, which was named Vadrefjord. Around 849AD we see a new type of northern invader, this being the Dane. These were known to the Irish as the "Dark Foreigners" and the Norse northern invader was known as the "Fair Foreigners". There are some reasons to believe now, that "Fair Foreigners" belonged to haplogroup I1, and "Dark Foreigners" carried haplogroup R1b1, likely R1b-U152. This subclade of R1b haplogroup is still among Danish people, many of whom are dark-haired and noticeably differ from neighbouring light-haired Norwegians and Swedes.

It is during the 9th century we see the Norse kings of Dublin in constant warfare with the Irish kings. This warfare chiefly comes to an end when Brian Boru reinforced from Argyll confronts the Norse army, reinforced from the Isle of Man and Orkney, at Clontarf in 1014 and after twelve hours of battle defeats them. This defeat put to an end any serious Norse threat to Ireland. The settlements of Orkney, Shetland, Isle of Man, and the Outer Isles and to some extent a portion of the Hebrides remained under Norse control. It is sometime after this defeat at Clontarf we see the rise of Godred Crovan, a Norse ruler of Dublin and King of Man and the Isles. It is after the death of Godred (1095AD) that the Kings of Man and the Isles become vassals to the King of Norway. Reginald King of Man and the Isles, son of Godred is contemporary with Reginald son of Somerled, who was also styled King of the Isles.

Now we find ourselves back to the time of Somerled. We see two different cultures in the area known generally as the Western Mainland and Isles of Scotland. By this time in history the Pictish culture had been absorbed by the Gaels. The Outer Isles, Isle of Man to the south, Orkney, Shetland, Skye and most of the northern mainland including Ardnamurchan appear to be under Norse control and influence whilst the mainland areas of Kintyre, Lorne, Morvern and the islands of Islay and Mull are under Gaelic control and influence. The mainland areas south of Ardnamurchan were constantly under attack from the Norse and anecdotally this is why Somerled drove them off. His father Gillebride was supposed to have been defeated by the Norse and retreated from Morvern back to Ireland.

The Clans and their claims to a paternal relationship with Somerled

The clans claiming a direct paternal relationship to Somerled are Clan Donald (the MacDonalds), Clan Dougal (the MacDougalls) and Clan Alister (the MacAlisters and Alexanders). Clan Innes or MacInnes claim that Somerled's father Gillebride may have been related to the progenitor of their clan, a man they call Oengus or Angus, one of the brothers of Fergus Mor Mac Erc (18). The MacIains of Ardnamurchan, an area just north of Morvern, claim their relationship to Somerled is through a younger son of Angus Mor of Isla, John Sprangach d 1340 (19.) Clan Alister and the MacIains of Ardnamurchan consider themselves branch families of Clan Donald (20).

Clan Donald - The MacDonalds

Clan Donald claims that their common ancestor with Somerled is John of Islay (21, 22). Clan Donald gives their genealogy as Somerled d 1164, Reginald, Donald "de Isla" d 1289, Angus Mor MacDonald d 1300, Alexander MacDonald d 1303 succeeded by his brother Angus Og MacDonald d ca 1329, and John of Islay d 1386.

Clan Dougal - The MacDougalls

Clan Dougal claims a common ancestor with Somerled through another son of Somerled's called Dougal. Clan Dougal give their genealogy as Somerled, Dougall (1164), Duncan de Ergadia (1207), Ewen (1248), Sir Alexander (1266), Sir John of Lorn (1310), Duncan of Dunollie, Ewen (1344), Iain of Dunollie (1375).

Clan Alister - The MacAlisters

Clan Alister claims that they too have a common ancestor with Somerled and also with Clan Donald. Clan Alister give their genealogy as Somerled, Reginald, Donald "de Isla" (same man as Clan Donald), Alexander (1253), younger brother of Angus Mor MacDonald. Some MacAlisters are now known by their Englished name Alexander.

Somerled's Descendants?

Did Somerled have any brothers? Did he have any sons? The night before the Battle of Renfrew in 1164, Somerled and his eldest son Gillicallum were supposedly murdered by Maurice MacNeill, a nephew of Somerled. The MacDonald historian Hugh Macdonald calls this MacNeill a son of Somerled's

sister Beatrice. At the same time Hugh MacDonald also makes mention of another Maurice MacNeill, foster brother to Olav, King of Man who was a close friend of Somerled.

Various “unofficial” sources (23, 24) give the following for Somerleds male sons

1. Somerled
2. Gillecallum
3. Dugal
4. Angus
5. Reginald
6. Olave
7. Gilles
8. Gall

Whilst there must be some questions surrounding any definite historical proof for any of the sons of Somerled, the above list seems to have been compiled chiefly from the documents and claims of clans purporting a relationship to him.

Of the sons of Somerled and their sons, what do we know? Gillecallum apparently died with Somerled the night before the battle of Renfrew in 1164. Somerled MacSomerled died soon after 1220. Apparently he had two young sons, John and Maolmory. John was supposed to have died young without issue and Maolmory settled in Ireland, also without issue. Angus and his sons were killed on the Isle of Skye by the sons of Reginald, his nephews, in 1210. Dugal forms Clan Dugal and is considered the progenitor of the MacDougals of Lorne. Gilles is pursued in Kintyre by Reginald and killed. Reginald becomes the progenitor for Clan Donald. Little or nothing is known of Olave and Gall.

Clan Innes who potentially have claim to paternal ancestry from Somerled or his father appear to have no relations to their chief alive. In 1358 the Chief of the Clan and his sons were murdered by Clan MacLean on the orders of John of Islay, Lord of the Isles. The murders were affected at Ardtornish Castle, Morvern.

DNA (Y-chromosome) and the hope for clarity in the ancestry of Scotland’s Highland R1a1 Clansmen

After researching the history and formation of Highland Clans, one fact stands out. None of them can for certainty know who their progenitor is. From about 1400AD many clans have excellent paper trails; however we find that we can not rely on these as a source of definitive information as to the Clans ancestors.

So we must turn to analysis of Y chromosomal DNA for our answers. In recent times this field of science has made very positive advances in terms of clarifying family associations and time periods to common ancestors. Given the limited amount of historical information for the time period we are concerned about and the litany of claims in clan histories that are more fallacy than fact, we must rely upon science to help us unravel the mystery that is the R1a1 Highland Clansmen.

Reviewing the Y chromosomal DNA makeup of the highland clans we see some clans with a chiefly line which is R1b such as Clan MacPherson, Clan MacNeill and Clan Campbell. These clans have a very limited amount of R1a1 members and appear to be predominately ancestrally Pictish. Some of the R1a1 MacPherson Clan members are ancestors of a man who was kidnapped from Scotland in the 1690's, so in themselves are actually not of MacPherson lineage. Other Clans such as MacDonald and Matheson have a chiefly line which is R1a1 with many R1a1 and R1b1 clan members.

Why R1a1? R1a1 is the haplogroup to which many Highland Clansmen and their Chiefs belong to. It is a predominantly an Eastern European haplogroup, though it originated allegedly in South Siberia around 20,000 years before present (25), it is somewhat frequent there nowadays (26, 27), and it is excavated there and in adjacent regions from ancient cemeteries with an ever increasing pace (28-30). It is strongly represented in Russia (up to 62% of the population), Poland (up to 57%), in Central Asia (50% in Kyrgyzstan), and in some other Asian regions (e.g., in India, Pakistan, Iran, among the Altaians in South Siberia, all between 39% and 15% of the population, etc.) (27).

Some questions in the hope for clarity as to our ancestors and cultural ethnicity

Where did the ancestors of R1a1 Highland Clansmen come from? Do we see two distinctly different cultures such as Norse and Gaelic appear in the framework of DNA genealogy and within the same R1a1 haplogroup?

Is there any proof of the existence of their "patriarch" or "patriarchs" in the time of the man we know as Somerled?

Can we tell if Clan Donald and Clan Alister share a common ancestor who died around 1289, that is about 720 years before present?

Do we see that Clan Donald have a common progenitor who died around 1386AD?

If we analyse only the markers of the living Clan Donald Chiefs and Chieftains, when did their common ancestor live? Does this agree with their clan genealogical documents?

Do we see any indication that any other clans may have Somerled as their ancestor?

Do we see any evidence for the MacEacharn Campbells of Craignish from Lorne?

What is our (R1a1 Highland Clansmen) deep ancestry 1300-1500 years back, in the middle of the 1st millennium AD? Where did we originate from?

If the haplotype tree based on haplotypes of Highland Clansmen, produce branches (lineages), how long ago did these branches happen? From where? From which upstream lineages did this happen?

What clans belong to which branch on the haplotype tree?

Do we see any evidence of a common ancestor around 400 - 500AD?

What is the date of the nearest common ancestor for the kidnapped MacPhersons and one of the authors of this study?

Do we find a MacInnes that could be a close ancestor to Somerled, based on the haplotype tree?

If we find evidence of his existence, was Somerled Norse? Or, in other words, was he Scandinavian?

Sources of yDNA haplotypes

Haplotypes were collected for analysis from Family Tree DNA and Clan Project Webpages (<http://www.clandonald.info>, also refs. 5-9). Collection was done with knowledge of Highland Clan names in mind. However another non Highland name was included, these being Perkins due to them being seemingly much like the Highland R1a1 markers. Some Irish R1a1 markers were included.

Markers were not collected from public DNA sites such as YSearch for the primary haplotype dataset in this study. However, as it will be shown below, YSearch haplotypes match results in this study very well.

Haplotypes were grouped into sets of 67, 37, and 25 markers.

So as to not "overload" the analysis only a subset of available Clan Donald haplotypes were added for the total dataset. All available Clan Donald

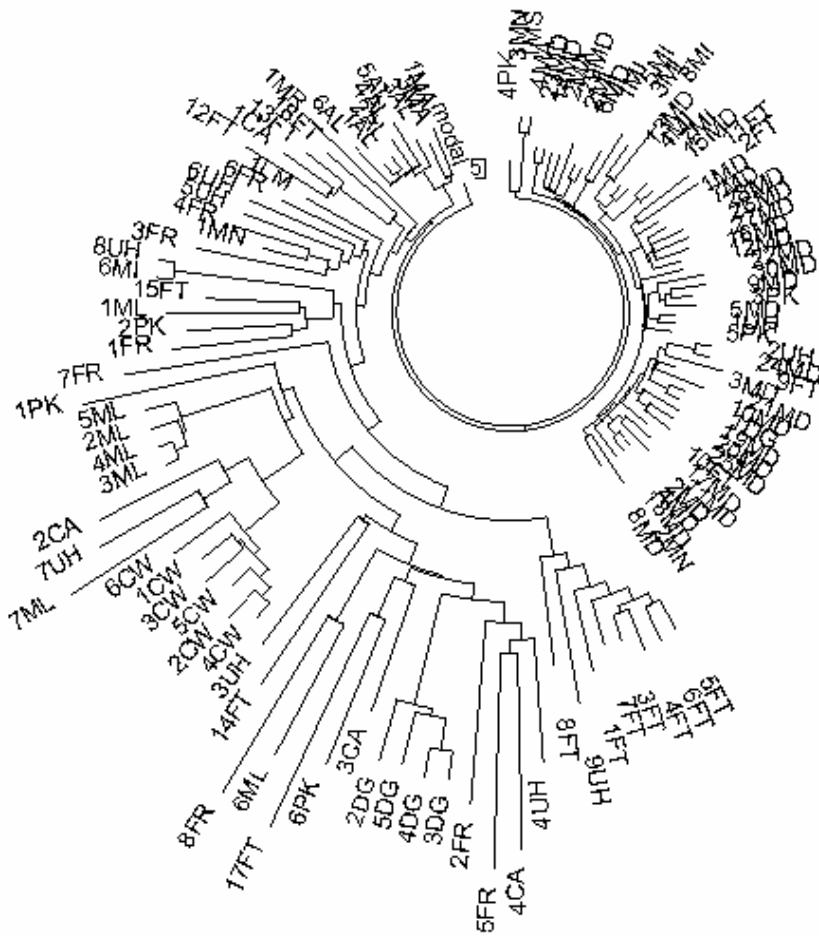


Figure 1. 67 marker haplotype tree for the “Highland Clansmen”, haplogroup R1a1, and their allegedly related haplotypes. This 116 haplotype tree was composed of haplotypes obtained from public projects, as described in the text. The tight, compact, hence “young” branch on the right encompasses most of the Donald clan haplotypes (30 of them are on this branch, out of a total 49 haplotypes (61%) of the Highland Clansmen; the rest belongs to the Perkins (two haplotypes out of six in their family), MacCain (seven haplotypes out of eight in their family), three McDaniels, two McAllisters (out of four in their family), McInnes, McNeil, Douglas, Matheson. This “young”, mainly Donald Clan branch descends from a common ancestor who lived 625 ± 90 years before present. The “fluffy” and much more extended, therefore “old” branch on the left contains 43 haplotypes, descended from a common ancestor who lived 3870 ± 460 years before present. A small separate branch of 8 haplotypes (at 5 o’clock) contains mainly haplotypes of Mathesons of Lochalsh (Scotland) and Mathesons from elsewhere, descended from a common ancestor who lived 900 ± 200 and 825 ± 160 ybp (calculated with 37 and 67 markers of the same haplotypes, respectively), however, has a quite a different origin than the rest of the R1a1 Highland Clansmen.

haplotypes were also analysed separately. Essentially, as is shown below, both approaches give the same results.

Clan Dougal markers are not available. The clan chooses to keep their markers private.

RESULTS

A haplotype tree for the available 116 haplotypes in 67 marker format is presented in Fig. 1.

These extended haplotypes provide us with the most resolved, refined branches (lineages) of the tree. On the other hand, many more 37 and 25 marker sets were available, namely, 229 and 253 of them, respectively. However, a 37 marker tree is less resolved, and a 25 marker one is even less resolved, since they lack as many as 30 and 42 markers on each haplotypes compared to 67 marker haplotypes. Those 30 extra markers (compared to a 37 marker tree) per haplotype add a total of 3510 markers in the pattern in Fig. 1, which might introduce some important information in terms of branches and their mutual positions. This is a common problem of the choice between quantity (of haplotypes) and quality (of branches resolution). To overcome this problem as much as we can, we will consider both the 67 and 37 marker trees, and for a comparison the 25 marker tree as well.

The right hand side which is compact and therefore a relatively “young” branch in Figure 1 contains 49 haplotypes, 30 of them belong to the Donald Clan, and the residual 19 haplotypes belong to the Perkins family (2 haplotypes out of 6 in their family, available in 67 marker haplotypes), MacCain (7 haplotypes out of 8 in their family), three McDaniels, two McAllisters (out of four in their family), McInnes, McNeill, Douglas, Matheson. This branch has a base haplotype that is approximately equidistant with respect to all 49 haplotypes in the branch. In other words, all 49 haplotypes collectively have a minimal number of mutations from that base haplotype. Therefore, the base haplotype has a minimal genetic distance from all 49 haplotypes in the branch. It can be presented as follows (the four panels are separated; they contain markers 1-12, 13-25, 26-37, and 38-67):

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 16 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 **19**
21 17 16 17 18 34 39 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
21 12 12 11 13 11 11 12 12

A characteristic feature of this base haplotype is a pair YCAII = 19, 21 (in bold above). All 49 haplotypes in the branch have this very pair. Most of the European

R1a1 haplotypes as well as the Russian Plain and Asian (Central Asia, India, Iran) haplotypes have 19, 23 at this location.

Attentive consideration of the right-hand side branch, which we will call the Donald branch, since the Donald Clan haplotypes are prevalent there and includes the living chiefs of Clan Donald, shows that it contains three sub-branches. They can be combined and treated as one, or they can be considered individually. For demonstrational purposes we will analyse them both ways, since to date no one has performed such a comprehensive analysis of branches of a haplotype tree and published the results.

Combined, all 49 haplotypes of the Donald branch contain 45 mutations in the first 25 markers, 104 mutations in the first 37 markers, and 135 mutations in the 67 marker set, compared with the base haplotype shown above. Since the average mutation rate constants for these panels of markers (31) equal to 0.046, 0.090 and 0.145 mutation per haplotype per generation of 25 years (the mutation rate constants were calibrated using 25 years per generation, and for, say, 30 years per generation the mutations rate constants should be simply proportionally adjusted, and will be equal to 0.055, 0.108 and 0.174 mutation per haplotype per generation of 30 years, respectively), we obtain $45/49/0.046 = 20$ generations, that is **500±90** years to a common ancestor when we analyse the first 25 markers of the haplotype dataset, $104/49/0.090 = 24$ generations, that is **600±80** years (when 37 markers are considered), and $135/49/0.145 = 19$ generations, that is **475±60** years to a common ancestor (when all 67 markers are analysed). Error margins for time spans to common ancestors are calculated as described in (31), and correspond to the 95% confidence interval.

Considering the random pattern of mutations of all 67 markers in 49 haplotypes, this data shows a fair consistency. However, since we combined three sub-branches of the branch into one pool of 3,283 alleles, one can expect that this could underestimate or overestimate the mutation count (it depends on the specifics of the sub-branches). Therefore, we analysed the sub-braches more accurately, as shown below.

The three sub-branches clockwise along the Donald branch contain 9, 22, and 18 haplotypes, respectively. None of the sub-branches contain just one Highland Clansmen family. The first one contains haplotypes of four MacDonalds, along with two MacAlisters, and three McKaine/McCains; the second contains 13 Donald haplotypes, along with four McCain's, two Perkin's, McDaniel, and some others. The third sub-branch (the most distinct on the branch in Fig. 1) contains 13 Donald haplotypes, two McDaniel's, Douglas, McNeil, and a McDonald from an allegedly different family.

All three sub-branches have essentially the same base haplotype as shown above, except slight variations in only three alleles out of 67 (shown in bold):

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- **16** 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 19
 21 17 16 17 **18** 34 **39** 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 12

The first 9 haplotype branch has 15.00, 17.89 and 38.89 there, as average across all 9 haplotypes. The second, 22-haplotype branch has 15.73, 18.00, and 38.23 there. The third, 18-haplotype branch has there 16.00, 18.61, and 38.78, respectively. Those relatively minor variations caused separations of the sub-branches, since a haplotype tree is very sensitive even to small variations in alleles. The first sub-branch contains 28 mutations in all 9 haplotypes, that is $28/9/0.145 = 21$ generations, or **525±110** years to a common ancestor of the branch. The second sub-branch contains 35 and 60 mutations in 37 and 67 markers in all 22 haplotypes, which results in **450±90** and **475±80** years to a common ancestor of the sub-branch. The third sub-branch contained 30 and 36 mutations in all 18 of 37- and 67-marker haplotypes, which gave **475±100** and **350±70** years to their common ancestor, respectively.

In order to calculate a timespan to a common ancestor of all these sub-branches (and all three are “sitting” on a single “stem” of the haplotype three in Fig. 1, which signifies the common ancestor for all the three sub-branches), we heed those “genetic distances” between the base haplotypes, listed above. The “genetic distance” between the base haplotypes for the three sub-branches and the base haplotype for the whole Donald branch is equal to 3.09. Therefore, $3.09/3/0.145 = 7$ generations from the average “age” of all the three branches, which is 18 generations, results in 25 generations from the common ancestor of all the tree branches, that is 625 years before present. With a margin of error it will give **625±90** years to a common ancestor.

Similar calculations can be done pairwise. For example, the genetic distance between the first two sub-branches equals to $0.73+0.11+0.66 = 1.50$. This corresponds to $1.50/0.145 = 10$ generations between their common ancestors. Since their common ancestors lived 21 and 19 generations before present (see above), a common ancestor of the two sub-branches lived $(10+21+19)/2 = 25$ generations ago, that is the same 625 years calculated above, or about 1385AD.

This nicely corresponds to the records describing years of the life and death of John Lord of the Isles (d. 1386, which is 624 years ago).

In order to further examine the Donald branch we have composed a haplotype tree for this branch only, but with 25-marker haplotypes (Fig. 2). The purpose of

this was to verify that the branch technically has only one common ancestor (technically, because in reality it might have been two or more individuals with the same ancestral haplotype, such as a father and his son, or two brothers, etc.). In other words, we intended to verify that the accumulation of mutations in haplotypes and disappearance of base haplotypes in a timespan between the common ancestor and present time followed the first-order kinetics (31). In that case a number of base haplotypes in the branch and a number of mutations in the same branch should match each other via the first-order kinetic equations (see the Material and Methods section), that is give the same number of generations to the common ancestor:

$$M/N/k = t,$$

and

$$[\ln(N/A)]/k = t$$

where:

N = a total number of haplotypes in the dataset,

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

k = an average mutation rate,

t = a number of generations to a common ancestor.

