

Ultima ratio

**Вестник Российской Академии
ДНК-генеалогии**

Том 4, № 10

2011 октябрь

Российская Академия ДНК-генеалогии

ISSN 1942-7484

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

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

При цитировании ссылка на данное издание обязательна.

Составитель
Российская Академия ДНК-генеалогии

Оформление издания
Anatole A. Klyosov
Павел Шварев

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

© РА-ДНК, 2011

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление	1907
«Выход современного человечества из Африки» - генетика и ДНК-генеалогия не согласны. <i>А. А. Клёсов</i>	1908
Палиндромные мутации четверок DYS464 в субкладе V13 гаплогруппы E и расчет времен до общего предка субклада по современным гаплотипам. <i>А. А. Клёсов</i>	1978
Гаплогруппы и гаплотипы Армении (гаплогруппы J2, R1b-L23, R1b-M269 и T-M184).	1985
Современное состояние субкладов и ветвей гаплогруппы R1a1a1 (Краткая справка-комментарий). <i>И.Л. Рожанский</i>	1994
Ладожская астроблема. <i>В.П.Юрковец</i>	1997
Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии. Веда 10. Об исходе из Ини: к Северному морю, Полесью и Большому Кавказу. <i>Г. Максименко</i>	2019
Letters from the Readers: PERSONAL CASES Part 32, letters 105-108.	2048

«Выход современного человечества из Африки» - генетика и ДНК-генеалогия не согласны

А.А. Клёсов

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

ВВЕДЕНИЕ.

ГИПОТЕЗА «ВЫХОД ИЗ АФРИКИ» И ЕЕ ОСНОВНЫЕ ПОЛОЖЕНИЯ

Гипотеза африканского происхождения человека появилась в середине 1980-х годов и стала стремительно обрастать данными (Tattersall, 2009, и ссылки там же). Строго говоря, это были не данные, а интерпретации, но они довольно быстро образовали весьма эшелонированную защиту концепции «из Африки», которую с энтузиазмом подхватили генетики. Эта концепция скоро превратилась в постулат, против которого возражать стало фактически неэтично, ненаучно, и неправильно. Надо признать, что и противники этой концепции не смогли выставить достаточно обоснованных аргументов, и пытались парировать, причем весьма вяло, тоже не фактами, а интерпретациями, зачастую довольно косвенными. В итоге в научном сообществе установился некий пат, когда обе стороны, понимая, что проблема по сути остается нерешенной, для себя считают, что противоположная сторона права.

Какие же главные аргументы приводят сторонники концепции «из Африки»?

Они сводятся к двум категориям. Первая – антропологическая, вторая – генетическая. Антропологическая – что наиболее древние костные остатки анатомически современного человека найдены, по мнению сторонников «африканской концепции», именно в Африке, и что именно в Африке обнаружены древнейшие свидетельства способности человека оперировать символами, заложившими мышление и ощущения, показывающими способность анализировать окружающий мир и делать выводы, способность «видеть себя со стороны» (включая украшения, то есть персональную орнаментальную атрибутику). Аргументы из области генетики сводятся к тому, что современные жители Африки имеют наибольшее «генетическое разнообразие», и что геномные характеристики (обычно картины практически необратимых мутаций, называемых SNP, по первым буквам Single Nucleotide Polymorphism) показывают разрыв между современными африканцами и неафриканцами. Этот разрыв обычно интерпретируется как доказательство, что древнейшие африканские

популяции (к их современным потомкам относят, например, племена Sun и Khoisan) стояли у истоков современного человечества более ста тысяч лет назад, их потомки примерно 70 тысяч лет назад вышли из Африки и породили предков современных неафриканцев, которые прошли генетическое бутылочное горлышко популяций, что и привело к разрыву геномных картин. Альтернативные варианты генетиками, как правило, не рассматриваются, поскольку постулат («из Африки») есть постулат, и он не должен ставиться под сомнение.

В качестве примера можно привести совсем недавнюю статью известного популяционного генетика F. Cruciani с соавт. (Cruciani et al, 2011), которая уже с названия постулирует Африку как родину современного человечества, во всяком случае его мужской половины. В самой статье проводился частичный геномный анализ, наиболее подробно для семерых африканцев (два бербера, два нигерийца, и три пигмея из Центральной Африки). Выявленные расхождения между их геномами, датированные 142 тысячами лет назад, по мнению авторов «предоставляют дополнительное сильное доказательство африканского происхождения современного человека». О том, что древние предки современных африканцев могли мигрировать в Африку с «места происхождения современного человека» авторы даже не упоминают. Это – очень типично для современных работ по популяционной генетике.

Давление генетиков за последние 10-15 лет фактически ликвидировало последние остатки сопротивления в отношении «мультирегиональности» происхождения современного человека. По мнению генетиков, данные по Y-хромосоме, мтДНК и геному человека однозначно свидетельствуют о едином месте происхождения современного человека, а именно в Африке. Варьируются только интерпретации – Южная это Африка, или Восточная. Большинство статей в академических журналах начинаются с констатации, что «современный человек вышел из Африки примерно 50 тысяч лет назад» (Jobling and Tyler-Smith, 2003), или «50-60 тысяч лет назад» (Shi et al, 2010; Mellars, 2011), или «50-70 тысяч лет назад» (Hydjasov et al, 2007; Stoneking and Delfin, 2010), или «60 тысяч лет назад» (Li and Durbin, 2011; Henn et al., 2011), или «50-75 тыс лет назад» (Patin et al, 2009), или «70-80 тыс лет назад» (Majumder, 2010), или «40-80 тыс лет назад» (Campbell and Tishkoff, 2010), или «55-70 тысяч лет назад» (Soares et al, 2009), или более осторожно, «между 50 и 100 тыс лет назад» (Hublin, 2011) и «между 27-53 тысяч лет назад и 58-112 тысяч лет назад» (Carrigan and Hammer, 2006). При этом никто не пишет, или, возможно, и не знают, что никто эти цифры не рассчитывал, что эти цифры совершенно умозрительные, «по понятиям», приведенные в свое время из общих соображений, и далее «зацитированные». Для расчета этих цифр до последнего времени просто не было методологии, не было

соответствующего расчетного аппарата. В дальнейшем практически все последующие данные просто подгонялись под эти «датировки».

Показательной в этом отношении является недавняя (24 ноября 2011 г) статья в Nature (Mellars, 2011). В статье он делает обзор двух статей из того же номера журнала (Higham et al, 2011; Benazzi et al, 2011), под названием «Доказательства самого раннего происхождения анатомически современных людей в северо-западной Европе» и «Ранние распространения современных людей по Европе и сопоставления с поведением неандертальцев», соответственно. Ни слова про Африку в обеих статьях нет. Случайно или нет (скорее всего намеренно) Африка в конструкциях о происхождении современных людей в обеих статьях обходится. Тем не менее, в статье Mellars (2011) уже в первом абзаце со ссылкой на обе статьи говорится о их выходе из Африки 50-60 тысяч лет назад. Вот так у популяционных генетиков делается наука.

При этих «африканских построениях» совершенно выпадает из рассмотрения простой факт, что неандертальцы в Африке не замечены, и при этом – они кузены «анатомически современного человека», происходят от одного общего предка. Так где все-таки этот общий предок жил? Если в Африке, как негласно предполагается, то почему неандертальцы в Африке не замечены? Если этот общий предок жил не в Африке, то в концепцию «Выход из Африки» следует вносить неудобные положения-допущения о том, что жил-то не он не в Африке, и в какой-то период времени его потомки пришли в Африку. Когда они пришли? 300 тысяч лет назад? 200 тысяч лет назад? 140 тысяч лет назад? Тогда где-все-таки «прародина современного человека»?

Понятно, что в таком виде эти (и многие другие вопросы) не являются доказательством чего-то ни было, они просто «неудобные», и их предпочитают не замечать. Хотя можно представить, как педалировалось бы африканское пребывание неандертальцев как совершенное подтверждение «Выхода из Африки», и полное отсутствие «Входа в Африку». На самом деле доказательства отсутствия «Выхода из Африки», и доказательства материальные, приведены ниже, в следующем разделе.

Концепция «выхода из Африки» фактически базируется на пяти положениях:

(1) Внеафриканские популяции представляют собой генетические производные африканских популяций.

- (2) Отказ от «мультирегиональности» происхождения современного человека вкупе с остальными положениями (см. ниже) не оставляет места «прародине» кроме как в Африке. Второй быть не может. Значит, Африка.
- (3) В Африке наибольшее «генетическое разнообразие», следовательно, там и «прародина» современного человечества,
- (4) Самый ранний «анатомически современный человек» был найден в Африке 195 тысяч лет назад (Омо),
- (5) Уменьшение «генетического разнообразия» человека наблюдается при удалении от Африки.

Поразительно, но никто в литературе не взял на себя труд (или смелость?) критически рассмотреть все эти положения, и показать, что все они страдают натяжками.

КРИТИЧЕСКОЕ РАССМОТРЕНИЕ КОНЦЕПЦИИ «ВЫХОД ИЗ АФРИКИ»

Начнем с последнего. Действительно, до последнего времени считалась, что африканская гаплогруппа А является «корневой», от которой произошли все другие гаплогруппы Y-хромосомы. На дереве гаплогрупп 2006 года (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNA_Tree_Trunk06.html) в сводке данных ISOGG (Международного общества генетической генеалогии) первые несколько гаплогрупп подавались следующим образом:

- **A** M91
- **BR** SRY10831.1 (SRY1532), M42, M94, M139, M299
- • **B** M60, M181
- • **CR** M168, M294, P9

Подпись гласила: «*The BR haplogroup split off from haplogroup A 55,000 years before present (bp). It probably appeared in North East Africa*» (гаплогруппа BR отделилась от гаплогруппы А 55 тысяч лет назад. Это вероятно произошло в северо-восточной Африке». Индексы справа соответствуют специфическим мутациям (SNP, см. выше), присущим данным гаплогруппам. То есть эта схема показывала, что снип М91 определяет и гаплогруппу А, и якобы все последующие гаплогруппы от В до R, что, конечно, означало бы, что все неевропейские гаплогруппы – производные африканских. Но это оказалось неправдой, как будет показано ниже.

В номенклатуре 2007 года все осталось так же. И дерево, и подпись.

В 2008 году дерево несколько изменилось (в частности, появилась еще одна входная снип-мутация, P97, в гаплогруппе А):

Y

- A M91, P97
- BT SRY1532.1/SRY10831.1, M42, M94, M139, M299
- • B M60, M181, P85, P90
- • CF M168, M294, P9.1

Но подпись осталась той же: «*The BR haplogroup split off from haplogroup A 55,000 years before present (bp). It probably appeared in North East Africa*»

Номенклатура 2009 и 2010 года – точно то же самое, что 2008 года. И дерево, и подпись. Номенклатура 2011 года – дерево почти то же самое, кроме того, что сводную гаплогруппу CF заменили на СТ:

Y

- A M91, P97
- BT Page65.1/SRY1532.1/SRY10831.1, M42, M94, M139, M299
- • B M60, M181/Page32, P85, P90
- • СТ M168, M294, P9.1

Но слова уже принципиально другие: «*The BT haplogroup split from the root of the Y haplogroup tree 55,000 years before present (bp), probably in North East Africa. The root of the Y haplogroup tree is the so-called "Y-Chromosome Adam," the most recent patrilineal ancestor of all people living today, who is believed to have lived 60,000 to 90,000 years ago... The A haplogroup is thought to have been defined about 60,000 years bp*». («Гаплогруппа BT отошла от корня дерева гаплогруппы Y 55 тысяч лет назад, вероятно, в северо-восточной Африке. Корень дерева представляет так называемого «Y-хромосомного Адама», ближайшего предка по мужской линии всех людей, живущих сегодня, и который жил, как полагают, между 60 и 90 тысяч лет назад. Гаплогруппа А, как полагают, образовалась примерно 60 тысяч лет назад»). Откуда взяли, что «корень» жил в Северо-Восточной Африке – остается только гадать. Тем более что отойти от «корня» 55 тысяч лет назад было просто невозможно, «корень» был намного ранее, никак не менее 150 тысяч лет назад, или еще ранее.

Иначе говоря, согласно описанию 2011 года, африканская гаплогруппа А уже не является предком современного человечества. В схему вводится «хромосомный Адам», который жил между 90 и 60 тыс лет назад, от него (хотя это не указано, что от него, но, видимо, подразумевается) образуется гаплогруппа А 60 тыс лет назад, а гаплогруппа В образовалась от кого-то, но от кого – не понять, написано уклончиво, видимо, от BT. BT, согласно

написанному, образовалась «от корня» 55 тысяч лет назад, всего лишь через 5 тысяч лет от времени возникновения гаплогруппы А. От кого образовалась неафриканская гаплогруппа С – тоже непонятно, и в номенклатуре не пояснено – то ли от африканской гаплогруппы В, то ли от сводной гаплогруппы ВТ, независимо от В. Если последняя версия – то неафриканские гаплогруппы вообще не потомки африканских гаплогрупп, если не вводить дополнительные допущения и постулаты.

Как будет показано ниже в настоящей работе – верен именно последний вариант, не произнесенный в номенклатуре ISOGG. Неафриканские гаплогруппы не являются потомками африканских гаплогрупп А и В. Как показано в работах (Клёсов, 2011a, 2011b; Клёсов и Рожанский, 2011), гаплогруппа А идет двумя рукавами с древнейших времен (по расчетам примерно с 130-140 тыс лет назад), и это скорее всего две разные гаплогруппы, просто объединенные под названием «А» без всяких оснований. На этом пути из древнейших времен есть гаплогруппа (бета-гаплогруппа, 64 ± 6 тыс лет назад) от которой в сторону уходит африканская (в настоящее время) гаплогруппа В (46 тыс лет назад) и в другую сторону – все неафриканские гаплогруппы. Ни одна из них не происходит от гаплогрупп А или В (Клёсов, 2011a,b). Более того, ни один из тестированных (на снипы) носителей неафриканских гаплогрупп (Проект Walk Through Y) не имеет снипов африканских гаплогрупп А и В, как будет подробно описано ниже в соответствующем разделе. Место происхождения бета-гаплогруппы остается пока неизвестным, но ничто не указывает на ее африканское происхождение, и во всяком случае не указывает ни физическая антропология большинства потомков этой бета-гаплогруппы, ни картина снипов.

Более того, в данном случае снимается противоречие между «моно-» и «мульти-» региональностью происхождения современного человека. С одной стороны это «моно», 160 тысяч лет назад (альфа-гаплогруппа, от которой произошли африканская гаплогруппа А и все остальные – неафриканские по происхождению – гаплогруппы), с другой – это «мульти», поскольку разводит в разные стороны происхождение африканской гаплогруппы А и все неафриканские гаплогруппы. Их общее происхождение уходит настолько глубоко, что появление гаплогруппы А в Африке, и «бета-гаплогруппы», например, в Европе, на Кавказе или на Русской Равнине, уже фактически воспринимается как мульти-региональность. Разница между «моно» и «мульти» в данном случае становится семантической, а не по сути. По сути – это два разных происхождения, как по регионам, так и по ДНК-генеалогии, так и по антропологии.

Итак, мы уже безболезненно сняли первые два положения про «африканское происхождение» современного человека:

(1) Внеафриканские популяции представляют собой генетические производные африканских популяций.

(2) Отказ от «мультирегиональности» происхождения современного человека вкупе с остальными положениями (см. выше) не оставляет места «прародине» кроме как в Африке. Второй быть не может. Значит, Африка.

Первое оказалось неверным, второе – неправильно толкуемым в литературе.

Третье положение:

(3) В Африке наибольшее «генетическое разнообразие», следовательно, там и «прародина» современного человечества.

Оно по сути неверно, и слишком буквально воспринимается генетиками. В Нью-Йорке, например, намного более высокое разнообразие, чем в Новгороде или Пензе, но это вовсе не значит, что в Нью-Йорке «прародина» Новгорода и Пензы. Высокое разнообразие может быть следствием как глубокой эволюции, так и смешиванием ДНК-генеалогических линий. В Нью-Йорке – смешивание. В Африке – тоже, как и глубокая эволюция, но только африканских линий. Как мы видели, в Африке имеет место смешивание по меньшей мере трех линий – от древней линии (160-130 тысяч лет назад), гаплогруппы А (130-90 тысяч лет назад, для разных субкладов) и гаплогруппы В (60-46 тысяч лет назад), не считая поздних мигрантов. Например, в Центральной Африке есть немало носителей гаплогруппы R1b1, которые мигрировали туда в ходе своих передвижений вдоль североафриканского побережья на запад (Cruciani et al, 2010) примерно 5 тысяч лет назад (Клёсов, 2010). Это же могло произойти и с носителями гаплогруппы В 46 тысяч лет назад.

Если в Африке наибольшее генетическое или мутационное разнообразие в гаплотипах, это просто свидетельствует о том, что туда могли прибыть представители самой древней ветви человеческой популяции. Другая древняя ветвь могла появиться вовсе на другой территории.

Еще пример – неандертальцы по имеющимся в наличии данным имеют совсем небольшое «разнообразие», значительно меньшее, чем у современного человека. Но это вовсе не означает, что неандертальцы – потомки современного человека. Опять причиной является эволюционная вилка вкупе с прохождением бутылочного горлышка популяции

неандертальцами. То же и с Африкой – эволюционная вилка 160 тыс лет назад (альфа-гаплогруппа, см. ниже), от которой разошлись гаплогруппа А (140-90 тыс лет назад) и бета-гаплогруппа (64 тыс лет назад), и еще одна вилка, от которой разошлись гаплогруппа В (46 тыс лет назад) и все остальные неафриканцы (58 тыс лет назад) плюс смешанная гаплогруппа Е. Опять вилка – и отходит гаплогруппа Е (45 тыс лет назад), которая обитает в основном на Ближнем Востоке и в Северной Африке. Вот эти эволюционные вилки и дают разнообразие, но не только по причинам древности, а и по причинам смешивания линий.

Так что и третье положение оказывается несостоятельным. Следующее положение:

(4) Самый ранний «анатомически современный человек» был найден в Африке 195 тысяч лет назад (Ото),

Это – не «самый ранний анатомически современный человек». На самом деле признано, что «самый ранний современный» в Африке (Hofmeyr) был найден с датировкой 36 ± 3 тысяч лет назад (Grine et al, 2007, 2010; Crevecoeur, 2009). Омо по разным данным имеет слишком много архаичных особенностей, чтобы считать его «анатомически современным человеком».

Последнее положение:

(5) Уменьшение «генетического разнообразия» человека наблюдается при удалении от Африки.

Это тоже кажущийся эффект, который является следствием приведенных выше пояснений. В Африке – действительно наибольшее разнообразие, обусловленное древностью и смешиванием потомков трех ветвей гаплогрупп А и В, ни одна из которых не является предковой для неафриканских гаплотипов. Неафриканские гаплотипы, производные бета-гаплогруппы (64 тыс лет назад), все моложе африканских, потому и эффект «уменьшения генетического разнообразия», как при переходе от Нью-Йорка до Пензы, продолжая аналогию выше. Это вовсе не показывает, что африканские гаплогруппы – предки неафриканских. Например, тот факт, что предки гаплогруппы R1a мигрировали в южную Сибирь (действительно, далеко от Африки) вовсе не указывает, что миграция была именно из Африки, хотя географическое расстояние имеет место, и вполне может «коррелировать» с расстоянием от Африки, с одной стороны, и с удаленностью гаплогруппы R1a от А, с другой. Но это корреляция ложная, фальшивая, а не настоящая. То же самое и с Африкой и Америкой – и расстояние далекое, и гаплогруппа Q удалена от гаплогруппы А, но

корреляция одного с другим – фальшивая. Расстояние от Африки до Австралии тоже немалое, как и расстояние между гаплогруппами А и К/С (гаплогруппы австралийских аборигенов, хотя данных по ним мало). А ведь на этом популяционные генетики строят свои «академические теории».

Строго говоря, описанные выше соображения вовсе не отрицают, что анатомически современный человек мог впервые появиться в Африке. Но приведенные выше пять положений это вовсе не доказывают. Как знают и соглашаются генетики, филогенетическое дерево гаплогрупп, на котором размещены все 20 гаплогрупп современного человечества, от А до Т, не «укоренено», то есть не привязано ни к какому материку или региону

- Y
 - A M91, P97
 - BT SRY1532.1/SRY10831.1, M42, M94
 - B M60, M181, P85, P90
 - CT M168, M294, P9.1
 - DE M1/YAP, M145, M203, P144, P153
 - D M174, IMS-JST021355
 - E L339, M40, M96, P29, P150, P152, P154
 - CF P143
 - C M130, M216, P184, P255, P260
 - F M89, M213/P137, M235, P14, P133
 - G L116, L154, L204, M201, P257, U2, U3
 - H M69, M370
 - IJK L15/M523/S137, L16/M522/S138
 - IJ M429, P123, P124, P126, P127, S2
 - I L41, M170, M258, P19, U179
 - J 12f2.1, L134, M304, P209, S6, S34
 - K M9, P128, P131, P132
 - LT L298/P326
 - L M11, M20, M22, M61, M185
 - T L206, M184, M193, M272
 - K(xLT) M526
 - M P256, Page93
 - NO M214, P188, P192, P193
 - N M231, Page56
 - O M175, P186, P191, P196
 - P 92R7, L138, L268, M45, M74,
 - Q M242
 - R M207, P224, P227, S4, S9, V45
 - S M230, P202, P204

Рис. 1. Филогенетическое дерево гаплогрупп Y-хромосомы, по данным Международного общества генетической генеалогии, http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html номенклатура 2011 года. Дано в сокращении, ряд дублирующих SNP-мутаций снят, чтобы не загружать дерево. Буквенные индексы в обозначения SNP-мутаций идентифицируют лабораторию, в которой эти мутации были определены. Индекс Y у начала дерева относится к условному «хромосомному Адаму», то есть прародителю мужской половины современного человечества, потомки которого прошли бутылочные горлышки популяций. В итоге все гаплотипы мужчин Земли, по представлениям современной генетики, должны сходиться к гаплотипу «хромосомного Адама».

планеты. Оно просто показывает взаимоотношение гаплогрупп друг по отношению к другу (рис. 1).

ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ. ОСНОВНЫЕ ПОЛОЖЕНИЯ

Что же в отношении общего происхождения мужчин планеты от «хромосомного Адама» говорит ДНК-генеалогия, и какие сроки она выставляет?

Чтобы ответить на эти вопросы, кратко рассмотрим основные положения ДНК-генеалогии, имеющие отношения к такой постановке проблемы.

ДНК-генеалогия мужчин базируется на мужской половой хромосоме, а именно на определенных фрагментах Y-хромосомы, называемых локусами, или маркерами. Маркеры идентифицируются секвенированием заданных фрагментов Y-хромосомы, то есть определением их нуклеотидной последовательности, и в каждом случае представляют собой серию повторов одних и тех же комбинаций нуклеотидов. Каждый маркер имеет определенный индекс, обычно состоящий из обозначения DYS (что означает DNA Y Segment) и порядкового номера. Например, маркер DYS19 – это повторение квадруплета ТАГА (то есть тимин-аденин-гуанин-аденин). У разных людей он повторяется от 11 до 19 раз подряд, и изменение числа повторов происходит в поколениях очень редко. Это изменение неупорядоченное, и является результатом сбоя в копировании ДНК под действием фермента ДНК-полимеразы (на самом деле целой системы ферментов, выполняющих функцию копирования). Этот сбой, приводящий к изменению числа повторов, происходит со средней константой скорости мутации 0.00151 на условное поколение (25 лет). Иначе говоря, число повторов меняется («вверх» или «вниз») в среднем раз в 662 поколения (если за поколение принимать 25 лет), или раз в 16,500 лет.

Если за поколение принимать, например, 30 лет, то число повторов в DYS19 происходит в среднем раз в 550 поколений, то есть опять раз в 16,500 лет.

То, что мутации в маркерах происходят неупорядоченно, видно из картины частот распределений по аллелям в разных гаплогруппах. На первый взгляд может показаться, что частоты распределений искажены, но это потому, что они представляют собой суперпозиции распределений частот по субкладам. В каждом субкладе – симметричная колоколообразная кривая распределения частот, но поскольку размеры субкладов разные, то суперпозиции получаются не всегда симметричные. Например, тот же маркер DYS19 гаплогруппе R1a1, наиболее частой среди этнических русских, распределяется в Европе так, что его

- аллель 13 встречается с частотой 0%,
- аллель 14 – 1%,
- аллель 15 – 32%,
- аллель 16 – 55%,
- аллель 17 – 12%,
- аллель 18 – 0.2%.

На самом деле там суперпозиция нескольких колоколообразных кривых, максимум 15 встречается у популяций в северо-западной Европе, в Скандинавии и на западе Карпат, максимум 17 – опять на западе, в северо-западной Европе, у западных славян и на западе Русской равнины, а 16 встречается наиболее часто более чем у 12 европейских популяций, в первую очередь в восточной и центральной Европе. Аллели 14 и 18 – просто экстремальные, случайные мутации.

В ДНК генеалогии маркер DYS19 считается «быстрым» (в отношении скорости мутации), по частоте мутаций он в 150 раз быстрее, чем самый медленный маркер, DYS472, который меняется вверх или вниз на одну единицу (на один повтор) в среднем раз в 100 тысяч условных поколений, то есть раз 2.5 миллиона лет. Но это – в одной и той же линии поколений. На практике же это изменение происходит в среднем раз на каждые 100 тысяч рождений мальчиков. Поэтому в мире такие мутации случаются время от времени, опять же совершенно неупорядоченно, отходя вверх-вниз на один повтор от так называемых «базовых» величин, характерных для данной популяции. Если на тысячу человек, у которых взяли тест на ДНК, величина DYS472 равна 8, а у одного-двух DYS472=9, то ясно, что базовой величиной для популяции будет DYS472=8. Число этих повторов также называют «аллель». В общем случае аллель – это разные варианты одного участка хромосомы. В целом в мире частота аллели DYS472 = 8 составляет более 99%.

Продолжая пример, отметим, что для всех гаплогрупп на древе гаплотипов выше, за исключением африканской гаплогруппы А, базовой аллелью является DYS472=8. Только для одной популяционной ветви (подгруппа А1а) гаплогруппы А значение базовой аллели в маркере DYS472 равно 9. Это означает, что потомство некоего носителя мутации 8→9 выжило и вошло в стабильный режим жизни данной африканской популяции.

Еще один пример, имеющий отношение к рассматриваемому вопросу. Маркер DYS438 относится к «медленным», со средней частотой мутации раз в 45 тысяч лет. Обычный диапазон его аллелей почти во всех гаплогруппах – между 9 и 12, причем самые древние гаплогруппы, от А до G, имеют величину аллели 10 (за исключением подгруппы А1а, упомянутой выше, у которой DYS438=8). Гаплогруппа Н, в основном индийская, имеет аллель 9. Две ближневосточные по происхождению, родственные гаплогруппы J1 и J2, имеют аллель 10 и 9, соответственно. В последующих гаплогруппах L, N и О, она опять 10, хотя в подгруппе О2b (южно-азиатской) происходит необычный скачок до 13, наряду с другими свидетельствами о необычной древности этой подгруппы. В гаплогруппах (подгруппах) R1a1 и R1b1b2, восточно-европейской и западно-европейской, соответственно, базовые аллели равны 11 и 12, соответственно. В замыкающей гаплогруппе Т базовая аллель 9.

На этом фоне совершенно неожиданным оказалось недавнее обнаружение серии современных африканских гаплотипов с величинами аллелей DYS438, равными 14-16 (Клёсов и Рожанский, 2011). Расчеты показали, что общий предок этой серии гаплотипов жил не менее 160 тысяч лет назад, и, возможно, еще ранее. Это обстоятельство и послужило одной из основных причин настоящего исследования.

Продолжим последовательное изложение, чтобы обосновать методологию исследования. Перейдем к гаплотипам.

Гаплотипом называется определенная совокупность маркеров. Гаплотип – это индивидуальная наследственная характеристика каждого мужчины. Напомним, что в данном случае мы рассматриваем Y-хромосому, которой у женщин нет.

Гаплотипы могут иметь десятки разных видов, или форматов, поскольку они могут складываться из сотен маркеров в самых разных комбинациях. В настоящей статье мы будем рассматривать в основном 22-маркерные гаплотипы, которые составлены из маркеров, имеющих самые малые скорости мутаций (Клёсов, 2011a,c). Такие гаплотипы практически не

применимы для обычных генеалогических исследований, поскольку одна мутация в них происходит в среднем раз в 4250 лет (средняя константа скорости мутации 22-маркерного гаплотипа равна 0.006 мутации на гаплотип на условное поколение протяженностью в 25 лет). Но эти гаплотипы удобны для исследований на глубины десятки и сотни тысяч лет, что и требуется в настоящей работе. Понятно, что когда гаплотипы разных людей отличаются друг от друга на десятки мутаций в их 22-маркерных гаплотипах, то их общие предки жили десятки и сотни тысяч лет назад, и за эти времена их ДНК-генеалогические линии разошлись на такие количества мутаций. В этом отношении ДНК-генеалогические показатели очень наглядны и легко интерпретируются. Эти константы скорости мутаций достаточно выверены и откалиброваны (Клёсов, 2011с).

МЕТОДОЛОГИЯ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ на примерах

В качестве примера можно привести базовый 22-маркерный гаплотип гаплогруппы R1a1 (по другой, более недавней, номенклатуре R1a1a1) Русской равнины:

12 12 11 – 11 11 – 11 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a1a1)

Здесь разделительные линии (тире) указывают на принадлежность маркеров к четырем панелям 67-маркерных гаплотипов по принятой номенклатуре. Первые три маркера относятся к 12-маркерной панели, последующие два, один и 16 маркеров – к 25-маркерной, 37-маркерной и 67-маркерной панели, соответственно.

Этот гаплотип – с незначительными вариациями аллелей – имеют примерно половина этнических русских Российской Федерации, а в южных областях европейской территории России – до двух третей этнических русских. Две другие основные гаплогруппы (I и N) имеют еще 22% и 14% этнических русских (мужское население), соответственно, которые по обычным критериям имеют русский как родной язык как минимум в трех поколениях, проживание на данной территории РФ как минимум в трех поколениях. Если для выборки из 148 человек рассмотреть значительно более детальный 67-маркерный гаплотип (Клёсов, 2011d), то все 148 гаплотипов имеют 2748 мутаций от базового 67-маркерного гаплотипа, что транслируется в 4475 ± 460 лет до общего предка всех рассмотренных 148 человек (Клёсов, 2011d).

Покажем кратко суть расчетов. Константа скорости мутации для 67-маркерных гаплотипов равна 0.12 мутаций на гаплотип на условное

поколение (25 лет). Получаем в среднем $2748/148 = 18.57 \pm 0.35$ мутаций на гаплотип. Для сравнения, одна из наиболее детальных ДНК-генеалогий в мире, шотландской линии McDonalds, тоже гаплогруппы R1a1, документированно происходящих от общего предка, который умер в 1386 году (Джон Лорд Островов), насчитывает 351 мутацию в 114 67-маркерных гаплотипах, что дает $351/114 = 3.08 \pm 0.16$ мутаций на гаплотип. Уже видно, что потомки Джона, который жил примерно 620-680 лет назад, имеют значительно меньше мутаций на гаплотип по сравнению с потомками предка на Русской равнине, который, следовательно, жил намного раньше.

Поскольку константа скорости мутации для 67-маркерных гаплотипов равна 0.12 мутаций на 25 лет (Клёсов, 2011d), то получаем, что общий предок Мас-Доналдов жил $3.08/0.12 = 26 \pm 1$ условных поколений назад (с учетом погрешности расчетов, показанной выше), то есть 650 ± 25 лет назад. Это согласуется с периодом времени, когда жил их общий предок, Джон Лорд Островов. На самом деле эта константа скорости мутации проверена на десятках примеров генеалогий и исторических событий, то есть в достаточной степени откалибрована (Rozhanskii and Klyosov, 2011). Приложение ее к величине 18.57 ± 0.35 мутаций на гаплотип дает $18.57/0.12 = 155 \rightarrow 183$ условных поколений, то есть 4575 ± 465 лет до общего предка. Стрелка показывает учет поправки на возвратные мутации (Klyosov, 2009a; Клёсов, 2011a).

Если мы перейдем к более медленным 22-маркерным гаплотипам, то в 148 гаплотипах наблюдается всего 126 мутаций, то есть в 22 раза меньше по отношению к базовому гаплотипу. Получаем $126/148 = 0.85 \pm 0.08$ мутаций на гаплотип, в отличие от 18.57 ± 0.35 , и время до общего предка равно $0.85/0.006 = 142 \rightarrow 145$ поколений, или 3625 ± 485 лет. Здесь 0.006 - средняя константа скорости мутации для 22-маркерных гаплотипов.

В принципе, полученная величина 3625 ± 485 лет до общего предка перекрывается в пределах погрешности расчетов с величиной 4475 ± 460 лет, но расхождение все-таки больше обычного. Это означает, что в рассматриваемой серии гаплотипов есть ветви, происходящие от других общих предков. Действительно, в 7-м слева маркере (DYS531=11) наблюдается необычно высокое число мутаций - 35 из 126, то есть 28% от всех. Это явно признак отдельной ветви. На самом деле в 22-маркерном дереве гаплотипов Русской равнины есть по меньшей мере пять базовых гаплотипов:

12 12 11 - 11 11 - 11 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
 12 12 11 - 11 11 - 11 - 12 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
 12 12 11 - 11 11 - 11 - 11 8 17 18 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12

12 12 11 - 11 11 - 11 - 11 8 17 17 8 10 8 12 **11** 12 12 8 12 11 11 12
12 12 11 - 11 11 - 11 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 **12** 11 12

Это – признаки отдельных ветвей или субкладов. Действительно, первый базовый гаплотип выше соответствует центральной евразийской ветви и ее молодым ветвям, второй – северной евразийской ветви, третий, четвертый и пятый базовые гаплотипы принадлежат пока неидентифицированным ветвям. Четыре мутации на пять базовых гаплотипов дают $4/5/0.006 = 133 \rightarrow 135$ поколений, то есть 3375 лет, и для получения «возраста» общего предка всех к этой величине нужно прибавить усредненный «возраст» базовых гаплотипов, который в данном случае равен примерно тысячу лет. Получаем, что общий предок носителей гаплотипов R1a1 жил примерно 4375 лет назад, что практически равно величине 4475 ± 460 лет, полученной на 67-маркерных гаплотипах.

Этот пример здесь дан для того, чтобы показать, что часто расчет «чихом», поперек ветвей, дает заниженные хронологические показатели. Расчеты надо вести, разделяя генеалогические ветви.

Базовый гаплотип R1a1 Русской равнины можно сопоставить с базовым западно- и центрально-европейским гаплотипом R1b1a2

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

Между ними 7 мутаций (отмечено), что дает $7/0.006 = 1167 \rightarrow 1386$ условных поколений, или примерно 34,600 лет «латеральной разницы» между их общими предками. Иначе говоря, для того, чтобы между двумя 22-маркерными гаплотипами накопилось 7 мутаций, должно пройти 34,600 лет. Это – не расстояние до нашего времени, а расстояние между общими предками европейских гаплогрупп R1a1 и R1b1a2. Поскольку «возраст» базового гаплотипа R1a1 на Русской равнине примерно 5000 лет, а «возраст» европейского базового гаплотипа R1b1a2 примерно 7000 лет (на самом деле он прибыл в западную Европу 4800 лет назад, и до того эволюционировал на пути от Урала до Западной Европы, причем круглым путем), то общий предок обоих гаплотипов жил примерно $(34600+5000+7000)/2 = 23,300$ лет назад. Это, видимо, и есть возраст общего предка гаплогруппы R1.

Естественно, примерами выше не исчерпывается методология ДНК-генеалогии, в которую входят также построение деревьев гаплотипов и их анализ по ветвям, логарифмические, линейные, квадратичные и пермутационные методы расчетов времен до общих предков, критерии определения числа общих предков в популяции, анализ симметрии мутаций и так далее (Klyosov, 2009a). Но в целом суть подходов обрисована

в той мере, в какой понадобится в настоящей работе для анализа базовых 22-маркерных гаплотипов древних гаплогрупп. Из этого перечня совершенно ясно, что это не вопросы популяционной генетики. Во всяком случае, эти вопросы популяционной генетикой никогда не рассматривались. Это – вопросы другой дисциплины, ДНК-генеалогии.

Альфа- и бета-гаплогруппы как предковые для африканского (гаплогруппа А) и остального (гаплогруппы В и С-Т) мужского населения планеты, соответственно

Гаплогруппа А

Гаплотипы этой гаплогруппы были подробно рассмотрены в работах (Клёсов, 2011a; Клёсов, 2011b), и привели к базовому 22-маркерному гаплотипу гаплогруппы:

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

Все имеющиеся в наличии гаплотипы гаплогруппы А расходятся по трем ветвям, очень значительно отличающихся друг от друга по мутациям. Например, базовые гаплотипы субкладов А1а и А3b

12 10 11 – 7 13 – 8 – 10 8 15 17 6 10 9 12 13 11 16 8 13 11 11 12 (А1а)

12 **11** 11 – **9 11 – 10 – 10 9 12 12 7** 10 **8 0** 13 11 16 **10 14 9** 11 **11** (А3b)

расходятся на 25 мутаций (различия выделены), причем большая часть – на крайне медленной, последней панели, причем и там – местами на несколько (до пяти) мутаций в одном маркере. Детальные расчеты по всем гаплотипам определили, что общий предок гаплогруппы А (точнее, общий предок имеющихся в наличии гаплотипов гаплогруппы А) жил 85 тыс лет назад (Клёсов, 2011a). Помимо этого, была обнаружена совершенно независимая ветвь гаплогруппы А, уходящая на сотни тысяч лет назад (Клёсов и Рожанский, 2011), и о которой речь пойдет ниже.

Чтобы показать, как была определена величина в 85 тыс лет назад, заметим, что 25 мутаций между двумя 22-маркерными гаплотипами разделяет их общих предков на $25/0.006 = 4167 \rightarrow 8576$ поколений, то есть 214,400 лет, и половина от этой величины (то есть предположительная дистанция до общего предка двух указанных базовых гаплотипов) составит уже 107,200 лет. Но это расстояние только между двумя ветвями, которое оказалось несколько завышенным. На самом деле три базовых гаплотипа ветвей

гаплогруппы А (не считая самой древней) отстоят от равноудаленного на 41 мутацию, что дает $41/3/0.006 = 2278 \rightarrow 3258$ поколений до общего предка (81,450 лет), плюс 4 тысячи лет как усредненный возраст всех трех базовых гаплотипов (все они относительно недавние, возможно, пережили недавние бутылочные горлышки популяций, или статистика пока недостаточна), получаем при округлении примерно 85 тысяч лет до общего предка гаплогруппы А по имеющимся данным.

Гаплогруппа В

Гаплогруппа В встречается только в Африке, или у потомков рабов, вывезенных в свое время из Африки. Уже это является косвенным свидетельством того, что носители гаплогрупп А и В из Африки не выходили, особенно вкупе с тем, что снипы гаплогрупп А и В не встречаются среди неафриканцев (см. ниже, следующий раздел). Естественно, под «африканцами» здесь подразумеваются основные популяции гаплогрупп А и В, а под «неафриканцами» - основные популяции последующих гаплогрупп, образовавшиеся примерно 64 тысячам лет назад.

Гаплотипы гаплогруппы В были подробно рассмотрены в работе (Клёсов, 2011а) и привели к базовому гаплотипу гаплогруппы:

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (В)

«возрастом» 46 тысяч лет (Клёсов, 2011а). Эта величина близка к оценке ISOGG (Международного общества генетической генеалогии) в 50 тысяч лет. Он отличается от базового гаплотипа гаплогруппы А на 18 мутаций (отмечены выше), то есть на 122,500 лет между их общими предками. Здесь следует отметить, что если бы гаплогруппа А возникла примерно 60 тысяч лет назад, как предполагает ISOGG (*thought to have begun about 60,000 years ago*) (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpA.html), а гаплогруппа В примерно 50 тыс лет назад (*B is thought to have arisen approximately 50,000 years ago*), http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpB.html, или даже 55 тысяч лет назад, немедленно из гаплогруппы ВТ (см. выше), и происходила от гаплогруппы А, как указывает дерево гаплотипов ISOGG, то есть между их предками было бы всего около 10 тысяч лет, их разделяли бы всего две-три мутации в 22-маркерных базовых гаплотипах (8,700-13,400 лет). На самом деле их разделяет 18 мутаций, то есть 122,500 лет.

Поскольку гаплогруппа А возникла 85 тыс лет назад (см. выше), и гаплогруппа В 46 тысяч лет назад, то их общий предок жил 126,750 лет назад. Совокупность подобных перекрестных расчетов между разными

гаплогруппами, как показано в работе (Клёсов, 2011), указывает на величину $136,000 \pm 9,000$ лет назад для времени жизни того, кого в литературе называют «хромосомным Адамом». Недавние расчеты увеличили этот возраст до 160 тысяч лет (Klyosov and Rozhanskii, 2011, *Advances in Anthropology*, в печати). Мы будем именовать его гаплогруппу «альфа-гаплогруппой», поскольку это не гаплогруппа А, а вышестоящая. Более того, как будет показано ниже, ДНК-генеалогия указывает и на значительно более древних предков современных людей, по крайней мере их части, так что понятие «хромосомный Адам» теряет свой смысл.

Таким образом, мы получаем два важных вывода: (1) гаплогруппа А не является предковой для гаплогруппы В, и (2) общий предок (африканских) гаплогрупп А и В жил примерно 160-136 тысяч лет назад, к тому же это относится только к части африканских гаплотипов. Как мы увидим ниже, это - общий предок всех гаплогрупп, выделенных к настоящему времени, и гаплогруппы А и В - фактически его боковые ветви. Все остальные - неафриканские - гаплогруппы являются потомками «бета-гаплогруппы», общий предок которой жил $64,000 \pm 6,000$ лет назад, и которая также происходит от «альфа-гаплогруппы». Нет никаких веских оснований считать, что «альфа» и тем более «бета» гаплогруппа были африканского происхождения. То, что генетики находили большое геномное расстояние между африканцами и неафриканцами, и интерпретировали его как то, что предки неафриканцев вышли из Африки, интерпретируется вовсе не так. Просто африканские гаплогруппы А и В не являются предковыми для гаплогрупп неафриканских, оттого и значительное геномное расстояние.

То, что у африканской гаплогруппы А самое большое «разнообразие», тоже вовсе не является доказательством «выхода из Африки», как обсуждалось выше. Просто возраст африканской боковой гаплогруппы 85 тысяч лет, а у неафриканских - менее 60 тысяч лет (с общим предком 64 ± 6 тысяч лет), оттого и меньшее разнообразие. Но из него вовсе не следует прямая наследственность. Фактически, такая же ситуация была с неандертальцами, которые дали «боковую ветвь», намного более древнюю, чем ветвь *Homo sapiens*.

Поскольку базовые гаплотипы почти всех гаплогрупп (кроме пары самых неизученных из Меланезии и Полинезии) уже определены и датировки их проведены (Клёсов, 2011b), выпишем их подряд, чтобы проиллюстрировать их близость друг к другу в рамках «медленных» 22-маркерных гаплотипов. В список ниже включены два базовых гаплотипа африканцев, проживающих в Западном Камеруне (Клёсов и Рожанский, 2011; Klyosov and Rozhanskii, 2011, *Advances in Anthropology*, в печати), и ряд базовых гаплотипов субкладов, то есть подгрупп обозначенных гаплогрупп.

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 **16** 8 13 9 11 12 (A)
 13 11 12 - 10 11 - **16** - 10 9 14 14 8 **8** 8 **9** 12 11 12 8 12 12 11 11 (A1b?)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 **15** 8 12 11 12 11 (B)
 11 **10** 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 **15** 8 12 11 12 11 (B2a1)
 11 13 11 - 11 11 - 10 - 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11 (C)
 11 13 11 - 11 12 - 10 - 10 9 16 16 8 10 8 12 11 12 13 8 12 12 11 10 (C3)
 11 12 11 - 11 11 - 9 - 10 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 7 12 12 11 11 (DE)
 11 12 11 - 10 11 - 10 - 10 8 16 18 8 10 8 12 11 12 **15** 7 12 10 11 11 (D2a)
 11 12 7 - 11 11 - 10 - 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 12 7 13 12 11 11 (D3a)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 10 8 15 15 8 10 8 12 12 12 12 8 12 11 12 11 (E)
 11 12 11 - 11 11 - 9 - 10 8 15 15 8 10 8 12 11 12 12 8 12 12 12 11 (E1a)
 11 13 11 - 11 11 - 10 - 10 9 15 15 8 10 8 0 11 12 12 7 14 13 11 11 (E1b)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 10 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 7 13 12 11 11 (E1b1)
 11 12 11 - 10 11 - 10 - 11 10 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 14 11 11 12 (F)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 9 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 11 11 12 (F3)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 11 11 (G)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 11 10 11 12 8 13 11 11 11 (G2c)
 11 12 11 - 9 12 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 13 10 12 12 8 12 11 12 14 (H)
 11 12 11 - 10 12 - 9 - 11 8 16 16 8 10 8 13 10 12 12 8 12 11 12 14 (H1)
 11 14 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 13 12 11 12 (I)
 11 14 11 - 8 11 - 10 - 11 8 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 11 12 (I1)
 11 13 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 10 12 12 (I2)
 11 13 11 - 10 12 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 12 12 12 (I2b2)
 11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12 (J1)
 11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12 (J2)
 11 10 14 - 11 8 - 10 - 13 8 16 16 9 10 8 0 10 12 12 9 11 11 11 12 (K)
 11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 15 17 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 12 12 (L)
 11 12 13 - 11 11 - 10 - 11 8 15 17 8 **7** 8 12 11 12 12 7 12 11 11 12 (NO)
 11 12 12 - 11 12 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12 (N1b)
 11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12 (N1c1)
 11 12 13 - 11 11 - 10 - 11 9 15 17 8 **7** 8 12 11 12 12 7 12 11 11 12 (O)
 11 12 13 - 11 11 - **13** - 11 8 15 17 8 **7** 8 11 11 12 12 7 12 10 12 12 (O2b)
 11 12 13 - 11 11 - 10 - 11 8 15 17 8 **7** 8 11 11 12 12 7 12 11 11 12 (O3)
 12 12 12 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (P)
 12 12 14 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 11 12 12 8 12 11 11 12 (Q)
 12 12 12 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R)
 12 12 13 - 11 11 - 11 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a)
 12 12 11 - 11 11 - 11 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a1a1)
 12 13 13 - 11 11 - 11 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 11 12 (R1b1)
 12 12 13 - 11 11 - 12 - 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1b1a2)
 11 12 13 - 11 12 - 11 - 12 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 12 11 12 12 (R1b1a)
 12 12 10 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 13 (R2)
 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 (T1)

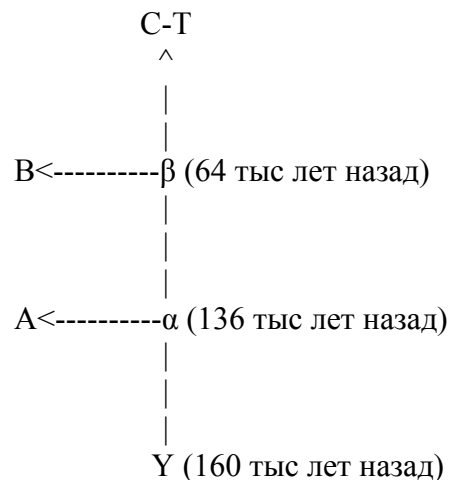
Субклады включены в тех случаях, когда их аллели значительно отклонялись от остальных базовых гаплотипов, что может быть указанием на необычное происхождение этих субкладов – либо по древности, либо по пути эволюции. Дело в том, что в некоторых случаях не исключены ошибки в определении гаплогрупп и помещении их на филогенетическое дерево, приведенное выше.

Попарные расчеты времен жизни общих предков по мутациям в базовых гаплотипах по сравнению с базовым гаплотипом гаплогруппы А показали, что все гаплогруппы от А до Т образовались от общего предка, который жил $136,000 \pm 9,000$ лет назад, или другим методом расчета $160,000$ лет назад. Это – «альфа-гаплогруппа», за отсутствием ее названия, как и самой гаплогруппы в принятой филогенетической классификации. Где жил этот общий предок – остается пока неизвестным, и мы рассмотрим варианты ниже.

Аналогично, попарные расчеты по мутациям в базовых гаплотипах по сравнению с базовым гаплотипом гаплогруппы В показали, что все неафриканские (по современному месту проживания) гаплогруппы от С до Т, как и гаплогруппа В (африканская по современному месту проживания) образовались от общего предка, который жил $64,000 \pm 6,000$ лет назад. Это – «бета-гаплогруппа». Где жил этот общий предок – тоже остается пока неизвестным, но наиболее вероятно – не в Африке. Тогда снимаются противоречия между основными антропологическими признаками африканских и неафриканских популяций. Носители гаплогруппы В, перейдя в Африку, приобрели характерные негроидные признаки, смешавшись с автохтонным населением, носителями более древней гаплогруппы А по мужской линии, и негроидными женщинами, потомками более древних общих предков. Подобная же ситуация произошла относительно недавно, около 5 тысяч лет назад, когда группа носителей гаплогруппы R1b1a2 на пути миграции на запад в Европу по североафриканскому побережью ушла на юг, вглубь Африки, и ныне составила заметную часть населения Камеруна, приобретя характерные негроидные признаки, неотличимые от коренного населения (Cruciani et al, 2010; Клёсов, 2010, и ссылки там же). Остальные же продолжили путь на запад, перешли Гибралтарский пролив примерно 4800 лет назад, образовали культуру колоколовидных кубков, двинулись на север, на континент, и в значительной степени заселили Европу. В настоящее время доля носителей гаплогруппы R1b1a2 в Западной и Центральной Европе составляет примерно 60%. На Британских островах их доля превышает, как правило, 85-90%.

Возвращаемся к списку базовых 22-маркерных гаплотипов выше. Обращают на себя внимание резкие увеличения аллелей в немногих случаях. «Резкие» – потому что скорости мутации этих маркеров очень малы, что и видно из их небольших вариаций по всем гаплогруппам. Изменение аллели в гаплотипе на одну единицу не представляет ничего странного или необычного, это происходит с частотой, например, один раз на 2000 рождений мальчиков для третьего слева по счету маркера в списке выше (DYS392, константа скорости мутаций 0.00052 на условное поколение в 25 лет). Но для того, чтобы это изменение вошло в базовый гаплотип, то есть в гаплотип основателя ДНК-генеалогической ветви, дожившей до нашего времени, необходимо осуществление еще одного маловероятного события – чтобы потомки именно носителя этой мутации выжили в тысячах поколений, и образовали одну всего из нескольких основных ветвей гаплогруппы. Для того, чтобы эти маловероятные события повторились 4-6 раз подряд для одной и той же ДНК-генеалогической линии, на это нужна не только редкостная удача, но и сотни тысяч лет эволюции данной линии.

Действительно, анализ гаплотипов показал, что общий предок линии, обозначенной выше как гаплогруппа А (первая строка) жил 85 тысяч лет назад (Клёсов, 2011a,b), а общий предок двух последующих линий жил примерно 266 тысяч лет назад (Клёсов и Рожанский, 2011) или 160 тыс лет назад (Klyosov and Rozhanskii, 2011, *Advances in Anthropology*, в печати). Его современные потомки живут в Африке, в частности, на западе Камеруна.



То обстоятельство, что мы «видим» общего предка основной части гаплогруппы А 85 тыс лет назад, а не 136 тыс лет назад, не должно удивлять. Датировка 85,000 лет назад была получена при анализе мутаций в гаплотипах именно гаплогруппы А, то есть только выживших линий этой гаплогруппы, к тому же при явно недостаточной статистике. Датировка 136,000 лет назад была получена уже при сопоставлении базовых

гаплотипов других гаплогрупп и субкладов с базовым гаплотипом гаплогруппы А. Это уже независимые определения, исходящие из расхождения африканских и неафриканских базовых гаплотипов. Именно из этого анализа стало ясным, что неафриканские гаплогруппы не произошли от гаплогруппы А, как и неафриканское население не произошло от африканского. Африканские гаплогруппы А и В эволюционировали независимо от неафриканских гаплогрупп. Когда на самом деле образовались гаплогруппа А – мы не знаем, потому что многие ее ветви (возможно, самые древние в том числе) определенно прошли бутылочные горлышки популяции и их потомков нет среди нас, поэтому гаплотипы недоступны. Только ископаемые гаплотипы-гаплогруппы смогут внести больше ясности в этот вопрос.