Fig. 2 shows that the Donald branch contains 20 base haplotypes out of 46 (they look like identical bars on the very top of the haplotype tree). As it was indicated above, all 49 of 25 marker haplotypes contain 45 mutations, which gives $45/49/0.046 = 20$ generations to a common ancestor. Since there are 20 base haplotypes in the branch (Fig. 2), we have $[\ln(49/20)]/0.046 = 19.5$ generations to a common ancestor. These are practically identical figures. This means that technically (or truly) all 49 haplotypes in the branch descended from one common ancestor. He lived approximately **500±90** years ago using calculations based on 25 marker haplotypes. However, with more informative 67 marker haplotypes the data shifts to **625±90** years before present. At any rate, the common ancestor lived relatively recently, compared with other common ancestors for other major branches of the tree in Fig. 1. We will show this later.

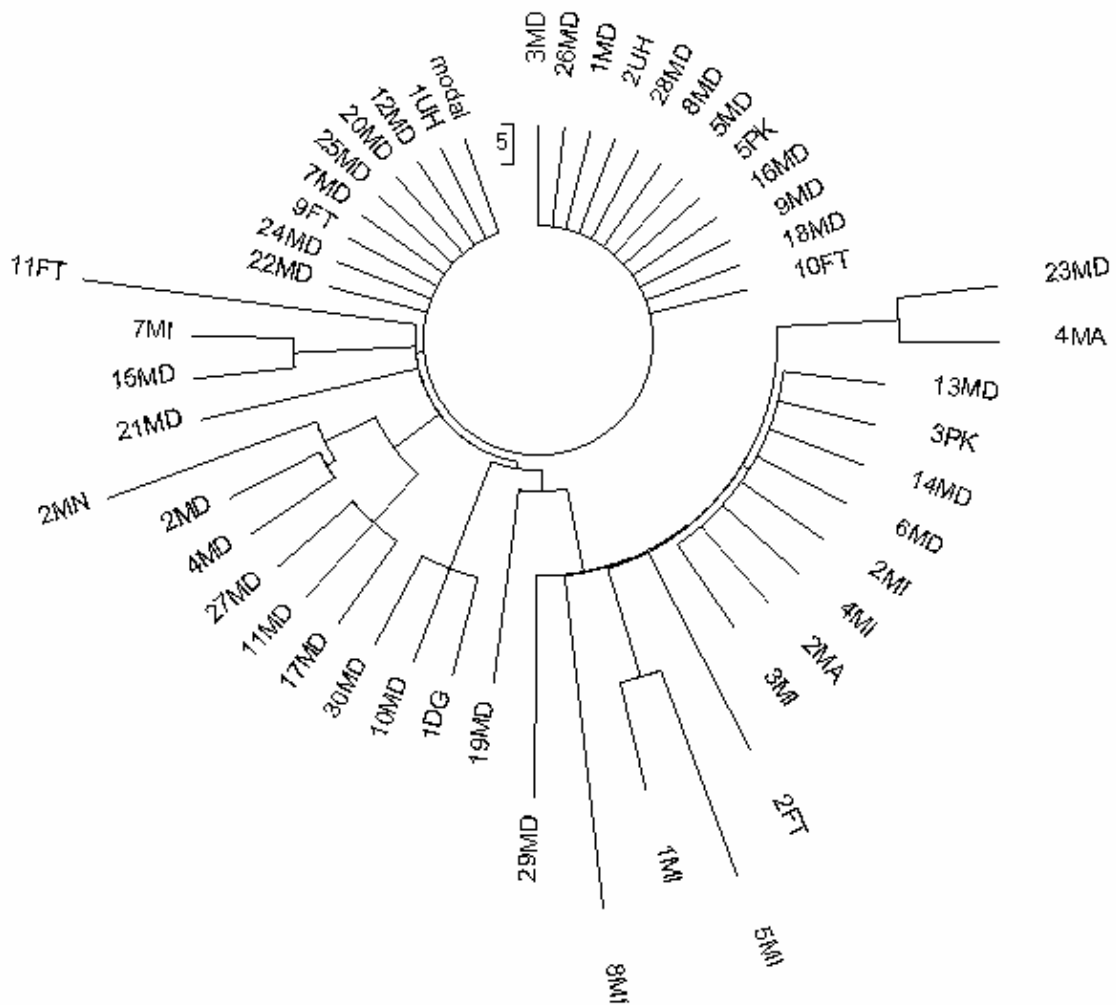


Figure 2. 25 marker haplotype tree for the right-hand side branch of 49 haplotypes in Fig. 1. The base haplotypes, that is apparent ancestral haplotypes, appear as a “comb” in the upper part of the tree. There are 20 of them in this particular case.

In order to further examine haplotypes of the Donald Clan, we have considered 103 R1a1 haplotypes of the Clan listed in the Clan’s public website <http://www.clandonald.info>, 65 of them were listed in the 67-marker format (<http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm>). Most of them had a pair YCAII = 19, 21 (only two haplotypes have 21, 21 in those loci). In order to better see a position of the Donald Clan haplotypes along with other R1a1 67-marker Scandinavian haplotypes, a combined haplotype tree was composed (Fig. 3). In this tree 103 of the Donald Clan haplotypes were intentionally mixed with 40 Scandinavian haplotypes (taken from the public YSearch database) also having YCAII = 19, 21.

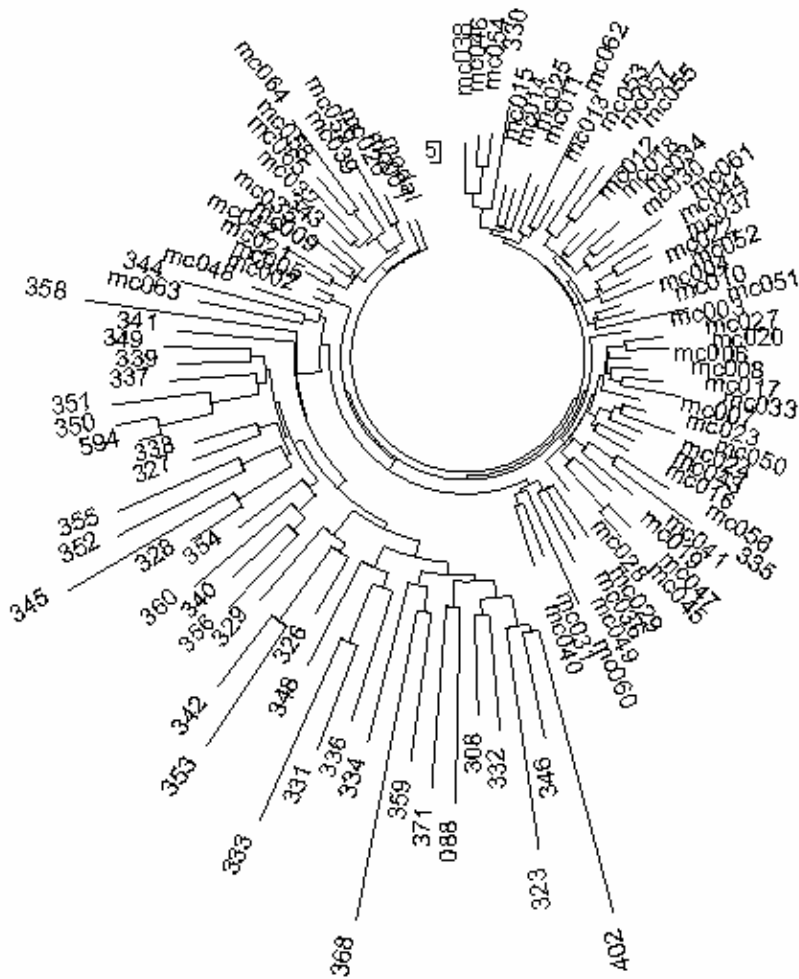


Figure 3. 67 marker haplotype tree for 65 Donald Clan haplotypes of haplogroup R1a1, combined with 40 of 67 marker R1a1 Scandinavian haplotypes having YCAII = 19,21. The Scandinavian haplotypes were taken from YSearch public database, the Donald Clan haplotypes (all marked mc) were taken from the public site <http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm>.

The tree obviously splits into two branches. Again, the Donald Clan haplotypes form a relatively young, compact branch of 69 haplotypes. It is on the right-hand side and continues in the upper left side. Four non-Donald Scandinavian haplotypes joined them. The obviously older left-hand side branch of 36 haplotypes does not contain Donald Clan haplotypes at all.

The base haplotype of the older, left-hand side branch is as follows:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 --11 12 **19**
21 16 16 17 17 34 38 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
21 12 12 11 13 11 11 12 12

All 36 haplotypes contain 152 mutations from the first 25 markers of the base haplotype, which gives $152/36/0.046 = 92$ generations without a correction for back (reverse) mutations, and 102 generations with the correction, that is **2550±330** years to a common ancestor. This base haplotype was first described in (31), and was coined “the Scandinavian base haplotype” to distinguish it from the “Old Scandinavian base haplotype” which has YCAII = 19, 23, and the respective common ancestor lived **4100±700** years before present. It is remarkable that this “Old Scandinavian base haplotype” is an ancestral one to both “Young Scandinavian base haplotype” (see below) and to a series of Central Asian (Kyrgyz) haplotypes, published in (27). (NOTE: There was no comparison of the Kyrgyz haplotypes and Scandinavian haplotypes in (27)). Furthermore, the Young Scandinavian and the Central Asian haplotype branches (lineages) appear to be directly related.

The Donald Clan branch of 69 haplotypes in Fig. 3 contains 89 mutations in the first 25 markers from the following base haplotype:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 16 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 **19**
21 17 16 17 18 34 39 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
21 12 12 11 13 11 11 12 12

This is exactly the same base haplotype as found from the 49-haplotype right-hand side branch in Fig. 1. It is always impressive how stable base haplotypes are, even 67 marker ones, when determined accurately.

A common ancestor of the branch lived $89/69/0.046 = 28$ generations (without correction), that is 29 generations with a correction, or **725±105** years to a common ancestor. This is within the margin of error with **625±90** years before present, obtained from data shown in Fig. 1. Since John Lord of the Isles died 624 years before present, these dates do not conflict with each other.

The base Donald Clan haplotype differs from the Scandinavian Base haplotype (see above) by 9 mutations in all 67 markers. It places their common ancestor at 2500 years before present. It means that the common ancestor of the Scandinavian haplotype, with the determined timespan **2550±330**, is the “upstream” ancestor of the Clan Donald haplotype. If John Lord of the Isles was the “father” of the Clan Donald haplotypes, as claimed, and in fact fits the DNA

haplotypes, also almost double compared to 49 haplotypes for the branch in Fig. 1. However, that increase in the number of haplotypes did not bring any significant changes in the principal results and conclusions. Among these 83 haplotypes, 54 belonged to the Donald Clan members (65%), and the rest is occupied by other Highland Clansmen as described above, among them MacLeods, McAlisters, McNeils, McDaniels, Frasers, Douglasses, Mathesons/Mathiesons, McCains/McKaines, Johnstons, Perkins. While in the 67 marker haplotype tree, three sub-branches were found in the Donald branch; and in the less resolved 37 marker tree only two of them could be clearly identified. Both branches had a common ancestor with the following, base haplotype

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- **16** 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 19
21 17 16 17 **18** 34 **39** 12 11

which is exactly as that shown above for the Donald Clan branch in the first 37 markers of the 67 marker series, and slight mutational differences were observed in the same markers (marked above) between the two sub-branches. A smaller sub-branch of 13 haplotypes (in the 37 marker tree) had 15.00, 18.00, and 37.92 in the loci indicated above, and its 13 and 31 mutations from the respective 25 and 37 marker base haplotype gave a timespan to a common ancestor of **550±160** and **700±140** ybp, respectively. A larger sub-branch of 70 haplotypes (in the 37 marker tree) had 15.86, 18.24, and 38.49 in the same loci, and its 93 and 236 mutations from the respective 25 and 37 marker base haplotype gave a timespan to a common ancestor of **750±110** and **975±120** ybp, respectively. The mutational difference of 1.67 mutations on their 37 marker base haplotypes corresponds to 450 years difference between the two common ancestors, and identifies a time span to their common ancestor as 875-1060 ybp plus-minus 170 years. Obviously, the larger branch is an upstream one (paternal) with respect to the smaller branch.

Moving clockwise from the Donald Clan branch, we see in Fig. 1 a quite separate and distinct branch of 8 haplotypes. It contains mainly haplotypes of Mathesons of Lochalsh (Scotland) and Mathesons from elsewhere, all descended from a common ancestor who apparently had the following haplotype:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 24 14 20 31 12 14 15 16 - 11 12 **19**
23 16 16 19 19 33 38 12 11 - 12 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 16 11 12 12 13 8 12 23
21 12 12 11 13 11 11 12 12

These 8 haplotypes contain 25 mutations in 37 marker haplotypes, and 37 mutations in 67 marker haplotypes, which gives **900±200** and **825±160** years, respectively, to their common ancestor, who lived indeed in the Somerled times, give or take a couple of centuries. However, their haplotypes are completely

different from all other haplotypes of Highland Clansmen. They are typical Eastern European haplotypes. If we consider genetic distances between their base haplotype and the Donald Clan base haplotype, they differ by 18 mutations in the 67 markers. The difference from the “Scandinavian” base haplotype is close to it being 19 mutations. Furthermore, the Matheson haplotypes differ more significantly from the Central European R1a1 base haplotype, with as many as 27 mutations:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 **13** 11 29 -- **16 9** 10 11 11 **23** 14 20 **32** 12 **15 15 15** - 11 **11** 19
 23 **17 16 18 19 35 40 14** 11 - **11** 8 17 17 8 11 10 8 **12** 10 12 **21 22 15 10** 12 12 13 8 **14 25**
 21 **13** 12 11 13 11 11 12 **13**

The closest to the Mathesons is the Russian Plain haplotype (32), with only 16 mutations between them:

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

This places an “upstream” ancestor of the Mathesons haplotypes to the Russian Plain, at about 3600 years ago, in the middle of the 2nd millennium BC. It would be tempting to associate the Mathesons common ancestor to Vikings who originated in the Russian steppes; however, we do not have enough convincing evidence for this.

The same “Mathesons” branch in the 37 marker tree (Fig. 4) contains as many as 38 haplotypes, and now includes eight Campbells (out of 12), Perkins, seven Frasers (out of 14), four McLeods (out of 16), one McNeil (out of 12), Lamont, two members of the Donald Clan, and some others. Close to the tip of the branch on the very right hand side there is a very distinct branch with DYS388=10. This branch split from other R1a1 haplotypes (having predominantly DYS388=12) more than 5000 years before present, and has the following base haplotype in the 25 marker format (25)

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 14 15 16

30 European haplotypes of this branch, described in (25) had a common ancestor who lived **3575±450** years before present. Let us see where the six Highland Clansmen with DYS388=10 and their related haplotypes fit there. Those six haplotypes in Fig. 4 have the following base haplotype in the first 25 markers:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 29/30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 14 15 16

It is practically identical to the above base haplotype for DYS388=10, published earlier (25). All six haplotypes have 28 and 59 mutations in the first 25 and 37 markers, which gave **2850±610** and **3050±500** years to their common ancestor. Clearly, it cannot be Somerled. This is an ancient lineage.

The residual 32 haplotypes in the branch have the following base haplotype

13 25 15 10 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 **19**
23 16 16 18 19 34 38 12 11

All 32 haplotypes contain 162 and 369 mutations in the respective 25 and 37 markers, which give **3100±390** and **3675±410** years to a common ancestor of the branch. Apparently, the less discriminatory effect of 37 marker haplotypes, having a lower resolution compared with that of 67 marker haplotypes, combines several branches into one. The branch contains YCAII = 19, 23, which is a feature of old European haplotypes, with DYS19 = 15, which is more likely a Scandinavian characteristic, as well as DYS389 = 14, 31. Overall, the branch is a rather old one, and it is not related to the main subject of this study.

There are a few more small branches of haplotypes in the 67 marker tree (Fig. 1). For example the 8 haplotype branch consisting of almost exclusively Alexander and MacAlister families (AL and MA on the tree), in the very upper left “corner”. All eight of them form a very tight branch, with a base haplotype

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 **19**
21 17 16 17 18 34 38 11 12 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
 21 13 12 11 13 11 11 12 12

and have only 14 mutations in all eight of 67-marker haplotypes. This gives $14/8/0.145 = 12$ generations, or only **300±90** years to a common ancestor of both the Alexander and MacAlister haplotypes. Since their base haplotype differs by only five mutations from the Donald Clan base haplotype, it places their common - with the Donald Clan - ancestor at about 960 years bp.

An interesting branch albeit a small one is formed by five haplotypes, among them MacEacharn. Their base haplotype was coined as the “Young Scandinavian haplotype” earlier (32), with a common ancestor who lived **1900±400** years before present, and for these five individuals it is as follows:

13 25 **15** 11 11 14 12 12 10 **14** 11 **31** -- 15 8 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 **19**
21 15 16 16 18 34 37 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 23 15 11 12 12 13 8 13 23
 22 12 12 11 13 11 11 12 12

It carries characteristic features of the Young Scandinavian haplotype (marked), and all five haplotypes have 31 and 41 mutations in their 37 and 67 marker haplotypes. This gives **1850±380** and **1525±280** years to their common ancestor, who, hence, lived in the first half of the 1st millennium AD. As it will be shown below, this is the ancestral branch with respect to the Donald branch.

This branch contains 15 haplotypes in the 37 marker haplotype tree (Fig. 4), and it is located on the upper left-hand side. The branch contains haplotypes of MacEacharn and both MacPhersons in one sub-branch, along with one member of the Donald Clan (a common ancestor of the four lived **1250±330** ybp), another sub-branch includes haplotypes of five Alexanders (out of a total of six) along with two Douglas family haplotypes (a common ancestor of all six lived only **325±120** ybp), and yet another sub-branch of four MacAlisters (out of a total of eight), with a common ancestor of **275±140** years bp.

Base haplotypes of these three sub branches were as follows (their mutations from each other are shown in bold):

13 25 **16** 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 23 14 20 **29** 12 15 15 16 - **10** 12 19
21 **16** 16 17 **19 35** 38 12 **11**

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 19
21 17 16 17 18 34 38 **11** 12

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 19
21 17 16 17 18 34 **39** 12 12

They coalesce to the following base haplotype which is almost indistinguishable from the Young Scandinavian haplotype (32):

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 19
21 17 16 17 18 34 38 12 12

All three base haplotypes (sub-branches) above contain collectively 11.25 mutations from their ancestral haplotype (Young Scandinavian, shown above with rounded up alleles), which brings their common ancestor to **1720±300** years before present ($11.25/3/0.09 = 42$ generations without a correction for back mutations, or 44 generations corrected, that is 1100 ybp down from 620 ybp, which is the averaged time spans to the common ancestors for all the three sub-branches). This **1720±300** ybp is within the margin of error with **1900±400** ybp obtained earlier for the Young Scandinavian ancestral haplotype, in (32).

The rest of the tree in Fig. 1 is occupied by a large and “fluffy” branch, indicating that it has a rather ancient common ancestor. The branch contains 43 haplotypes, with the base haplotype

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

25, 37 and 67 marker haplotypes of the branch contained 253, 555 and 801 mutations, respectively, which gave **3700±440**, **4200±460**, and **3700±390** years to the common ancestor of the branch, on average **3870±460** years to a common ancestor. These are all MacLeods, all Cowans, all Frasers, most of the Campbells, most of the Douglas family, half of the Perkins (another half shares the branch with the Donald Clan), most of the Ulster Heritage Ireland group, one MacNeill (another one is in the Donald branch), Lamont, McCain, etc. All of them descended from an ancient common ancestor, who lived in the 2nd millennium BC. Most of them have the common European pair YCAII = 19, 23, but some - within the same family - carry YCAII = 19, 21. Clearly, that mutation has appeared between about 3900 and 2600 years before present. The Mathesons likely descended from this branch. Their base haplotype of 825 years “old” (in the 67 marker format) has as many as 14 mutations from the above base haplotype, which places a common ancestor of the Mathesons and the above listed clans at about 3700 years before present.