Независимые подтверждения, что неафриканские гаплогруппы не произошли от африканских гаплогрупп А и В

На протяжении данной статьи мы многократно утверждали, что прямых доказательств гипотезы «Выхода из Африки» современных неафриканцев нет, что совокупность рассмотренных гаплотипов указывает на то, что гаплогруппа А, как и гаплогруппа В не являются предковыми для неафриканцев, что и суммировано на схеме выше. Еще одно сильное доказательство этого было недавно предоставлено результатами проекта Walk Through the Y (chromosome), проводимого известной компанией Family Tree DNA

<http://www.familytreedna.com/faq/answers/default.aspx?faqid=27#1324>

Результаты этого исследования были предоставлены участником проекта WTY А. Золотаревым, относящимся к гаплогруппе R1a1. Оказалось, что ни у одного из носителей гаплогруппы R1a1 не было обнаружено «африканских» снипов гаплогрупп А или В. Поскольку эти снипы (например, M91 и P97 в гаплогруппе А, M60, M181, P85 и P80 в гаплогруппе В) являются практически необратимыми, они обязаны были находиться в Y-хромосомах носителей гаплогруппы R1a1 как вышестоящие снипы на филогенетической лестнице. Остальные, нисходящие снипы, должны были просто «нанализываться» на цепочку снипов в дополнение к вышестоящим снипам. Однако африканских снипов в филогении R1a1 не оказалось. Вся цепочка начинается только со снипов сводной гаплогруппы ВТ (снипы M42 и M139, которые есть у всех участников проекта с гаплогруппой R1a1), что есть, очевидно, бета-гаплогруппы на схеме выше, но, в соответствии с этой схемой, гаплогруппа В, ушедшая «в сторону», не оставляет следа в неафриканских гаплогруппах СТ.

Таким образом, это – сильное подтверждение, что гаплогруппы неафриканцев, и во всяком случае гаплогруппа R1a1, не происходит от африканских гаплогрупп А и В.

Вся последующая цепочка снипов гаплогруппы R1a1 выстраивается совершенно закономерно, все они были обнаружены при анализа генома участников проекта. После бета-гаплогруппы должна следовать сводная гаплогруппа СТ, и ее снипы M168 и M294, действительно, были обнаружены у всех носителей R1a1. Следующая предковая гаплогруппа CF – снип P143 обнаружен. Гаплогруппа С далее уходит в сторону от цепочки, ведущей к R1a1, и основного снипа M130 гаплогруппы С, как и всех ее остальных снипов, у R1a1 нет. Далее – предковая гаплогруппа F, ее снипы M89 и P158 обнаружены у всех R1a1. Далее – сводная гаплогруппа IJK, ее снипы L15 и L16 у всех обнаружены. Далее – гаплогруппа К, снип M9, наличествует среди предковых. Следующая ступень – гаплогруппа Р, букет ее снипов (M74, L138, P69, P230, P243, P244, P280, P284, P286 и другие) обнаружен у всех R1a1. Далее – гаплогруппы R (снипы M207, P224, P227, P229, P232, P280, P285 и другие), R1 (снипы P231, P241, P242, P245, P294 и другие), R1a (снипы L145 и L146), R1a1 (снипы L120 и L122), R1a1a (снип L168).

Как видно, все снипы у R1a1 на месте, среди них нет ни одного африканского.

Более того, среди более чем 160 тысяч зафиксированных (суммарных) снипов участников Проекта WTU найден только один снип M91 (индел-мутация, или вставка/делеция, от английского insertion/deletion), как оказалось, у носителя опять же африканской гаплогруппы A3b2-M13*. У всех остальных, неафриканских участников Проекта, этого снипа нет.

Для того, чтобы понять последующее развитие событий по выяснению «африканского происхождения» неафриканцев (носителей гаплогрупп выше бета-гаплогруппы), рассмотрим недавнюю публикацию (Cruciani et al, 2011) под названием (в переводе) «Пересмотренная корневая система Y-хромосомного филогенетического дерева человека: происхождение разнообразия по мужской линии в Африке». В этой работе было найдено, что снипы семи человек (среди четыре носителя гаплогруппы А [среди них пигмеи и койсаны], один – гаплогруппы В, один гаплогруппы С и один гаплогруппы R1b1) образуют четыре параллельные ветви гаплогруппы А (которые авторы статьи отнесли к субкладам A1b, A1a, A2 и A4), и которые не являются предковыми к ветвям гаплогрупп В, С и R. Далее, ветви гаплогруппы В не являются предковыми к гаплогруппам С и R.

Иначе говоря, гаплогруппа А не есть предковая к В, а В не есть предковая к С и R.

Все это находится в полном согласии с концепцией, что гаплогруппы от С до R – неафриканского происхождения, да и с гаплогруппой В неясно, как как она не происходит от гаплогруппы А.

Теперь вопрос – как на основании таких данных авторы (Cruciani et al, 2011) вынесли про африканского происхождение даже в название статьи? Или это относится только к африканским линиям? Из названия статьи это понять невозможно. Но в самой статье и в резюме статьи речь идет про «африканское происхождение анатомически современного человека» - “evidence for a modern human origin in the African continent”. Откуда это следует – из статьи непонятно. Уже ясно, что интерпретациям авторов статьи (Cruciani et al, 2011) доверять нельзя.

Но в статье есть важный фактический материал, который уже не имеет отношения к интерпретациям авторов. Рассмотрим его.

На рисунке ниже приведена схема снипов Y-хромосомы изученных нескольких человек. Отвлечемся от сомнительных интерпретаций авторов, и взглянем на прямой экспериментальный материал.

То, что на схеме отмечено как “A1b” – это серия снипов трех пигмеев и койсан. Это – отдельная ветвь даже в гаплогруппе А. Она – самая древняя, и датируется авторами примерно 140 тысяч лет назад.

Остальные линии гаплогруппы А, включая берберов, туарегов, и нигерийца имеют снипы гаплогруппы А (которых нет в гаплогруппах от В до R), но также имеют серию снипов, присущих всем гаплогруппам. Это – древние снипы ДО гаплогруппы А. В нашей концепции, описанной выше – это снипы альфа-гаплогруппы (V168, V171, V174, V203, V238, V241, V250). Действительно, все они (за исключением V250, на который не тестировали), найдены у всех носителей гаплогруппы R1a1.

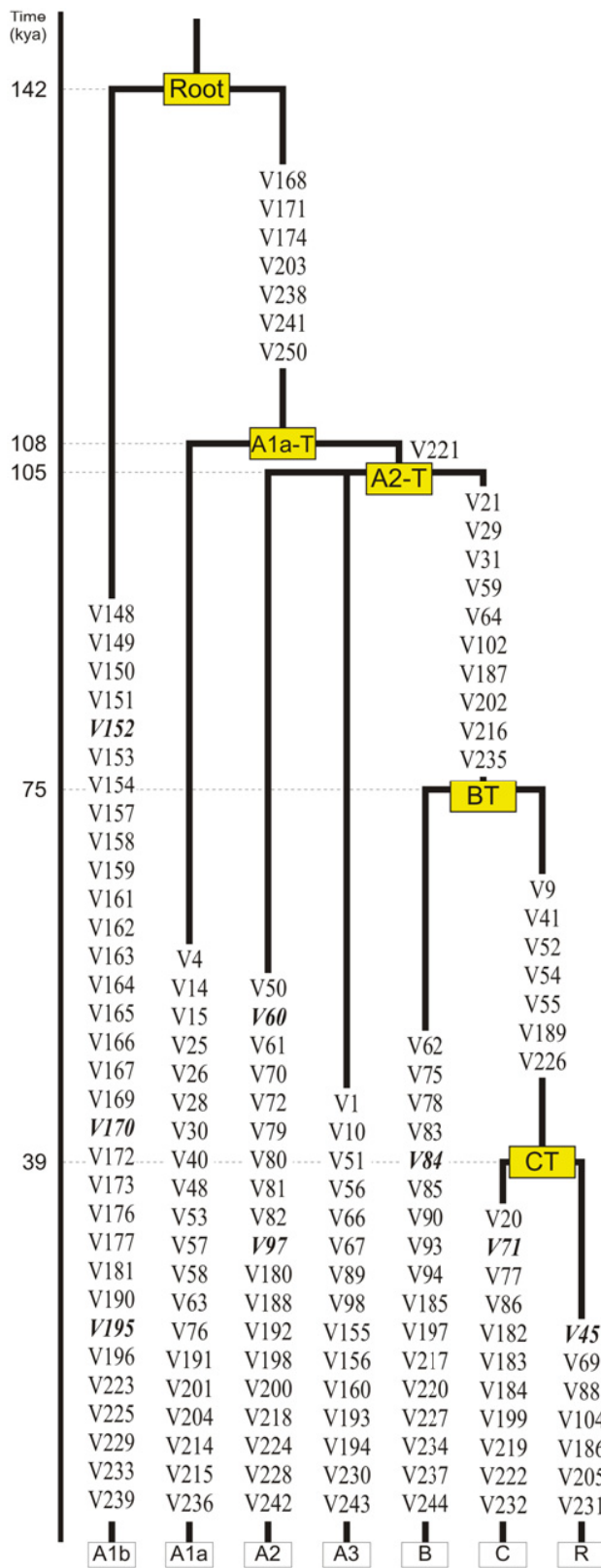


Схема начального участка филогенетического дерева по данным (Cruciani et al, 2011). На схеме приведены 146 мутаций-сиппов

Далее идет серия снипов бета-гаплогруппы (V21, V29, V31, V59, V64, V102, V187, V202, V216, V235). Они найдены у носителей R1a1, но не у гаплогруппы А. Так что картина опять ясна – неафриканские гаплогруппы не происходят от гаплогруппы А. Гаплогруппа В тоже не происходит от гаплогруппы А, и согласно нашим расчетам выше она относится к бета-гаплогруппе. Видимо, гаплогруппа В действительно мигрировала в Африку несколько десятков тысячелетий назад.

Посмотрим более подробно на результаты тестирования носителей «африканских» снипов M91 и P97 (это – входные снипы гаплогруппы А). Они найдены, в частности, у трех человек, у которых тестировали «снипы Крусииани», и их данные приведены в Африканском Проекте <http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject§ion=yresults> (часть данных представлены И.Л.Рожанским).

Один человек (под номером N38376) имеет следующую панель снипов: M91+, P97+, P108-, P82-, M23-, M32- .

Ясно, что он относится к гаплогруппе А, причем ее исходному варианту А*. Это не А1 (P108-), не А1а (P82-), не А2 (M23-), не А3 (M32-), как следует из филогенетической диаграммы гаплогруппы А ниже. В то же время он не имеет снипов V168-, V171- (самые древние снипы, возможно, альфа-гаплогруппы), V151- (субклад А1b), V50- (субклад А2), V221- (его положение неопределено).

То, что он не имеет снипов V168, V171, и V221, которые имеют неафриканцы, в частности, носители гаплогруппы R1a1, показывает, что между африканцем и неафриканцами нет пересечения «лесенки снипов», и что все три снипа относятся к «альфа-гаплогруппе».

Второй человек (под номером 181787) имеет такую же панель основных снипов:

M91+, P97+, P108-, P82-, M23-, M32- .

В то же время он имеет древний снип V171 (видимо, альфа-гаплогруппы), не имеет снипа V151 (субклад А1b), но имеет снип V50 (субклад А2) и V221. Ясно, что здесь имеется противоречие с таким же по основным субкладам предыдущим носителем гаплогруппы А, что показывает, что либо тестирование неверно, либо пока система в филогении не отработана.

Третий человек (под номером 180250)

<http://www.familytreedna.com/public/phillips/default.aspx?section=y SNP>

имеет следующую панель основных снипов:

M91+, P108+, M31+, V168+, V171+, V221+

То есть он относится к субкладу A1a, имеет древние снипы V168 и V171 (видимо, альфа-гаплогруппы), и имеет снип V221, отнесение которого неопределено (видимо, снип альфа-гаплогруппы).

- A** M91, P97
 - **A*** -
 - **A1** P108
 - • **A1*** -
 - • **A1a** M31, P82
 - • **A1b** P114, P305
 - **A2** M6, M14, M23, M29/P3/PN3, M49/Page41, M71, M135, M141, M196, M206, M212, M276/P247, M277/P248, MEN1, P4, P5, P36.1, Page52, Page71, Page87
 - • **A2*** -
 - • **A2a** M114
 - • **A2b** P28
 - • **A2c** P262
 - **A3** M32
 - • **A3*** -
 - • **A3a** **M28, M59**
 - • **A3b** M144, M190/Page35, M220, P289, Page50
 - • • **A3b*** -
 - • • **A3b1** M51/Page42, P100, P291
 - • • • **A3b1*** -
 - • • • **A3b1a** P71, P102
 - • • **A3b2** M13, M127, M202, M219, M305/Page17, Page53, Page77/V10
 - • • • **A3b2*** -
 - • • • **A3b2a** **M171**
 - • • • **A3b2b** M118

Следует отметить, что специалисты в филогении уже стали принимать меры, чтобы притянуть все гаплогруппы к Африке. Например, гаплогруппа A, которая в ISOGG всегда имела входящий M91, и сейчас продолжает иметь, в предварительном варианте новой классификации уже сделана ветвью гаплогруппы "A1b", которая снип M91 не имеет.

Собственно, это притягивание продолжилось в статье (Cruciani et al, 2011). Там есть два ключевых момента - (1) почему новые снипы названы как якобы относящиеся к гаплогруппе A, в особенности ветвь A1a-T, параллельная "A1b", хотя их не было в прежней номенклатуре, и (2) как новые снипы соотносятся со снипами альфа-гаплогруппы. Потому что если у альфа-гаплогруппы они есть, то Африка здесь не показана.

По пункту (а) в статье указывается: "To retain the information from the reference MSY tree as much as possible [ссылка на статью Карафет], we named this clade A1a-T". Перевод - "чтобы информация совпадала насколько возможно, мы назвали этот субклад A1a-T". То есть уже подтягивание к гаплогруппе А.

Далее, африканская (видимо) линия, названная в статье A1b, не имеет сніпов V168, V171, V174, V203, V238, V241, которые есть у гаплогруппы R1a. Напротив, ни одного из сніпов гаплогруппы A1b нет ни у одного R1a (это сніпы V148-V181, V190-V196, V223, V225, V229, V233, v239), хотя A1b - африканцы. Они - у пигмеев племени Bakoла из Южного Камеруна. А у R1a1 есть сніпы V202, V205, V216, V221, V226, V231, V235, которых у этих африканцев нет.

Более того, у R1a1 есть и сніпы, нисходящие от приведенных выше V168, V171, V174, V203, V238, V241, а именно V221, V21, V29, V59, V64, которые по статье (Cruciani et al, 2011) идут от самого древнего предка, который у них назван root, и этих последних сніпов нет ни у одного африканца. Похоже, что они идут от альфа-гаплогруппы, но африканцы их уже не имеют, они (их африканская ветвь, гаплогруппа А) отошли раньше.

Далее, R1a1 имеют сніпы V41, V52, V54, которых тоже нет ни у одного африканца, но это потому, что они, эти сніпы, идут уже выше сводной гаплогруппы ВТ, то есть бета-гаплогруппы.

В итоге ни одного из сніпов, обозначенных в статье (Cruciani et al, 2011) как относящиеся к гаплогруппам A1b, A1a, A2, A3 - ни одного из тех 86 сніпов - ни ни у одного из R1a1. Нет также ни одного из сніпов гаплогруппы В - V62, V75, V78, V83-V85, V90, V93, V94, V185, V197, V217, V220, V227, V237, V244 - ни одного из этих сніпов гаплогруппы В нет ни у одного из носителей R1a1.

Другими словами, ни с гаплогруппой А (и ее ветвями), ни с гаплогруппой В сніпы R1a1 не пересекаются и от них не происходят.

Есть только шестерка сніпов (V168, V171, V174, V203, V238, V214), которые есть у R1a1, и их все равно нет у A1b. Они происходят от какого-то очень удаленного супердревнего предка, возможно, альфа-гаплогруппы, возможно, еще древнее, от которой впоследствии отошла гаплогруппа А, но даже гаплогруппа A1b отошла раньше, и этих сніпов у нее нет.

Возвращаемся к картине, изложенной выше, но другими словами.

В глубокой древности, не менее 160 тысяч лет назад, жил удаленный предок, принадлежащий к альфа-гаплогруппе. Где он жил - неизвестно, вполне возможно, что не в Африке. Никаких указаний на Африку нет. От альфа-гаплогруппы (или ранее) отошла гаплогруппа A1b. Потом отошла гаплогруппа A (то, что в условной номенклатуре субклада A1a, A2, A3). Они, возможно, мигрировали в Африку.

Потом произошла снип-мутация V221, за ней V21, V29, V59, V64, которых у африканских гаплогрупп A (с субкладами) нет. Это было во времени ДО бета-гаплогруппы, до прохождения бутылочного горлышка популяции неафриканских людей. Возможно, их носители жили в Европе или на Русской равнине. Потом произошел катаклизм - возможно, удар крупного метеорита и извержение вулкана. Например, при ударе Ладожского метеорита на Русской равнине со вспышкой света мощностью в 2000 солнц и бомбардировку микрометеоритами, которые испещрили камни (Юрковец, статья в настоящем выпуске Вестника), было не выжить. Но кто-то выжил, какая-то группа мужчин и женщин. Возможно, в пещере или пещерах. Они положили начало бета-гаплогруппе. Датировка этого события, начала бета-гаплогруппы - 64 ± 6 тысяч лет (Клёсов, 2011) и 63 тысячи лет (Cruciani, 2011). Снипы V41, V52, V54, V189, V226, которые есть у R1a1, пошли уже от бета-гаплогруппы.

Возвращаемся к приведенной выше схеме с альфа- и бета-гаплогруппами и к определениям их возраста. Полученные данные ломают современные представления о возрасте общего предка африканских гаплотипов. Более того, это не абберация какого-то одного гаплотипа, а достаточно воспроизводимая серия из нескольких гаплотипов разных баз данных (Клёсов и Рожанский, 2011). Датировка в 160 тысяч лет до общего предка позволяет взглянуть на Y-хромосомную историю происхождения человека под другим углом. Какой бы ни была расчетная датировка, она не сможет изменить принципиальный вывод, что мы получили ДНК-сигнал от человека намного древнее, чем «анатомически современные люди».

Как уже отмечалось выше, практически одновременно с результатами анализа филогении гаплогруппы A по аллелям гаплотипов ее субкладов (Клёсов, 2011a), всего на две недели позже, появилась публикация, в которой провели анализ филогении по снипам (по данным SNP) для более чем 2000 гаплотипов из 73-х этнических групп Африки (Cruciani et al, 2011). Схема из их статьи приведена выше. Топология полученного дерева африканских гаплотипов качественно совпала с тем, что было получено в наших исследованиях, причем самые далеко отстоящие гаплотипы субкладов A1b были найдены там же, где и гаплотипы с DYS438=14-16 - на юго-западе Камеруна. Расчет, основанный на скорости мутаций снипов, дал

время жизни общего предка субклада A1b и всех остальных людей 141±16 тыс. лет назад (Cruciani et al, 2011), что в пределах погрешности совпадает с временем расхождения «альфа» гаплогруппы (136±9 тыс. лет назад или 160 тысяч лет назад) (Клёсов, 2011a; Клёсов и Рожанский, 2011).

Если сопоставить данные, полученные и проанализированные независимыми методами, то они подтверждают факт наличия гаплотипов, принципиально отличных (по мутациям и по времени жизни общего предка) от гаплотипов других людей Земли. В свою очередь, это ломает устоявшееся предположение, что все люди Земли сходятся своими гаплотипами к африканскому «хромосомному Адаму», и предка древнее него ни у кого на планете нет. В какой-то мере зашаталась концепция «монорегиональности», потому что мы не знаем, насколько глубоко уходят ДНК-корни гаплогруппы А с таким древним предком, но уже знаем, что неафриканцы происходят от других общих предков, намного более поздних, по данным работы (Клёсов, 2011b) с возрастом 64,000±6,000 лет. Наконец, зависло в неопределенности понятие «современный человек» в рамках ДНК-генеалогии, которое (понятие) негласно считалось как описывающее людей, происходящих по мужской линии от «хромосомного Адама».

«Хромосомный Адам» и связь с понятием «человек современного вида»

Остановимся на этом несколько более подробнее. У антропологов понятие «современный человек», или «человек современного вида» (где «вид» не есть биологическое понятие) обычно относится к последним 50 тысячам лет. Это – человек (неоантроп) верхнепалеолитических культур, и далее культур мезолита, неолита, бронзы и так далее, до настоящего времени. До этого времени все люди обычно рассматриваются антропологами как архантропы и палеоантропы.

Надо отметить, что упомянутый барьер в 50 тысяч лет – достаточно спорное и условное понятие. Его следует непременно увязывать с соответствующими орудиями и поведенческими особенностями древних людей, выявляемыми по ряду признаков. Тогда границы понятия несколько раздвигаются, и оказываются в Африке от 200 тысяч лет и ближе к нашему времени, в Азии от 100 тысяч лет и ближе, в Австралии и Европе (от Центральной до Восточной) от 42-40 тысяч лет и ближе, в Америке от 13-11 тысяч лет и ближе.

По представлениям многих антропологов, из культур палеоантропов не может произойти неоантроп, то есть человек современного типа. В этом аспекте ДНК-генеалогия входила в терминологическое противоречие с

антропологией, поскольку в понятиях ДНК-генеалогии эволюционная непрерывность Y-хромосомальной ДНК и ее гаплотипов-гаплогрупп от «хромосомного Адама» до настоящего времени, включая гаплогруппу А и все последующие гаплогруппы (если считать, как принималось до последнего времени и зафиксировано в сводке ISOGG-2011, что все гаплогруппы произошли от гаплогруппы А) уже означает, что все 130 тысяч лет (или со времен 100-200 тысяч лет, как часто уклончиво пишется) имело место непрерывное развитие людей, от архантропов через палеоантропов до неантропов, то есть до современного человека, для всех рас без исключения. То есть все люди были как бы современные, независимо от антропологических понятий и культур. Во всяком случае, их ДНК передавалась друг другу, образуя последовательную сеть наследственных признаков. При этом большинство связей этой сети терминировались, ДНК-генеалогические линии тысячами и сотнями тысяч, если не миллионами, обрывались, тысячи и тысячи потенциальных гаплогрупп прекращали существование, но замысловатыми зигзагами линий Y-хромосомы (а о них идет речь в настоящем исследовании) передавались по наследству, расходясь все дальше и дальше по картинам мутаций в гаплотипах по своим ДНК-генеалогическим линиям.

В итоге каждая выжившая линия представляет как бы «цепь сосисок», в которой перетяжки отражают прохождение «бутылочного горлышка» популяции. Подавляющее большинство таких цепей терминировались, перетяжка сходила до нуля, ДНК-линия прекращала существование. В итоге «карта» ДНК-генеалогических линий представляет собой лохмотья остатков линий после последней перетяжки, с временами жизни общих предков непрерывных линий, редко превышающими 6 тысяч лет назад. Но положение этих лохмотьев по отношению друг к другу позволяет по остаткам реконструировать времена жизни общих предков популяций, достигающих, как следует из настоящей работы, не менее 160 тысяч лет назад и, возможно, еще ранее.

Подобные реконструкции и являются предметом ДНК-генеалогии, наряду с анализом и расчетами непрерывных, относительно недавних ДНК-генеалогических линий.

Судя по результатам настоящей работы, которые будут, конечно, уточняться и дополняться, непрерывное развитие человека было, и иначе и быть не могло – оно идет от самых первых гоминидов и ранее, но идет разными «рукавами». Есть одна африканская линия, которая начинается со времен сотни тысяч лет назад, и, конечно, не может в те времена представлять «современного человека» по любой классификации. Ее характерный признак – совершенно отличные величины DYS438, равные

14-16, в то время как у остальных людей планеты, неафриканцев, там величины обычно (или исключительно) 8-11 (см. выше).

Итак, гаплогруппа А в одной из своих ветвей возрастом как минимум 160 тысяч лет продолжает жить своими потомками в Африке. Где она образовалась и откуда пришла в Африку, или там и была в те времена, неизвестно. Но она уходит далеко в сторону от остальных гаплотипов и гаплогрупп, включая и африканскую же гаплогруппу В. Это – прямые потомки архантропов. Имеют ли носители этой ветви характерные антропологические признаки – неизвестно (хотя известно, что к ней относится ряд бушменов). К линии, ведущей свое начало от «альфа»-гаплогруппы, она прямого отношения не имеет. Здесь, конечно, неизбежно возникает вопрос – как оказалось, что потомки этой древнейшей Y-хромосомной линии, например, бушмены, имеют все языковые и поведенческие признаки современных людей, если их линия отделилась от линий остальных современных людей сотни тысяч лет назад? Не могли же эти сложнейшие признаки появиться независимо в разных ДНК-линиях? Ответ – Y-хромосомная линия не развивалась в отрыве от всего генома. Естественно, за эти десятки и сотни тысяч лет шел геномный обмен, сопровождавшийся обменом культурными и поведенческими признаками в их развитии.

По тем же причинам, сама «альфа»-гаплогруппа, ДНК-корни которой уходят в $136,000 \pm 9,000$ или 160,000 лет назад, тоже не обязательно представляла в те времена «современных людей» в понятиях антропологии. Тем не менее, от нее произошли известные субклады гаплогруппы А и «бета»-гаплогруппа $64,000 \pm 8,000$ лет назад, потомкам которых не отказать в том, что они – вполне современные люди. 64 тысячи лет назад – это уже на границе понятия «современный человек» и в более жестких рамках определения этого понятия. Современные популяции Земли ведут свое прямое происхождение от общих предков, которые жили, как правило, не ранее верхнепалеолитических 50 тысяч лет назад. Регион зарождения «бета»-гаплогруппы, представляющей неафриканское население (исключение – гаплогруппа В, ушедшая в Африку, и имеющая общего предка 46 тысяч лет назад), остается неизвестным. Это – предмет последующих исследований (см. далее в настоящей работе).

Тем не менее, можно и сейчас провести рассмотрение возможных вариантов регионов обитания общих предков современных людей, живущих в центральной Африке, предков, живших примерно 136-160 тысяч лет назад.

Далее, вопрос: где могли жить $136,000 \pm 9,000$ лет назад предки современных африканцев и неафриканцев (альфа-гаплогруппа), то есть предки подавляющего большинства всех мужчин Земли?

Далее, где могли жить 85,000 лет назад предки большинства современных африканцев гаплогруппы А – если они не предки людей, живущих вне Африки?

Далее, где могли жить $64,000 \pm 6,000$ лет назад предки современных африканцев гаплогруппы В и практически всех неафриканцев?

Далее, где могли жить предки современных неафриканцев? Времена общих предков их гаплогрупп от С до Т обычно начинаются от 60-57 тысяч лет назад, как показывают расчеты по гаплотипам. В принципе, этот и предыдущий вопрос есть вариации одного и того же вопроса.

Как было указано выше, современная популяционная генетика утверждает (точнее, предполагает, но это обычно выдается за утверждение), что (а) все гаплогруппы произошли от африканской гаплогруппы А, и что (в) современное человечество вышло из Африки. Первое положение генетиками пересмотрено в 2011 году (см. ISOGG-2011), и признано, что гаплогруппы А и В эволюционировали независимо. Это следует также из результатов (Клёсов, 2011a,b). Второе положение теоретически возможно, но не доказано. Альтернативные варианты генетиками и популяционными генетиками обычно не рассматриваются.

Рассмотрим эти альтернативные варианты.

ГДЕ МОГ ОБИТАТЬ ПЕРВОПРЕДОК СОВРЕМЕННОГО ЧЕЛОВЕЧЕСТВА

В принципе, как общий предок предшественника альфа-гаплогруппы, который жил более 160 тысяч лет назад, так и общие предки самих альфа-гаплогруппы (136 тыс лет назад) и бета-гаплогруппы (64 тыс лет назад) могли жить на следующих континентах и в регионах:

- 1) Африка
- 2) Восточная Азия
- 3) Европа
- 4) Австралия и Океания
- 5) Америка
- 6) Ближний Восток
- 7) Русская равнина

8) Сибирь

Эти территории, конечно, непривычно рассматривать в одном ранге, но для цели настоящего исследования примем этот уровень рассмотрения.

1. АФРИКА

Многие исследователи полагают, что «анатомически современный человек» сформировался в Африке примерно 140-160 тысяч лет назад и оттуда примерно 60 тысяч лет назад вышел в направлении Евразии. После прихода на Ближний Восток этот человек стал «человеком современного вида» и в последующие десятки тысяч лет расселился по всем территориям Евразии, обеих Америк, Океании и Австралии. Современные взгляды на историю появления человека в Африке изложены – вместе с довольно подробным перечнем палеоархеологических находок – например, в работе (Rightmire, 2009). Автор полагает, что начиная с Омо 1 и Омо 2 (Эфиопия, 195 тыс лет назад) находки в Африке показывали важные признаки современного человека, хотя они оба были весьма различными морфологически. Признаки *Homo sapiens* были присущи также костным остаткам в Herto с датировкой 160-154 тыс лет назад, и далее во многих находках ближе к нашему времени.

Недавние работы по изучению генома африканцев помещают их предков, как и ожидалось, в очень древние времена. Например, в работе (Patin et al, 2009) получены данные, что ранняя дивергенция пигмеев произошла примерно 60 тыс лет назад (как полагают авторы, на охотников-собирателей и на «фермеров»), с последующим разделением на западных и восточных пигмеев примерно 20 тысяч лет назад. Как правило (или скорее всегда) эти и подобные данные совершенно ничего не говорят о том, что это были предки последующих неафриканцев, но данные так интерпретируют, просто базируясь на «древности» африканцев. То, что это могла быть совершенно отдельная ДНК-линия, практически никто в литературе не рассматривал. Хотя очевидно, что именно об этом свидетельствует факт наличия в некоторых африканских популяциях огромного количества снипов (SNP), которые не встречаются больше нигде в мире. Так, тестированный житель Намибии и представитель племени Банту (он же носитель языков сото-тсвана и нгуни из группы языков Конго-Нигер) каждый имеет в геноме по миллиону снипов, которые нет не только у других тестированных африканцев, европейцев и жителей Азии, но они и не пересекаются друг с другом (Schustler et al, 2010). О каком якобы «доказанном» происхождении неафриканцев из Африки здесь вообще может идти речь?

Фактически об этом же говорят недавние данные (Cruciani et al, 2011), что представителя ряда племен центральной Африки по снипам не пересекаются с остальными африканцами, и тем более с представителями других гаплогрупп.

То обстоятельство, что отмеченные выше африканцы совершенно далеко отстоят от неафриканцев по своему геному, усиливается следующим фактом. В геноме человека 87% всех снипов такие же, как в геноме шимпанзе (Schustler et al, 2010), но у намибийца, упомянутого выше, только 6% снипов являются копией таковых у шимпанзе, и 7% не определяются. Авторы (Schustler et al, 2010) предположили, что снипы в геноме намибийца и его популяции претерпели существенные изменения со времени «отделения линии бушменов от других популяций человека». Здесь стоит внести поправку, которую авторы предпочли не делать – не от «других популяций человека», а от какой-то исключительно древней предковой популяции, от которой у бушменов и снипов не сохранилось, как ни невероятно это звучит.

ЦЕНТРАЛЬНАЯ И ЗАПАДНАЯ ЕВРОПА

Если кратко просуммировать данные по датировкам неандертальцев с помощью ^{14}C , признанным международным сообществом антропологов, то они расходятся по следующим временным периодам (Pinhasi et al, 2011):

| | |
|---------------|-------------|
| 60-45 тыс лет | El Sidron |
| 50-46 | Les Rochers |
| 50-40 | Vindija |
| 46-42 | El Sidron |
| 45-43 | Feldhofer |
| 44-43 | Межмайская |
| 42-41 | Spy |
| 41-39 | Okladnikov |
| 40-37 | Spy |
| 40-33 | Vindija |
| 39-34 | Spy |
| 34-32 | Vindija |
| 29-28 | Spy |

Для «анатомически современных людей» в Европе таблица выглядит следующим образом (первая колонка данных приведена в работе Pinhasi et al, 2011, вторая – в работе Prat et al, 2011):

| | | |
|---------------|-----------|------------------|
| 41-38 тыс лет | >35.2 | Pestera cu Oase* |
| 37-35 | | Kent's Cavern |
| 36-35 | 31.5-26.3 | Mladec |
| 36-34 | 30.2-29.1 | Pestera Muierii |
| 34-33 | 34.3 | Pestera cu Oase |
| 34-33 | 30.6-28.4 | Paviland |
| 34-32 | 29.0-28.2 | Cioclovina |
| 32 | | Pokrovka |
| | 31.0 | Oblazowa |
| | 30.6 | La Crouzade VI |
| | 30.5 | Willendorf II |
| | 30-28 | Les Rois |
| | 29.65 | Molodova V |

Другие данные – 36-34 тыс лет (цитируется по Prat et al, 2011).

В целом среди антропологов есть согласие, что анатомически современные люди в Европе ранее 41 тыс лет назад (Pestera cu Oase) не найдены. Дискуссия обычно идет в отношении отнесения этой даты между 45 и 40 тыс лет (см., например, Soares et al, 2010), но поскольку радиоуглеродная датировка для таких времен имеет определенную погрешность, эти дискуссии обычно заканчиваются ничем. Подобные же датировки приняты и для Русской равнины и для Ближнего Востока (см. ниже). В принципе, датировки (с учетом обнаруженных стоянок) могут быть подняты во всех трех регионах до 50 тыс лет назад, что обычно и делают. Датировку «анатомически современного человека» в Северной Африке (Nazlet Khater в Египте) полагают 42 тыс лет назад, но ее часто относят за счет миграции с Ближнего Востока (Soares et al, 2010).

В отношении неандертальцев авторы (Pinhasi et al, 2011) приходят к заключению, что в Западной Евразии нет надежно датированных остатков неандертальцев древнее ~ 40 тысяч лет, хотя датировки другими способами дали, например, для Межмайских образцов интервал от 48 до 36 тыс лет. Датировки самых древних остатков «анатомически современных» европейцев с ними фактически пересекаются, но только в узком промежутке времени (Pinhasi et al, 2011).

По мнению ряда исследователей, наиболее раннее свидетельство пребывания анатомически современных людей в Европе – группа «артефактов», относимых к Богуницкой индустрии в чешской Моравии. К ним относятся стоянки в Моравии (Брно-Богуница и Странска Скала), Болгарии (Бачо Киро и Тёмная пещера), в Польше (Dzierzyslaw). Скелетных остатков там практически не найдено, или они признаны сомнительными. Датировка «артефактов» – от 48 до 40 тысяч лет назад. Близкой к

Богуницкой по сходству считают стоянки в Италии Grotta del Cavallo и Castelvita Cave, с датировкой 48 – 40 тысяч лет назад. Стоянки бедны – несколько перфорированных морских раковин и два зуба неопределённого таксономического отнесения.

Описана индустрия Szeletian, объединяющая несколько пещер в Моравии, Венгрии и южной Польше, но там тоже не найдены костные остатки (за исключением одного зуба в Upper Remete Cave (Венгрия), который не смогли отнести таксономически. Более того, многие полагают это стоянками неандертальцев.

Ещё одну группу «артефактов» в Европе (центрально-южная и юго-западная Европа) относят к прото-ориньякской культуре с датировкой 45 тысяч лет назад. К ней относятся находки в Тёмной пещере (уровень С-А) в Болгарии. Высказываются предположения, что все эти стоянки – результаты миграций с Ближнего Востока. Но это, видимо, уже по инерции, поскольку никаких доказательств нет, а на Ближнем востоке есть древние стоянки. Откуда же, как не оттуда? Как мы видим, Русская равнина в этих построениях даже не рассматривается. Тем не менее, «классическая» ориньякская культура не имеет аналогов на Ближнем Востоке и явно не имеет там предшественников. Датировки ориньякских «артефактов» – Болгария, Австрия (Willendorf), Моравия (Странска Скала) – дают времена 40 – 37 тысяч лет назад, скелетные остатки – времена несколько более поздние.

К прото-ориньякам относят также стоянки в северо-восточной Испании (L'Abreda и El Castillo) с датировкой 44 – 42 тысячи лет назад. Ранние ориньяки найдены в южной Германии с датировкой 40 – 38 тысяч лет. Полагают, что «классическая» ориньякская индустрия могла быть создана на Балканах и распространиться до юго-западной Европы.

Самые древние скелетные остатки в Европе зафиксированы в Румынии, в пещере cu Oase, с датировкой 42 тысяч лет назад. Но они носят явные особенности неандертальцев (Hoffecker, 2009, и ссылки там же).

Богуницкие «артефакты» связывают со стоянкой Куличивка в западной Украине, датировка 35 тысяч лет назад, и со стоянкой Шлях на Дону, датировка 44 тысяч лет назад. В отношении серии стоянок в Костёнках западные авторы (см. Hoffecker, 2009, и ссылки там же) отмечают, что датировка показывает >40 тысяч лет назад (другие данные – 44,000 – 40,000 лет назад) и соответствует «прото-ориньякам».

БЛИЖНИЙ ВОСТОК

В целом, как подробно рассмотрено в книге «Происхождение человека» (Клёсов и Тюняев, 2010), по Ближнему Востоку нет данных о расселении на этих территориях современного человека в период 42-38 тысяч лет и ранее, то есть тогда, когда они были в Европе и на Русской равнине. В целом на Ближнем Востоке встречаются находки, которые имеют спорный характер, и во многом являются архаичными для «анатомически современного человека». Тем не менее, с определенными допущениями можно включить Ближний Восток в возможную обширную территорию появления «анатомически современного человека», поскольку обратное пока не доказано.

АЗИЯ

Примером могут являться находки в Индостане (Deraniyagala, 2001; Kennedy et al, 1991; Cameron et al, 2004). Из ранних находок - фрагмент черепа с датировкой 236 тыс лет назад или ранее, который отнесен к архаичным гоминидам или к *H. heidelberg*. (KK1991). По среднему палеолиту (150 тыс лет – 30 тыс лет) находок остатков гоминидов вообще нет, наконец, для верхнего палеолита найдены остатки «анатомически современного человека» с датировками 18 тыс лет назад (Batadomba-lena), 16 тысяч лет назад (Beli-lena), 6900 лет и 4800 назад (Fa Hien-lena), 6500 лет назад (Bellan-bandi Palassa). Это уже вполне могли быть носители любых гаплогрупп тех регионов, от С до Т. О происхождении современного человека там вопрос вряд ли может стоять. Имеются также данные по результатам раскопок в пещерах, с датировками от 37 тысяч лет и позже (как правило, датировки остатков кострищ), но физико-антропологических исследования не проводились (Deraniyagala, 2001).

В северном Таиланде и центральном и северном Вьетнаме найдены зубы, с датировками 130±18 и 169±15 тыс лет назад (Таиланд) и 140-250 и 140-80 тыс лет назад (Вьетнам), приписываемые *Homo sp.* и *sapiens*, соответственно (Demeter et al, 2005, и ссылки там же).

В среднем палеолите Китая (250-100 тыс лет назад) отмечаются «архаичные *Homo sapiens*», обычно галечная индустрия. Поздний палеолит (100 тыс лет и позднее) – остатки гоминидов в пещерах, самые ранние *Homo sapiens sapiens* датируются 40-34 тыс лет назад (пещера Tianyuan), причем африканское происхождение маловероятно (Shang et al, 2007). Анализ показал, что продуктом питания была в заметной степени пресноводная рыба, что не характерно для неандертальцев. Это вполне могли быть носители гаплогруппы О, общий предок которых по прямым расчетам (в пределах

гаплогруппы О) жил 20 тысяч лет назад, но при сопоставлении с гаплогруппой N он (гаплогруппа NO) жил 45 тысяч лет назад (Клёсов, 2011b).

Недавний обзор под названием «Генетическая история человека в Южной Азии» (Majumder, 2010) не принес сведений о древнейшей истории Индийского субконтинента. Таких сведений, видимо, нет, если говорить о конкретной информации. В основном речь идет об Индии как «миграционном коридоре», причем, как обычно, «из Африки» (при отсутствии каких-либо конкретных сведений), о том, какое высокое в Индии разнообразие народов (опять путая разнообразие по причине древности и по причине смещения линий), о нашествиях мигрантов из Центральной Азии 3-4 тысячи лет назад, и так далее. Говорится, что «нет сомнений, что древние миграции достигли Индии как минимум 50 тыс лет назад», опять не приводя никаких данных. Сообщается, что основной мтДНК гаплогруппой в Индии является гаплогруппа М (действительно, в типичной выборке из 183 человек 134 имели гаплогруппу М (Behar et al, 2010), и 15 человек имели U2 – ту самую, которую нашли в Костенках с датировкой 33 тыс лет назад (см. ниже), но это тоже ни о чем в данном контексте не говорит. Автор (Majumder, 2010) отмечает, что большинство миграций в Индии происходили, видимо, в последние 8 тысяч лет.

Подобная же ситуация и с недавним обзором под названием «Генетическая история человека в Восточной Азии» (Stoneking and Delfin, 2010), в котором авторы рассматривают территорию от Урала до Берингова пролива и до Гималаев, а также острова Юго-Восточной Азии. Речь опять идет главным образом о «разнообразии» (diversity) без конкретизации, с бездоказательным отнесением к миграциям современного человека из Африки 50-70 тыс лет назад. Миграции обсуждаются в основном те, которые имели место 6-15 тыс лет назад, к последним авторы относят и миграции через Берингов пролив в Америку, и миграции носителей гаплогруппы N из Южной Сибири в Европу «против часовой стрелки», и австронезийские миграции со стороны Тайваня на острова Юго-Восточной Азии.

Авторы указывают на наличие мтДНК гаплогруппы М в Азии, и сообщают, что гаплогруппы М и N произошли 50-60 тыс лет назад (гаплогруппы N в Азии практически нет, за исключением Японии, где она резко выделяется – 88 из 1312 человек, то есть около 7%), но тут же сообщают, что эти датировки получены на основании ненадежных подходов, и что датировка по Y-хромосоме дает намного более недавние результаты.

В целом подход авторов (Stoneking and Delfin, 2010) как ориентация на «разнообразие» популяций без выявления пути, направлений и датировок их миграций представляется сомнительным, хотя это типичный подход популяционной генетики. Заметим, например, что «разнообразие» гаплогрупп R1b1a2 в Европе небольшое, и указывает на пребывание этой гаплогруппы (R1b) в Европе менее 5 тысяч лет, но миграции начались не менее 16 тысяч лет назад, видимо, из Центральной Азии, на что указывают очень древние варианты гаплогрупп у уйгуров, казахов, тувинцев, башкир. «Разнообразие» же у последних обычно нет, но маршрут древних миграций четко прослеживается, с понижением датировок от 16 тыс лет назад до нашей эры, именно в направлении от Центральной Азии в Европу. Если же смотреть на «разнообразие», пренебрегая датировками вдоль предполагаемых путей миграций, то можно немедленно прийти к выводу о Европе как месте зарождения R1b. Собственно, такой вывод и был сделан популяционными генетиками всего десять лет назад, и держался до последнего времени, пока не были опубликованные убедительные данные о том, что носители R1b прибыли в Европу из Азии около 5000 лет назад (Klyosov, 2009b).

Это же самое относится к «частотам» гаплогрупп или гаплогрупп, любимому инструменту популяционных генетиков. Частоты R1b в Европе значительно выше, чем в Центральной Азии, но это просто отражает успешную историю популяции после прибытия на новое место, в данном случае в Европу около 5 тысяч лет назад. Вывод опять тот же – без датировок «частоты» говорят только об одном, а именно об успешной истории популяции и о том, какая численность данной популяции в НАСТОЯЩЕЕ время. Это обычно и есть главный вопрос популяционной генетики, только время и место зарождения популяции здесь не при чем.

В итоге, авторы (Stoneking and Delfin, 2010) и не рассматривают возможность происхождения анатомически современных людей в Азии.

На первый взгляд статья (Shi et al, 2008) примечательна тем, что показывает, что, по интерпретации авторов, гаплогруппа D-M174 не происходит из Африки, распространена почти исключительно в Тибете, Японии и на Андаманских островах, и имеет «возраст» более 60 тысяч лет. Однако примечательность статьи резко уменьшается после более внимательного рассмотрения, поскольку оказывается, что авторы применили для расчетов «популяционную скорость мутаций» в гаплогруппах, что завышает датировки примерно в три раза. То есть речь идет о датировках гаплогруппы D в Азии примерно 20 тысяч лет назад. В этом ничего необычного нет, и в работе (Клёсов, 2011b) показано, что «возраст» гаплогруппы D примерно 42 тысячи

лет, и что она происходит от «бета-гаплогруппы», как и все неафриканские гаплогруппы, с «возрастом» 64 ± 6 тысяч лет назад.

АВСТРАЛИЯ И ОКЕАНИЯ

Предполагают, что человек достиг Австралии примерно 60 тысяч лет назад. Каменные и кварцевые артефакты там, а также в Папуа-Новая Гвинея, на Борнео, Тасмании и окружающих регионах находят начиная с 61 ± 13 тыс лет назад, остатки, приписываемые *Homo sapiens* – примерно с 45-42 тыс лет назад (Bowler et al, 1970, 2003; Mulvaney, J. and Kamminga, J., 1999; O'Connell and Allen, 2004). В целом, в Австралии имеются четыре региона с остатками человеческой деятельности начиная с 45 ± 3 тысячи лет назад (Carpenter's Gap, Riwi, Malakunanja и Mungo, на юго-западе, северо-западе, севере и юго-востоке Австралии, соответственно [Gillespie, 2002]).

Рассмотрению Y-хромосом и мтДНК современного населения Австралии посвящена работа (Hudjashov et al, 2007). В традиционной для современных популяционных генетиков манере они с самого начала изложения постулируют миграции современного человека из Африки, и обнаружение в Австралии Y-хромосомных гаплогрупп С и F относят к выходу их предков из Африки, хотя для самого изложения это и не требуется. В отношении мтДНК найденные в Австралии и Новой Гвинее гаплогруппы М и N давностью происхождения 50-70 тысяч лет назад тоже приписаны Африке, без каких-либо мотивировок, хотя в самой статье методика расчетов не описана и не проиллюстрирована.

В целом, никто и не рассматривают Австралию и Океанию как место происхождения анатомически современного человека.

АМЕРИКА

Сообщалось о находках каменных орудий в Аргентине с возрастом эпохи позднего плейстоцена, несколько миллионов лет назад, подобных находках в Калифорнии, находках в Мексике и Нью-Мексико возрастом 250 тысяч лет, в Канаде (Онтарио) времен Сангомонского межледникового периода 125-70 тысяч лет назад. Все эти находки оспаривались, несмотря на многочисленные свидетельства обитания плейстоценовых гоминид в Америке задолго до периода Кловис ($13-11$ тыс лет назад по разным способам расчетов). В итоге, ряд американских специалистов фиксируют начало освоения Американского континента современным человеком временем 50 тысяч лет назад и даже несколько раньше. Из более поздних

находок известны каменные орудия в Техасе с датировкой 38 тысяч лет назад, находки в Монте-Верде со спорной датировкой 33 тысячи лет назад, находки в Педра-Фурада в Южной Америке с датировкой 40-17 тысяч лет назад, и многочисленные находки периода 20-11 тысяч лет назад.

ДНК-генеалогические датировки дают время жизни общего предка популяции гаплогруппы Q1a3a 16300±3300 лет назад (Klyosov, 2009b), причем некоторые серии гаплотипов практически совпадают с гаплотипами современных монголов той же гаплогруппы, с датировкой 13700±3700 лет назад. По времени это смыкается с культурой Кловис примерно 13 тысяч лет назад, признаки которой найдены по всей Северной Америке.

Из более недавних археологических находок можно отметить Кактус Хилл на Юго-Востоке Северной Америки (датировка 15-16 тыс лет назад), Buttremilk Creek (Техас) 15-13 тысяч лет назад (с орудиями типа примитивного Кловис), Meadowcroft (восточная часть Северной Америки) 12 тысяч лет назад, в Нью-Мексико с датировкой 11 тысяч лет назад, и Kennenwick 9 тысяч лет назад (цит. по Arnaiz-Villena et al, 2010).

Относительный консенсус среди антропологов состоит в том, что Американский континент был последним, который заселил человек, и что заселение было из Азии (O'Rourke and Raff, 2010). Это в первую очередь относится, по мнению многих авторов, к более поздней миграционной «волне», в период времени 20-10 тысяч лет назад.

Наиболее распространенные в Америке митохондриальные гаплогруппы – А, В, С и D, наиболее распространены и в Азии, а именно:

- в Японии (А, В и D – 90, 174 и 492 из 1312 человек, соответственно, то есть 7%, 13% и 38%),
- среди якутов (С и D – 45 и 35 из 117 человек, то есть 38% и 30%),
- у монголов (D – 19 из 48 человек, то есть 40%),

и у остальных этнических групп Азии

- митохондриальная гаплогруппа А – на втором месте – в Узбекистане, около 5%, и немного среди монголов и уйгур;
- В – на первом месте среди мяо [miaozu] – 32 из 142 человек, или 23%;
- С – на втором месте у мяо – 12 человек из 142, то есть 8%
- D – на третьем месте среди китайцев хан – 12 из 47 человек, то есть 26%, далее у мяо, 19%, и у узбеков, 11%.

На первый взгляд, трудно привести более сильные аргументы, что современные (во всяком случае) американские индейцы – потомки азиатских и мужчин, и женщин. В то же время гаплогруппа X, также найденная в Америке, не имеет никакого конкретного отнесения за пределами Американского континента. В порядке убывания ее доли среди нескольких этнических групп можно перечислить друзов (13%), сефардских евреев (7%), ливанцев, киприотов, марокканцев (6%), итальянцев, румынов и турок (5%), русских и армян (4%), и так далее (по данным Behar et al, 2010). Как видно, никакой географической системы. С другой стороны, могут работать и симметричные аргументы, что эти митохондриальные гаплогруппы были, напротив, принесены в Азию из Америки в последние 10 тысяч лет. Насколько нам известно, никто этот вариант не отменял, поскольку для этого нужно иметь датировки общих предков мтДНК, которых нет.

Интересно, что распространенные в Японии гаплогруппы M, N и G в Америку не попали, хотя их численность не уступает гаплогруппам A и B, и тем более C. То есть либо в Японию и Америку ушли разные ветви мтДНК, либо, напротив, они были принесены в Азию из Америки. Этот вопрос пока в литературе не решен.

В целом, место Америки в общей картине древних археологических находок можно оценить по сводной таблице находок среднего палеолита и верхнего палеолита (таблица ниже). Данные в таблице отнюдь не исчерпывающие, и по среднему палеолиту (как правило, предшественники *Homo sapiens*) представляют суммарно 63 находки, из которых:

- Африка - 24 находки, от 350 до 90 тыс лет назад
- Европа - 8 находок, 240-130 тыс лет
- Левант, Израиль, Сирия, Ирак - 7 находок, 240-50 тыс лет
- Азия - 2 находки, 150-100 тыс лет
- Крым - 1 находка, 80-40 тыс лет

По верхнему палеолиту – 53 находки:

- Африка - 15 находок, 120-40 тыс лет назад, из них 8 *Homo sapiens*, согласно авторам находок
- Европа - 22 находки, 40-12 тыс лет, из них только 2 *Homo sapiens* (Чехия и Болгария), остальное, как правило, только каменные инструменты
- Сибирь - 5 находок, 40-30 тыс лет назад, а также данные по миграции европеоидов 50-40 тыс лет назад на север
- Русская Равнина - 2 находки (Костенки и Сунгирь), 33 тыс лет назад (см. ниже)

и 29-20 тыс лет

-- Израиль, Турция - 2 находка, 45-30 тыс лет, 41 тыс лет

-- Азия - 2 находки (Китай и Индонезия), 150-120 тыс лет

-- Узбекистан, 1 находка, 70 тыс лет, неандерталец.