The last haplotype is close to the “Old Scandinavian Haplotype” (32):

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

and has only one mutation from it in the first 25 markers, 4 mutations in the first 37 markers, and 8 mutations in all 67 markers. Their common ancestor lived about 4700 years before present. However, this haplotype is even closer to the Russian Plain base haplotype

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

from which it does not have mutations in the first 25 markers, has only 3 mutations in the first 37 markers, and 6 mutations in all 67 markers. It places a common ancestor of that 43-haplotype branch to about 4100 years before present.

These dates, between 4000 and 4700 ybp, corresponds to a common ancestor of the major part of the population of R1a1 in Europe (32).

One can see that the Old Scandinavian base haplotype differs from the Russian Plain base haplotypes by four mutations in all 67 markers. This corresponds to $4/67/0.00216 = 28$ generations, that is 700 years between their common ancestors; with a slight correction for reverse mutations it will make 725 years. This fits well to 4100 and 4800 years for those common ancestors, plus-minus margins of error, as was listed above. Hence, the Old Scandinavian ancestral haplotype is indeed a downstream one from the Russian Plain ancestral haplotype. A more detailed consideration has shown that the Old Scandinavian branch might be a superposition of two "sister" R1a1 branches of similar "ages", however, this is not important to the main goals of this particular study.

In the 37 marker tree (Fig. 4) this "fluffy" 89-haplotype branch on the left-hand side did not bring anything really new compared to the same 43-haplotype branch in the 67-marker tree (Fig. 1). The 89-haplotype branch has the following base haplotype:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 16 - 11 11 19
23 15 16 18 18 34 39 12 11

All 89 haplotypes had 480 and 1015 mutations in their 37 and 67 markers, which gave **3350±370** and **3650±380** years to their common ancestor. Again, this haplotype had some features of both the Eastern European base haplotypes, such as DYS19 = 16, YCAII = 19, 23, and the Scandinavian base haplotypes, such as DYS389 = 14, 31. Apparently, 37 marker haplotypes do not possess as good resolving capability as that of the 67-marker haplotypes.

A 25-marker haplotype tree has even lower resolving capability. The 253-haplotype tree is shown in Fig. 5 just as an illustration, not for calculations. As one can see, haplotypes in a shorter, 25-marker format, are often reduced to the same, identical haplotypes. Differences between them start to appear only in the subsequent panels of markers, in the 26-37 and 38-67 marker panels.

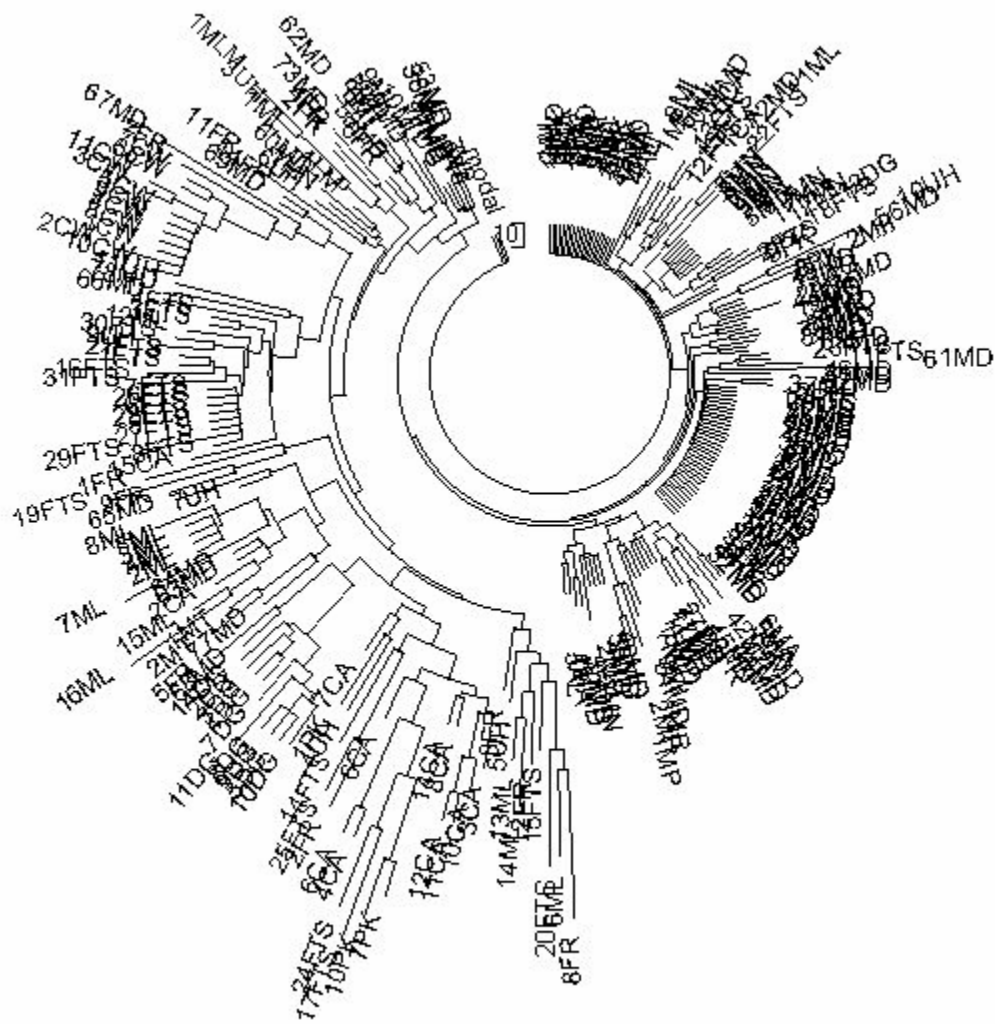


Figure 5. 25 marker haplotype tree for the “Highland Clansmen”, haplogroup R1a1, and their allegedly related haplotypes. This 253 haplotype tree was composed of haplotypes obtained from public projects, as described in the text. The tight Donald Clan branch in on the right-hand side. The older, fluffly branches on the left are “Old Scandinavian” and East European branches.

However, even in that case a “short haplotype” tree can be useful for approximate calculations. For example, let us consider two sets of “base” haplotypes, one of which has 22 of them, and located on the very top of the tree. This base haplotype

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16

is related to the whole tree. Therefore, it does not mean much in this case, because the tree has a number of “the most recent common ancestors” as it was

shown in this study. The shown base haplotype is just the prevalent one, but still is a part of the mix. By applying the logarithmic method we obtain $[\ln(253/22)]/0.046 = 53$ generations not corrected for back mutations, or 56 generations corrected, that is 1400 years to a phantom “common ancestor”. A phantom – because we know that the tree as a whole is much “older”, as some haplotypes in it are derived from common ancestors who lived as long ago as 4000 years before present and earlier, and the tree does not have just one common ancestor. It is, indeed a phantom object.

However, unlike in the case of the whole tree, we do know that the Donald Clan branch has one common ancestor, allegedly John Lord of the Isles. We know that the most recent common ancestor of that branch lived between 25 and 29 generations before present (625 to 725 years ago, plus-minus the margin of error). This branch on the right-hand side in the 25-marker tree contains 112 haplotypes, and 34 of them are base, identical haplotypes

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 16 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16

Indeed, they are identical with the first 25 markers in the 37 and 67 marker Donald Clan base haplotypes, obtained from the 67 and 37 marker trees. This by itself is a rather trivial observation, and it would be surprising not to observe it. What is not trivial, and is in line with the procedure explained in detail in this study, is that by employing the logarithmic method we obtain $[\ln(112/34)]/0.046 = 26$ generations to the Clan Donald common ancestor, which is 650 years before present. This is a complete fit with the data obtained previously after tedious calculations of mutations in the branch. Here we needed just to calculate a number of identical haplotypes in the branch, and we achieved the same result.

DISCUSSION and CONCLUSIONS

There are at least two important subjects to discuss in this study. One is an employment of DNA for genealogical studies, and another is the results of the study itself with respect to Somerled and his alleged contribution to Highland Clansmen Y-chromosomal haplotypes.

1. DNA Genealogy.

This is apparently the first study in the new area of DNA genealogy, in which detailed analysis of extended haplotypes was performed using as extended as a 67 marker haplotype tree for separating branches (lineages) of a mixed population, and employing the mutation rate constants for calculations of timespans to the most recent common ancestors of the identified lineages – both

by counting mutations and without it, from a number of the base haplotypes only. The study showed that 67 marker haplotypes can be successfully used for such a study, while 37 marker ones do not possess (or do not always possess) a good resolving capability to provide results as reproducible as those obtained with more extended haplotypes.

It was also shown that 25, 37 and 67 marker haplotypes of the resolved lineages commonly provide quite reproducible and mutually compatible data. This is despite the fact that 25 and 37 marker haplotypes do not contain as many as 42 and 30 additional markers compared to 67 marker haplotypes. In other words, once lineages are resolved, calculations can be conducted almost equally well with haplotypes of different length. Essentially, 67 marker haplotypes are needed not that much for the calculations, but for initially resolving branches in a haplotype tree. However, a higher number of alleles available for analysis, provided by more extended haplotypes, noticeably reduces the margins of error of an obtained timespan to a common ancestor of the population (branch, lineage).

A reasonably good fit between time spans obtained from 25, 37 and 67 marker haplotypes illustrates that the average mutation rate constants employed in this study (and obtained earlier using calibration of historical data and extended genealogies, see ref. 30) can be successfully used for DNA-genealogical studies.

The fact that the time span to a common ancestor for the Donald Clan members consistently points to between 625 and 725 years before present (plus-minus a margin of error, such as 625 ± 90 and 725 ± 105 years with 95% confidence), while the records show that John Lord of the Isled died 624 years before present (d. 1386), serves as a calibration itself.

The fact that the base haplotypes obtained from resolved branches (lineages) in 67 and in sometimes 37 marker haplotype trees were reproducible not only within and across this study, but also compared favourably with published data, illustrates that the method is robust and has a reliable quantitative ground.

As a brief summary, the method of haplotypes analysis involved the following principal steps:

- (a) Composition of a haplotype tree based on a haplotype dataset,
- (b) Dissection of the obtained haplotype tree onto branches (lineages),
- (c) Identification of a base haplotype for each branch as a maximally equidistant one from haplotypes in the branch. In practice a base haplotype (or a base allele) has a minimal number of mutations from all other alleles in the same marker,

- (d) Counting the total number of mutations in a branch,
- (e) Calculating an average number of mutations per haplotype (or per marker in the haplotype),
- (f) Dividing the average number of mutations per haplotype (or per marker in the haplotype) by the mutation rate constant for the haplotype (or for the marker),
- (g) The mutation rate constants for 25, 37 and 67 marker haplotypes are equal to 0.022, 0.046 and 0.145 mutation per haplotype per generation of 25 years,
- (h) The mutation rate constants for 25, 37 and 67 marker haplotypes are equal to 0.00183, 0.00243 and 0.00216 mutation per marker per generation of 25 years,
- (i) If a timespan to a common ancestor exceeds 25 generations (625 years), a correction for reverse (back) mutations should be introduced; the respective table is given in (31),
- (j) A margin of error is recommended to be introduced into the final timespan to a common ancestor; a method for the calculation of margins of error is given in (31); the method is based on a total number of mutations in the branch in a haplotype tree, or in a dataset, provided that all haplotypes in the dataset are technically descended from the same most recent common ancestor,
- (k) There are several criteria in order to determine whether all haplotypes in the dataset descended from the same common ancestor; one criterion is that the haplotype tree does not consist of two or several distinct branches. However the most direct and the most reliable criteria is that a timespan to a common ancestor, calculated as described above (the "linear" method, based on an average number of mutations per haplotype or per marker, that is the method based on mutation counting) should be equal (well within the margin of error) to a timespan to the common ancestor determined by the logarithmic method,
- (l) The logarithmic method does not operate with mutation counting, it counts a number of base haplotypes in the dataset (see Fig. 2 in this study and explanations in the text and in the next item)
- (m) The linear (mutation-counting) method employs the formula $M/N/k = t$, where N is the total mutation count in a haplotype dataset descended from the same most recent common ancestor, N is the number of haplotypes in the dataset, k is the mutation rate constant, and t is the timespan to the common ancestor (in generations), not corrected for back mutations (if more than 25 generations)
- (n) The logarithmic (base haplotypes counting) method employs the formula $[\ln(N/n)]/k = t$, where n is a number of base haplotypes in the dataset (or in the branch of a haplotype tree),

- (o) t 's (a number of generations) should be approximately the same, when calculated using the linear (item m above) and logarithmic (item n above) methods.

The items listed above essentially describe a basis of DNA genealogy, which is a blend of the DNA sequencing (identification of [preferably extended] haplotypes and haplogroups) and chemical kinetics.

2. An alleged Somerled genealogy

To sum up the results of this study, a common ancestor of the most of European (including West, Central and Eastern Europe) R1a1 haplotypes lived around 4800 years ago. He had the following haplotype (32):

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

His descendant some 700 years later was a carrier of the Old Scandinavian haplotype:

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

During those 700 years his haplotype had acquired four mutations (shown in bold), one of them, DYS19 = 16→15, is a very characteristic one for contemporary Scandinavian haplotypes. However, YCA II were still equal to 19, 23, more typical to East European and Central European haplotypes, unlike 19, 21 in many Scandinavian haplotypes. Theoretically, four mutations randomly accumulated in the 67 markers correspond to a 725 year time span. That is what we see in reality. It is not clear yet where a carrier of the Old Scandinavian haplotype lived, either still on the Russian Plain, or he had already moved to the Northern Europe in the course of those 700 years.

Another descendant of the Russian Plain haplotype, a thousand years later (3870±460 ybp) after him had the following haplotype (mutations are marked), in which another set of mutations randomly happened:

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

During those thousand years the haplotype had accumulated six mutations in 67 markers, which indeed corresponds to about a thousand year period ($6/0.145 = 41$ generations without a correction for back mutations, and 43 generations with a correction, that is 1075 years). Among descendants of that ancestor were the MacLeods, the Cowans, the Frasers, the Campbells, most of the Douglas family, many Perkins, most of the Ulster Heritage Ireland group, some MacNeills, Lamonts, McCains, etc. This haplotype still had a characteristic East European pair 19, 23 at YCAII, DYS458=15 and DYS19=16. Hence, it can hardly be called a typical "Scandinavian" haplotype. Data shows that 3870 ± 460 years before present carriers of those haplotypes and their nearest mutations were still on the Russian Plain, between the Carpathian Mountains, Southern Black Sea steppes, Central Asia further on the Eastern South, and the Ural mountains on the East.

A thousand more years later, at 2550 ± 330 years before present, the "Scandinavian" base haplotype appeared in Europe:

13 25 **15** 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 **23** 14 20 32 12 15 15 16 --11 12 19
21 16 16 **17 17** 34 38 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 **10** 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 12

It was closer to the above haplotype (6 and 7 mutations in 37 and 67 markers, in bold), compared to the Russian Plain base haplotype (9 and 11 mutations, respectively). Furthermore, it had acquired YCAII = 19, 21, typical for many recent Scandinavian haplotypes. These were the times of re populating Europe by R1a1 tribes, in the middle of the 1st millennium BC. Those tribes came from the Russian Plain, from Central Asia, from the Baltic region, from the North to the Black Sea; among them were the Scythians, Ants, Venets, Sklavens, and other Slavic tribes, including, possibly the Scotichi. Alternatively, a carrier of the above Scandinavian base haplotype was not among them, but descended from the North European Old Scandinavian haplotype carrier, who lived there since about 4100 years before present, that is some 1600 years earlier plus-minus a margin of error of some 300-400 years. There are close to nine mutations between their base haplotypes (if to calculate without rounding them up), which corresponds to 1650 years between them. Hence, the "Scandinavian" haplotype might well be a direct descendant from the Old Scandinavian haplotype, either on the Russian Plain, or in the North Europe, or on it its way to Europe.

Around 1900 ± 400 years before present the "Young Scandinavian" base haplotype has appeared (32):

13 25 15 11 11 14 12 12 10 **14** 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 --11 12 19
 21 16 16 17 17 34 38 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 12

It had only one mutation, in DYS389-1 = 14 (the allele in DYS389-2 = 17 in the both base haplotypes), compared to the Scandinavian base haplotype. It is essentially the same base haplotype, and their common ancestors present the same person (indeed, “ages” of these two haplotypes are within the margin of error), or the descendant had – by statistical chance – the same haplotype. A similar base haplotype is observed in the branch that includes haplotypes of Campbell, MacEacharn, and a descendant of Sir David Home (b. 1382). Since their branch contains only five haplotypes, a base haplotype is a little distorted, but preserves the main features of the “Young Scandinavian” base haplotype (see above), among them DYS19 = 15, DYS389 = 14,31, YCAII = 19,21.

This haplotype (**1850±380** and **1525±280** years to the common ancestor, see above) is ancestral to the Donald Clan haplotypes (**625±90** to **725±105** years to a common ancestor)

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- **16 8** 10 11 11 23 14 20 **31** 12 15 15 16 – 11 12 19
 21 **17** 16 17 **18** 34 **39** 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 12

They are separated in time by approximately a thousand years, and have six mutations between them. As it was shown above, six mutations per the 67 markers correspond to about 1075 years between common ancestors of the populations.

As a result of this study, we traced a DNA-genealogical sequence between the ancestral haplotype of the Russian Plain some 4800 years before present, from which most of the Highland Clansmen families descended, then the Young Scandinavian ancestral haplotype in turn descended around 2300-1900 years before present. In the first half of the 1st millennium AD another branch has descended from the latter (MacEacharns and some Campbells belong to that branch), from which John Lord of the Isles had apparently descended in the 14th century, and haplotypes of his apparent descendants point to the time period of his life between 625±90 and 725±105 years ago. He and/or his closest relatives were ancestor(s) of many Highland Clansmen, among them the Clan Donald multiple members, some Perkins, some MacCains, McDaniels, McAllisters, McInnes, McNeills, Douglas, Mathesons, and some other families. All (or part) of them descended from the same common ancestor, whose haplotype was as follows:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 16 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 – 11 12 19
 21 17 16 17 18 34 39 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23
 21 12 12 11 13 11 11 12 12

and he lived in the same time period, around 625 ± 90 years before present.

As one can see, there is no unambiguous room for Somerled in the above considerations and conclusions. The most recent common ancestors, identified in this study with Highland Clansmen, form a sequence starting with the most recent lineages of some 300 years before present (they represent offshoots from older lineages), some of them, including the Donald Clan, lead down to 625 ± 90 to 725 ± 105 ybp, allegedly John Lord of the Isles, then to the Young Scandinavian ancestral haplotype of 1900 ± 400 ybp, then to Scandinavian ancestral haplotype of 2550 ± 330 ybp (the two last ones can be the same thing), then to the Old Scandinavian ancestral haplotype of 4100 ± 700 ybp, and finally to the ancestral R1a1 haplotype of the Russian Plain of 4750 ± 500 ybp (25). The last two are also overlapping within the margin of error, and a bearer of the Old Scandinavian haplotype could have resided on the Russian Plain.

It is not the most ancient R1a1 base haplotype, however. It is merely (but importantly) the most ancient haplotype for the majority of the European R1a1 haplotypes. Some R1a1 haplotypes of a common ancestor of 10,000 to 12,000 ybp were identified in Europe (25, 32), and even more ancient, to 12,000 - 21,000 ybp in Asia (25). However, their presence in Europe is minimal, no more than one per cent in the population.

MATERIALS and METHODS

Analysis of mutations and their rates. Principal methodology was described in (25, 31, 33). Haplotype trees were constructed using PHYLIP, the Phylogeny Inference Package program (34), as was explained in detail in (25, 31, 33). 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 2, 5). 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 (25, 31). In this paper only the “linear” method of those is employed. In this method 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 (31), or using a handy table (31), 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 (31):

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 (31), and correspond to the 95% confidence interval (two sigma).

Corrections for back mutations were made according to the table, published in (31).