-- Америка - 1 находка, 50 тыс лет

-- Австралия - 1 находка, *Homo sapiens*, 62±2 тыс лет; авторы отмечают, что не из Африки.

Как видно, место находок Америки здесь минимально. Это, впрочем, может отражать отношение антропологической общественности к находкам в Америке, и многие из последних просто не цитируются. Помимо того, число находок обычно коррелирует с численностью и плотностью популяции, не считая климатических условий и соответствующей сохранности находок. То обстоятельство, что в Америке найдены не менее половины языков мира, тоже не очень стыкуется со столь малым числом находок на континенте.

РУССКАЯ РАВНИНА (ВКЛЮЧАЯ СЕВЕРНЫЙ КАВКАЗ)

Если сжато перечислить датировки, признанные в международной антропологической среде, то в дополнение к списку выше (см. Европа) с датировками европейских анатомически современных людей между 40 (Pestera cu Oase) и 29 тыс лет, добавятся Buran-Kaya III, 31.9±0.2 тыс лет, и Костенки, 32.6±1.1 тыс лет (Prat et al., 2011), среди авторов последней статьи А. Ваневич из Института археологии Украины. В работе (Richards et al, 2001) датировка человеческой кости из Костенок дана как 34-31.5 тыс лет. На сайте «Костенки» (www.donsmaps.com/lioncamp.html) датировка для костных остатков на Русской Равнине дана как 39-34 тыс лет. Более детально, датировки распределяются как 37-34 тыс лет для Костенки 1, 36 тыс лет для Костенки 12 и Костенки 17, 33 тыс лет для Костенки 14, 21 тыс лет для Костенки 11. В целом в Костенках насчитывают до 21 стоянок, все с датировками верхнего палеолита.

По мнению авторов (Prat et al, 2011), если антропологическая картина в Западной Европе уже устоялась, и миграции древнейших анатомически современных людей в Европу хорошо известны, то соответствующие данные и представления для Восточной Европы нечетки. Тем не менее, авторы (Prat et al, 2011) подчеркивают, что как в Западной Европе, так и в Восточной имеется сходная группа древнейших анатомически современных людей с датировками в диапазоне 40-29 тысяч лет назад.

Как отмечалось выше, в целом среди антропологов есть согласие, что анатомически современные люди в Европе, на Русской Равнине, на Кавказе

и Ближнем Востоке ранее 41 тыс лет назад не найдены, но что датировки, в принципе, с учетом обнаруженных стоянок, могут быть подняты во всех указанных регионах до 50 тыс лет назад, что обычно и делают. В этом отношении следует отметить, что оценки с помощью датировок мтДНК показали, что древнейшие обнаруженные линии в Европе относятся к гаплогруппам U и U8 примерно 56-51 тыс лет назад (точнее, 63-49 тыс лет назад и 59-44 тыс лет назад, соответственно), хотя их субклад K появился на Ближнем Востоке только примерно 32 тыс лет назад (Soares et al, 2010). Это – хоть и не решающий аргумент, но все же косвенно свидетельствующий, что миграции анатомически современного человека в те времена могли происходить с севера на юг, а не наоборот. В Костенках 14 с датировкой костей примерно 33 тыс лет назад была найдена линия мтДНК гаплогруппы U2 (Krause et al, 2009). Это намного старше «возраста» типичной европейской (в настоящее время) гаплогруппы H, датировка которой оценивается в 15-18 тысяч лет.

Здесь уместно отметить, что в настоящее время доля гаплогруппы U2 в России составляет 1.5% (трое из 198 человек), такое же количество в Белоруссии, во Франции, на севере Италии, в Иране, и близко к такому количеству в Ливане, Иордании, Йемене, и в Испании. Максимальное же количество этой гаплогруппы в мире – среди пуштунов (16%) и макрани (9%) (по данным Behar et al, 2010). Это опять обрисовывает возможный ареал древнейшего анатомически современного человека и его древнейших миграций – Русская равнина, Европа, возможно также Ближний Восток (см. также заключение настоящего раздела).

СИБИРЬ

Обратимся коротко к палеолитическим находкам Сибири, отнесённым к *Homo sapiens*. Это важно рассмотреть в контексте возможных древнейших миграций человека разумного в Сибирь с Русской равнины, поскольку миграций с других направлений в Южную Сибирь в период 45 – 20 тысяч лет назад не просматривается. Согласно недавнему сжатому обзору (Kuzmin et al, 2009, и ссылки там же), таких находок, а именно скелетных фрагментов *Homo sapiens* в Сибири имеется восемь.

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 Денисовской пещеры, (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 – 43 тысячи лет назад, у деревни Байгара Тобольского района Тюменской области. 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.

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).

Итак, если считать – как вариант – местом формирования современного человека Русскую равнину, то можно либо допустить обширную миграцию, либо опереться на автохтонное происхождение анатомически современных людей. Рассмотрим свидетельства в пользу второго варианта, то есть происхождения современного человека на Русской равнине.

Археологический материал раннего верхнего палеолита на Восточно-Европейской равнине рассмотрен в недавней работе (Hoffecker, 2011). Автор приходит к выводу, который совершенно очевиден, и который западным антропологам стоило было сделать много лет назад – что археологический материал верхнего палеолита на Русской равнине можно рассматривать в широком контексте Евразийской антропологии и даже в глобальном контексте. Автор говорит о необходимости «пересмотра» отношения западных исследователей к материалу Восточно-Европейской равнины. Вместе с тем автор проводит рассмотрение этого материала настолько осторожно, что кроме «необходимости пересмотра» других выводов не делает. Например, автор многократно повторяет, что есть «близкая связь» между верхнепалеолитической индустрией Русской равнины и центральной и западной Европы, что они развивались «в одно и то же время» (хотя многократно цитирует датировки европейских памятников 42000-40000 лет назад, а памятники Русской равнины 50000-40000 лет назад, или >48000-42000 лет назад), что на Русской равнине крайне мало стоянок (natural shelters), что скелетных остатков крайне мало на

Русской равнине (при этом даже не упоминает, например, сохранившиеся детские скелеты в Сунгирях, как и другие костные палеоматериалы Русской равнины).

При этом, говоря о «близкой связи» и сходстве археологических материалов Русской равнины и Центрально и Западной Европы, автор ни разу не упомянул о возможности верхнепалеолитических миграций человека с востока на запад. Он пишет либо о «популяционных миграциях в Европу», либо о «передвижениях в южную, центральную и восточную Европу с Ближнего Востока», либо о «миграциях в Восточную Европу», либо об «общем контексте миграций человека в северной Евразии». Статья совершенно определенно отводит Русской Равнине вторичную роль в заселении человеком Евразии, хотя так и остается непонятным, на каком основании такой вывод делается.

На самом деле, если исповедовать осторожный подход, то следует рассматривать весь регион Ближний Восток – Кавказ – Западная/Центральная Европа – Восточно-Европейская Равнина как вероятный бассейн зарождения анатомически современного человека, наряду с Африкой и Северной Америкой. И, после формулирования такого положения, рассмотреть, какие есть основания к выделению одного из указанных регионов в качестве наиболее вероятного. Это – скорее работа будущего. Пока же отметим, что картина расселения человека современного типа, складывающаяся из картины распространения соответствующих культур, выглядит так. Самые древние (с 50-го тыс. до н.э., а возможно и с 64 ± 6 тыс лет назад) верхнепалеолитические культуры сформировались на Русской Равнине. К 44 тыс лет назад современный человек заселил часть Европы, к 40 тыс. лет назад – Ближний Восток. Мощност поселений была слабой (в Европе) или крайне слабой (на Ближнем Востоке).

О происхождении европеоидов

ДНК-генеалогия выстраивает довольно четкий и осмысленный подход к происхождению европеоидов. Естественно, Y-хромосома не может определять антропологию человека, его облик и расовые признаки. Более того, женщины определяют это признаки не в меньшей степени, чем мужчины. Но это признаки могут поддерживаться в течение неопределенно долгого времени, тысяч и десятков тысяч лет, при наличии определенной консервативности в выборе партнеров. Похоже, этот консервативный выбор поддерживался в течение этих тысяч и десятков тысяч лет, и причиной этого были и географическое разделение исходных

(или образованных) рас, и предпочтения в выборе партнеров, которые в большинстве были внутривидовыми. В результате расы в значительной степени сохранились, и это невозможно отрицать. Естественно, есть и межрасовые варианты, но они у подножия «колоколообразной кривой распределения». Потому русские выбирают в партнеры русских женщин европеоидной внешности, что и соответствует «эталонам привлекательности», монголы – монголоидов, евреи – евреев, а чернокожие – чернокожих. Опять, естественно, есть исключения, но не они определяют общую картину. Это же показывают и данные по геному человека, по которым есть довольно четкая корреляция картины снупов с этничностью, с расами.

Дерево 22-маркерных гаплотипов и совмещение его с деревом гаплогрупп ясно показывает, что суммарное дерево образует «куст» гаплогрупп, которые изначально были «европеоидными», и которые в большинстве эту европеоидность сохранили до настоящего времени, опять же, в своей массе, а не в ряде исключений. Например, в Центральной Африке (Камерун, Чад) живет популяция носителей гаплогруппы R1b1, имеющих классические негроидные признаки, и говорящая на местных языках. Известно, что для приобретения характерных расовых признаков достаточно одного-двух поколений. И тем не менее, R1b1 в своем большинстве – типичные европеоиды.

Отмеченный «куст» предположительно исходных европеоидных гаплогрупп, видимо, сформировался из начальной сводной европеоидной гаплогруппы F-T примерно 58 тысяч лет назад, после последовательного отхода гаплогрупп В (в последующем африканской гаплогруппы), С (монголоидной и полинезийской, океанической), и DE (ближневосточной, затем разошедшейся на североафриканскую и азиатскую – Тибет, Монголия, Япония, Юго-Восточная Азия).

Сводная гаплогруппа F-T в дальнейшем разошлась на гаплогруппы F, G, H, I, J, K, L, M, N, O, Q, R, T. Типичные примеры современных европеоидных этничностей среди них – G (иранцы и кавказцы, например, осетины), H (среди них – цыгане, несомненные европеоиды), I (до четверти этнических русских, скандинавы, многие европейцы), J (арабы, евреи, жители северного Средиземноморья), T (жители Ирана, в небольшой части России, Индии, среди них немало традиционных огнепоклонников), N (уральцы и угро-финны), Q (сибирские народы и американские индейцы), R (восточно- и западно-европейцы). Представитель гаплогруппы K, Томас Джефферсон (иногда его относят к гаплогруппе T), безусловный европеоид. В то же время среди гаплогрупп этого «куста» есть те, часть популяции которых приобрели характерные признаки народов, с которыми смешались, и в

некоторой степени вышли из категории европеоидов. Это – гаплогруппа L, в основном дравиды Индии, Пакистана, Цейлона (Шри Ланка), и то не сама гаплогруппа L, а ее субклады. Гаплогруппа M – в основном папуасы Новой Гринии (от трети до двух третей населения, то есть исключительно локализованная гаплогруппа). Гаплогруппа O – в основном встречается в юго-восточной Азии – Китай, Корея, Япония, но поскольку она вышла из сводной гаплогруппы NO, а перед тем NOP, то ее исходное отношение к европеоидам несомненно.

Таким образом, гаплогрупп, в основном «поменявших ориентацию» от европеоидной, не так много, это всего лишь гаплогруппы L, M и O. Датировка отделения исходного европеоидного «куста» – примерно 58 тысяч лет назад, что довольно вскоре после сводной неафриканской бета-гаплогруппы, с датировкой 64 ± 6 тыс лет назад. Это еще раз подчеркивает, что бета-гаплогруппа не была африканской. По предварительным оценкам, гаплогруппы G и H отделились примерно 50 тыс лет назад, сводная гаплогруппа IJK отделилась примерно тогда же, 50 тыс лет назад, сводная гаплогруппа NOP примерно 50 тыс лет назад, и разделение на NO и P – примерно 47 тыс лет назад (с последующим разделением N и O – 23 тыс лет назад).

Таким образом, европеоиды как раса стала оформляться примерно 58 тысяч лет назад, видимо, на общей территории центральной и восточной Европы, что и имеет название Восточно-Европейской равнины, или Русской равнины. Более детальное отнесение пока провести не представляется возможным.

Некоторые параллели с лингвистикой

То, что в лингвистике описывают как ностратическую семью языков, можно сопоставить с языком исходного европеоидного «куста» гаплогрупп, который образовался примерно 58 тысяч лет назад (см. выше). Далее можно выделять разные временные уровни, или «слои» «ностратического языка», проходя через язык сводной гаплогруппы NOP (до 50 тысяч лет назад), отдельных гаплогрупп NO и P (23 и 36 тысяч лет назад), отдельных гаплогрупп Q и R (между 36 и 30 тыс лет назад), и вплоть до расхождения европеоидных гаплогрупп R1a и R1b примерно 15 тысяч лет назад, которые обе мигрировали в Европу по «южной дуге» и «северной дуге», соответственно. Последний период и принимается обычно лингвистами, которые разделяют «ностратическую теорию», за ее времена, 15-13 тыс лет назад. На самом деле это просто последний этап расхождения крупных языковых семей, прото-индоевропейской и той, у которой нет устоявшегося

названия. Это и прото-тюркская, и сино-кавказская, и дене-кавказская, у которой на разных исторических этапах находят элементы северокавказских языков, и шумерского языка, и баскского, и многих неиндоевропейских языков Европы, включая, возможно, лигурийский, этрусский, иберийский, и другие языки предположительно (или определенно) носителей гаплогруппы R1b1. Поскольку по перечисленным (во второй серии) языкам у лингвистов нет ни только единства, но и маломальского согласия, то назовем этот язык древних носителей гаплогруппы R1b «эрбин», чтобы не вносить дополнительной путаницы со спорными названиями одного и того же языка в его динамике на протяжении от 15 до 3 тысяч лет назад.

Поскольку носители «ностратических языков» на предыдущих уровнях развития включали и гаплогруппу N, которая повела алтайскую группу языков, и затем уральскую и финно-угорскую; гаплогруппу O, которая создала сино-тибетскую языковую суперсемью, и гаплогруппу P, которая в свою очередь разошлась на гаплогруппу Q, которую сейчас имеют многие тюркоязычные народы, а также большая группа американских индейцев, и гаплогруппу R, которая в значительной степени охватывает современных носителей индоевропейской языковой семьи (в значительной степени восточно-европейская гаплогруппа R1a1 и центрально- и западноевропейская гаплогруппа R1b1, то все эти языки, как известно, находят свое отражение в ностратической семье языков. Удивительно, насколько долго смогли удержаться наиболее устойчивые фрагменты лексики этих древних языков, которые в итоге вошли в столь разнообразные современные языковые семьи, и их «перекличка» прослеживается и сейчас, между уральскими, тюркскими, индоевропейскими, сино-кавказскими, сино-тибетскими, на-дене языками.

Поскольку гаплогруппы N, O, R1a, R1b начали активные и продолжительные миграции по Евразии в разных направлениях, как представляется, в основном из Южной Сибири - на север и далее на восток, в Америку (Q), на север и далее на запад, через Урал до Балтики (N), на юг и юго-восток (O), на запад по северной азиатской дуге, через Среднюю Азию, Южный Урал, среднюю Волгу, Кавказ, Малую Азию, Ближний Восток и до Европы (R1b1), на запад по южной азиатской дуге, через Тибет, северный Индостан, Афганистан, Иран, Анатолию и остальную Малую Азию и до Европы (R1a1), то именно тогда, 15-10 тысяч лет назад происходило формирование основных языковых макросемей. Но это ни в коей мере не означает, что до этого был некий единый «ностратический язык». Динамика этих миграций, выявляемая ДНК-генеалогией, позволяет лучше представить динамику формирования языковых семей и групп, начиная с первых ностратических языков, предположительно сводных «европеоидных»

гаплогрупп 58-50 тысяч лет назад, и до времени ее распада на макросемьи 15-10 тысяч лет назад. По-видимому, расхождение носителей гаплогрупп и соответствующее формирование языковых семей совпадают и с динамикой и регионами распространения культур крашеной керамики.

В этом отношении следует подчеркнуть, что африканские языки, начиная с щелкающих, не имеют зон соприкосновения с евроазиатскими языками, то есть не имеют общего происхождения. Это тоже соответствует динамике эволюции гаплогрупп, начиная с «протоальфа-гаплогруппы» более 160 тысяч лет назад, «альфа-гаплогруппы» 160, гаплогруппы А 140-85 тысяч лет назад, и неафриканских гаплогрупп, начиная с «бета-гаплогруппы» 64 тысячи лет назад. Сам этот факт в значительной степени исключает переселение носителей африканских языков на территории Евразии.

Итак, картина представляется следующей. Анатомически современный человек сформировался на европейском поле (Центральная Европа и Русская равнина, возможно, северная Месопотамия-Левант) примерно 65-50 тыс. лет назад, оставил после себя верхнепалеолитические культуры, которые несколькими потоками распространились в Европу (с 42 тыс лет назад), отсюда, предположительно, в сторону Африки, через Испанию; на Ближний Восток (с 40 тысяч лет назад) и в Прибайкалье (с 25 тысяч лет назад). Вторая волна расселения современного человека, из Центральной Азии в Европу состоялась в интервале 20-11 тыс. лет назад (R1a1) и 16 - 4 тыс лет назад (R1b1).

Кто и где стал предковым видом человека современного типа? Складывается следующая картина: более развитый антропологический тип и сопутствующие ему археологические культуры сформировались на более развитых предшественниках. Если рассмотреть Африку, то ашельские палеоантропы сформировались на подобных себе, датируемых 100, 200, и 500 тысяч лет назад. Датировка сапиентных признаков среди антропологического материала Африки до сих пор вызывают гораздо больше споров, чем согласия.

В Европе с 200-го тыс лет назад обитали неандертальцы, которые вымерли к 30-28 тыс. лет назад. Выдвигаются предположения, что не вымерли, а были ассимилированы пришлыми неантропами. Кратко рассмотрим, почему это крайне маловероятно, и каковы основания в пользу таких предположений.

О неандертальских предках современного человека

В этом вопросе – клубок взаимно противоречащих данных. Рассмотрим их кратко, и в то же время критически.

Анализ генома неандертальцев (Green et al, 2006; Noonan et al, 2006) поначалу привел к выводу, что неандертальцы не могли быть предками современного человека, и их ДНК-генеалогические ветви разошлись 370 тысяч лет назад (Noonan et al, 2006). Другие, более недавние оценки, дают величину для расхождения неандертальцев и предков современных людей 660 ± 140 тысяч лет назад (Green et al, 2008). Независимые методы, базирующиеся на краниометрических измерениях, дают времена расхождения 435 тысяч или 311 тысяч лет назад, в зависимости от заложенных условий (Weaver, 2009). Костные останки, определенно классифицируемые как принадлежащие неандертальцам, обычно датируются от 130 тысяч лет назад до 35 тысяч лет назад (Weaver, 2009).

Ещё одна работа по датированию времён расхождения предков современного человека и неандертальца привела к выводу, что это расхождение произошло 516 тысяч лет назад, в пределах 95%-го доверительного интервала между 569 и 465 тысяч лет назад (Green et al, 2006). Используя те же методы, авторы заключили, что расхождение между линиями человека сходится (точка коалесценции) к 459 тысячам лет назад, с 95%-ным доверительным интервалом между 498 и 419 тысяч лет назад. Иначе говоря, вероятность временного пересечения между этими линиями, человека и неандертальца, хотя и отлична от нуля, но определенно мала.

Последующая работа по сопоставлению генома человека и неандертальца привела к осторожному предположению (которое было далее тиражировано как факт), что в геноме современного человека может быть между 1-4% генетического материала неандертальцев (Green et al, 2010). Авторы провели непростые расчеты, взяв для сопоставления с геномом неандертальца, шимпанзе и орангутанга – пять геномов человека, племени Йоруба из Западной Африки, племени Сан из Южной Африки, папуаса с Новой Гвинеи, китайца, и француза. Для оценок времени жизни общих предков неандертальца и человека опирались на оценки времени расхождения ДНК у человека и шимпанзе (5.6-8.3 миллиона лет назад), и полученные 1-4% опирались на это оценочное расхождение. Здесь тоже заложена потенциальная погрешность, поскольку, недавно эта величина была пересмотрена, и авторы заключили, что расхождение человека и шимпанзе произошло 3.92-5.91 миллионов лет назад (Sun et al, 2011).

Наконец, в геномах человека и неандертальца выявляли определенные снипы (SNP), разумно полагая, что чем больше новых снипов, тем более недавний геном. При этом доля таких «новых» снипов составила (в порядке увеличения): неандерталец 18.0%, африканец племени Сан 26.3%, папуас 29.3%, француз 29.7%, китаец 29.8%, африканец племени Йоруба 30.6%. В итоге таких расчетов было предположено, что популяции неандертальцев и современных людей разошлись в интервале 270,000 до 440,000 лет назад. Это в целом согласуется и с другими данными, полученными ранее (см. выше). При этом в статье показано, что расхождение аутосомальных ДНК у неандертальцев и современных людей произошло 825,000 лет назад, хотя авторы подчеркивают, что это очень приблизительная оценка, которая базируется на ряде допущений.

Это опять подтверждает, что неандертальцы в целом – не предки человека. Собственно, мало кто утверждает, что предки. Авторов занимал в основном другой вопрос – а оставили ли неандертальцы и люди общих потомков, пусть редких? Иначе говоря, есть ли в геноме современных людей фрагменты ДНК, попавшие от неандертальцев уже ПОСЛЕ их расхождения с людьми как популяции. Здесь, видимо, есть некоторое противоречие – сначала авторы установили, что популяции разошлись 270-440 тысяч лет назад, а потом спрашивают, а расходились ли популяции? Или все-таки расходились не совсем, чтобы полностью? Анализ этого вопроса затруднен тем, что подавляющее большинство фрагментов ДНК идентично и у человека, и у неандертальца, поскольку они имеют общего предка.

Еще один вопрос занимал авторов статьи – а к кому ближе неандертальцы по геному, к африканцам или неафриканцам? Здесь опять рассматривались снипы в геномах у неандертальцев и современных людей с разных континентов, а именно у двух американцев европейского происхождения, двух восточно-азиатов, и четырех западно-африканцев. При этом ряд старых снипов вычеркивались, например те, что есть и у шимпанзе. В целом в геномах пяти современных людей было насчитано 5,615,438 снипов, и примерно в 10% их у неандертальцев были отличия. Было найдено, что неандертальцы равноудалены от европейцев и восточно-азиатов, но значительно дальше от африканцев. Наконец, было показано, что имел место поток (скорее, ручеек) генов между неандертальцами и людьми, причем только от неандертальцев к людям. Полагая, что это могло происходить только между 80 и 50 тысячами лет назад, было рассчитано, что доля «предковости» неандертальцев в современных людях составляет от 1% до 4%.

В заключение авторы пишут, что сформировавшаяся к последнему времени точка зрения на происхождение людей сводится к тому, что предками

современных людей была небольшая группа африканцев, которые заменили архаичные формы людей без смешивания с ними. Но, как продолжают авторы, полученные в их двух статьях данные могут противоречить такой схеме. Получается, что неандертальцы ближе к неафриканцам – европейцам и азиатам, чем к африканцам (см., однако, выше). В принципе, обе модели можно совместить, как полагают авторы. Более того, генный поток (ручеек) от неандертальцев к людям происходил, видимо, до разделения их на европейцев и папуасов, то есть вскоре после выхода из Африки, например, на Ближнем Востоке. Археологические (но спорные, см. выше) данные показывают, что анатомически современные люди были на Ближнем Востоке даже ранее, чем 100 тысяч лет назад, и неандертальцы обитали там же до примерно 50 тысяч лет назад.

Естественно, то, что было авторами получено – это не прямые доказательства, а результаты интерпретаций, к которым есть немало альтернативных объяснений. Например, сам факт, что авторами объявлено, что «доля» генома неандертальцев одинакова в геномах как папуасов, так и европейцев, уже настораживает, поскольку неандертальцы на Новой Гвинее, да и вообще в Юго-Восточной Азии замечены не были. Авторы пытаются выйти из положения тем, что якобы это вливание было на Ближнем Востоке, но далеко не факт, что носители гаплогруппы С (предки современных папуасов) вообще шли через Ближний Восток, а не мигрировали вдоль Индийского океана на восток. Такая же неопределенная ситуация с направлением «генного потока» именно от неандертальцев к людям, но не наоборот, хотя эти показатели обычно симметричны. Такая же ситуация с большим удалением от африканцев, хотя в качестве африканцев использовались явно ограниченные варианты. Более того, в самой Африке было много разных предков человека, и в них могли быть самые разнообразные сочетания «потоков генов» от давно вымерших предков. Так что эти «1 до 4%» вполне могли быть не от неандертальцев, а от других предков человека на той же эволюционной линии, которые тоже могли быть представлены разными популяциями. Авторы, несомненно, отдают себе в этом отчет, потому и постоянные оговорки по тексту, что это всего лишь варианты предположений. Широкая пресса, конечно, подхватила самые экстравагантные, «кассовые» варианты.

Через десять дней после публикации указанных двух статей в Science, 17 мая 2010 этого года, итальянские исследователи из Флорентийского университета выпустили пресс-релиз, в котором фактически денонсировали выводы группы Сванте Паабо в описанной выше публикации в Science. Совершенно очевидно, что это открытое столкновение двух научных школ. Пресс-релиз объявляет, что «последние итальянские генетические исследования подтверждают теорию, что

современные европейцы не произошли от неандертальцев, в противовес недавнему исследованию, что ДНК неандертальцев присутствует во многих современных людях». Эти исследования проводятся совместно большой группой генетиков из Италии и Франции, и в первую очередь показывают, что ген микроцефалина не содержался в неандертальцах, и что неандертальцы не ближе к европейцам, чем к африканцам, и в пресс-релизе называют выводы группы Сванте Паабо «спекуляциями».