LITERATURE

1. W. F. Skene, *Celtic Scotland A History of Ancient Alban* **33** (1890)
2. Donald MacDonald: Clan Donald. Pelican Publishing Company Inc., Louisiana, 2008, p.24
3. MacKenzie A: History of the MacDonalds and Lords of the Isles with Genealogies of the Principal Families of the Name. Kessinger Publishing, LLC, Whitefish, Montana, 2007, p. 2
4. <http://www.electricscotland.com/history/articles/norse.htm>
5. <http://dna-project.clan-donald-usa.org/>
6. <http://www.clandonald-heritage.com/>
7. <http://www.clanmacalistersociety.org/historians-corner/article1.htm>
8. <http://www.macdougall.org/heritage.html>
9. <http://macinnes.org/info.php>
10. <http://en.wikipedia.org/wiki/MacInnes>
11. http://en.wikipedia.org/wiki/MacDonald_of_Ardnamurchan
12. <http://en.wikipedia.org/wiki/Scoti>
13. [http://www.royal.gov.uk/HistoryoftheMonarchy/Scottish%20Monarchs\(400ad-1603\)/TheearlyScottishMonarchs/TheearlyScottishmonarchs.aspx](http://www.royal.gov.uk/HistoryoftheMonarchy/Scottish%20Monarchs(400ad-1603)/TheearlyScottishMonarchs/TheearlyScottishmonarchs.aspx)
14. *The Book of Veles*. Translation from the proto-Slavic language by Georgy Z. Maximenko. ISBN 978-5-91047-001-3, Moscow, 2008, 370 pp (in Russian).
15. J. Clackson, *Indo-European Linguistics. An introduction* (Cambridge University Press, New York, 2007), pp. 198, 207.
16. <http://www.archaeology.org/0107/abstracts/scotland.html>
17. Neil J, Ritchie G, Ritchie A: Scotland Archaeology and Early History. Thames and Hudson, London; 1991, p. 154
18. <http://macinnes.org/info.php>
19. http://en.wikipedia.org/wiki/MacDonald_of_Ardnamurchan
20. http://en.wikipedia.org/wiki/Clan_MacAlister
21. Donald MacDonald: Clan Donald. Pelican Publishing Company Inc. Louisiana; 2008, p. 8
22. http://en.wikipedia.org/wiki/John_of_Islay,_Lord_of_the_Isles
23. <http://en.wikipedia.org/wiki/Somerled>
24. <http://thepeerage.com/p2457.htm>

25. A. A. Klyosov, DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map *J. Genetic Genealogy* 5, 217-256 (2009).
26. A. H. Bittles, M. L. Black, W. Wang, Physical anthropology and ethnicity in Asia: the transition from anthropology to genome-based studies. *J. Phys. Anthropol.* 26, 77-82 (2007)
27. P. A. Underhill, N. M. Myres, S. Rootsi, M. Metspalu, L. A. Zhivotovsky, *et al.*, Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Europ. J. Human. Genet.*, online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194 (2009).
28. C. Keyser-Tracqui, E. Crubezy, B. Ludes, Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2,000-year-old necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. *Am. J. Hum. Genet.* 73, 247-260 (2003)
29. K. Kim, C. H. Brenner, V. H. Mair, K.-H. Lee, J.-H. Kim, *et al.*, A western Eurasian male is found in 2000-year old elite Xiongnu cemetery in Northeast Mongolia. *Amer. J. Phys. Anthropol.*, on-line publication, DOI 10.1002/ajpa.21242 (2010)
30. C. Li, H. Li, Y. Cui, C. Xie, D. Cai, *et al.*, Evidence that a West-East admixed population lived in the Tarim Basin as early as the early Bronze Age. *BMC Biology* 8, on-line publication, 8:15, doi:10.1186/1741-7007-8-15 (2010).
31. A. A. Klyosov, DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. *J. Genetic Genealogy* 5, 186-216 (2009).
32. I. Rozhanskii, A. A. Klyosov, Haplogroup R1a1: its haplotypes, lineages, history, and geography. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484) 2, 974-1099 (2009).
33. A. A. Klyosov, A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. *Human Genetics* 126, 719-724 (2009).
34. J. Felsenstein. Phylip, the Phylogeny Inference Package. PHYLIP, version 3.6. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle (2005).

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

О тюркских языках

Вам пишут из Баку (Республика Азербайджан). Мы - молодые историки, этнографы и лингвисты создаем интернет-центр (на азербайджанском языке) по исследованиям древней истории народов Алтайской языковой семьи. Как известно, в этой сфере ученые России всегда были на передовых позициях. Уж давно в наши каталоги вошла ваша статья **«Основная загадка во взаимоотношениях индоевропейской и тюркской языковых семей и попытка её решения с помощью ДНК-генеалогии»**.

Ваша статья произвела эффект! Мы по Вашей статье начали интересоваться данными ДНК-генеалогии. Азербайджанская историческая наука в советское время хотя и развилась, но конъюнктура «партийной линии» и «европоцентрической догмы» держала эту науку в крепких руках, если не сказать что в «ежовых»... Исследования истории языка с точки зрения ДНК-генеалогии в Азербайджане «отрасль» совсем неосвоенная. Так что, считайте, в этой части науки здесь сплошная неизвестность.

В тюркологии на данный момент отсутствует единое мнение о прародине и носителей протюркского языка. Можно только с большой осторожностью классифицировать основные мысли на сей счет:

1) **Академическая точка зрения:** Прародина протюркского языка Алтай, Южный Сибирь, или что-то близкое. Прототюрки обязательно были «монголоидами», коневодство переняли у «восточно-арийской группы» языков. Начиная с гуннов тюркский язык распространился на запад, при этом «кочевники тюрки» ассимилировали поголовно всех на пути, как говорится в одном ВУЗовском учебнике. Но вот языковой материал с начала этой теории не очень-то был «покладистым». В тюркском есть генетическая связь с дравидийским, кавказскими языками. Жив и крепок взгляд о «тюркизмах» в «шумерском» и др. древних языках Передней Азии, так же в этрусском. Очень интересна мысль, что монголоиды не могли создать кочевничество, так как «ген отвечающий за фермент, разлагающий продукты пастушьего хозяйства» у «монголоидов» не развит (последний

довод был поднят на Тюркологическом конгрессе в Баку ученым, совсем далеким от генетики).

2) **Теория переднеазиатской прародины тюркских языков:** то же самое, но в «обратном направлении», с тезисом о «европеоидности протюрков», с добавлением «многополярности» (разных центров формирования, с разным укладом хозяйства - от полной оседлости до кочевничества).

3) **Адриатическая (или средиземноморская) теория:** то же самое, просто «прародина» отодвинута еще немного на запад.

Скажу сразу, среди сторонников последних двух гипотез есть не только часть ученых Азербайджана, или Турции, но и России тоже.

Ваша теория с первого взгляда сходна с «академической». Но, всего лишь с первого взгляда. Вы опираясь на генетические показатели, удревели историю «притока тюркского из Сибири».

В связи с этим, можно ли задать вам следующие вопросы:

1) Насколько тверда мысль о том, что гаплогруппа R1b «тюркская»? За основу взята мысль из «академической тюркологии», что «прародина тюркского только и только Алтай, и более ничего» ?

2) Гаплогруппа R1b, только и только родом из Южной Сибири?

3) Из приводимых вами таблиц

Народность	Доля R1b1, %
Туркмены	37
Узбеки	10
Уйгуры	8-19
Казахи	6

Народность	Доля R1b1, %
Башкиры	47
Ханты	19
Коми	16
Мордва	13
Чуваши	12
Удмурты	9
Татары	6-9
Марийцы	5
Русские	5

можно заключить, что тем выше доля R1b1, тем «европеоиднее», или «менее монголоиднее» урало-алтайские народы (?!). Это надо понять так, что гаплогруппы к «расам» не имеют отношения?

Просим вас ответить на эти вопросы. Ответы ваши помогут нам полностью понять вашу теорию, как передовой взгляд в тюркологии.

Ответ:

Спасибо за добрые слова. Вы поднимаете очень важные и сложные вопросы, и неудивительно, что единства в этом вопросе нет. На самом деле нет не только единства, но и более-менее правильного ответа на вопрос о том, когда и где начали зарождаться и оформляться прототюркские языки. А правильного ответа нет (видимо, нет и близко), потому что нет адекватной методологии для ответа на этот вопрос. В свою очередь, адекватная методология должна опираться и на лингвистику, и на четкие представления о миграциях носителей прототюркских языков.

Современные лингвисты помещают начало тюркских языков в начало нашей эры, видимо, прекрасно понимая, что это только недавний этап становления и распространения тюркских языков. Что было до этого, они почти не затрагивают. Поэтому в статье, которую Вы упомянули, я процитировал известного тюрколога-лингвиста, чл.-корр. АН СССР С.Е. Малова, который в своей книге «Древние и новые тюркские языки» (1952) сообщает, что *«тюркские языки по памятникам письменности самих тюрков нам известны приблизительно от V-VI вв. нашего летоисчисления»*, но говорит в этой цитате только о памятниках письменности. Действительно, письменность у тюркских народов считается поздней. Но язык – не только письменность, хотя археология в отношении бесписьменных языков уже практически беспомощна. Нет никаких оснований полагать, что языки появились только с появлением письменности.

Об этом же писал и член-корреспондент АН СССР С. Е. Малов еще в начале 1950-х годов, говоря о каменописных памятниках из бассейна р. Таласа и Енисея: *«За это время о тюркских языках мы можем заключить, что они имели уже до того довольно большую историю; не только трудно, но и невозможно допустить противное»*. И С.Е. Малов продолжает: *«Языки по этим памятникам представляют собой результат очень большого развития и, таким образом, можно с несомненностью предположить, что тюркские языки, которые мы знаем и которые мы без особого труда могли бы понять, т. е. тюркские языки в настоящем их, известном нам, составе и теперешней конституции были за несколько веков до нашего летосчисления, веков за пять! Уходить же дальше, в глубь веков, в историю тюркских языков нам не позволяет наше знание, или,*

лучше сказать, - наше незнание. Разумеется, и дальше, в глуби веков, были тюркские языки, но их мы со своим теперешним знанием не поняли бы; нам неизвестны были бы какие-либо звуковые чередования, особые фонетические законы и тогдашняя лексика, особенно по каким-либо реалиям древних тюрков».

Получается, что лингвистика, если она сосредоточивается только на тюркских языках, тоже беспомощна. А ей нужно выйти за пределы тюркских языков, и заняться в первую очередь **доиндоевропейскими языками Европы**, именно в отношении связи их с алтайской группой языков вообще, и с тюркскими языками в частности. Лингвисты спросят в недоумении – а причем здесь доиндоевропейские языки Европы? Ответ – а притом, что туда направляет ДНК-генеалогия. Доиндоевропейские языки, в частности, принесли в Европу носители гаплогруппы R1b, это – большинство современных европейцев, а прибыли они как раз из зоны предполагаемого зарождения прототюркских языков – из Южной Сибири, южной части Центральной Азии (сейчас – северо-западный Китай, места пребывания уйгуров, татаеров, ту, ксибо, салар, баоан, и многих других народностей). Там и сейчас говорят на языках алтайской группы. О том я и писал в своей статье, что исходный язык носителей гаплогруппы R1b был агглютинативный, как и тюркский, и был либо непосредственно прототюркским, либо родственным ему. Поэтому я и назвал этот древний язык «эрбин», от R1b, гаплогруппы рода.

Носители этой гаплогруппы и принесли этот доиндоевропейский, агглютинативный, возможно – прототюркский язык в Европу примерно 4800-4500 лет назад, в начале-середине 3-го тысячелетия до нашей эры. От этих языков остались баскский, возможно, пиктский, древнекельтский, и другие доиндоевропейские языки Европы. Я не знаю, сравнивал ли кто из лингвистов эти языки с тюркскими, хотя связь может быть весьма отдаленной – и тюркский язык с тех пор, почти за 5 тысяч лет, изменился очень сильно, и баскский тоже изменился за те же 5 тысяч лет. То есть суммарно между ними почти 10 тысяч лет разницы. Но лингвисты знают, как преодолевать эти трудности.

Таким образом, моя точка зрения склоняется более к той, что Вы назвали «академической». Но она и существенно отличается. Прототюрки (род R1b) не были монголоидами, они были европеоиды, они и сейчас ими остаются в Европе. Просто по иронии судьбы «европеоиды», которые сейчас доминируют в Европе (гаплогруппа R1b) зародились (как род) не в Европе, а пришли в Европу около 5 тысяч лет назад, и прижились. Поэтому их в 18-19 веках и назвали европеоидами. А они на самом деле появились как род в Азии. Где точно – пока не выяснено, но на оси Алтай-Средняя Азия, скорее всего – на Алтае. Потому и язык алтайской группы. Кстати, и родственная

ей гаплогруппа R1a тоже алтайская, и носители ее в северо-западном Китае тоже говорят на языках алтайской группы, но вот в Европе они заговорили на флективных индо-европейских языках уже более 6 тысяч лет назад. Как это произошло – пока непонятно. Или сами выработали, или позаимствовали у кого-то. Это еще предстоит выяснить.

Еще одно расхождение у меня с «академической версией» в Вашем изложении. Прототюрки (R1b) не переняли коневодство у ариев, а создали сами, по современным представлениям – в ботайской культуре на севере современного Казахстана, опять в Центральной Азии, примерно 5700 лет назад. Ариев (гаплогруппа R1a1) тогда еще и на Русской равнине не было, они там появились примерно 4800 лет назад. Как видите, R1b одомашнили лошадь за тысячу лет до того. Арии появились в тех краях в виде андроновской археологической культуры еще примерно через 800 лет.

Важно то, что моя концепция на развитие и миграции прототюркских языков включает и две другие точки зрения просто как частные случаи. Дело в том, что носители прототюркской гаплогруппы R1b прошли путем миграции от Алтая (16 тысяч лет назад) через Центральную Азию (10-8 тысяч лет назад, и многие там остались в потомках до настоящего времени), Русскую равнину (8-5 тысяч лет назад), Кавказ (7-5 тысяч лет назад или даже ранее, и в потомках до настоящего времени), Переднюю Азию (Анатолия, шумеры, Ближний Восток) 6-5 тысяч лет назад, Средиземноморье (5500 лет назад и до настоящего времени), Северная Африка через Египет до Гибралтара, и на Пиренейский полуостров (4800-4500 лет назад), и далее заселили Европу со стороны западного и восточного Средиземноморья.

Отсюда и «генетическая связь» тюркских языков с кавказскими языками, Передней Азией, Шумером, Ближним Востоком, Средиземноморьем. А на Пиренеях должна быть связь с баскским языком, и далее – на Британских островах – с языком пиктов, и так далее.

Так что на самом деле никакого противоречия нет, как нет и разных концепций. Это в принципе все одно и то же, просто разные грани прототюркских и тюркских языков.

Так что я на ваши вопросы ответил. Ответ на последний вопрос – нет, гаплогруппы к расам отношения не имеют. Возможны, конечно, ситуации, когда гаплогруппа оказалась в одной расе, и на первый взгляд возможна корреляция. Но это только так кажется. Например, 4400 лет назад одна группа R1b, когда передвигались по Северной Африке в сторону Гибралтара, оторвалась и ушла на юг, вглубь Африки. Их там недавно нашли, в Камеруне и Чаде, все с той же гаплогруппой R1b. А по расе –

чистые негры. И язык чадский. А по гаплогруппе – R1b. Так что нет корреляции с расой. Другой пример – наш поэт А.С. Пушкин был негроид, потому что его дедушка был эфиоп Ганнибал. А по гаплогруппе – R1a, как недавно установили. Если бы Пушкин женился на негритянке, его дети и внуки были бы уже неотличимы от негров, а гаплогруппа – R1a.

И таких примеров в жизни – бесконечно много. Нет отношения гаплогруппы к расе. Раса – это весь геном, это цвет кожи, форма головы, глаз, носа, челюсти, и так далее. Это – генетика. А гаплогруппа к генетике отношения не имеет, нет там генов. Это – часть мужской Y хромосомы, в которой генов практически нет.

Всего хорошего. Надеюсь, на вопросы ответил, и пояснил.

On the split of DNA-lineages of the Jews and the Arabs

Many were misled (and many still are) by a rather intense campaign in literature that so-called J1-CMH appeared about 3300 year ago.

It turned out to be a complete bogus. Since the first two papers in Nature in 1997-1998 this error was traveling from paper to paper. In fact, the authors (Hammer, Skoreski, Parfitt, et al) mixed up quite different populations, one relatively “young” (TMRCA ~ 1000 ybp), and one relatively “old” (TMRCA ~ 4200 ybp), and “produced” a phantom “common ancestor” with a phantom TMRCA of “age” in between. It was (and still is) a typical mistake by population geneticists, that is neglecting a possibility of various lineages in one dataset.

The so-called “J1 Cohen Modal haplotype”) can be easily found in the present-day Arab haplotypes, which coalesce at about 9,000 years before present. There is nothing specifically “Cohanim” in it. Around 4200 ybp that lineage split into what later turned out to be the Jewish and the Arabic lineages (ref. see below).

The J1-“CMH” haplotype tree splits into two distinct parts, one, a tight cluster of CMH haplotypes, are predominantly “Cohens” and their descendants, with a common ancestor of 1070 ± 170 years before present, and a loose, much older branch, which contains very few Jewish haplotypes, with a common ancestor of 4300 ± 500 ybp. Apparently, those (mainly) Europeans and Arabs are descendants of the Arabs, for example, after the 7th century AD (Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 3, No. 4, April 2010, free download):

http://www.lulu.com/items/volume_68/8657000/8657872/1/print/8657872.pdf

Similar data were presented in [Klyosov, Human Genetics, v. 126, pp. 719-724 (2009)].

In the same manner, J2 Jewish and Arabic haplotypes split into two lineages, one exclusively Jewish, another exclusively Arabic, and the split occurred 4175 ± 510 years bp. In other words, there were two "Abrahams", in J2 and J1 haplogroups. In R1b1b2 there was no such a split between future Jews and Arabs.

J2 Cohanim have a common ancestor at 3300 ± 400 ybp (see ref. above).

The two lineages, it seems, lived together... well, always, in a sense. They live together now, as we know. Haplogroup J1 exists at least for 19,000 years

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

- Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 1, No. 1, 2008 (in English) (free download) (all Proceedings are in the above site at the end of the site).

and haplogroup J2 - at least 11,500 years (Vol. 2, No. 3, 2009, "Iberian haplotypes and history of the Basques, Sephards and other populations of Spain and Portugal", pp. 390-421).

As you know, before 4200 ybp both the J1 Jews and Arabs were, essentially, Bedouins. The origin of J2 Jews and Arabs is much less clear, either they lived there since time immemorial, or came from the Mediterranean, again, thousands years ago. Why their J1 and J2 populations would have lived separately? The "Cohen" CMH among the Arabs is traced as deep as 9,000 ybp.

More detailed subclade assignments in J2 and J1 Jews and Arabs are J2a and seemingly J1e (Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, Vol. 2, No. 9, 2009, pp. 1100-1116 and Vol. 3, No. 4, pp. 635-653 - in English).

There was also a rather detailed analysis of the Sharifs/Sayids (Vol. 2, No. 7, pp. 1182-1199).

We can only tell how many of descendants (fraction-wise) of those subclades live NOW. For example, Fig. 3 in Vol. 3, No. 4 (page 645) shows the J2 tree, which contains 131 of 67-marker haplotypes. Of them the "Abraham" split branch contains 50 haplotypes (21 Jews and 29 Arabs), that is 38% of all. Branches J2a4b, J2a4b1, J2b sit separately. They are also, of course, split from J2a, but, apparently, before 4000 years ago.

Some figures and calculations are also given in my paper ("Comments") in Human Genetics, v. 126, No. 5, pp. 719-724, 2009 (Klyosov A.A. A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood).

The future Jews and future Arabs lived as a joint J1-J2 community (whatever "community" means here). Around 4200 years ago something happened between them, and it was VERY serious. Call it cultural, religious, or whatever, but they split very decisively, "cold turkey", and it was, as times showed, irreversible. Both J1 and J2 Jews and Arabs parted. This partition we see on the haplotype tree. This is it, facts stopped here.

Now, interpretations begin. One interpretation is that there was someone whom we now call "Abraham". Of course, we do not know his real name, but he was there. He was either father or a leader of both the (future) Jews and the (future) Arabs, as it is described in the Bible/Thora. He might have been J1 or J2, it does not matter. At his lifetime the (future) Jews and the (future) Arabs split. Both present day J1 and J2 consider him as their founder and honor him, both the Jews and the Arabs. In that sense, he belonged to both J1 and J2. Both haplogroups are equally Jewish (and equally Arabic).

Another interpretation is a similar one, however, "Abraham" was not a father as it is described in the Bible. He was just a wise leader, and he initiated that split between J1-J2 Jews and J1-J2 Arabs. Both Arabs and Jews honor him in their stories. The legend has made him "the father".

I prefer the first interpretation, since I prefer not to deviate from the Bible unless I know for sure that Abraham was not a "father". Since I do not know it, I prefer to stick to the Biblical version ("if it ain't broke, don't fix it").

On DNA genealogy and the Tenths (having DYS388=10) An open letter from Bill Tucker to a community of the Tenths

First, some background information should be related. My involvement with Anatole Klyosov, Ph.D., came about through a backdoor entry. Administrator Lee Tucker received an email from Charles Purkins, kit # 10866. Lee contacted Co-administrator Tom Clark. Mr. Purkins and Mr. Martin Voorwinden have a haplotype similar to that of myself and that of our R1a1 ChasCitCo (CCC) Tuckers, but at a large genetic distance. Tom referred Mr. Purkins to me since I am a member of the ChasCitCo Tucker family.

Several emails were exchanged between myself and Mr. Purkins and Mr. Voorwinden. Mr. Voorwinden and Dr. Klyosov exchanged a series of emails. Eventually, Mr. Voorwinden refined an extensive R1a1 haplogroup data base that he had compiled to include only R1a1 haplotypes with marker DYS388=10 an also with marker DYS388=10 plus marker DYS 448=Null. All of our ChasCitCo Tuckers have markers DYS388=10 plus DYS 448=Null. Therefore, most of the haplotypes of our R1a1 haplogroup ChasCitCo Tuckers were used by Dr. Klyosov in a recent paper:

DNA-lineages and origin of the "Tenth's" the North-Western European subfamily R1a1 with DYS388=10, Anatole Klyosov, Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 3, No. 6, pp. 983-1028 (2010).

The contents of Dr. Klyosov's paper (and his previous papers) also are applicable to our other R1a1 haplogroup Tucker families, Thomas England b. 1614 (TTT group) and also to our most recent family, Hanover Co., VA, Tuckers.

The R1a1 haplogroup is a predominant one in Russia. However in Western Europe and the United Kingdom, it is a very small percentage of the population. Our CCC Tuckers are even further defined. We have the DYS388=10 marker plus the DYS448=Null marker. Consequently, one may use Dr. Klyosov's papers to trace our path for about the last 5000 years, the time when our ancient ancestor departed the Balkans moving west!

If one wishes to fully understand and follow Dr. Klyosov's papers, particularly if one is a novice like me then one needs to print our his papers in the order as listed below for study. The earlier papers give more details and more fully explain his calculation procedures. They are basically the same papers, but they are progressively refined and condensed down.

Dr. Klyosov is generally at odds with the academic world. His calculations have greatly shortened the time periods that are generally used by anthropologists in their papers.

If interested, most persons with a basic background in mathematics can follow him. Much of Dr. Klyosov's calculations involve natural logarithms. Personally, I had to do dust off the cover of an old mathematical handbook.

For giving us this knowledge and new research tool, we are deeply indebted to Mr. Martin Voorwinden and to Dr. Anatole Klyosov.

Bill, Tucker, CCC, 20652
June 24, 2010

APPENDIX

Reference: [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_R1a_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_R1a_(Y-DNA))

PAPERS OR ARTICLES BY ANATOLE KLYOSOV

- Klyosov (October 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", *Human Genetics*, doi:10.1007/s00439-009-0739-1, <http://www.springerlink.com/content/e7701424635633p7/fulltext.pdf?page=1>
- Klyosov (2009) "DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. I. Basic Principles and the Method", *Journal of Genetic Genealogy* 5 (2), pp. 186-216 <http://www.jogg.info/52/files/Klyosov1.pdf>
- Klyosov (2009), "DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidence Written in Y-Chromosome. II. Walking the Map", *Journal of Genetic Genealogy* 5 (2), pp. 217-256 <http://www.jogg.info/52/files/Klyosov2.pdf>
- DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome, by Anatole A. Klyosov

From Nature Proceedings. Nature Precedings is a permanent, citable archive for pre-publication research and preliminary findings.

<http://precedings.nature.com/documents/2733/version/1/html>

- DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. I. Basic Principles and the Method, by Anatole A. Klyosov

http://www.worldacademy.org/files/DNA_genealogy_Part_1.pdf

http://www.worldacademy.org/files/DNA_Genealogy_Part_2.pdf

Bill Tucker, CCC, 20652

MY RESPONSE:

Dear Bill,

Thank you for your description and reproduction of the papers and your (and other) notes. No problem with that. I support it.

I have noticed in your description the following comment:

>Dr. Klyosov is generally at odds with the academic world. His calculations have greatly shortened the time periods that are generally used by anthropologists in their papers.

Let me comment on it. First, I am not at all "at odds with the academic world". My list of publications include more than 300 papers in peer-review (academic) journals. Most of my life I have worked in academic institutions, and for many years I was Professor of Biochemistry, Harvard University. In the mid of 1990-s I left Harvard for the industry, founded a company which soon became public, and since 2000 I am Chief Scientist of that company. I work in drug design area, particularly drugs against cancer. As you see, I am not "at odds with the academic world", and if you look up at, say, www.amazon.com, you will see titles of some of my books.

What I am at odds with some of "population geneticists", who are terribly ignorant and unqualified in calculations of timespans to common ancestors of populations of people. How they do it, it is truly shocking. Most of them came from population genetics of birds and animals, and continue to employ VERY rough, crude and plainly wrong methods of calculations, which were acceptable for birds (birds did not care, right?), such as plus-minus couple of million years (who cares again, birds cannot object it anyway).

You have seen how I treat those haplotype trees. I split the tree into branches, and calculate each branch separately. NOBODY in "academic population genetics" does it that way. They just have no clue. It is not their specialty. I have developed that logarithmic method, THEY have no idea about it. My main profession is chemical kinetics, including mutation rate constants, THEY have no idea about it. Instead of splitting the dataset into branches, they take ALL haplotypes, mix them, throw them into the "blender", and "calculate" something which is practically senseless. It is like if they want to measure an "average length of a branch on the tree" (which does not make sense at all, since branches are of all sizes, short and long) they cut the tree, chop it up, including the trunk, and measure something absolutely irrelevant. After it, they multiply that "size"

by three. Why three? They "explain" that since the chopping damages the branches and makes them shorter, they decide to multiply it by three.

That is what they produce. They call it "academic research". Of course they are at odds with me, because most of their "calculations" are just senseless. They insist that their "multiply by three" method should be used by all. I am not kidding, this is a level of the contemporary "population genetics" regarding calculations of those timespans to common ancestors.

This is actually drama, if not tragedy, in "population genetics" for the last 10 years. Dozens of papers report, again, trash with respect to times of population appearances, to datings of historical events. Sooner or later this huge mistake will be resolved, of course.

I thought it might be of interest to explain the situation. That is why I established a Society of DNA Genealogy, and publish our own journal. The DYS388=10 paper is published there. It is already became known on international forums.

BILL'S RESPONSE:

Thank you. I appreciate your support. I got off lightly! From previous study of several of your papers, I understood what you have explained. I appreciate your thorough explanation. Even I, can understand that it would not be correct to throw all the data into one barrel then analyze it. Circuit analysis in my day was a big part of my education as an electrical engineer. Always, everything was broken down into its most basic parts for an analysis.

On behalf of our Tuckers, again thank you for helping us. You have greatly enlightened us.

My best.

DNA genealogy and mutation rate constants

Dear Dr. Klyosov,

I've seen your name come up here and there in issues related to genetic genealogy, and I'm curious. I've been doing traditional genealogy for many years (as a hobby alongside my own scholarly work) and recently have had long-lost relatives contact me to tell me they've had their genetic material tested by the

FTNDA (Family Tree DNA) folks, and have found all sorts of correspondences. I'm skeptical. The way the FTNDA people seem to do their work is that they test a big pool of folks, and then if you have your own DNA tested, they match your DNA to others whose DNA is similar to yours, and then tell you that your ancestral "home" is Ireland, Britain, Czechoslovakia, or wherever.

I'm really not sure I understand most of what I've read about this testing (I'm a historian, not a geneticist), and I'm also not sure I believe what the FTDNA folks say they can do. I found your name in an article which took Dr. Michael Hammer's latest article in Human Genetics to task, and since he's the medical adviser to the FTDNA folks, I thought that was interesting.

Is there an article (that is readable for a lay audience) in publication that can give me (and my relatives) the real scoop about what can be believed about DNA testing for genealogy (and what can't)? I'd sure appreciate a bit of guidance in this area, if you have the time.

Best regards,

(...)

MY RESPONSE:

Thank you for your letter. Frankly, I receive similar letters by dozens, almost every day, and certainly several a week. However, I respond to every one of them, since I do believe that DNA genealogy is a great emerging field of science, with a great potential for history, archaeology, linguistics, family studies. People are entitled to know more about it.

However, as in any new emerging field, there are plenty of distortions, fantasies, false stories, sheer falsifications, legends, myths, etc. FTDNA has contributed a good deal to that mess (a mess for some folks like you), along with a wonderful work that FTDNA has been doing for the last ten years or so. This is life, not a black-or-white thing.

First, I have to present you with some of my credentials, otherwise you might take me as one of "hobbyists", their name is a legion. I am a professional scientist. My list of publications includes more than 300 papers in peer-review (academic) journals. Most of my life I have worked in academic institutions, and for many years I was Professor of Biochemistry, Harvard University. In the mid of 1990-s I left Harvard for the industry, was a VP, Head of Research and Development of public company, and then I founded a company which soon became public, and since then I am Chief Scientist of that company. I work in drug design area,

particularly drugs against cancer. If you look up at, say, Amazon.com, you will see titles of some of my books, both in biomedical sciences and in chemical engineering.

Now, since my principal professional field is chemical kinetics (which includes biological kinetics), that is reaction rates and their computations and interpretations, I saw that it was precisely applicable for mutation rates (in the DNA) and their quantitative descriptions. This was several years ago. I have applied principal rules of chemical and biological kinetics to haplotypes and haplogroups, and realized, that DNA genealogy is in fact a blend of the DNA sequencing and chemical kinetics. Patterns of how mutations appear in those DNA fragments, selected for the DNA research (haplotypes) are nicely described in terms of chemical kinetics. Well, there is no other option, since those mutations are in fact chemical/biological reactions. It turns out that nucleotides (building blocks in the DNA) are chemically (by the enzymes, that is biological catalysts in the cell, in particular) converted to another nucleotides, hence, mutations.

Of course, every time when someone comes up with a new concept, an "official" science reacts nervously. In fact, it is not science which reacts that way, but self anointed "chiefs". They traditionally consider "genetic genealogy", as they call it (though there is no genes in haplotypes which would have been considered, hence, no genetics, strictly speaking) as part of "population genetics", they do not understand chemical kinetics, they employ terribly outdated (and plainly wrong) approaches to "calculate" time-related parameters, and for the last ten years or so discredited a good deal of the new field of science. They fail to understand that it is "genealogy", not genetics, and not "population genetics" either. Genealogy is based on time-related things, not on present-day populations, and time-related things should be calculated professionally, not by absolutely primitive and plainly wrong "approaches". To make a long story short, their "calculations" often have ~ 300% error (!). However, they BELIEVE that their values are right, they do not want to hear on chemical kinetics, on correct calculations, verified by calibration using actual genealogies and historical events, and they continue to create a terrible mess. This is life again.

This is an introduction to your questions, which are quite thoughtful. As a result, the "academic science" has created a mess (along, again, with great contributions not related to time estimates), and DNA-testing companies have a "good" share of that mess. Among them are those "matches", which you have mentioned. In 90+% cases this is just a bogus. Those matches do not mean anything, as a rule. They are unpredictable, since they are ruled by silly statistics. Mutations can happen in any marker in anyone in any generation. So, a "match" just shows a result of a (meaningless) coincidence between two individuals, the DNA

(haplotypes) in which mutated - accidentally - one way and not another. There are not so many ways mutation can happen. Suppose you have haplogroup R1b1b2 (a typical one in many Europeans and their male offspring). In the first 12 markers there are only two-three positions each marker could mutate in historical time. Some markers (about four out of those 12) mutate VERY rarely. Hence, we have around 8 markers which mutate "up" or "down" by a step or two. One mutation happens - on average - once in 500 generations, that is once in $500/12 = 42$ generations in the whole 12-marker haplotype. R1b1b2 arrived to Europe ~ 4500 years before present, that is ~180 generations ago. As you see, there are only 4-5 mutations in 12-marker haplotypes - on average - that the Europeans experienced after their ancestors came to Europe. Imagine, how many "matches" will be among Europeans and their descendants? Well, millions, literally. Thousands, in case of rare mutations. That is why your haplotype, or mine, or anybody's else has an astronomical number of "matches" when more people test their haplotypes, and those peoples "match" each other in any thinkable place on Earth. It has nothing to do with "relatives", except all R1b1b2 are relatives, in a way, if to consider 4500 years in Europe, and ~16,000 years since R1b was formed (via a specific mutation).

The same goes for any haplogroup. Those "matches" is just a scam, unless it is explained that those matches typically means practically nothing. The driving force of that misleading approach is that people want to see their "relatives" (not necessarily to find them in person), since location of those "relatives" can give them an idea "where I came from?" And DNA-related companies shamelessly exploit that people's interest. None of their fliers and explanations explain it in a way that I have just explained above. They just give percentages of a likelihood that the "relatives" live this or that time ago. Of course, the longer the haplotype (25-, 37-, 67-marker length), the less amount of "matches", however, it is still a result of silly statistics. My brother would no match me, if a mutation is occurred in his haplotype. Mutations in a 12-marker haplotype happen, as I have just explained, once per 42 generations, or, equally, once per 42 births of boys in a society. In other words, mutations are ticking every day even in a small city or a town. Talk about "matches".

>I'm skeptical. The way the FTNDA people seem to do their work is that they test a big pool of folks, and then if you have your own DNA tested, they match your DNA to others whose DNA is similar to yours, and then tell you that your ancestral "home" is Ireland, Britain, Czechoslovakia, or wherever.

Exactly. It is senseless. Of course, in a small number of cases there might be some more or less distant relatives, but it is unpredictable. On the contrary, there might be no match between very close relatives. It is not science, since science is based on reproducibility of facts and observations. Here it is statistics. Statistics

can be reproducible, of course, but on a different level. Those companies deliberately mix statistics with individual cases. It is like "matches" of heads and "matches" of tails when one tosses a coin. However, overall it is 50%. Science.

>I found your name in an article which took Dr. Michael Hammer's latest article in Human Genetics to task, and since he's the medical adviser to the FTDNA folks, I thought that was interesting.

Michael Hammer has done a wonderful job in studying SNPs, in popularizing "genetic genealogy", however, he did much less honorable job when dealt with time estimates. His "Cohen Modal Haplotype" story was an error, concerning "calculations" of their common ancestor. The same 300% error. In fact, the same "CMH" goes with the Arabs since at least 9,000 years before present (of course, there were no "Arabs" those times, but their ancestors were). This "CMH" has to do with the Jews and the Arabs equally. The current population of the J1-"Cohens" has a common ancestor only ~1000 years ago. This was my paper in Human Genetics about. At the same time, the same calculation with the same mutation rate constants gave time of a split between Jews and Arabs around 4,000 years before present. It does make sense, does not it? In fact, it is ~ 4,000 ybp for both haplogroup J1 and J2. This is amusing, in a way. Two "Abrahams", eh? :-))

Regarding publications on DNA genealogy in academic journals, unfortunately, practically all of them are erroneous concerning estimates of time spans to common ancestors. I can recommend you

<http://www.jogg.info/52/files/Klyosov1.pdf>

which contains an extended introduction. If it is understandable (skip math after the introduction), move to the next one

<http://www.jogg.info/52/files/Klyosov2.pdf>

Try also this one (there is a small pdf symbol there):

<http://precedings.nature.com/documents/4206/version/1>

P.S. Here some of my excerpts from other letters:

Here is some basics. Mutations in the DNA are of two kinds: (1) forced from "outside" (radiation, first of all), and (2) inherent mistakes done by a copying enzymatic machinery. Haplotypes in Y-chromosome are SO small compared to the whole genome, that radiation effects in them are negligible. They have

nothing to do with genes. Radiation can break the DNA, but it cannot change an allele from, say, 17 to 16 or to 18. Radiation cannot change a number of repeats (STRs) in haplotypes. Hence, we are down to only one factor, that is a random change of alleles both ways - "up" or "down" (such as in DYS388 from 12 to 11 or 13, from 11 to 12 or 10, etc).

It is a truly random, statistical process. It is a "molecular clock". Nobody has ever showed that those mutations are not random. On the contrary, there are plenty indications that the mutations are random.

Therefore, common laws of chemical kinetics are applied to those mutations. This is my professional field.

The most common equation in chemical kinetics describes how "base" haplotypes disappear from the dataset due to their mutations. In chemical kinetics it is $c/c_0 = Ae^{-kt}$. If to translate it to the language of DNA genealogy, it is $[\ln(N/n)/k] = n$, where N is the number of haplotypes in the dataset, n is the number of base (identical) haplotypes in the dataset, k is the mutation rate constant, and n is a number of generations to the common ancestor for the whole dataset. The mutation rate constants is calculated from datasets for which a number of generations to a common ancestor is known.

To make a long story short, I have analyzed many of those datasets, and found numerical values for mutation rate constants for 12-, 25-, 37-, and 67-marker haplotypes. They are all published. Everything else in the above equation is known.

Another way to calculate - it is by using an average number of mutations per marker in a dataset. The more mutations, the longer time ago the common ancestor lived. The mutation rate constants are the same.

Since mutations do not know their history, each allele can mutate again "up" or "down". That is, alleles can return to their preceding value. Hence, "reverse" mutations, or "back mutations". They are also calculated mathematically, using the same rules and the same mutation rate constants.

In other words, DNA genealogy is a blend of DNA sequencing (haplotypes) and chemical kinetics. It is still do not recognized by the "academic community" in the area of population genetics. It is mind boggling, those folks work and live in stone ages. They do not want to hear and see anything they do not understand.

>...from different angels, e.g. which markers are slow and fast movers and what is their significance.

There is not significant whatsoever. I use AVERAGE values. It is good enough. With mutation rates of the individual markers, science is not there yet, since there is a huge scattering in those numbers. It is hopeless for the time being. And then, after all, it does not matter. When you measure pressure in tires of your car, you do not care how different molecules can hit it strongly or weakly from inside of your tire. Some molecules can bang against the tire as if there is no tomorrow. Who cares? You measure an average pressure. The same is with 67-marker (or whatever) haplotypes. You calculate the total, cumulative number of mutations in the dataset. Each one can happen in ANY generation. However, only their TOTAL amount divided by a number of markers (or haplotypes in the dataset) makes sense.

>I get the feeling that in the Tenth's the mutation rate of the individual markers is not the same as in general accepted (e.g. by looking in the larger familytrees like the Tuckers and others).

Absolutely incorrect. It is like to say that when a Japanese tosses a coin, a number of heads and tails would be different compared with when a Dutchman tosses it. Would you buy it??

Many people wanted to show it in different populations, ethnic groups, haplogroups, etc., but always failed. Do not even try, you are wasting you time. Do not try to reinvent the wheel. It is all done a long time ago.

On time-wise distances between pairs of haplotypes

Here are typical questions picked at random in recent discussions on some Forums:

--- I have a 62 out of 67 (62/67) markers match with someone with another surname. I've scouted around and asked questions. I don't think it's very unusual to have this. There is probably a relationship, but it may be very far back in time, perhaps long before people acquired surnames.

--- The statistical range for a 37/37 match is ridiculously large - being as low as 1 generation and going somewhere above 8-10 generations on the high side - depending on what mutation rate you use and how high you want to make the probability. Dropping the match to 36/37 basically is the same range - but with the high side sliding out at least another 5 generations. A 37/37 match is very strong - so is a 36/37.