Из последних работ по данной тематике стоит отметить статью (Yotova et al, 2011), в которой авторы рассматривали некоторые гаплотипы X-хромосомы, а именно гаплотипы гена дистрофина, под названием dys44. Было показано, что в 6092 X-хромосомах современных людей со всех континентов имеются 12 полиморфных вариантов гаплотипов dys44, обозначаемых от B001 до B012. Авторы показали, что процентное содержание, то есть доля этих гаплотипов у африканцев (1420 человек) и у неафриканцев (4672 человека) значительно различаются. Например, B001 обнаружен у 35.8% неафриканцев, но только у 12.5% африканцев. B004 есть всего у 0.1% африканцев (найден только у одного человека), но у 4.7% неафриканцев (220 человек). B007 не найден ни у одного неафриканца, но обнаружен у 101 африканцев (7.1%). B006 найден только у шести африканцев (0.4%), но у 406 неафриканцев (8.7%). Данные могли бы быть интерпретированы в пользу различного происхождения африканцев и неафриканцев, но авторы решили, что данные свидетельствуют о неандертальцах, а именно, что последние смешивались с предками неафриканцев, но не с африканцами. Поэтому и содержание гаплотипов разное у тех и других. Авторы выбрали гаплотип B006 для более подробного рассмотрения, причем их не смутило, что гаплотипа B006 у неандертальцев не обнаружено, но обнаружен гаплотип dys44, в котором 15 аллелей из 35 остались неидентифицированными, и который имел две аллели, совпадающие с двумя из четырех аллелей B006 у людей. Таким образом было засчитано, что у неандертальцев был гаплотип B006, а поскольку этого гаплотипа мало у африканцев (6 человек), но много у неафриканцев (406 человек), то авторы решили, что это свидетельствует о примеси генома неандертальцев у последних, но не у неафриканцев. Более того, авторы рассчитали, что примеси генома неандертальцев у неафриканцев составляют 9%. Наличие гаплотипа B006 у шести африканцев объяснили поздней примесью от неафриканцев. Авторов также не смутило, что наибольшее количество гаплотипа B006 наблюдается среди нативного населения Америки, в которой неандертальцев не было обнаружено. Почему в шести случаях из 12 содержание гаплотипов dys44 выше у африканцев – авторы тоже не пояснили. Вопросы, не мог ли гаплотип быть занесен в образцы генома неандертальцев из других

источников, хотя примеси в ископаемых геномах гоминидов обычно представляют серьезную проблему, авторы тоже не касались.

Здесь следует отметить, что ни в Y-хромосомах, и в мт-ДНК современного человека никаких необычных гаплогрупп или гаплотипов не обнаружено, за исключением тех четырех гаплотипов современных африканцев гаплогруппы А, описанных в работе (Клёсов и Рожанский, 2011) и процитированных выше, с оценочной датировкой 160 тысяч лет назад. Но это – четыре африканских гаплотипа из сотен тысяч известных гаплотипов планеты, которые надежно отнесены к соответствующим ДНК-линиям и гаплогруппам, выстраивающимся в дерево гаплогрупп, на котором для неандертальцев места нет. Есть, конечно, альтернатива, что все мы без исключения неандертальцы, но тогда непонятны выводы про 1-4% неандертальцев в наших геномах. Иначе говоря, или все мы неандертальцы, или все мы (за исключением нескольких обнаруженных африканцев гаплогруппы А, которая не является предковой для неафриканцев) не потомки неандертальцев.

Теперь еще раз о том, откуда эти неандертальские 1-4% появились в научной печати. Это – не некие абстрактные 1-4%, а соответствующая доля снипов (SNP, Single Nucleotide Polymorphism), которые были приписаны неандертальцам в результате сложных и неоднозначных расчетов по сотням тысяч снипов человеческого генома. Дело в том, что во всех наших геномах, мужчин и женщин, есть тысячи и тысячи снипов от древних гоминидов, в том числе от шимпанзе, орангутанга и так далее. Так, в геноме человека 87% всех снипов такие же, как в геноме шимпанзе (Schustler et al, 2010). Они есть и в геноме неандертальцев, и в нашем геноме. Все гоминиды, предшествующие неандертальцам и нам, оставили миллионы снипов по всей эволюционной цепочке, как река расходится по десяткам и сотням рукавов, и везде несет то же самое течение со всеми примесями, во все рукава. Поэтому найти одни и те же снипы в геноме неандертальцев и у нас – дело совершенно закономерное и неизбежное, потому что мы родственники, один и тот же род *Ното*.

Значит, сходство снипов у нас и неандертальцев – это не критерий того, кто от кого произошел. Поэтому авторы исследования пошли по более сложному пути – найти снипы, которые есть у нас и неандертальцев, но нет у предшествующих гоминидов. Задача архисложная, потому что непосредственно «предшествующих гоминидов» нет, как нет их геномов, и они не анализировались. А брать за основу геном шимпанзе – это «отфильтровать» только снипы давностью несколько миллионов лет. Их и отфильтровали. Остались те снипы, которые могли образоваться между шимпанзе и неандертальцем. Поэтому дальше – ряд предложений и

допущений, на выходе из которых и получились те самые 1-4%. Авторы были осторожны, но их читатели и продолжатели – нет. Так что эти 1-4% якобы от неандертальцев никак не могут быть основанием для серьезных выводов.

Если в современных людях «примеси» неандертальцев в геноме составляют всего несколько процентов, как интерпретируют некоторые, то среди сотен тысяч гаплотипов современных людей должны быть тысячи необычных гаплотипов, которые не вписываются в дерево гаплогрупп. Этого не наблюдается. Значит, метисаций с неандертальцами не было, или их пока не нашли. Причем не было ни по мужской, ни по женской линиям ДНК. Причем не было ни только с неандертальцами, но и с любыми «архантропами», которые не вписывались бы в гаплогруппы и гаплотипы неафриканцев. Все линии мужчин-неафриканцев, которые идут с 64000 ± 6000 лет назад, никаких необычных «архантропов» в гаплотипах не показывают. А более древних гаплотипов-гаплогрупп в современных неафриканцах нет, или не обнаружены.

Это же относится ко многим предположениям генетиков, например, об интрогрессии гена микроцефалина в геном человека из некой архаичной линии рода *Homo* (древностью 1.1 миллиона лет) примерно 37 тысяч лет назад, что, по предположениям авторов (Evans et al, 2006), привело к увеличению объема головного мозга, что сейчас выражено, по данным авторов, у 70% нынешней популяции человека. Однако такая интрогрессия должна была произойти или по мужской, или по женской линии. Никаких архаичных линий древностью более миллиона лет назад ни в Y-хромосомальных, ни в мтДНК гаплотипах не просматривается. Естественно, можно предположить ситуацию, когда гаплотипы потерялись на пути чередования, чересполосицы мужских и жестких линий, но убедительность уже теряется. Более того, авторы недавней работы по геному неандертальца (Green et al, 2010) подчеркивают, что «гаплотип D» гена макроцефалина в геноме неандертальца не обнаружен.

Стоит упомянуть недавнюю работу (Pinhasi et al, 2011), в которой авторы приходят к выводу о принципиальных (методологических) систематически заниженных в литературе датировках возраста неандертальцев в среднем и раннем верхнем палеолите в западной Евразии и на Кавказе, и что эти датировки ни в одном случае не должны быть менее, чем 40 тысяч лет назад. В свою очередь, по мнению авторов, это сводит к минимуму возможные взаимодействия неандертальцев с анатомически современными людьми в указанных регионах.

Так что противоречия пока не разрешены, и исследования продолжаются. К этому следует добавить последнюю статью (Ghirotto et al, 2011) под характерным названием «Отсутствие доказательств примеси неандертальцев в митохондриальных геномах древних и современных европейцев». В работе сравнивали геномы семи неандертальцев, трех людей верхнего палеолита, и 150 европейцев, и вклада неандертальцев не обнаружили.

«Альфа-гаплогруппа» как вилка между африканцами гаплогруппы А и остальными гаплогруппами («бета-гаплогруппа»), включая неафриканцев

Предок популяции будущего человека современного типа – «альфа-гаплогруппа», 136±9 тысяч лет назад (см. выше, Клёсов, 2011) или 160 тысяч лет назад (Klyosov and Rozhanskii, 2011). Как раз в этот период, то есть 170 – 125 тыс. лет назад, состоялось московское оледенение Русской равнины. Граница его проходила с юго-запада на северо-восток Московской области и делила её пополам. Европа тоже была подо льдом (Рисс II). Поэтому и названные в предыдущих разделах стоянки человека Русской равнины этого времени обнаружены в районах Средней и Нижней Волги. Откуда люди могли частично мигрировать, как уже сказано, на Ближний Восток (в Европу путь был закрыт льдами), где в это время установился менее жаркий климат.

Как уже отмечалось выше, в недавней статье (Cruciani et al, 2011) на основании совершенно другого метода, по снипам, дается практически та же датировка, 142±16 тысяч лет назад, для общего предка филогенетического дерева, который идет в статье под именем Root, и от которого отходят ветви гаплогрупп А, ВТ, СТ и так далее (см. схему выше). Это – альфа-гаплогруппа 136±9 тысяч лет назад при расчетах по «медленным» 22-маркерным гаплотипам. Как видно, по схеме Крусиани субклады гаплогруппы А являются предковыми гаплогруппы В и – параллельно – сводной гаплогруппы СТ. Это – почти то же самое, что на схеме с «альфа» и «бета» гаплогруппами (Клёсов, 2011a,b), за тем исключением, что неафриканские гаплогруппы («бета-гаплогруппа») не происходят от африканской гаплогруппы А.

Как сообщает Крусиани, первое разветвление от "общего предка" (Root) разделяет африканскую линию А от сводной гаплогруппы ВТ, а второе разветвление разделяет африканскую В от СТ, в которой находятся некоторые африканские (видимо, гаплогруппа Е) и все неафриканские хромосомы. И далее Крусиани пишет - "Эта картина ветвления, и

(современное) географическое распределение гаплогрупп А, В и СТ, было интерпретировано в поддержку африканского происхождения анатомически современных людей". Получается, что вся поддержка базируется на том, что был некогда общий предок, от которого образовались африканцы (В) и неафриканцы (СТ). И этот общий предок постулируется в Африке. Совершенно с тем же успехом можно предположить, что этот общий предок был вне Африки, и вместо "выход из Африки" был "вход в Африку".

Отдать предпочтение одной или другой концепции можно только при подключении независимых данных, иначе получается кольцевая аргументация. Древние черепа есть и в Африке и вне Африки, причем в Африке в основном древние гоминиды до примерно 37 тыс лет назад, как и вне Африки. Археология вне Африки намного богаче, чем в Африке. Наконец, антропологически неафриканцы с огромным трудом подгоняются к африканцам как якобы их предкам. Даже объяснения изменения цвета кожи являются сугубо умозрительными, "по понятиям", и экспериментально не подтверждены.

По другой, альтернативной схеме, полученной при анализе базовых гаплотипов, альфа-гаплогруппа (136 тыс лет назад) разделяет гаплогруппу А (85 тыс лет назад) от остальных, а бета-гаплогруппа (64 тыс лет назад) разделяет В (46 тыс лет назад) от неафриканцев. В этом случае многое складывается. Получается, что неафриканцы не произошли ни от А, ни от В. У них - своя ветвь от бета-гаплогруппы. В ушли в Африку и стали чернокожими, как ими стали R1b1, ушедшие в Камерун и Чад (см. выше).

Важно то, что на схеме в статье Крусиани (см. выше) дано "ревизованное дерево Y-хромосомы". Авторы автоматически подтягивают его к уже известному дереву, меняя лишь ветви внутри гаплогруппы А. Гаплогруппу ВТ они оставляют неизменной. Но на самом деле обе схемы выше практически совпадают, плюс во второй схеме добавлена "Y-гаплогруппа", или условный "хромосомный Адам" примерно 160 тысяч лет назад.

Важно еще то, что от "Root" (альфа-гаплогруппы) у Крусиани уходит вглубь связка, уходящая в никуда. На второй схеме там "Y-гаплогруппа". От "Root", то есть от альфа-гаплогруппы, у Крусиани отходит сепаратная ветвь гаплогруппы А1b. Во второй схеме тоже, но в целом гаплогруппы А. Датировка у Крусиани - между 105 и 80 тыс лет назад (неопределена). Во второй схеме - 85 тыс лет назад.

Дальше у Крусиани на схеме довольно запутанный клубок снипов, который авторы почему-то относят к гаплогруппе А, но их с гаплогруппой А (на

схеме A1b) ничего не связывает. Они идут от альфа-гаплогруппы ("Root") совершенно отдельно, нет ни одного общего снипа. То есть "Root" авторы цитируемой статьи принимают по умолчанию за гаплогруппу А, хотя об этом не пишут. Это вполне могут быть новые гаплогруппы, как африканские, так и неафриканские, тысячелетия назад.

Далее в статье идет серия снипов, ведущих к узлу ВТ (75±13 и 63±9 тысяч лет в двух разных сериях данных). На второй схеме это бета-гаплогруппа, 64±6 тысяч лет назад. Она у Крусиани расходится на отдельную ветвь гаплогруппы В, примерно 45 тыс лет назад, и на неафриканские СТ (39±10 и 35±7 тыс лет назад в двух разных сериях данных). На второй схеме то же самое: от бета-гаплогруппы отходит гаплогруппа В (46 тыс лет назад), и параллельно - неафриканские гаплогруппы (от 64±6 тыс лет назад).

Так что картина на двух схемах практически одинаковая, только вместо ВТ на второй схеме стоит бета-гаплогруппа, откуда ясно, что неафриканские линии от африканских не происходят. У Крусиани - то же самое, но он в итоге утверждает, что его данные усиливают происхождение современных неафриканцев из Африки. Никаких оснований его схема к такому выводу не дает.

Итак, вместо ВТ - на второй схеме бета-гаплогруппа, которая расходится на африканскую гаплогруппу В и неафриканские гаплогруппы С-Т. Тогда снипы с V62 по V244 относятся к гаплогруппе В, как и показано на схеме, а снипы с V9 и ниже - к гаплогруппам С и последующим, как тоже показано на схеме. В этом случае "Root" на схеме - это альфа-гаплогруппа, образовавшаяся 136±9 тысяч лет назад, а уходящая вверх, в глубину времен связка, ведет к общему предку более чем на 160 тысяч лет назад.

Это простое преобразование показывает, как неустойчиво на самом деле филогенетическое дерево гаплогрупп у своего основания. Сначала на основании определения снипов специалисты по филогенетике пришли к выводу, что африканская гаплогруппа А лежит в основе современного человечества, и все гаплогруппы - ее производные. Потом выяснилось, что гаплогруппа В «параллельна» гаплогруппе А и не происходит от нее. Однако филогенетическое дерево построили как если бы неафриканские гаплогруппы происходят от африканской гаплогруппы В. Теперь оказывается, что это тоже условность, задаваемая просто построением дерева с постулированием «выхода из Африки», и дерево вполне можно перестроить на основании тех же данных, но уже без выхода неафриканцев из Африки. Действительно, самый глубокий по времени общий предок, реконструируемый по базовым гаплотипам, жил более 160 тысяч лет назад,

но где он жил, остается неизвестным. С тем же основанием можно постулировать «вход в Африку».

* * *

Как можно представить себе сценарий, к которому пока нет убедительных данных (которых ни к какому другому сценарию пока тоже нет), о выходе анатомически современного человека с Русской равнины?

Вполне вероятно, что одна линия имеет действительно африканское происхождение, и это та, которая в статье (Cruciani et al, 2011) названа A1b, и к которой относятся центрально-африканские пигмеи и койсаны. Эта линия не пересекается с гаплогруппой А (с ее входным снипом M91), идет из древнейших времен, видимо, намного древнее 160 тысяч лет назад.

Место образования предка современного человека (альфа-гаплогруппа) 160-136 тысяч лет назад остается неизвестным, но условно примем его для целостности картины как Русская равнина. Последующие исследования позволят согласиться с таким предположением, или внести коррективы. Примерно 85 тысяч лет назад от альфа-гаплогруппы отделилась гаплогруппа А, и по сухопутному мосту состоялась первая волна миграции в Африку. Носители гаплогруппы А ушли с Русской равнины в Африку через Ближний Восток, где обнаружен антропологический материал, архаичный и вместе с тем содержащий признаки человека современного типа.

Далее последовало микулинское межледниковье (110 – 70 тыс. лет назад), в Средней Европе – земский интергляциал, в Альпах – рисс-вюрм. В это время по всей Европе распространились мустьерские палеоантропы (неандертальцы). В это же время мустьерский человек появляется не только на юге Русской равнины, где живет постоянно, но и совершает рейды на север (стоянки Хотылево I, Бетово на Десне). В тот же период (64±6 тысяч лет назад) от альфа-гаплогруппы отпочковалась бета-гаплогруппа. Они в Африке не были, и антропология их была «Русской равнины», но время европеоидов еще не настало. Из них только позже, примерно 58 тысяч лет назад, образовался современный человек европеоидного типа, как описано в предыдущем разделе. Ко времени самого окончания этого межледниковья, 70 тыс. лет назад, относятся наиболее ранние слои стоянки Сунгирь, на реке Ока.

Во время микулинского межледниковья состоялась т.н. бореальная трансгрессия: уровень Мирового океана был по разным данным от 30 до 80 – 100 м выше современного. Более верна скорее первая величина, поскольку

отложения бореальной трансгрессии («позднемосковское море» на севере Русской равнины) на высотах до 110 м связаны, видимо, с более поздними поднятиями, неотектоническими движениями. Возможно, поэтому сухопутного пути в Африку тогда не существовало. Другим непроходимым препятствием в описываемый период межледниковий, отрезающим Африку от Европы и Азии, могла быть пустыня. Наконец, происходили оледенения – около 69 тыс лет назад Вюрм I (начало нижнего Валдая), 43 тысяч лет назад – начало Вюрма II, которые могли быть причинами дальних миграций.

Между 58 и 50 тысяч лет назад бета-гаплогруппа стала расходиться на производные гаплогруппы, в частности, от нее отделилась гаплогруппа В и тем же путём, что и гаплогруппа А, 46 тысяч лет назад ушла в Африку – уровень Мирового океана стал вновь на 100 м ниже нынешнего. Для такой миграции в это время опять появились климатические условия – это упомянутые выше оледенения. В пике холодов ледники доходили до современной Валдайской возвышенности. Климатические условия были очень суровыми, что даёт основания считать его «главным климатическим минимумом» плейстоцена.

Во время последовавшего брянского интерстадиала (52 – 35 тыс. лет назад) сухопутный путь в Африку опять закрылся, по описанным выше причинам, и в Африке оказались «запечатанными» уже две мигрировавшие туда гаплогруппы – А и В. Собственно, «запечатывание» не так было обязательным, факт тот, это гаплогруппы А и В уже были в Африке. Между ними – огромное ДНК-расстояние, как и показывает вторая схема выше. Они – не прямые родственники, а независимые продукты альфа-гаплогруппы и бета-гаплогруппы, разошедшиеся и сошедшие под влиянием вызванных изменением климата миграций. Так образовалась африканская побочная ветвь антропогенеза.

Оставшиеся на Русской равнине люди к 50-му тысячелетию назад развились в человека современного типа (фрагментарно сохраняя древние антропологические признаки) и сформировали верхнепалеолитические культуры. «Африканская» популяция, отрезанная от основного пространства и чрезвычайно малая по численности, оставаясь в антропологическом отношении близкой к людям Русской равнины, на начальном этапе деградировала до ашельских культур и в результате смешивания с архаичными африканскими популяциями сменила облик на негроидный.

Примерно те же 46 тысяч лет назад, когда гаплогруппа В ушла с Русской равнины на юг, в Африку, стали происходить другие миграции – на запад,

в Европу (гаплогруппа I), на Юг, на Кавказ (гаплогруппа G и H, которые затем продвинулись на восток через Иран до Индостана) и далее на Ближний Восток (гаплогруппы E и J), на восток (сводная гаплогруппа NOR, которая затем разошлась на гаплогруппы NO и P).

Здесь мы не ставим своей задачей дать детальное описание этих начальных миграций в пространстве и во времени, это сейчас невозможно за отсутствием многих важных данных. Мы здесь не описываем и миграций гаплогрупп C в Центральную Азию, в Океанию и Австралию, поскольку здесь могут быть множественные сценарии. Мы даем общую картину, которую далее следует детализировать, по мере поступления новых данных. Главный вывод один – концепция «из Африки» остается, видимо, наиболее слабой из рассмотренных выше.

Литература

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

Клёсов, А.А., Тюняев, А.А. (2010) Происхождение человека (по данным археологии, антропологии, ДНК-генеалогии). Изд. Белые Альвы, 1024 стр.

Клёсов, А.А. (2011a) ДНК-генеалогия основных групп мужской половины человечества (Часть 1). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 4, № 5, 988-1014.

Клёсов, А.А. (2011b) ДНК-генеалогия основных групп мужской половины человечества (Часть 2). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 4, № 7, 1367-1494.

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

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

Клёсов, А.А., Рожанский, И.Л. (2011) Архаичная (архантропная в терминах антропологии) линия гаплогруппы А. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 5, № 7, 1495-1502.

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, pp. 329 - 335.

Arnaiz-Villena, A., Areces, C., Gomez-Prieto, P., Parga-Lozano, C., Moreno, E., Abd-El-Fatah-Kalil, S., Rey, D. (2010) The peopling of the Americas: a complex issue for Amerindian, Na-Dene, Aleut and Eskimo first inhabitants. *Int. J. Modern Anthropol.* 3, 65-79.

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.

Benazzi, S., Douka, K., Fornai, C., Bauer, C.C., Kullmer, O., Svoboda, J., Pap, I., Mallegni, F., Bayle, P., Coquerelle, M., Condemi, S., Ronchitelli, A., Harvati, K., Weber, G.W. (2011) *Nature*, 479, No. 7374, 525-528.

Bowler, J.M., Jones, R., Allen, H., Thorne, A.G. (1970) Pleistocene human remains from Australia: a living site and human cremation from Lake Mungo, western NSW. *World Archaeology*, 2, 39-59.

Bowler, J., Johnston, H., Olley, J., Prescott, J., Roberts, R., Shawcross, W., Spooner, N. (2003) *Nature*, 421, 837-840.

Cameron, D., Patnaik, R., Sahni, A. (2004) The phylogenetic significance of the Middle Pleistocene Narmada hominin cranium from Central India. *Int. J. Osteoarchaeology* 14, 419-447.

Campbell, M.C., Tishkoff, S.A. (2010) The evolution of human genetic and phenotypic variation in Africa. *Current Biology*, 20, R166-R173.

Carrigan, D., Hammer, M.F. (2006) Reconstructing human origins in the genomic era. *Nature Reviews*, 7, 669-680.

Crevecoeur, I., Rougier, H., Grine, F., Froment, A. (2009) Modern human cranial diversity in the Late Pleistocene of Africa and Eurasia: evidence from Nazlet Khater, Pesterca cu Oase, and Hofmeyr. *Am. J. Phys. Anthropol.* 140, 347-358.

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

Cruciani, F., Trombetta, B., Massaia, A., Destro-Bisol, G., Selitto, D., Scozzari, R. (2011) A revised root for the human Y chromosomal phylogenetic tree: the origin of patrilineal diversity in Africa. *Amer. J. Human Genetics*, 88, June 10, doi 10.1016/j.ajhg.2011.05.002.

Demeter, F., Bacon, A.-M., Nguen, K. T., Long, V., Diringer, P., Rousse, S., Coppens, Y., Matsumura, H., Dodo, Y., Nguen, M.H., Tomoko, A. (2005) Discovery of a second human molar and cranium fragment in the late Middle to Late Pleistocene cave of Ma U'O'i (Northern Vietnam). *J. Human Evol.* 48, 393-402

Deraniyagala, S.U. (2001) Early man and the rise of civilization in Sri Lanka: the archaeological evidence. <http://www.lankalibrary.com/geo/dera2.html>

Evans, P.D., Mekel-Bobrov, N., Vallender, E.J., Hudson, R.R., Lahn, B.T. (2006) Evidence that the adaptive allele of the brain size gene *microcephalin* introgressed into *Homo sapiens* from an archaic *Homo* lineage. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 103, 18178-18183.

Ghirotto, S., Tassi, F., Benazzo, A. Barbujani, G. (2011) No evidence of Neandertal admixture in the mitochondrial genomes of early European modern humans and contemporary Europeans. *Amer. J. Phys. Antropol.*, online publ. 24 Aug. 2011, DOI: 10.1002/ajpa.21569.

Gillespie, R. (2002) Dating the first Australians. *Radiocarbon*, 44, 455-472.

Green, R.E., Krause, J., Ptak, S.E., Briggs, A.W., Ronan, M.T., Simons, J.F., Du, L., Egholm, M., Rothberg, J.M., Paunovic, M., Paabo, S. (2006) Analysis of one million base pairs of Neanderthal DNA. *Nature*, 444, 330-336.

Green, R.E., Malaspina, A.S., Krause, J., Briggs, A.W., Johnson, P.L., Uhler, C., Meyer, M., Good, J.M., Maricic, T., Stenzel, U., Prufer, K., Siebauer, M., Burbano, H.A., Ronan, M., Rothberg, J.M., Egholm, M., Rudan, P., Brajkovic, D., Kucan, Z., Gusic, I., Wikstrom, M., Laakkonen, L., Kelso, J., Slatkin, M., Paabo, S. et al. (2008) A complete Neanderthal mitochondrial genome sequence determined by high-throughput sequencing. *Cell*, 134, 416-426.

Green, R.E., Krause, J., Briggs, A.W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Patterson, N., Li, H., Zhai, W., Fritz, M.H.-Y., Hansen, N.F., Durand, E.Y., Malaspina, A.-S., Jensen, J.D., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Prüfer, K., Meyer, M., Burbano, H.A., Good, J.M., Schultz, R., Aximu-Petri, A., Butthof, A., Höber, B., Höffner, B., Siegemund, M., Weihmann, A., Nusbaum, C., Lander, E.S., Russ, C., Novod, N., Affourtit, J., Egholm, M., Verna, C., Rudan, P., Brajkovic, D., Kucan, Z., Gušić, I., Doronichev, V.B., Golovanova, L.V., Lalueza-Fox, C., de la Rasilla, M., Fortea, J., Rosas, A., Schmitz, R.W., Johnson, P.L.F., Eichler, E.E., Falush, D., Birney, E., Mullikin, J.C., Slatkin, M., Nielsen, R., Kelso, J., Lachmann, M., Reich, D., Pääbo, S. (2010) A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science* 328, 710-722.