--- I matched with 33 of 37 markers with a researcher who has documented his line to a Robert Finney of New London, PA so I am assuming that I am a Finney and somewhere hewn the line a Finney had changed their name to Mackey. Please let me know if I am way off base with this hypothesis. Thank you for all of your efforts as they are greatly appreciated.

--- According to one calculator, a 62/62 match at 3 generations has a 50% chance of happening. It goes up to about 75% at 6 generations. A 62/65 match at 14 generations only has a 50% chance of happening. It goes up to 75% at 20 generations. The calculator won't let me deal with 62/67 but it seems safe to say that if it was able to deal with such cases then you only get to the 75% chance of a common ancestor once you've gone back to a time before surnames were adopted anywhere in Europe. I'm not sure how many people would consider a 75% chance to be good enough. It does mean that one in every four such MRCA results taken as giving the right timeframe would be over-optimistic.

-- A 62/67 match that doesn't agree on surnames doesn't seem a terribly big shock to me.

-- For a match at 62/67 markers, Dean McGee's Utility gives an estimate of 700 years ago, depending. That's at 95% probability.

--- I was thinking with 36 or 37 markers matched that the MRCA would be about 3 generations away from the tester. Is that true? I'm not much up on TMRCA calculations, so any help would be appreciated.

Folks continue to express their interest how far their haplotypes are one from another, in years or in generations. In other words, how related are their haplotypes, based on mutational differences between them.

In order to answer those questions, one should know:

- (1) Whether the two haplotypes which are being compared belong to the same haplogroup,
- (2) Whether they do belong to the same haplogroup, but belong to different subclades,
- (3) Whether they do belong to the same subclade, but to different branches within the same subclade.
- (4) Whether the two haplotypes belong to the same branch on a haplotype tree.

The case (3) can in fact be the case (2) when the two branches represent two different subclades, not identified as subclades as yet.

In fact, only in case (4) it makes sense to calculate a time-wise distance between the two haplotypes. However, a margin of error for such a calculation would be a very significant, typically between 100% and 50% within 95% to 67% confidence interval.

Let us consider an example of case (3). Here are two 67-marker haplotypes of an Arab and a Jew, respectively, picked randomly from the same branch, which coalesces to 4175 ± 510 years before present (Klyosov, Proceedings to the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 3, April 2010, No. 4, pp. 635-653).

13 23 15 10 13 17 11 15 12 13 11 28 -- 15 8 9 11 11 26 15 22 33 13 13 16 17 -- 11 11 19
22 15 14 16 18 36 40 13 9 - 11 7 14 15 8 12 10 8 10 9 12 17 17 15 10 12 12 17 10 11 22
21 13 12 11 15 10 11 12 13

12 23 15 10 14 17 11 16 12 14 11 30 -- 15 8 9 11 11 25 15 21 31 12 13 17 17 -- 10 10 19
23 16 14 18 19 35 37 12 9 - 12 7 14 15 8 11 10 8 11 9 12 17 17 14 10 12 12 15 9 14 22
21 14 12 11 14 12 12 12 12

In the first 12 markers they differ by 6 mutations, in the first 25 markers - by 12 mutations, in the first 37 markers - by 24 mutations, and in all 67 markers by 40 mutations. This results in:

- $6/0.022 = 273 \pm 115$ generations without correction for reverse mutations, or 372 ± 156 generations with the correction, that is 9300 ± 3900 years between the two 12-marker haplotypes,
- $12/0.046 = 261 \pm 77$ generations without correction for reverse mutations, or 350 ± 107 generations with the correction, that is 8750 ± 2700 years between the two 25-marker haplotypes,
- $24/0.09 = 267 \pm 61$ generations without correction for reverse mutations, or 362 ± 82 generations with the correction, that is 9050 ± 2050 years between the two 37-marker haplotypes,
- $40/0.145 = 276 \pm 52$ generations without correction for reverse mutations, or 378 ± 84 generations with the correction, that is 9450 ± 2100 years between the two 67-marker haplotypes.

Here 0.022, 0.046, 0.09 and 0.145 are the respective mutation rate constants for the 12-, 25-, 37- and 67-marker haplotypes (Klyosov, J. Genet. Geneal., vol. 5, No. 2, pp. 196-216, 2009).

First conclusion is that in this particular case all four haplotype formats gave pretty consistent results: 9300, 8750, 9050 and 9450 years between the two haplotypes, that is 9140 ± 310 years, with only 3.4% margin of error between these values.

Second conclusion is that the calculated values (9140 years average, or 8750 years for the most reliable [for ancient common ancestors] 25-marker haplotypes) would result in 4570 or 4375 years to the most recent common ancestor of the Jewish and the Arabic haplotypes. It fits well not only with 4175 ± 510 years before present for the common ancestor of the Jews and the Arabs (see above for the reference), but also with the Bible and its interpretations.

Third conclusion is that for the 12-marker haplotypes the margin of error is the largest one, and in this particular case it is 42%, for 25-marker haplotypes it is 31%, for 37-marker haplotypes it is 23%, for 67-marker haplotypes it is 19% (rounded up).

Now we can answer the above questions posted in various Forums.

- 1) I have a 62 out of 67 (62/67) markers match with someone with another surname... There is probably a relationship, but it may be very far back in time, perhaps long before people acquired surnames.

5 mutations on 67 markers are translated to 900 ± 440 years between the two haplotypes. If the two haplotypes belong to the same branch, that is derived from the same common ancestor (and the two haplotypes are equidistant from the ancestral haplotype), then a common ancestor of the two haplotype lived approximately 450 ± 220 years ago, that is around 1560 AD plus-minus a couple of centuries. Surnames were already in use those times.

- 2) For a match at 62/67 markers, Dean McGee's Utility gives an estimate of 700 years ago, depending. That's at 95% probability.

I do not know how "probability" can be 95% with 700 years ago, with such a margin of error, 900 ± 440 years between the two haplotypes (see above). Then, what is that "75% probability" for 700 years before present? How about 699 years? How "probability" can be for a single number? Something is missing here. On the other hand, 95% confidence for 900 ± 440 years means that a common ancestor lived in the time range of 460 to 1340 years with a 95% probability.

- 3) The statistical range for a 37/37 match is ridiculously large - being as low as 1 generation and going somewhere above 8-10 generations on the high side - depending on what mutation rate you use and how high you want

to make the probability. Dropping the match to 36/37 basically is the same range - but with the high side sliding out at least another 5 generations. A 37/37 match is very strong - so is a 36/37.

Well, the 36/37 "match" translates to $1/0.09 = 11 \pm 11$ generations before present. The 37/37 match basically translates to the same time span. The thing is that mutation or no mutation in a 37-marker haplotype is just a matter of a simple chance.

- 4) I matched with 33 of 37 markers with a researcher who has documented his line to a Robert Finney of New London, PA so I am assuming that I am a Finney and somewhere down the line a Finney had changed their name to Mackey. Please let me know if I am way off base with this hypothesis. Thank you for all of your efforts as they are greatly appreciated.

Yes, you are a little bit off base. 4 mutations on 37 markers are translated to $4/0.09 = 44$ generations to a common ancestor without a correction for back mutations, or 46 generations with the correction, that is 1150 ± 590 years between the two haplotypes. If the two haplotypes belong to the same branch, that is derived from the same common ancestor (and the two haplotypes are equidistant from the ancestral haplotype), then a common ancestor of the two haplotype lived approximately 575 ± 295 years ago, that is around 1435 AD plus-minus three centuries. It is a bit early to rely on their last names.

- 5) According to one calculator, a 62/62 match at 3 generations has a 50% chance of happening. It goes up to about 75% at 6 generations. A 62/65 match at 14 generations only has a 50% chance of happening. It goes up to 75% at 20 generations. The calculator won't let me deal with 62/67 but it seems safe to say that if it was able to deal with such cases then you only get to the 75% chance of a common ancestor once you've gone back to a time before surnames were adopted anywhere in Europe.

A 61/62 "match" results in approximately (and on average) 7 ± 7 generations difference between the two haplotypes. The 62/62 match has a pretty much the same probability. I do not quite understand what is "at 3 generations has a 50% chance of happening".

- 6) A 62/67 match that doesn't agree on surnames doesn't seem a terribly big shock to me.

5 mutations on 67 markers are translated to 900 ± 440 years between the two haplotypes, and if the two haplotypes belong to the same branch, that is derived from the same common ancestor (and the two haplotypes are equidistant from

the ancestral haplotype), then a common ancestor of the two haplotype lived approximately 450 ± 220 years ago, that is around 1560 AD plus-minus a couple of centuries (see above). I do not know is it "a terribly big shock" or nor in terms of surnames existence. My ancestor, for example, was born in 1575, and he had the same surname as mine. It was in Russia, in the Kursk area. In the Isles, surnames became common after Henry VIII

- 7) I was thinking with 36 of 37 markers matched that the MRCA would be about 3 generations away from the tester. Is that true? I'm not much up on TMRCA calculations, so any help would be appreciated.

See above. The 36/37 "match" translates to a common ancestor who lived 11 ± 11 generations before present.

R1a1 haplogroup in India

Your Indian R1/R1a1 has a deep, ancient history. I do not know who had estimated your R1a as 10,000 years "old" and on what basis, and why its location is necessarily in Kazakstan.

I suggest you disregard it for the time being unless some DATA are presented by those who suggested it.

Back to India and R1a. There are two principal lines of R1a in India. One line is a really ancient one. It has appeared apparently in South Siberia 21000 ± 3000 years before present (Klyosov, J. Genetic Geneal., vol. 5, No. 2, pp. 217-256, 2009), and nowadays its haplotypes spreads as a rather wide band from South Siberia (Altai)-Nor-Western China through India-Pakistan to as far to the South West as Oman and Egypt, with a gradient (of their common ancestors) down from 21000 years before present in North China (up to 25% population there is R1a/R1a1) via Pakistan (12400 ybp) and India (8000 ybp) to South Central Asia (6900 ybp) and to South Arabia and Egypt (6000-4500 ybp). They are "non-IndoEuropean" R1a1, linguistically speaking. A good part of that population speaks Altaian-Turk group of languages, reflecting their historical path from South Siberia-Altai.

Another, "Indo-European" R1a1, has different haplotypes. They are easily recognizable and distinct from the "non-IE" R1a1 haplotypes. They have a common ancestor in Europe around 11,000 years bp and by all means traveled all the way from South Siberia, bringing their "Europeoid" anthropology. Funny, but Europeoids-Caucasoids appeared in fact in South Siberia, came to Europe, and were named "Europeoids" since they settled in Europe many thousand years back, first, apparently, on the Balkans. They brought (or worked out) Indo-

European language. Those R1a1 were proto-Aryans, since eventually it was them who brought IE language and their R1a1 haplotypes to India around 3500 years ago (see below).

These R1a1 had populated Europe from the Balkans to the Isles, and from Scandinavia to Greece, and around 6000-5000 years ago spread to the East, to the Russian Plain (aka East-European Plain). A common ancestor of ethnic Russians-Ukrainians-Belorussians of R1a1 haplogroup lived on the Russian Plain 4800 years ago, and if to add to said populations also Poland, Germany, Scandinavia, and ALL other European R1a1 populations (altogether 14 R1a1 principal branches, including two branches of M458 subclade), a common ancestor would be of 5100 years of "age". Besides, there are two-to-three small branches with a common ancestor of 11,000 years ago (their descendants have DYS392=13 or 14).

Between 5000 and 4000 ybp R1a1 from the Russian Plain moved to the East, established Andronovo archaeological culture (North Kazakhstan, South Ural and more to the East), built settlements such as Arkaim in South Ural (3800-3600 ybp) and many others in the area, established "Avesta culture" in the South of Central Asia (~4000-3500 ybp), expanded to the Caucasus by 4500 ybp, spread over the Caucasus to Anatolia by 3600 ybp and confused linguists that much that the latter believe that "Indo-Europeans" appeared in Asia Minor - Anatolia along with their language. However, it was just a dead-end for R1a1 there. Or cul-de-sac, if you prefer it that way.

Finally (in this context) R1a1 went from South Ural to India as the Aryans, and from South Central Asia (Avesta Aryans) to Iran by about 3500 years ago in the both directions. As a result, R1a1 haplotypes in India, Iran, and in Russia are practically identical to each other (there are some branches in Russia which are more inclined to the West, to Poland, for instance). Personally I belong to the Russian branch whose haplotypes are identical with the Indian "IE"-haplotypes up to 67 markers long. On a 67 marker R1a1 haplotype tree my haplotype sits on the same branch along with a bunch of Indian R1a1 haplotypes.

This is a story of R1a1 in a rather brief format. Last year I have published (along with a colleague of mine, Igor Rozhanskii) a detailed study of R1a1 of more than a hundred pages long, with dozens of graphs and haplotype trees. Of course, this story can and should be updated, modified, corrected, however, based on DATA, not on "opinions".

On “matches” between pairs of haplotypes

Matches between pairs of haplotypes can be considered only as a backburner information. You do have close to forty matches in 12-marker haplotypes with folks around the world. Among those “matches” there might be your "relatives" or there might be not. Nobody can tell without studying their actual genealogy or/and more extended haplotypes. It is more likely they are not, since why their haplotypes would stay the same as yours? Haplotypes mutate. Therefore, 1-, 2-, 3-, 4-.... step mutations are no less likely "relatives" than the exact matches. Your "relatives" form a cloud of haplotypes and their mutations, and each and everyone from the cloud can be your rather close relative. It all depends how you would define "close relative". A common ancestor 600 years ago (if he lived, say, around 1410) and all his descendants are "close relatives" to you? It is your call to decide.

If yes, or even earlier than 600 years before present, then you look at a cloud of haplotypes and their mutational differences (compared to your haplotype) as follows:

----- in 67-marker format,

- 10 mutations - a common ancestor lived 925 ± 300 years before present, ~ 1085 AD
- 9 mutations - 825 ± 290 years bp, ~ 1185 AD
- 8 mutations - 740 ± 270 ybp, ~ 1270 AD
- 7 mutations - 640 ± 250 ybp, ~ 1370 AD
- 6 mutations - 540 ± 230 ybp, ~ 1470 AD
- 5 mutations - 450 ± 220 ybp, ~ 1560 AD
- 4 mutations - 360 ± 190 ybp, ~ 1650 AD
- 3 mutations - 260 ± 150 ybp, ~ 1750 AD
- 2 mutations - 175 ± 125 ybp, ~ 1835 AD
- 1 mutation - 90 ± 90 ybp, ~ 1920 s (actually, between 1830 and today with 95% confidence).
- full match - 45 ± 45 ybp, between 1920 and today.

Please notice that the years on the right does not show margins of error. Since those margins cover a few centuries, it does not make sense to take those years literally. They just give an idea.

Another important notice is those calculations are statistical, that is they are average for many people. Hence, the margins of error are particularly important for individuals.

As you see, a full match at 67-marker haplotype has a dubious value for you. It might be either a VERY close relative, or just a coincidence.

For a comparison, 4 mutations in two 37-marker haplotypes (you have two of those cases) place a common ancestor (if any) at 575 ± 290 ybp, ~ 1435 AD.

2 mutations in two 37-marker haplotypes - 225 ± 160 ybp, that is ~ 1785 AD, or between 1625 and 1945. Such a wide range is because 2 mutations could be easily 3, 1 or 0 in individuals. Statistics.

2 mutations in two 25-marker haplotypes - 575 ± 410 ybp, that is ~ 1435 , however, more realistically for individuals between 1025 and 1845 AD. A huge range.

Now you understand why "matches" in 25-marker haplotypes are not informative.

In 12-marker haplotype one mutation between two haplotypes places a common ancestor at ~ 600 ybp (~ 1410 AD, on average for many people), but for individuals it is 600 ± 600 ybp, that is between 1200 ybp and present (900 AD to present). A full match gives you about the same.

Now you understand better that "matches" between 12-marker haplotypes mean nothing. What use would be in a range 900 AD to present?

That is why you have in your "matches" the whole planet Earth.

Now, on mtDNA. There are some "unique" mutations. Unique, of course, because those matches are not identified as yet. However, taking into account that some mtDNA have thousands of "matches", those "unique" are rare indeed. Among them is, for example, mtDNA of Alexandra Fyodorovna, in "Nikolas and Alexandra", who died in 1918. The same mtDNA was in her daughter Anastasia. Nobody else has claimed the same mtDNA since then.

О скоростях мутаций по Чандлеру

Во-первых, таблица Чандлера, как и мои скорости мутаций, не имеют отношения к числу возвратных мутаций. Чандлер, насколько я помню, вообще никогда не говорил про возвратные мутации.

Во-вторых, скорости мутаций одинаковы для прямых и возвратных мутаций. Когда число повторов (STR) в маркере равно, например, 17, то переход в 16 и 18 равновероятен, и происходит с одинаковой скоростью.

Маркер не знает, в какую сторону ошибется в следующий раз копирующий фермент, а фермент не знает, какая до того была мутация, сотни и тысячи лет назад. Носители предыдущей мутации давно умерли.

В-третьих, вся та огромная таблица (http://www.tropie.tarnow.opoka.org.pl/pol_mutacje.htm) никому, в общем-то, не нужна. Я понимаю, это "болезни роста", строить все эти довольно бессмысленные таблицы. Я тоже когда-то строил, чтобы понять, что к чему. Но применить их куда-либо невозможно. Если считать скорости мутаций для 67-маркерных гаплотипов (или для любых других) по каждому маркеру по отдельности, то получится ровно то же самое, что считать по их средней величине. Так зачем тогда нужно считать по отдельным маркерам? Это все равно, что считать давление в колесе автомобиля по скоростям движения миллиардов молекул кислорода, азота, углекислого газа. Однако делают просто - берут манометр и считают по средней величине.

Поэтому для расчетов для 67-маркерных гаплотипов нужна всего одна средняя величина, которая по моим данным равна 0.145 мутаций на гаплотип на поколение в 25 лет. Вот и всё.

Есть совершенно неправильная идея, что одиночные мутации в гаплотипах нужно считать по индивидуальным скоростям мутаций в маркерах. Например, если есть два гаплотипа, и одном есть мутация в DYS426, то их якобы разделяют $1/0.00009 = 11,111$ поколений, то есть 278 тысяч лет. Это совершенно не так. Это просто означает, что такая мутация происходит в среднем на 11 тысяч рождений мальчиков. Например, в США за прошлый год родилось 4,247,000 детей, то есть примерно 2,200,000 мальчиков, и из них у 198 мальчиков (в среднем) произошла эта мутация. Вот в чем смысл этой скорости, или частоты мутации. То есть у этих 198 человек вместо, скажем, 12 в этом маркере появилась 11 или 13. Ну и как собираетесь считать?

Да просто, для всего гаплотипа, с использованием средней величины 0.145 мутаций на 67-маркерный гаплотип на поколение, или 0.022 на 12-маркерный гаплотип. Эта редкая мутация туда уже входит.

К сожалению, данные Чандлера за пределами 12-маркерных гаплотипов не годятся для расчетов. Конкретные примеры даны ниже, а сейчас взглянем на некоторые данные в его таблице (линк дан выше). Причина неверных скоростей мутаций у Чандлера в ряде случаев, наверное, в том, что он брал тысячами мутации в гаплотипах и считал средние по каждому маркеру, без учета того, что эти гаплотипы расходятся по ветвям. Поэтому он включал

до общей кучи разницу в мутациях между ветвями (не зная того), что и привело к завышенным скоростям мутаций.

Например, если не знать того, что $DYS388=12$ и $DYS388=10$ - это не неупорядоченные мутации, а разные ветви гаплотипов R1a1, то получится, что $DYS388$ - довольно быстро мутирующий маркер. Особенно на Британских островах и в Норвегии - так и скачет между 10 и 12. Отсюда же рождаются басни, что мутации разные на разных территориях и в разных гаплогруппах - а это просто не понимают, что это не статистика мутаций, а разные ветви гаплотипов. Отсюда и получаются якобы такие-то скорости мутаций по маркерам. Но это часто фикция. Поэтому скорости мутаций по отдельным маркерам часто неприменимы, и имеют мало смысла. Именно потому я использую только средние скорости мутаций по гаплотипам, более того, их калибрую. Поэтому даже если там есть ошибки на уровне отдельных маркеров, то они фактически исправлены калибровкой.

Другая ошибка у Чандлера, которая к моему изумлению не вызывает тревоги у людей, которые применяют его цифры (хотя я не уверен, что кто-либо вообще применяет, во всяком случае не академическая наука), это то, что он искусственно уравнивает скорости мутаций в маркерах

$385a=385b$ (0.00226 для обоих),

$459a=459b$ (0.00132 для обоих),

$464a=464b=464c=464d$ (0.00566 для каждой из четырех),

$YCAIIa=YCAIIb$ (0.00123 для обоих),

$CDAa=CDAb$ (0.03531 для каждой),

$395s1$ (маркеры 40 и 41, 0.00031 для каждой).

Если для последней это неважно, эти два маркера очень медленные, то для CDA - это катастрофа для расчетов, поскольку по Чандлеру только на эти два маркера приходится 0.071 мутаций на поколение - сравните с 0.022 для первых 12 маркеров, и 0.046 (по Чандлеру - 0.069) на первые 25 маркеров. То есть по Чандлеру эти два маркера забивают полностью две первые панели (0.071 против 0.069 по самому же Чандлеру), а значит, сводят весь счет к бессмыслице. Получается, что мутации в первых 25 маркерах можно просто не учитывать, и всего два маркера дают основной вклад в мутации. Любой, кто считал, знает, что это не так.

Вот навскидку некоторые данные.

-- Для субклада R1b1-ht35 (5725 ± 600 лет до общего предка) в маркере 385a 63 мутации, а в 385b - 126 мутаций, вдвое больше. Где же здесь одинаковые скорости?

-- для того же субклада маркер 459a дал 20 мутаций, а 459b - 54 мутации. Где одинаковые скорости?

-- для него же 464a-c дали 96, 40, 110 и 155 мутаций. Где одинаковые скорости?

-- для него же YCAIIa дали 23 мутации, а YCAIIb - 14 мутаций. Где одинаковые скорости?

-- только CDYa и b дали довольно близкое количество мутаций - 139 и 130, соответственно, но отношение этих скоростей к YCAII должно быть в 28.7 раз, если верить данным Чандлера (скорости 0.03531 и 0.00123, соответственно), а на самом деле там между 6 и 10 раз. Откуда Чандлер так завысил скорость мутации для CDA - одному ему известно.

Вот еще данные.

-- для серии гаплотипов R1a1 (481 67-маркерных гаплотипов) в маркере 385a 62 мутации, а в 385b - 116 мутаций. Где же здесь одинаковые скорости?

-- для того же субклада маркер 459a дал 9 мутаций, а 459b - 60 мутации. Где одинаковые скорости?

-- для него же 464a-c дали 165, 138, 55 и 84 мутации. Где одинаковые скорости?

-- для него же YCAIIa дали 40 мутаций, а YCAIIb - 54 мутаций. Где одинаковые скорости?

Этот список можно продолжать до бесконечности.

Переходим к расчетам по популяциям.

Возьмем данные клада Доналдов, например. Мы знаем, что их общий предок жил 650 лет назад (лорд Джон умер в 1386 году). Проверенный список из 68 12-маркерных гаплотипов (в 2007 году) содержал 44 мутации, 60 25-маркерных гаплотипов - 69 мутаций, 59 37-маркерных гаплотипов - 178 мутаций, и 26 67-маркерных гаплотипов - 98 мутаций. По моим данным имеем:

-- $44/68/0.022 = 29$ поколений (29 ± 5 , если считать с погрешностями).

-- $69/60/0.046 = 25$ поколений (25 ± 4)

- $178/59/0.09 = 34$ поколения (34 ± 4)
- $98/26/0.145 = 26$ поколений (26 ± 4)

Поскольку я беру 25 лет на поколение, то 650 лет - это 26 поколений.
Полученные величины сходятся с хронологией.

Посмотрим по Чандлеру. Его средние скорости мутаций равны 0.02243 (12-маркерные гаплотипы), 0.06953 (25-маркерные), 0.18208 (37-маркерные), 0.2243 (67-маркерные), и 0.2449 (78-маркерные), для 25 лет на поколение. То есть у него тоже должно получиться примерно 26 поколений, если его величины правильные. Проверяем:

- $44/68/0.02243 = 29$ поколений
- $69/60/0.06953 = 16.5$ поколений
- $178/59/0.18208 = 17$ поколений
- $98/26/0.2243 = 17$ поколений

Два немедленных вывода - у него не сшиваются 12-маркерные с остальными панелями (12-маркерные дают существенно завышенные данные по сравнению с остальными панелями), и 25-, 37- и 67- маркерные дают сильно заниженные данные. По ним общий предок Доналдов жил $17 \times 25 = 425$ лет назад, примерно в 1585 году. Какой уж там Лорд Джон, не говоря о Сомерледе!

По скоростям мутаций Чандлера переход ариев в Индию был 2260 лет назад, то есть в конце прошлой эры, общий предок басков жил 2400 лет назад, то есть во времена древнего Рима, а евреи разошлись с арабами 2600 лет назад, то есть во времена вавилонского и ассирийского изгнаний. По 37-маркерным гаплотипам евреи разошлись с арабами уже в нашей эре, то есть во времена Диаспоры (!).

Вот как это выглядит. В работе по смешанной арабо-еврейской ветви гаплогруппы J1, опубликованной в Вестнике и в Nature Precedings, я приводил данные, что за смешанная ветвь из 44 гаплотипов имеет 291 мутацию в 25-маркерном формате, и 543 мутации в 37-маркерном формате. С использованием моих скоростей мутаций получаем, что евреи с арабами разошлись:

- $291/44/0.046 = 144$ поколения назад без поправки на возвратные мутации, или 168 поколений с поправкой, то есть 4200 лет назад (по 25-маркерным гаплотипам), или
- $543/44/0.09 = 137$ поколений назад --> 159 поколений (с поправкой), то есть

3975 лет назад (по 37-маркерным гаплотипам). В среднем - кошерные 4100 лет назад, как и считается в истории.

А что у Чандлера?

$291/44/0.06953 = 95$ поколений назад без поправки на возвратные мутации, или 105 поколений с поправкой, то есть 2625 лет назад (по 25-маркерным гаплотипам), или

$543/44/0.18208 = 68$ поколений назад --> 73 поколения (с поправкой), то есть 1825 лет назад, 2-й век нашей эры (по 37-маркерным гаплотипам).

Иначе говоря, скорости мутаций из списка Чандлера выше 12-маркерных гаплотипов неприменимы к расчетам.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 18

Анатолий Клёсов

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

ПИСЬМО ПЯТЬДЕСЯТ ДЕВЯТОЕ

Недавно на Форуме RootsWeb Кен Нортведт опубликовал предварительную серию скоростей мутаций для ряда маркеров, которые значительно отличались по величинам от скоростей мутаций Джона Чандлера. Поскольку ваши расчеты в значительной степени базируются на скоростях мутаций Чандлера, не возникнет ли необходимость в корректировке ваших расчетов?

МОЙ ОТВЕТ:

Нет, не возникнет. И не возникнет по ряду причин.

Во-первых, я не использую скорости мутаций по отдельным маркерам, поскольку они определяются авторами с огромной ошибкой. Я использую скорости мутаций для наборов маркеров, как, например, для 12-, 17-, 25-, 37-45-, 67-маркерных гаплотипов, а в целом для более чем 30 разных последовательностей гаплотипов, и получаю их калибровкой по известным генеалогиям или историческим событиям (Klyosov A.A. DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy. 5, 186 - 216, 2009). По первой панели, для 12-маркерных гаплотипов, калибровка дала те же данные, что и по скоростям мутации Чандлера, а именно 0.022 мутаций в среднем на гаплотип на поколение. Но по сумме первой и второй панелей, для 25-маркерных гаплотипов, средние скорости мутаций Чандлера существенно отклонились от калиброванных, и скоростями Чандлера после 12 маркеров не пользуюсь, разве что для отдельных маркеров, и то проверяю их калибровкой.

Во-вторых, Нордведт получил различия (от Чандлера) по отдельным маркерам, но по сумме скоростей для панели величины остались практически теми же самыми. Например, для первых 12 маркеров (первая колонка) величины скоростей мутаций по Чандлеру (вторая колонка) и Нордведту (третья колонка) следующие:

393	0.00076	0.00129
390	0.00311	0.00236
19	0.00151	0.00317
391	0.00265	0.00163
385a	0.00226	---
385b	0.00226	---
426	0.00009	0.0000369
388	0.00022	0.00122
439	0.00477	0.00360
389i	0.00186	0.00184
392	0.00052	0.00062
389ii	0.00242	---

По всем 12 маркерам суммарная скорость мутаций по Чандлеру равна 0.022 (средняя скорость мутаций на маркер 0.00183 на поколение); по 9 маркерам для сравнения с новыми данными Нордведта средняя скорость мутаций по Чандлеру равна 0.01549, а по тем же 9 маркерам у Нордведта она равна 0.01676, то есть различие всего в 8%. Это – в пределах погрешностей расчетов с этими маркерами и гаплотипами.

То же и по второй панели – суммарное различие по семи скоростям мутаций, которые Нордведт определил, составило с данными Чандлера только 6% (0.0233 и 0.0218, соответственно). Так что разницы по средним скоростям мутаций практически нет, а по отдельным маркерам никто не считает по причине, указанной выше.

ПИСЬМО ШЕСТИДЕСЯТОЕ (перевод с английского)

Обращаюсь к вам за помощью. Мы с братом носим знаменитую фамилию (я ее не привожу – АК), и гаплотип брата – на одноименном сайте-проекте. Половина участников этого сайта имеют гаплогруппу J2. Наша фамилия считается норманской. Когда оказалось, что мы J2, многие стали говорить, что мы евреи и что наш гаплотип совпадает с гаплотипом коэнов. Я нашла этот гаплотип, и, честно говоря, не вижу ничего похожего. Может, наш гаплотип в той же степени похож на арабский, но в нас ничего арабского

тоже вроде бы нет. Более того, проблема в том, что ничего похожего на наш гаплотип вообще, сдаётся, нет.

Но некоторые люди стали распускать о нас слухи, говорить плохие вещи, особенно один ненормальный из другого проекта, который утверждал, что его гаплотип похож на гаплотип Вильгельма Завоевателя, и хвастал своей родословной, которой позавидовал бы и собачий клуб США. А у него тоже оказалась J2. Он думал, что у него окажется R1b, и называл нас бастардами. Это было очень плохо с его стороны.

Посмотрите, пожалуйста, на наши гаплотипы, и скажите, откуда мы? Я не расстроюсь. Я уже устала от плохих людей, которые чванятся и говорят про нас плохие вещи. Нак что вся надежда на вас. Гаплотип привожу, как и линк на наш сайт-проект.

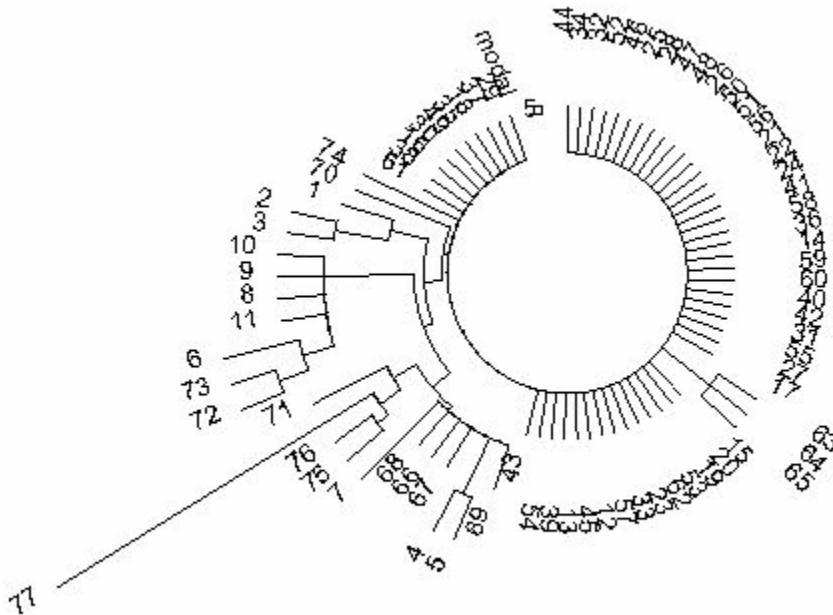
МОЙ ОТВЕТ:

Постарайтесь не поддаваться на насмешки. Ваша гаплогруппа J2 столь же достойна, как и любые остальные.

Похоже, что из 77 гаплотипов вашего проекта все J2 относятся к субкладу J2a4, поскольку все трое, которые глубоко тестировались, имеют этот субклад и неотличимы от всех остальных. Далее, все J2 из вашего проекта принадлежат к одной молодой ветви, которой всего только 400 лет, и которая появилась в конце 16-го века - начале 17-го. Как это могло случиться - вы догадаетесь сами. Например, молодая леди из вашего рода влюбилась в симпатичного араба, и вуаля. А почему в араба - я поясню ниже.

Как вы правильно заметили, больше половины из ваших J2 имеют одинаковые гаплотипы, а именно 51 гаплотипов из 77 в 12-маркерном формате. Я называю такие идентичные гаплотипы «базовыми», поскольку они обычно представляют собой предковые гаплотипы, кроме некоторых специальных случаев. Я обычно использую формулу для расчета времени, когда жил общий предок популяции, и в этом случае она выглядит так: $[\ln(77/51)/0.022] = 19$ поколений, то есть примерно 475 лет назад. 0.022 - это константа скорости мутации для 12-маркерных гаплотипов, то есть среднее число мутаций на гаплотип за поколение в 25 лет [Klyosov, J. Genet. Geneal., v. 5, No. 2, 186-216, (2009)].

Вот так выглядит дерево 12-маркерных гаплотипов для всех J2a4 в вашем проекте:



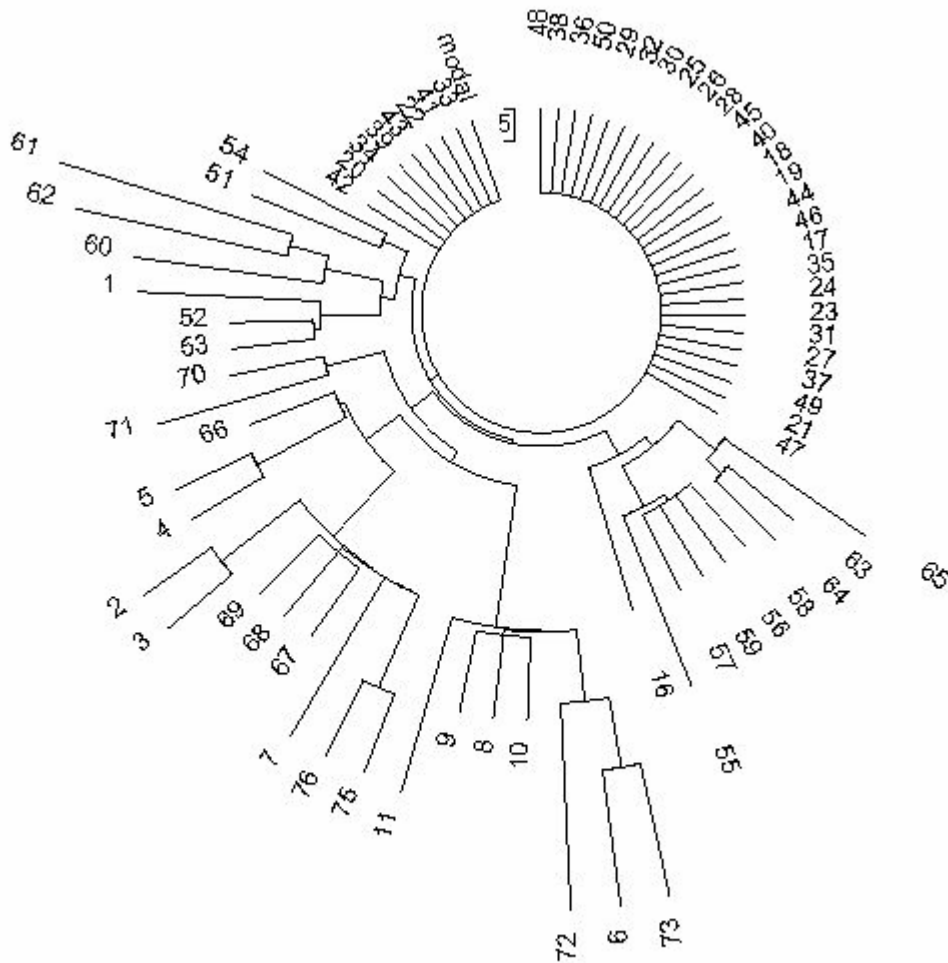
Здесь 51 базовый гаплотип сидят вокруг дерева, и один мутированный явно выпадает от остальных, поскольку у него непропорционально много мутаций. У него, к сожалению, только 12-маркерный гаплотип, так что невозможно узнать, вернется ли он обратно в коллектив на более длинных гаплотипах. Именно в таких ситуациях логарифмический метод более предпочтителен, поскольку в нем не подсчитывают мутации, а только идентичные гаплотипы.

Предковый (базовый) 12-маркерный гаплотип для всего дерева такой:

12 23 14 10 13 17 11 15 11 13 11 29

Точно такой же и у вашего брата. Он не похож на известные гаплотипы евреев гаплогруппы J2, которых в гаплогруппе J2 насчитывают пять подгрупп, или ДНК-генеалогических ветвей.

Если мы посмотрим на 25-маркерные гаплотипы, то таких в вашем проекте 71. Дерево гаплотипов становится более пушистым, так как 25-маркерные гаплотипы содержат в среднем вдвое больше мутаций, чем 12-маркерные:

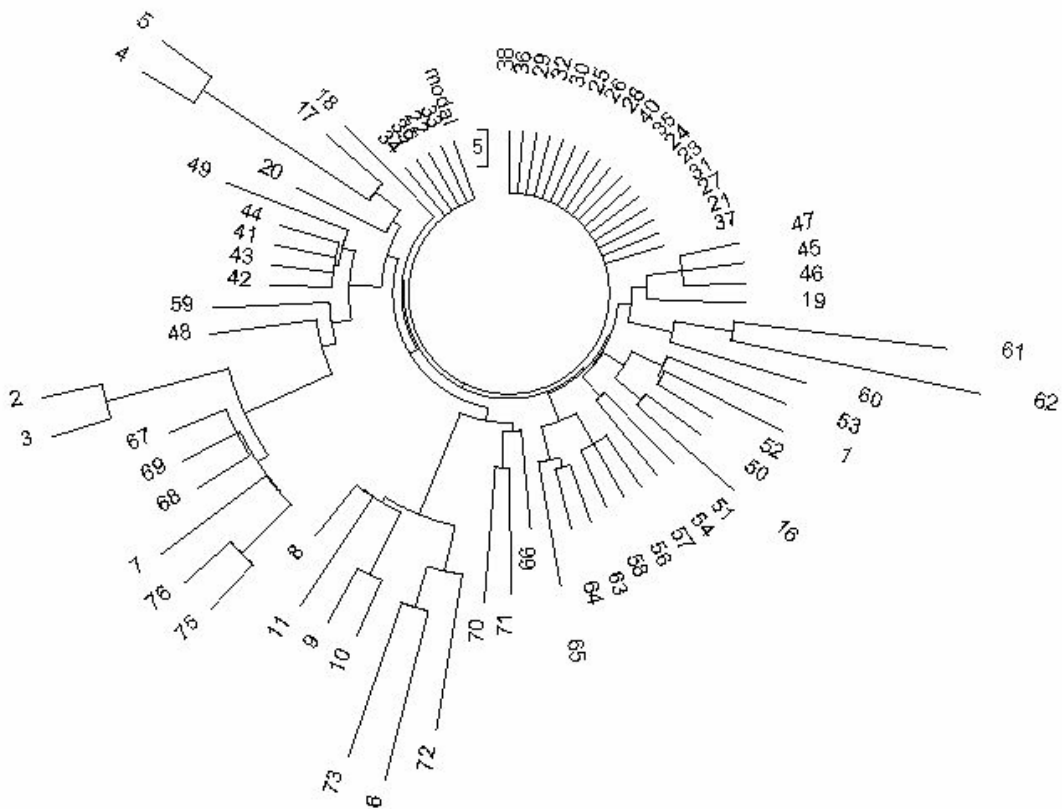


Все дерево содержит 34 базовых гаплотипа, то есть $[\ln(71/34)/0.046] = 16$ поколений, то есть общий предок всех 71 гаплотипов жил 400 лет назад. 0.046 – это константа скорости мутации для 25-маркерных гаплотипов. Базовые 25-маркерные гаплотипы такие:

12 23 14 10 13 17 11 15 11 13 11 29 – 14 9 9 11 11 24 15 22 29 13 13 15 16

Это опять в точности гаплотип вашего брата, так что вы продолжаете оставаться в короне вокруг дерева. Это вовсе не означает, что ваша линия моложе, чем остальных 70 человек, все 71 принадлежат к одной генеалогической линии. Просто ваши конкретные предки сохранили, чисто случайно, предковый гаплотип в неизменном виде за прошедшие 400 лет.