Grine, F.E., Bailey, R.M., Harvati, K., Nathan, R.P., Morris, A.G., Henderson, G.M., Ribot, I., Pike, A.W. (2007) Late Pleistocene human skull from Hofmeyr, South Africa, and modern human origins. *Science*, 315, 194-196.

Grine, F.E., Gunz, P., Betti-Nash, L., Neubauer, S., Morris, A.G. (2010) Reconstruction of the late Pleistocene human skull from Hofmeyr, South Africa. *J. Hum. Evol.* 59, 1-15. Epub 2010 May 23.

Henn, B.M., Gignoux, C.R., Jobin, M., Granka, J.M., Macpherson, J.M., Kidd, J.M., Rodríguez-Botigué, L., Ramachandran, S., Hon, L., Brisbin, A., Lin, A.A., Underhill, P.A., Comas, D., Kidd, K.K., Norman, P.J., Parham, P., Bustamante, C.D., Mountain, J. L., Feldman M.W. (2011) Hunter-gatherer genomic diversity suggests a southern African origin for modern humans. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*. Doi/10.1073/pnas.1017511108.

Higham, T., Compton, T., Stringer, C., Jacobi, R., Shapiro, B., Trinkaus, E., Chandler, B., Groning, F., Collins, C., Hillson, S., O' Higgins, P., FitzGerald, C., Fagan, M. (2011) The earliest evidence for anatomically modern humans in northwestern Europe. *Nature* 479, No. 7374, 521-524.

Hoffecker, J.F. (2009) The spread of modern humans in Europe. *Proc. Natl. Acad. Sci. US* 106, 16040-16046.

Hoffecker, J.F. (2011) The early Upper Paleolithic of Eastern Europe reconsidered. *Evol. Anthropology*, 20, 24-39.

Hublin, J.-J. (2011) African origin. *Nature*, 476, 395.

Hudjashov, G., Kivisild, T., Underhill, P.A., Endicott, P., Sanchez, J.J., Lin, A.A., Shen, P., Oefner, P., Renfrew, C., Villems, R., Forster, P. (2007) Revealing the

prehistoric settlement of Australia by Y chromosome and mtDNA analysis. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 8726-8730.

Jobling, M.A., Tyler-Smith, C. (2003) The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nature Reviews*, 4, 598-612.

Kennedy, K.A., Sonakia, A., Chiment, J., Verma, K.K. (1991) Is the Narmada hominid an Indian *Homo erectus*? *Amer. J. Phys. Anthropol.* 86, 475-496.

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

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

Krause, J., Briggs, A.W., Kircher, M., Maricic, T., Zwyns, N., Derevianko, A., Pääbo, S. (2009) A Complete mtDNA Genome of an Early Modern Human from Kostenki, Russia. *Current Biology*, 20, 231-236.

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.

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. *J. Human Evolution*, 57, 91 – 95.

Li, H., Durbin, R. (2011) Inference of human population history from individual whole-genome sequences. *Nature*, doi: 10.1038/nature10231.

Majumder, P.P. (2010) The human genetic history of South Asia. *Current Biology*, 20, R184-R187.

Mellars, P. (2011) The earliest modern humans in Europe. *Nature* 479, No. 7374, 483-485.

Mulvaney, J. and Kamminga, J. (1999) *Prehistory of Australia*. Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Noonan, J.P., Coop, G., Kudaravalli, S., Smith, D., Krause, J., Alessi, J., Chen, F., Platt, D., Paabo, S., Pritchard, J.K., Rubin, E.M. (2006) Sequencing and analysis of Neanderthal genomic DNA. *Science*, 314, 1113 - 1118.

O'Connell, J.F., Allen, J. (2004) *J. Arch. Sci.* 31, 835-853.

O'Rourke, D.H., Raff, J.A. (2010) The human genetic history of the Americas: the final frontier. *Current Biology* 20, R202-R207.

Patin, E., Laval, G., Barreiro, L.B., Salas, A., Semino, O., Santachiara-Benerecetti, S., Kidd, K.K., Kidd, J.R., Van der Veen, L., Hombert, J.-M., Gessain, A., Froment, A., Bahuchet, S., Heyer, E., Quintana-Murci, L. (2009) Inferring the demographic history of African farmers and Pygmy hunter-gatherers using a multilocus resequencing data set. *PLOS Genetics*, 5, e1000448, 1-13.

Pinhasi, R., Higham, T.F.G., Golovanova, L.V., Doronichev, V.B. (2011) Revised age of late Neanderthal occupation and the end of the Middle Paleolithic in the northern Caucasus. *Proc. Natl. Acad. Sci. US, Early Edition*, doi/10.1073/pnas.1018938108, March 2011.

Prat, S., Pean, S.C., Crepin, L., Drucker, D.G., Puaud, S.J., Valladas, H., Laznickova-Galetova, M., van der Plicht, J., Yanevich, A. (2011) The oldest anatomically modern humans from Far Southeast Europe: direct dating, culture and behavior. *PLOS One*, 6, 20834, 1-13.

Richards, M.P., Pettitt, P.B., Stiner, M., Trinkaus, E. (2001) Stable isotope evidence for increasing dietary breadth in the European mid-Upper Paleolithic. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 98, 6528-6532.

Rightmire, G.P. (2009) Middle and later Pleistocene hominins in Africa and Southwest Asia. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 106, 16046-16050.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA Genealogy (Y chromosome). *Advances in Anthropology*, 1, No. 1, in the press.

Schuster, S.C., Miller, W., Ratan, A., Tomsho, L.P., Giardine, B., Kasson, L.R., Harris, R.S., Petersen, D.C., Zhao, F., Qi, J., Alkan, C., Kidd, J.M., Sun, Y., Drautz, D.I., Bouffard, P., Muzny, D.M., Reid, J.G., Nazareth, L.V., Wang, Q., Burhans, R., Riemer, C., Wittekindt, N.E., Moorjani, P., Tindall, E.A., Danko, C.G., Teo, W.S., Buboltz, A.M., Zhang, Z., Ma, Q., Oosthuysen, A., Steenkamp, A.W., Oostuisen, H., Venter, P., Gajewski, J., Zhang, Y., Pugh, B.F., Makova, K.D., Nekrutenko, A., Mardis, E.R., Patterson, N., Pringle, T.H., Chiaromonte, F., Mullikin, J.C., Eichler, E.E., Hardison, R.C., Gibbs, R.A., Harkins T.T., Hayes, V.M. (2010) Complete

Khoisan and Bantu genomes from Southern Africa. *Nature* 463, 943-947.

Shang, H., Tong, H., Zhang, S., Chen, F., Trinkaus, E. (2007) An early modern human from Tianyuan Cave, Zhoukoudian, China. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 103, 3552-3556.

Shi, W., Ayub, Q., Vermeulen, M., Shao, R.-G., Zuniga, S., van der Gaag, K., de Knijff, P., Kayser, M., Xue, Y., Tyler-Smith, C. (2010) A worldwide survey of human male demographic history based on Y-SNP and Y-STR data from the HGDP-CEPH populations. *Mol. Biol. Evol.* 27, 385-393.

Shi, H., Zhong, H., Peng, Y., Dong, Y.-L., Qi, X.-B., Zhang, F., Liu, L.-F., Tan, S.-J., Ma, R.Z., Xiao, C.-J., Wells, R.S., Jin, L., Su, B. (2008) Y chromosome evidence of earliest modern human settlement in East Asia and multiple origins of Tibetan and Japanese populations. *BMC Biology*, 6, 45, 1-10, doi:10.1186/1741-7007-6-45.

Soares, P., Achilli, A., Semino, O., Davies, W., Macaulay, V., Bandelt, H.-J., Torroni, A., Richards, M.B. (2010) The Archaeogenetics of Europe. *Current Biology* 20, R174-R183.

Soares, P., Ermini, L., Thompson, N., Normina, M., Rito, T., Rohl, A., Salas, A., Oppenheimer, S., Macaulay, V., Richards, M.B. (2009) Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *J. Hum. Genet.* 84, 740-759.

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

Stoneking, M., Delfin, F. (2010) The human genetic history of East Asia: weaving a complex tapestry. *Current Biology*, 20, R188-R193.

Sun, J.X., Helgason, A., Masson, G., Ebenesersdóttir, S.S., Li, H., Mallick, S., Patterson, N., Kong, A., Reich, D., Stefansson, K. (2011) A direct characterization of human mutation. 61th Annual Meeting, Amer. Soc. Human Genetics/ICHG, October 11-15, 2011, Montreal, Canada.

Tattersall, I. (2009) Human origins: out of Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 106, 16018-16021.

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, pp. 239 - 243.

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

Yotova, V., Lefebvre, J.-F., Moreau, C., Gbeha, E., Hovhannesian, K., Bourgeois, S., Bédarida, S., Azevedo, L., Amorim, A., Sarkisian, T., Avogbe, P., Chabi, N., Dicko, M.H., Amouzou, E.S.K.S., Sanni, A., Roberts-Thomson, J., Boettcher, B., Scott, R.J., Labuda, D. (2011) An X-linked haplotype of Neandertal origin is present among all non-African populations. Mol. Biol. Evol., Advance Access published January 25, 2011.

Палиндромные мутации четверок DYS464 в субкладе V13 гаплогруппы E и расчет времен до общего предка субклада по современным гаплотипам

А.А. Клёсов

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

В гаплогруппных проектах имеются 193 67-маркерных гаплотипа субклада E-V13, он же субклад E1b1b1a1b, он же субклад V36, L142.1, L542. Он же параллелен субкладам V12, V22, V65, N531, и все они входят в «родительский» субклад M78.

Интерес к этому субкладу V13 вспыхнул недавно, после исследования ископаемых костных остатков, найденных в могиле в Испании с датировкой «начало 5-го тысячелетия до н.э.», то есть около 7000 лет назад (Lacan et al, 2011). Были идентифицированы две гаплогруппы (субклада) – E-V13 и G2a.

Я получил эти 193 гаплотипа от Lawrence Маука, и рассчитал, когда жил общий предок этих 193 человек. Дерево гаплотипов приведено ниже (рис. 1).

Как видно, дерево довольно симметричное, ровное, крона везде имеет практически одинаковую высоту. Дерево визуальнo не имеет сепаратных ветвей, и все крона держится на одной «ножке», что обычно и указывает на наличие одного общего предка всего дерева. Можно, конечно, придираться к тому, что справа вверху заметны пять или восемь гаплотипов, которые технически отходят от основной «кроны», но идеальных деревьев вообще не бывает.

Расчеты показали, что в первых 12 маркерах имеется 427 мутаций, в первых 25 маркерах – 1020 мутаций, в первых 37 маркерах – 2033 мутаций, в 67 маркерах – 2857 мутаций. Наконец, 26 гаплотипов дерева были в 111-маркерном формате, и они дали 552 мутации от 111-маркерного базового гаплотипа. Во всех 193 гаплотипах было 14 12-маркерных базовых гаплотипов.

Это дало следующие временные расстояния от общего предка:

$427/193/0.020 = 111 \rightarrow 124$ поколения, 3100 ± 340 лет.
 $1020/193/0.046 = 115 \rightarrow 130$ поколения, 3250 ± 340 лет.
 $2033/193/0.090 = 117 \rightarrow 133$ поколения, 3325 ± 340 лет.
 $2826/193/0.12 = 122 \rightarrow 140$ поколений, 3500 ± 360 лет.
 $552/26/0.198 = 107 \rightarrow 120$ поколений, 3000 ± 330 лет.
 $[\ln(193/14)]/0.02 = 131 \rightarrow 150$ поколений, 3750 ± 400 лет.

Если все эти шесть показателей усреднить, то получится 3321 ± 273 лет, то есть вариация всего 8%, без учета вариаций погрешностей, которые, впрочем, довольно искусственные величины. 67-маркерный расчет, как наиболее надежный, отличается от среднего всего на 5%.

Иначе говоря, расчеты вполне надежные.

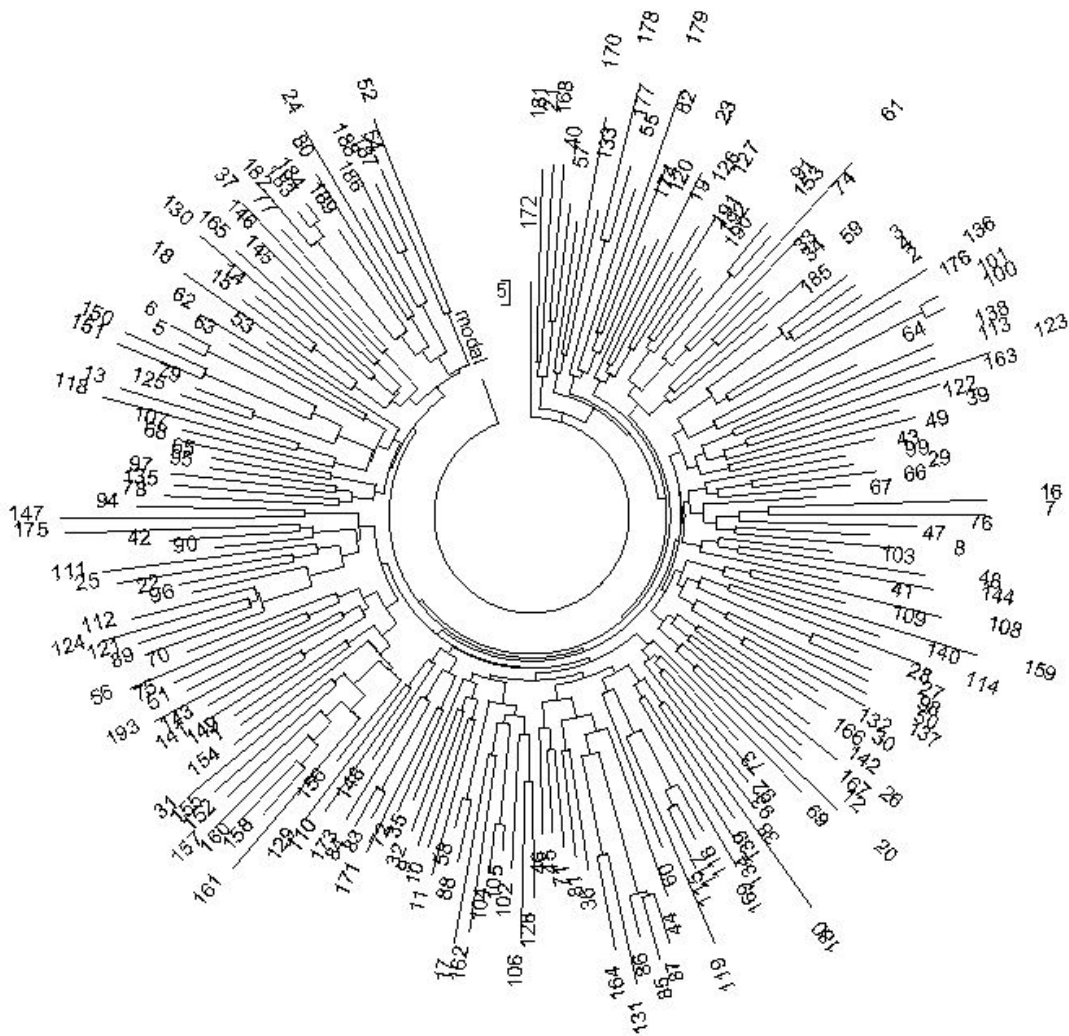


Рис. 1. Дерево 193 67-маркерных гаплотипов субклада E-V13.

Наконец, на 22-маркерной панели все 193 гаплотипов показали 185 мутаций, что дает $185/193/0.006 = 160$ поколений, то есть 4000 ± 500 лет, то есть опять в пределах погрешности совпадает с остальными оценками «возраста» общего предка.

Но что-то было не в порядке с 22-маркерными гаплотипами. 20 маркеров вели себя как положено для относительно «молодого» общего предка, в них было совсем немного мутаций для 193 гаплотипов, например:

DYS426 – 5 мутаций,
DYS388 – 5 мутаций,
DYS392 – 8 мутаций.

А сколько должно быть? Ответ – для $DYS426 - 193 \times 0.00009 \times (110-150)$ поколений), то есть 2-3 мутации,
для $DYS388 - 193 \times 0.00022 \times (110-150)$ поколений), то есть 5-6 мутаций,
для $DYS392 - 193 \times 0.00052 \times (110-150)$ поколений), то есть 11-15 мутаций.

То есть для столь малой статистики совпадение вполне приличное. Еще пример – для $DYS438 - 193 \times 0.00055 \times (110-150)$ поколений), то есть 12-16 мутаций, на самом деле – 6 мутаций. Для $DYS531 - 193 \times 0.00050 \times (110-150)$ поколений), то есть 11-14 мутаций, на самом деле 13 мутаций. То есть мутаций иногда получается меньше, чем должно быть, иногда в самый раз, иногда чуть больше.

Да, в что не в порядке? А то, что два медленных маркера ($DYS617$ и $DYS568$) дали 42 и 48 мутаций, соответственно. Это – признак скрытых ветвей, которые имеют всего пару точек ветвления, в данном случае – на показанных маркерах. Как это происходит? Вот как. В $DYS 617$ величины аллелей оказались следующими:

Аллель 11 – 15 значений
Аллель 12 – 2 значения
Аллель 13 – 167 значений
Аллель 14 – 8 значений
Аллель 15 – 1 значение.

Видно, что в аллели происходит ветвление, и $DYS617=11$ показывает отдельную ветвь примерно из 15 гаплотипов. На дереве она не

просматривается и не отделяется, так что на ветвь не похожа. Но если эту ветвь отделить, то во всех 15 гаплотипах – 207 мутаций, то есть $207/15/0.12 = 115 \rightarrow 130$ поколений, то есть 3250 ± 400 лет до общего предка. Тот же возраст, что и всего дерева. Если эту ветвь вычесть, то останется 2544 мутации, то есть $119 \rightarrow 135$ поколений, то есть 3375 ± 340 лет до общего предка. Близко к 3750 ± 400 лет, рассчитанному без вычета данной ветви. Но между новой ветвью и всем деревом – 5 мутаций, то есть $5/0.12 = 42 \rightarrow 44$ поколений, то есть 1100 лет. Общий предок всего дерева и данной ветвью жил $(1100+3375+3250)/2 = 3860$ лет до общего предка. Это, скорее всего, и есть само дерево, а ветвь с $DYS617=11$ – это дочерняя ветвь, несколько моложе предковой. У нее есть и небольшое отклонение в четверке $DYS464$ – в основном дереве базовая величина 14 16 17 17, в выявленной ветви 14 16 16 17. Это означает, что в интервале в несколько столетий прошла recLOH мутация, закрыв своей парой 16-16 пару в гаплотипе потомка, основателя ветви.

Так что ничего необычного нам ветвление в медленном маркере не дало. Это упражнение я провел для того, чтобы показать, что разовое ветвление в медленном маркере несколько тысячелетий назад приводит к заметной «вариации» в медленном маркере, но дочерняя ветвь не меняет общей картины.

Та же ситуация и с медленным маркером $DYS568$, который мутирует с такой же скоростью, как и $DYS617$.

Итак, мы перекрестно проверили возраст субклада E-V13 (по ныне живущим потомкам) разными методами, и пришли к выводу, что у него есть дочерние ветви, но близкие по возрасту к родительскому дереву, и ситуации не меняют.

Но вот при рассмотрении четверки $DYS464$ всего дерева ее многообразие озадачивает. На 193 гаплотипа – 191 мутация. Из них на новую ветвь приходится всего 11 мутаций, но тоже немало для 15 гаплотипов ветви. Дерево четверок приведено на рис. 2.

В верхней части дерева – базовая четверка 14 16 17 17, их 55 единиц. Внизу дерева – почти такая же по размеру ветвь 14 16 16 17, их 44 единицы из 108 гаплотипов всей ветви. Таким образом, дерево фактически расходится на три большие части 55 базовых гаплотипов дерева, ветвь из 108 четверок, и ветвь из 30 четверок, в которой самая большая группа – это 6 четверок 14 14 16 16. Это определенно recLOH комбинация, палиндромные гаплотипы.

16 16 17 17 – 6 гаплотипов
15 16 17 17 – 6 гаплотипов
14 14 16 16 – 6 гаплотипов
14 16 16 18 – 4 гаплотипа
16 16 16 17 – 3 гаплотипа
15 16 16 17 – 3 гаплотипа
14 14 17 17 – 3 гаплотипа
14 15 17 17 – 2 гаплотипа
15 15 16 16 – 2 гаплотипа
14 15 16 16 – 2 гаплотипа
16 16 17 18 – 2 гаплотипа
17 17 17 17 – 2 гаплотипа

Это дает $[\ln(99/55)]/0.0044 = 134 \rightarrow 145$ поколений, то есть 3625 лет до общего предка. Здесь поправка на возвратную мутацию (1.08) проводилась из расчета 0.148 мутаций на маркер, поскольку именно эту величину дадут 58.5 мутаций на 99 четырехмаркерных гаплотипа ($58.5/99/0.0044 = 134$ поколение без поправки на возвратные мутации).

Как видно, снятие палиндромных четверок приводит к тому же временному расстоянию до общего предка, как рассчитано линейным методом.

При этом несколько озадачивает процесс, которым мы к этому пришли, а именно, нужно снять все палиндромные повторы, и считать общее количество гаплотипов без них. Повторим, как это выглядело в данном случае – было 55 базовых четверок на 193 гаплотипа, сняты 94 палиндромные четверки, остальные 99 четверок и составили набор гаплотипов для расчетов. Но на это можно посмотреть по другому – было 193 четверки, из них должно было быть 107 базовых гаплотипов, что дало бы $[\ln(193/107)]/0.0044 = 134 \rightarrow 145$ поколений, то есть те же самые 3625 лет до общего предка. Но из 107 базовых гаплотипов 52, то есть половина, были «испорчены» палиндромными, мультикопийными мутациями, вот и осталось всего 55 базовых исходных четверок. Остальные мультикопийные мутации проходили уже по испорченным, палиндромным четверкам.

Это показывает, что в расчетах по палиндромным маркерам еще много невыяснено, и работа должна продолжаться. Возможно, потому и набралось 191 мутация в DYS464 на 193 гаплотипа, что многие из них лишние и учитываться не должны. Возможно, именно поэтому все панели маркеров, куда входят DYS464 (с 25-маркерной и выше) дали несколько завышенные расстояния до общего предка. Правда, для 67-маркерных гаплотипов 191 мутация на фоне общего числа 2826 мутаций – это всего

6.8%, в пределах погрешности расчетов, и далеко не все они происходят от палиндромных мутаций. А с отклонениями в 3-4% в данной ситуации можно мириться.

Литература

Клёсов, А.А. (2011) Новые свидетельства в пользу перехода ариев в Индию с Русской равнины: анализ тетра-локусного микросателлита DYS464 Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 4, No 2, 215-245.

Lacan, M., Keyser, C., Ricaut, F.X., Brucato, N., Tarrús, J., Bosch, A., Guilaine, J., Crubézy, E., Ludes, B. Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination. Proc Natl Acad Sci U S A. 2011 Nov 8;108(45):18255-9. Epub 2011 Oct 31.

Гаплогруппы и гаплотипы Армении (гаплогруппы J2, R1b-L23, R1b-M269 и T-M184)

А.А. Клёсов

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

Эта статья представляет собой беглый анализ 17-маркерных гаплотипов Армении, недавно опубликованных в работе (Herrera et al, 2011). Анализ беглый по двум причинам – одна, потому что деревья гаплотипов очень сложные, и с ними нужно разбираться на много более многочисленном числе гаплотипов, и вторая – потому что опубликованы лишь 17-маркерные гаплотипы, разрешение которых весьма мало. Тем не менее, сложность деревьев уже показывает глубокую древность рассматриваемых популяций, а расчеты ее подтверждают.

В начале – небольшое отступление. Меня всегда удивляло, с какой легкостью популяционные генетики оперируют понятиями «фермеры», «охотники-собиратели», относя это к древности, и не имея к этому никаких оснований, кроме как общие соображения. Понятно, если речь идет о временах порядка 20-40 тысяч лет назад, то понятно, что охотники-собиратели, кто же еще? Вот и в цитируемой статье – уже в названии статьи сообщено – «сигнал по мужской линии указывает, что Армянское плато заселялось сельскохозяйственниками». Откуда они это взяли? Времена ведь они не определяли, поскольку определять не умеют. И тем не менее пишут о «сельскохозяйственной революции на Ближнем Востоке», которая якобы вовлекла субклады R1b1b1-L23, G2a-P15, J1-M267, J2a-M410. И дальше авторы сообщают (Абстракт), что неолитическая эра состоялась в Армении через несколько тысячелетий после ледникового периода, значит, Армянское плато заселялось «фермерами из Плодородного полумесяца». Это что, опять «общие соображения»? Зачем же это представлять так, как будто авторы узнали это из гаплотипов? Более того, есть соображения, что носители гаплогруппы R1b прибывали вообще с севера, а не из Плодородного полумесяца. Направление миграций авторы тоже не знают, опять «общие соображения».

Приступаем к рассмотрению гаплотипов. Всего авторы цитированной статьи опубликовали 260 гаплотипов, из них 120 гаплотипов R1b1b2 (46%), 105 гаплотипов J2 (40%) и 35 гаплотипов гаплогруппы T (14%). Это уже дает представление о порядке распределения основных гаплогрупп в Армении. На самом деле там есть и другие гаплогруппы, но их доли – единицы процентов.

Гаплогруппа R1b1a2, субклады M269 и L23.

Дерево гаплотипов приведено на рис. 1.