Перейдем к 37-маркерным гаплотипам. Дерево имеет такой вид:



Оно состоит из 70 37-маркерных гаплотипов, 20 из которых базовые. Вы можете их сами пересчитать. Поэтому $[\ln(70/37)/0.09] = 14$ поколений, то есть примерно 350 лет до общего предка. 0.09 – это константа скорости мутации для 27-маркерных гаплотипов. Все 70 гаплотипов содержат 126 мутаций от базового гаплотипа

12 23 14 10 13 17 11 15 11 13 11 29 – 14 9 9 11 11 24 15 22 29 13 13 15 16 – 10 10 19
22 15 15 16 14 34 35 11 9

И это опять в точности гаплотип вашего брата. Вы продолжаете удерживать корону на дереве. 126 мутаций в 70 37-маркерных гаплотипах дают такую формулу

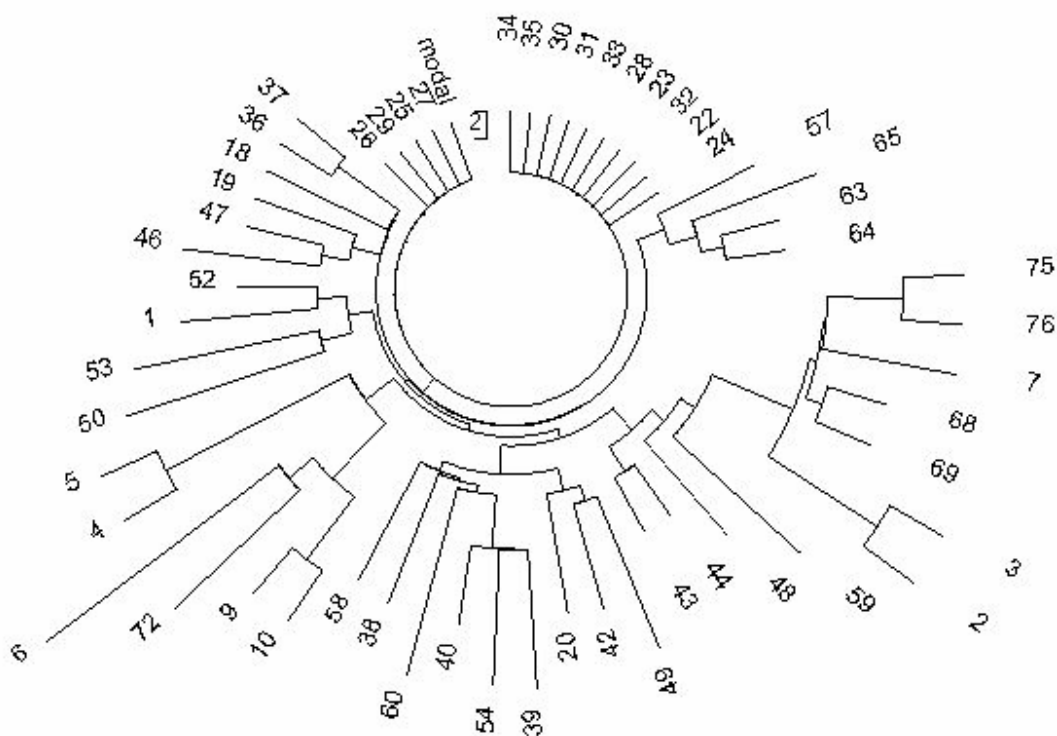
$126/70/0.09 = 20$ поколений, то есть 500 ± 70 лет до общего предка. Погрешность расчетов определялась так, как описано в ссылке, данной выше. На самом деле 350 лет до предка, рассчитанные выше, имеют погрешность 350 ± 80 лет, так что обе даты пересекаются на 430 лет назад. Эта же дата – средняя для логарифмического метода, в котором мутации не подсчитываются, и для линейного метода, в котором мутации подсчитываются.

Наконец, посмотрим на 67-маркерное дерево гаплотипов. Оно содержит 54 гаплотипа, из которых 14 – базовые, то есть идентичные друг другу. Это дает $[\ln(54/14)/0.145] = 9 \pm 3$ поколения, или 225 ± 75 лет до общего предка. Во всех 54 гаплотипах – 111 мутаций от базового гаплотипа

12 23 14 10 13 17 11 15 11 13 11 29 – 14 9 9 11 11 24 15 22 29 13 13 15 16 – 10 10 19
 22 15 15 16 14 34 35 11 9 – 10 7 14 15 8 11 10 8 10 10 12 17 17 16 11 12 13 16 8 12 23
 22 12 12 11 13 11 12 12 11

и это дает

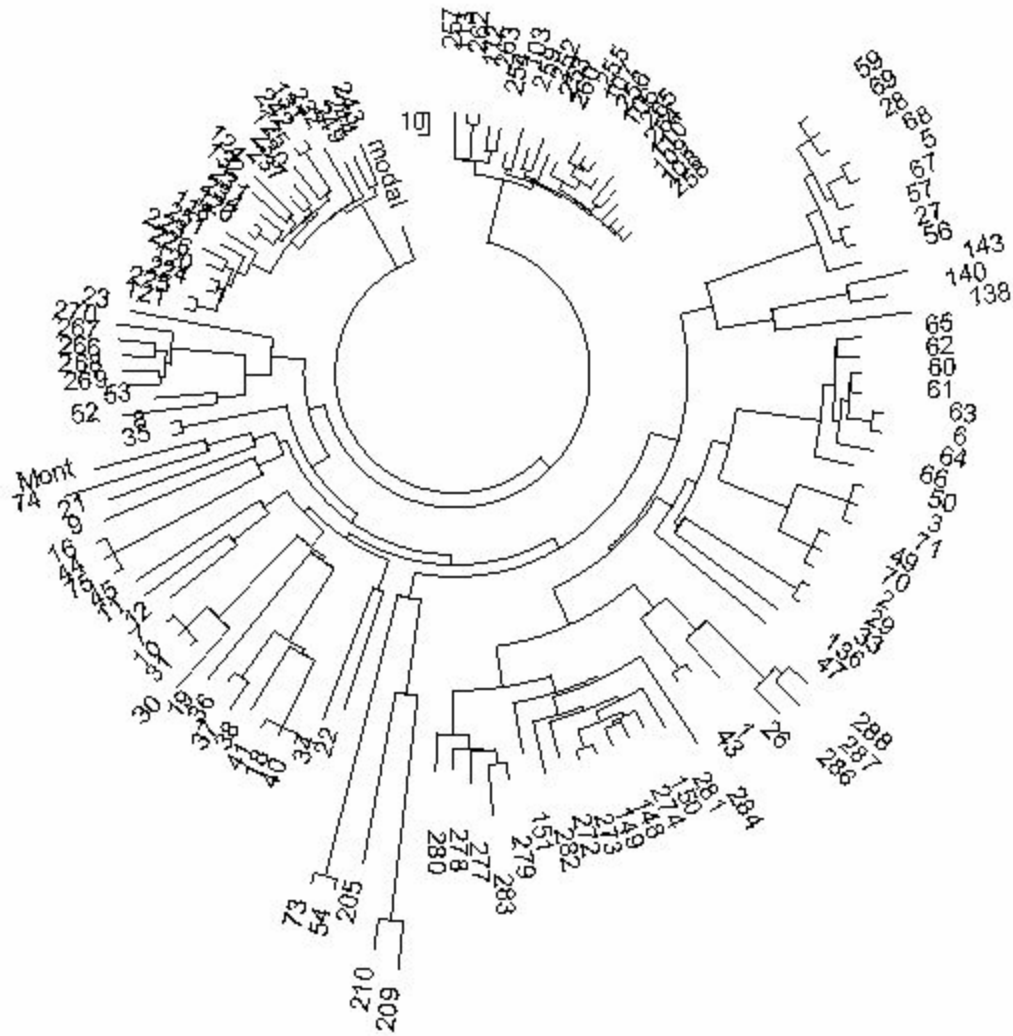
$111/54/0.145 = 14$ поколений, то есть 350 ± 50 лет до их общего предка.



Удивительно, но ваш гаплотип (точнее – вашего брата) опять среди 14-ти базовых.

Как видите, подсчеты для столь разных гаплотипов привли примерно к 400 годам до вашего общего предка. - 475, 400, 350, 500, 225, и 350 лет, что в среднем близко к 400 лет.

Теперь следующий вопрос – откуда взялся ваш гаплотип? Для ответа на этот вопрос посмотрим на общее дерево еврейских и арабских гаплотипов гаплогруппы J2 в 67-маркерном формате:



Все арабские гаплотипы имеют нумерацию ниже 100, все еврейские – 100 и выше. Ваш гаплотип оказался слева, с надписью Mont. Как видите, дерево четко разошлось на еврейские и арабские ветви, они практически не пересекаются. Это, впрочем, не удивительно. Имеется только одна ветвь, которая расщепляется на две почти разные половины, одна – арабская, другая – еврейская (в правой нижней части дерева), и их общий предок, как евреев, так и арабов, жил 4175 лет назад. Как его зовут, вы догадаетесь сами.

Как видите, ваш гаплотип сидит в исключительно арабской ветви, и окружен арабскими гаплотипами. Это и есть объяснение происхождения вашего гаплотипа.

LETTERS in ENGLISH: PERSONAL CASES

LETTER SIXTY-ONE

Your comment on the List regarding the Spanish L21 group is interesting. I am not a scientist. Would you mind taking a look at the attached email and excel file and letting me know if you can draw any conclusions about any of these groups and the likely migration path of P312, leading to the L21 SNP? The Mackenzie / McIver group is so close to the WAMH modal. Is there any way to tell when it split from L21? Any thoughts would be most appreciated.

MY RESPONSE:

Thank you for the dataset. First, I should pay a compliment to a person who has composed the dataset and split it to the lineages. It was done quite accurately, and the haplotype tree showed almost the same pattern. With some exceptions, of course, since human eye cannot handle a space of 37 marker haplotypes.

Below is the haplotype tree in the 67-marker format, along with the base haplotypes for each branch, and principal results of calculations.

It is of an interest that the Basques and "the Norse Sea" haplotypes (they are names so in your dataset) formed the same branch. There is no any "Northern Sea" apparently here, there is a tight family of the Basques and the fellows from France (no wonder), Dutch, Denmark, Germany. Either all of them belong to R-M153, or 37-marker haplotypes are essentially identical in P312 and M153 lineages. They have the same base haplotype and the same common ancestor of 850 ± 220 ybp (25-marker haplotypes) and 1225 ± 210 ybp (37-marker haplotypes), which is within margin of error. As one can see, it is a quite recent family. Either the Northerners brought their haplotypes to Iberia, or vice versa. Here is their base haplotype (R-M153?), in which deviations from subclades P312 and L21 are marked:

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

There are five branches on the tree, and all five are rather young. All of them are clearly derived from one common ancestor. According to the phylogenetic tree, we cannot mix U106 (Hunsingers, U106, R1b1b2-a1a1) and the rest, which are P312 (-a1a2), L21 (-a1a2f or -a1b5, which is the same thing), unless we aim at

Hunsingers), hence, almost no difference. This is close to the "age" of P312 or L21 themselves.

The Mackenzie/Cameron base haplotype (850±310 ybp for 25-marker haplotypes, 750±220 ybp for 37-marker haplotypes)

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

The Campbell/McIver/McQueen base haplotype (850±300 ybp for 25-marker haplotypes, 550±170 ybp for 37-marker haplotypes)

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

The Hunsingers base haplotype (650±240 ybp for 25-marker haplotypes, 525±150 ybp for 37-marker haplotypes)

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 17 9 10 11 11 25 15 19 **30** 15 15 17 17 –
11 11 19 23 **16** 15 18 17 36 **37** 12 12

Spanish L21+ base haplotype (1250±370 ybp for 25-marker haplotypes, 1275±280 ybp for 37-marker haplotypes)

13 24 14 11 **12** 14 12 12 **11** 13 13 29 – 17 **10** 10 11 11 **24** 15 19 **31/32 14/15** 15 17 17 –
11 11 19 23 15 **16** 18 17 **37** 38 **11** 12

Base haplotype for all the five lineages (four deviations from L21 and P312 are marked):

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

For a comparison, L21 = P312 base haplotypes is given below:

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

Now, answering your question on a migration path of P312 leading to L21. As far as I know, there is absolutely no data or proof that "pre-P312" (who? L11? L51?) got to the Danube valley from the Black Sea, as you have suggested (in a separate letter). It is just a conjecture, as tons of other conjectures. The present-day "frequencies" of haplotypes is only a circumstantial evidence, because of multiple bottlenecks, mass migrations, wars, etc. We have to consider TMRCA, and other independent evidences - historical, archaeological, linguistics, etc. Any conjecture should be bound to independent data to become a hypothesis.

The way how I see migration paths of R1b1b2 are as follows: there were a number of them from Asia to Europe. The main way was from Asia through the Russian Plain (TMRCA ~ 7,000 years there, the Kurgan archaeological culture), and then they split onto at least three ways: a Northern way, along the Baltic Sea, the Western way, across the Balkans, the Southern way, across the Caucasus (TMRCA for L23 is ~6,000 ybp) to Anatolia and to the Middle East, from where one way to the West was along Asia Minor through the Mediterranean and the Balkans, and another way across North Africa, Egypt, to the Atlantic and North to Iberia around 4500 years before present. P312 apparently went the last way. There are many indications to support it, including R1b1b2 in the Lebanon and around, with TMRCA ~ 5500-6000 ybp, R1b1b2 in Egypt, Jewish haplotypes with TMRCA ~5500 ybp, split of R1b1a to Cameroon/Chad (TMRCA ~4400 ybp) from the North African path, DNA genealogy of cattle's in Iberia from North of Africa, and the main one - Bell Culture path from ~ 4500 to ~3500 to Europe from Iberia. They were certainly R1b1b2. Besides, predominantly P312 in Iberia, and their downstream L21 in France (4200 ybp) and then all over Europe and in the Isles, around 3200-3600 ybp.

In other words, P312 came to Iberia around 4500 ybp, moved to Europe and produced L21 there around 4200 ybp, and then other downstream R1b1b2 subclades. L2 (4225±450 ybp), L20 (4300±610 ybp), U152 (4125±450 ybp), M153 in Iberia is dated by 2325±340 ybp, M222 in Europe by 1450±150 ybp, plus a series of young Irish subclades.

Other L23 and their subclades went to Europe directly to the West - L51, L11, U106, U198, and other. All of them have TMRCA around 4500 ybp or younger.

LETTER SIXTY-TWO

One of my friends from Saudi Arabia and my uncle (my mother's brother) from Egypt both belong to haplogroup R1a1. I was astonished by the spread of this

haplogroup and the many distinct divisions that it has. I am my self J1c3 formally known as J1e.

If you are willing to help, I attached herewith the 37 markers of my uncle haplotype to search in your database and trace the roots. The R1a1 haplotype of my friend was determined on 12 markers only, and all 12 match that of my uncle's haplotype.

MY RESPONSE:

Your uncle from Egypt, and apparently your friend from Saudi Arabia have a direct ancestry - surprise - from the Russian Plain, around 4800 years before present. This family, that is a branch of the R1a1 haplotype tree, called the R1a1 Central Eurasian Branch, aka the R1a1 Russian Plain branch. A 67-marker haplotype of the ancestor was as follows:

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

Deviations from your uncle's haplotype in the first 37 markers are shown. There are 10 of them, which are not many. For a comparison, it deviates from the R1a1 Western Carpathian Branch by 14 mutations, from the R1a1 Western Slavic branch by 16 mutations, from the R1a1 Central European Branch by 18 mutations, and from the Jewish R1a1 Branch by 23 mutations.

Below is a haplotype tree of the Russian Plain Branch in the 37-marker format, to which your uncle's haplotype is placed (it went to the upper right-hand side). As you see, it sits there rather comfortable. It belongs there.

Now, a few calculations. 23 mutations from the Jewish R1a1 ancestral haplotype places your uncle from the common ancestor of the R1a1 Jews by 8550 years, which in turn places a common ancestor of your uncle and the R1a1 Jews by about 4825 years ago. It is again the same R1a1 Russian Plain ancestral haplotype.

10 mutations from the Russian Plain ancestral haplotype indicate that a direct ancestor of your uncle and apparently that of your friend, split from the Russian Plain haplotype around 3950 years ago. This fits pretty well with the "age" of R1a1 haplotypes in the Arabian Peninsula, and there are quite a few of R1a1 there, 5% to 9% of all Arabian haplotypes.

branch with the Indian 67-marker haplotypes, with our common ancestor of 3700 years before present.

CONTINUATION:

Wow!

I wish I can pay back this favor from you. If you come to Saudi Arabia I will be honored if you become my guest.

One thing I did not mention is that my grand father from my mother side (who is my uncle father) came from Egypt to Saudi Arabia.

But this is very interesting, only 10 distance from the Russian Plain haplotypes.

My friend from Saudi Arabia is a native Bedouin/Nomad to the Arabian peninsula. He belongs to a native tribe that is very famous and may be a major element in old Arabic kingdoms. In my opinion the J1c3(my group) were limited in number when the old scattered kingdoms were at their peak about 1000 year before Christ.

But any way people are much closer than what they think, and I hope this science will bring peace to the world.

Peace upon you.

MY RESPONSE:

Thank you for you kind and warm words.

Actually, what I have said about the Arabian Peninsula and Saudi Arabia (also Oman, Qatar, UAE) and R1a1 is in a way applicable to Egypt. The Aryans (which in my "book" is a general designations of R1a1 bearers in the 1st-3rd millennia BC and maybe earlier, since it was them who came to India and Iran in the middle of the 2nd millennium BC under that name) apparently spread those times in Asia Minor, the Middle East, and Egypt. Historians call those tribes by different names typically without realizing that they were the same people, R1a1 haplogroup (in fact, the same goes to R1b1 carriers those times). Apparently those (R1a1) were the people who brought chariots there (and elsewhere).

Then, for your information, it is rather easy to translate mutational differences into generations and years, since it was all calibrated (taken one generations as 25 years for the purpose of the calibration). In this particular case $10/0.09 = 111$ (generations) without a correction for back mutations, and 124 generations with the correction, that is $124 \times 25 = 3100$ years between the two haplotypes. 0.09 here (mutations per haplotype per generation) is the mutation rate constant for 37-marker haplotypes. For 25-marker haplotypes it is 0.046, for 67-marker ones it is 0.145. For 12-marker haplotypes it is 0.022, however, 12 marker haplotypes give a low precision, statistics is not there. Correction for back mutations are made using published tables (Klyosov, 2009, J. Genetic Genealogy, vol. 5, pp. 186-216).

It is of an interest that you have mentioned that your friend belongs to a native tribe that is very famous and may be a major element in old Arabic kingdoms. This reminds me the Aryans story in India, where the R1a1 who came there 3500 years before present formed upper castes and took the privileged positions in religion and in the military. It might be a similar situation in the Arabian peninsula and in Egypt those times. This probably has escaped from historians, and on obvious reason - they are not familiar with DNA genealogy and haplogroups.

Your J1e haplogroup is no less famous, and the so-called "Cohen Modal Haplotype" which was so trumpeted around turned out to exist as long as 9,000 years ago among Bedouins, and belongs to the Arabs no less than to the Jews (in fact, in MUCH higher quantities). The Jewish "Cohen" J1e haplotype has appeared only 1050 years before present, well into the Diaspora (Klyosov, Human Genetics, 2009).