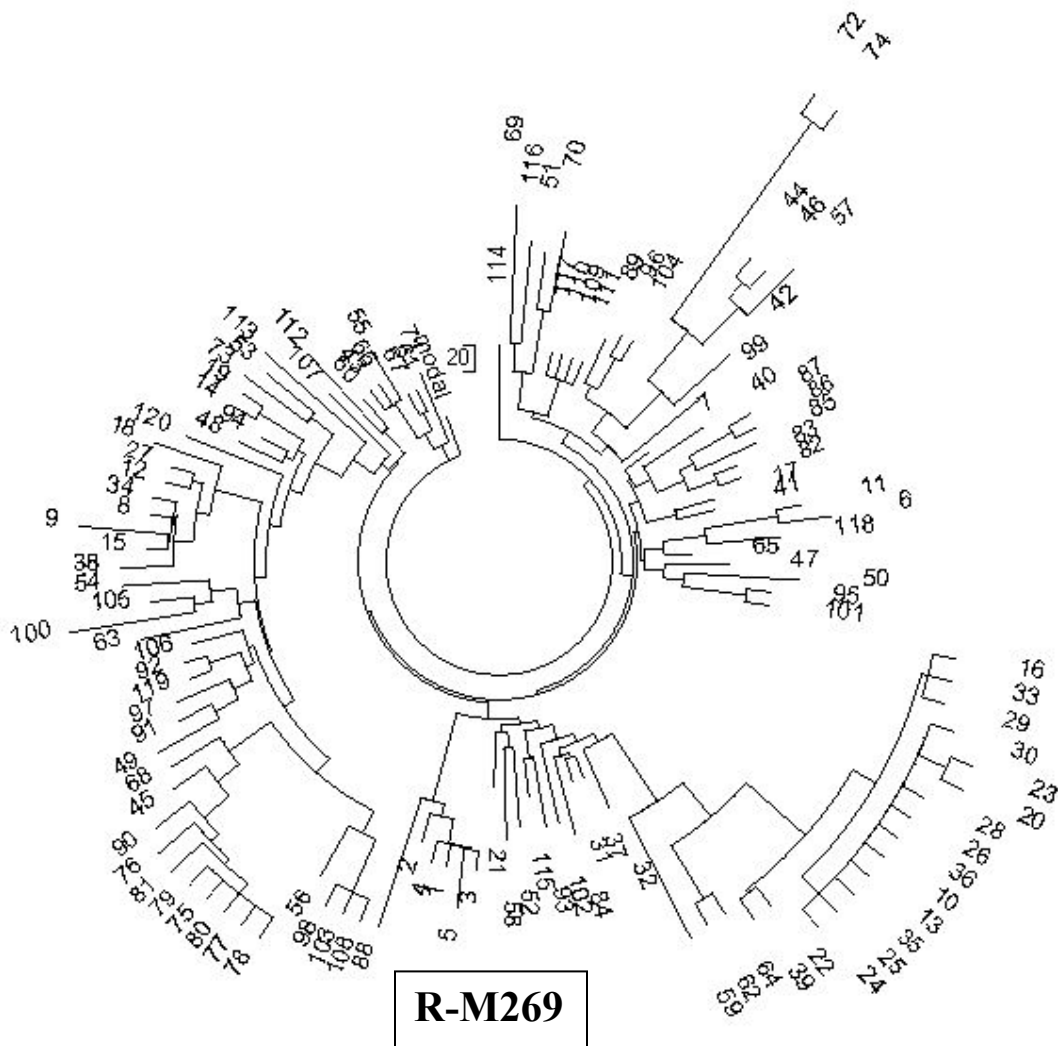


Рис. 1. Дерево из 120 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1a2, из которых пять гаплотипов субклада M269 (отмечено, гаплотипы 1-5), остальные - субклада L23.

Дерево на рис. 1 состоит - в самом первом приближении - из трех ветвей примерно одинакового размера. Каждое в свою очередь состоит из подветвей. Анализировать все эти ветви в 17-маркерном формате не имеет большого смысла, поэтому ограничимся беглым рассмотрением. Поскольку ветви примерно одинакового размера (то есть примерно «одинакового

веса»), то рассмотрим все дерево в целом. Все 120 гаплотипов имеют 819 мутаций от базового гаплотипа дерева (левая часть - в формате FTDNA с пропущенными DYS 426, 388; правая часть - DYS458, 437, 448, GATA H4, DYS456, 438, 635)

12 24 14 11 11 14 X X 13 13 13 16 - 17 15 19 12 15 12 23

Это дает $819/120/0.034 = 201 \rightarrow 250$ поколений, то есть 6250 ± 660 лет до общего предка. Если вычесть пять гаплотипов субклада M269, то оставшиеся 115 гаплотипов имеют 784 мутаций, что дает те же самые $784/115/0.034 = 201 \rightarrow 250$ поколений. Это - возраст общего предка субклада L23, что согласуется с величиной 5475 ± 680 лет, опубликованной ранее (Клёсов, 2010), в пределах погрешности расчетов. Таким образом, беглое рассмотрение оказалось вполне информативным.

Пять гаплотипов субклада M269 почти одинаковые, и имеют всего две мутации от базового гаплотипа

12 26 15 12 11 14 X X 12 13 13 16 - 18 15 19 12 16 12 23

$2/5/0.034 = 12$ поколений, то есть 300 ± 210 лет до общего предка.

Приведенные базовые гаплотипы M269 и L23 различаются на 7 мутаций, что разделяет их на $7/0.034 = 206 \rightarrow 258$ поколений, то есть на 6,450 лет. Это означает, что общий предок двух данных субкладов жил примерно $(6450+300+6250)/2 = 6,500$ лет назад. Это должен был быть общий предок субклада M269.

В целом все эти данные согласуются с концепцией, что носители гаплогруппы R1b1a2, в основном субклада L23, прибыли на Кавказ и далее в Анатолию примерно 6 тысяч лет назад. Из тех времен - и древние предки армян гаплогруппы R1b1a2.

В качестве дополнительного подтверждения древности армянских предков гаплогруппы R1b1a2 рассмотрим две ветви - Сасуна (8 гаплотипов, из них один с озера Ван) и Араратской долины (11 гаплотипов), с базовыми гаплотипами соответственно

12 23 14 10 10 15 X X 13 13 14 15 - 18 15 19 13 16 12 23

11 24 14 10 12 15 X X 13 12 13 16 - 15 15 19 11 16 12 25

В первой сери на 8 гаплотипов всего две мутации, что дает $2/8/0.034 = 7$ поколений до общего предка, то есть примерно 175 лет назад, во второй на 11 гаплотипов тоже две мутации, $2/11/0.034 = 5$ поколений, то есть примерно 125 лет до общего предка. Но между ними - 14 мутаций на 17 маркеров, что разводит общих предков этих ветвей на $7/0.034 = 206 \rightarrow 258$ поколений, то есть на 6,450 лет. Общий предок этих двух ветвей жил $(6450+175+125)/2 = 3375$ лет назад. Это - в пределах субклада L23.

Гаплогруппа J2

Дерево из 105 гаплотипов в комбинации J2a и J2b показано на рис. 2. Все они в совокупности содержат 928 мутаций от суммарного базового гаплотипа

12 23 14 10 13 16 X X 11 13 11 16 -- 16 15 20 11 15 9 22

что дает $928/105/0.034 = 260 \rightarrow 349$ поколений, то есть примерно 8725 лет до общего предка. Это - в значительной степени фантомная величина, сдвинутая в сторону J2a (как и приведенный выше базовый гаплотип), которых на дереве значительно больше (99 гаплотипов субклада J2a, и всего 6 гаплотипов субклада J2b). Чтобы понять, насколько эта величина может быть сдвинута, рассмотрим 6 гаплотипов субклада J2b. Четыре гаплотипа J2b-M205 имеют базовый гаплотип

12 24 15 11 16 18 X X 11/12 12 11 15 -- 17/18 14 19 11 14 9 21

13 мутаций от которого дают $13/4/0.034 = 96 \rightarrow 107$ поколений, или 2675 лет до общего предка,

и два одинаковых гаплотипа J2b-M241

13 24 16 10 14 17 X X 11 13 11 16 -- 18 15 19 12 13 9 21

отстоят от первого базового на 12 мутаций, то есть на $12/0.034 = 353 \rightarrow 535$ поколений, то есть на 13,375 лет. В целом, общий предок этих шести гаплотипов J2b жил $(13375+2675+0)/2 = 8025$ лет назад.

Поскольку базовые гаплотипы для всего дерева (в основном J2a) и приведенных двух гаплотипов различаются на 16 и 13 мутаций, то есть на 21-15 тысяч лет, то общий предок гаплогрупп J2a и J2b для приведенных гаплотипов дерева Армении жил примерно 19 тысяч лет назад. Ни о каком сельском хозяйстве тогда речи просто быть не может. Именно об этом было

вступление к настоящей статье. Надо отметить, что 20 тысяч лет назад как датировка образования гаплогруппы J2 в целом соответствует более детальным определениям. Например, в работе (Клёсов, 2011) она было определена в 15 тысяч лет назад, в работе (Klyosov and Rozhanskii, 2011) в 20 тысяч лет назад.

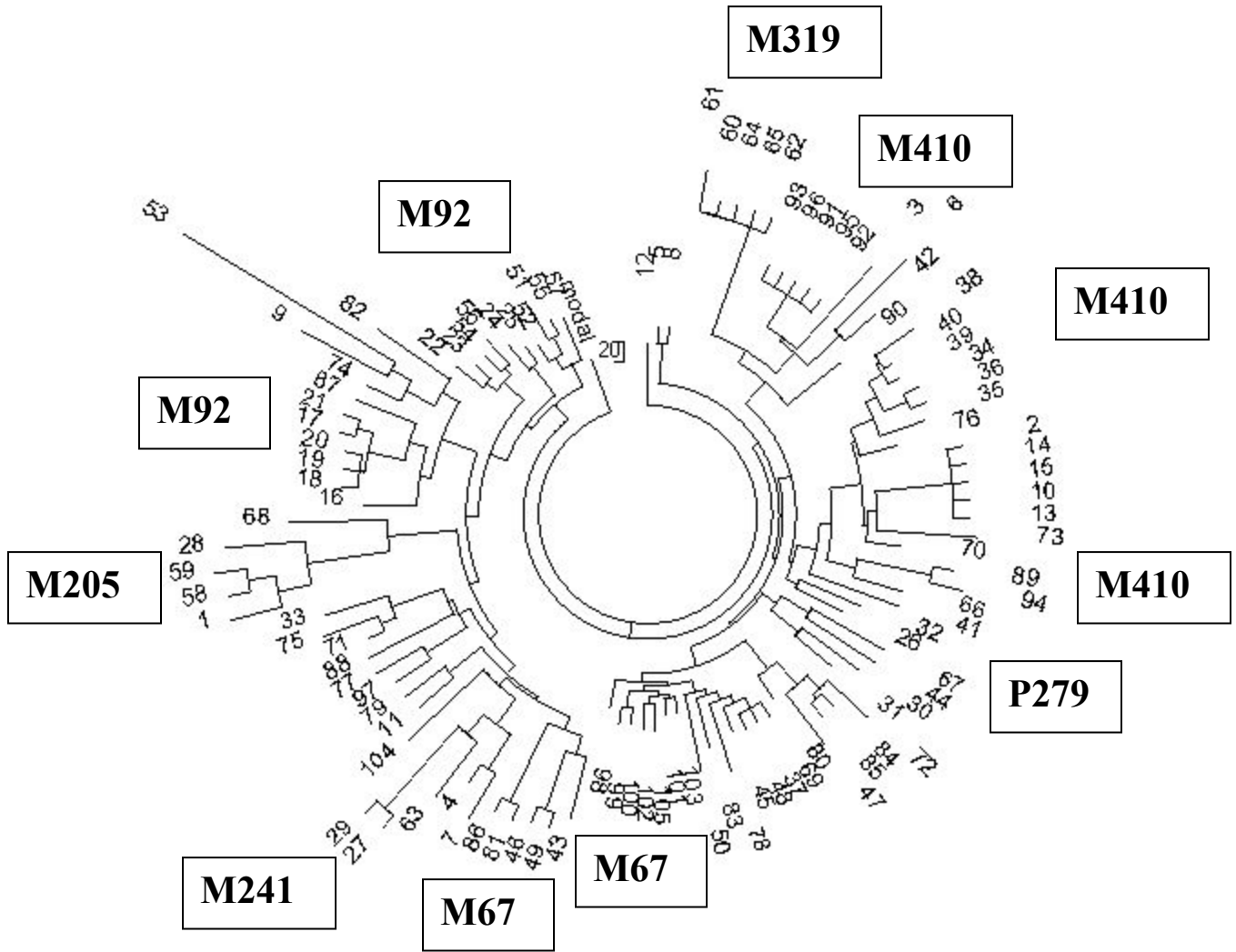


Рис. 2. Дерево из 105 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы J2, из которой присутствуют не менее пяти субкладов J2a - J2a-M410, J2a2a-P279, J2a3b-M67, J2a3b1-M92, J2a3d-M319, и не менее двух субкладов J2b - J2b1-M205 и J2b2-M241. Наиболее крупные скопления субкладов и наиболее выраженные ветви отмечены. P279 - одиночный гаплотип (26). Всего на дереве 99 гаплотипов гаплогруппы J2a, и 6 гаплотипов гаплогруппы J2b.

Для столь древних гаплотипов можно делать условную проверку даже по одиночным медленным маркерам. Так, для 99 гаплотипов J2a (за вычетом шести гаплотипов J2b, как отмечено выше) в медленном маркере DYS393 имеется 20 мутаций. Поскольку константа скорости маркера оценена как 0.00076 мутаций на маркер на поколение (Chandler, 2006), то получаем $20/99/0.00076 = 266 \rightarrow 295$ поколений, то есть 7375±1800 лет до общего предка. Это не противоречит величине 8725 лет, рассчитанной выше по всему дереву на рис. 2. Для более «молодого» субклада L23 в гаплогруппе R1b1a2 (см. выше) таких мутаций было 21 на 115, что дает $21/115/0.00076 = 240 \rightarrow 264$, то есть 6600±1600 лет, что опять согласуется с рассчитанным выше по всему дереву (рис. 1) возрастом субклада L23, 6250±660 лет.

Таким образом, даже столь беглые расчеты позволяют довольно воспроизводимо оценивать «возраст» популяции.

Гаплогруппа T

14% носителей гаплогруппы T среди армян – это высокий показатель. Это соответствует доле «угро-финской» гаплогруппы среди этнических русских.

Дерево гаплогруппы приведено на рис. 3. Для беглого рассмотрения дерева применим критерий сходимости расчетов по всему дереву и по его разнесенным друг от друга ветвям.

Все дерево имеет 246 мутаций от суммарного базового гаплотипа, который может соответствовать предковому, но может и не соответствовать, и быть фантомным:

13 23 14 10 14 16 X X 11 13 13 17 – 17 14 19 11 15 9 21

Это дает $245/35/0.034 = 206 \rightarrow 258$ поколений, то есть 6450±770 лет до общего предка.

Две плоские диаметрально противоположные ветви дерева, базовые гаплотипы которых определяются с хорошей надежностью, это ветвь между гаплотипами 17 и 25 (семь гаплотипов), в нижней левой части

14 23 15 10 14 19 X X 12 14 15 17 – 17 15 19 11 15 9 21

и ветвь между гаплотипами 12 и 30 (шесть гаплотипов) в верхней правой части

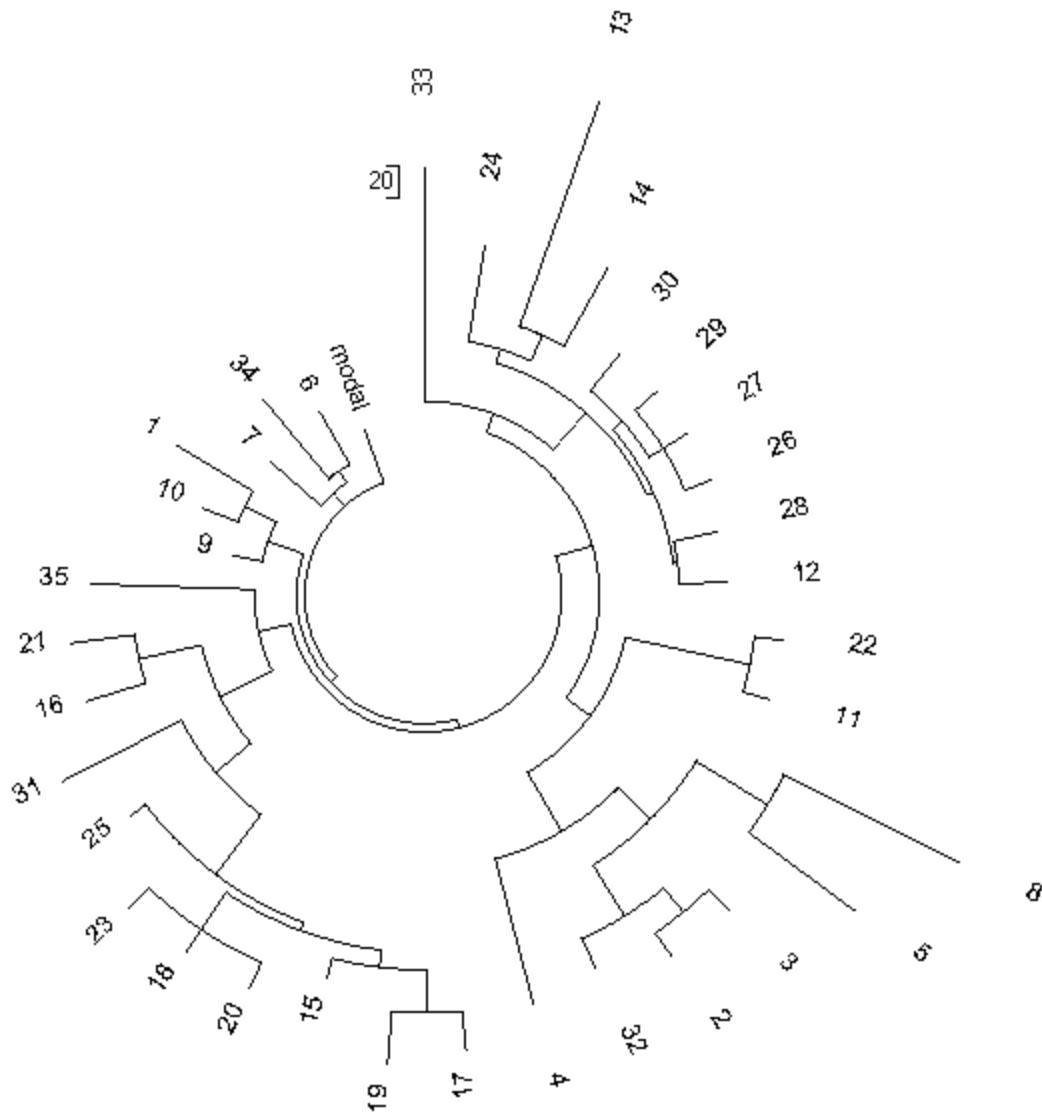


Рис. 3. Дерево из 35 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т Армении, все субклада М184.

13 24 14 10 14 16 X X 11 13 13 17 - 17 14 19 11 16 9 22

В первой 9 мутаций, во второй 4 мутации. Это дает $9/7/0.034 = 38 \rightarrow 40$ поколений, то есть 1000 лет до общего предка для первой ветви, и $4/6/0.034 = 20$ поколений, то есть 500 лет до общего предка для второй ветви. Расстояние между двумя базовыми гаплотипами - 12 мутаций, то есть 13,375 лет, как и расстояние между двумя субкладами гаплогруппы J2b, см. выше.

Таким образом, общий предок двух описанных ветвей в гаплогруппе Т жил примерно $(13375+1000+500)/2 = 7400$ лет назад, что в целом согласуется с величиной 6450 ± 770 лет до общего предка, полученный выше для всего дерева.

Заключение

Результаты приведенных расчетов не могут, конечно, сказать, когда именно предки носителей указанных гаплогрупп R1b1a2, J2 и Т прибыли на армянское плато. Но мы знаем, что общие предки этих гаплогрупп современных армян жили примерно 6250 ± 660 лет назад для гаплогруппы R1b1a2, 19 тысяч лет назад для гаплогруппы J2, и 6450 ± 770 лет назад для гаплогруппы Т. Мы в целом знаем по результатам ранних исследований, что носители гаплогруппы R1b1a2 прибыли на Кавказ с севера, это были создатели там называемой «курганной культуры» и их потомки (хотя сам термин «курганная культура» критикуется, но люди в это время на Русской равнине жили, и они в своем, видимо, большинстве были носителями гаплогруппы R1b). Естественно, вовсе не исключается, что носители R1b1a2 прибывали на протяжении тысячелетий на Кавказ и с юга, из Анатолии, но первичный поток был, скорее всего, именно с севера, с Русской равнины, где носители R1b обитали на протяжении от 12 до 5 тысяч лет назад (самарская археологическая культура, средневожская, курганная и так далее). Были ли они «фермерами», как гласит цитируемая статья, или охотниками, наездниками или бродячими артистами – мы не знаем. Для того, чтобы это знать, нужен комплекс независимых данных, а не рассуждения о том, сколько это было тысячелетий после ледникового периода.

Носители гаплогруппы J2 с общим предком 19-20 тысяч лет назад были, скорее всего, автохтонным населением Армянского плато. С юга они прибыли или с севера – мы не знаем. «Здравый смысл», что фактически эффемизм понятия «шаблонное мышление» говорит о том, что прибыли они с юга, их Месопотамии, со Средиземноморья, но мы этого не знаем. Так и надо честно сказать, а не фантазировать про «фермеров». Они прибыли оттуда, где обитали носители сводной гаплогруппы IJK, а где они обитали – мы опять же не знаем. Вполне возможно, что и на Русской равнине, или в Центральной Европе, или в Леванте. Но, скорее всего это древнейшие обитатели Армянского нагорья.

Не знаем мы также, откуда на Армянское плато прибыли носители гаплогруппы Т 6450 ± 770 лет назад. Из Ирана? Из Месопотамии? С Русской равнины? Из Азии? Пока это тоже остается неизвестным. Но уже есть датировки, пусть предварительные, и это уже немало.

Литература

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

Клёсов, А.А. (2011) ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 4, No. 7, 1367-1394.

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

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2011) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. *Advances in Anthropology*, 1, No.1, in the press.

Herrera, K.J., Lowery, R.K., Hadden, L., Calderon, S., Chiou, C., Yepiskoposyan, L., Regueiro, M., Underhill, P.A., Herrera, R.J. (2011) Neolithic patrilineal signals indicate that the Armenian plateau was repopulated by agriculturalists. *Eur. J. Human Genetics*, doi:10.1038/ejhg.2011.192 (16 November 2011).

Современное состояние субкладов и ветвей гаплогруппы R1a1a1 (Краткая справка-комментарий)

Исправленная и дополненная версия

И.Л. Рожанский

Комментарий (слегка модифицированный) к предыдущей версии (сентябрьский выпуск Вестника, авт. И.Л. Рожанский и А.А. Клёсов): В диаграмме ниже мы попытались объединить сведения из трех различных источников информации –
(1) дерево гаплогруппы R1a1 с вышестоящими и нисходящими субкладами, http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpR.html,
(2) дополнительные сведения о новых снипах (SNP), постоянно поступающие от специалистов в филогении (хотя немалое число новых снипов дезавуируется как ошибочные или частные, обнаруженные у отдельных людей и не находимые у других), и
(3) данные ДНК-генеалогии, согласно которым уже идентифицировано более 20 ветвей в гаплогруппе R1a1, каждая из ветвей имеет свой базовый гаплотип и его датировку (время, отделяющее нас от общего предка ветви).

В отношении примечания к п. 2 - любой из нас мог получить снип в Y-хромосоме от своего дедушки или любого другого ближнего прямого предка по мужской линии, и этот снип не найти у других (так называемые «частные снипы»), или он может появиться у других тоже совершенно случайно и не быть «родообразующим» сотни или тысячи лет назад.

Большинство ветвей пока не имеет свой специфический снип, хотя он просто обязан быть. Выявление снипов для каждой ветви только дело времени, но число ветвей будет тоже расти, ветви будут дробиться вплоть до отдельных кланов и семей. По некоторым соображениям, снипы в Y-хромосоме образуются с частотой один снип на поколение. Ясно, что далеко не все снипы окажутся «ветвеобразующими», но у каждой мужской линии (в понятиях генеалогии) определенно есть свои снипы.

Результат попытки объединения этой информации на сегодняшний день приведен ниже. Обновления этой диаграммы будут регулярно публиковаться в «Вестнике».

- R M207/**Page37**/UTY2, P224, P227, P229, P232, P280, P285, S4, S9
- **R1** M173/P241/**Page29**, M306/S1, P225, P231, P233, P234, P236, P238, P242, P245, P286, P294
 - • **R1a** L62/M513, L63/M511, L145/M449, L146/M420
 - • • **R1a1** **L120/M516**, L122/M448, M459, **Page65.2**/SRY1532.2/SRY10831.2
 - • • • **R1a1a** **L168**, **L449**, M17, M198, M512, M514, M515
 - • • • • **R1a1a α *** - Old European branch (DYS392=13, DYS455=10)
 - • • • • **R1a1a1** **L457**, M417, Page7
 - • • • • **R1a1a1*** -
 - • • • • **R1a1a1x** - North-Western branches (DYS388=10)
 - • • • • **R1a1a1x*** - [L872, L873, L874 - relative position uncertain]
 - • • • • **R1a1a1x1** **L664**
 - • • • • **R1a1a1h** **Z93** South-Eastern branches
 - • • • • **R1a1a1h*** -
 - • • • • **R1a1a1h1** **L342.2**
 - • • • • **R1a1a1h1*** - [Z94, Z96, L871 - relative position uncertain]
 - • • • • **R1a1a1h1a** **L657**
 - • • • • **R1a1a1h1x** - Ashkenazi Jewish branch
 - • • • • **R1a1a1h1y** - Kyrgyz branch
 - • • • • **R1a1a1h1z** - Bashkir branch (DYS425=10)
 - • • • • **R1a1a1y** **Z283**
 - • • • • **R1a1a1g** = **R1a1a1y α** M458
 - • • • • **R1a1a1g***
 - • • • • **R1a1a1g α** - Central European Branch
 - • • • • **R1a1a1g1** **M334** (position relative to L260 uncertain)
 - • • • • **R1a1a1g2** L260 Western Slavic branch
 - • • • • **R1a1a1i** = **R1a1a1y β** **Z280** Eurasian and Carpathian branches
 - • • • • **R1a1a1i*** - [L399, L450, L451, L458, L579, L783, L784, L785, L786]
 - • • • • **R1a1a1i1** **P278.2** Western Carpathian branch
 - • • • • **R1a1a1i2** **L365** Northern European branch
 - • • • • **R1a1a1i2 α** **L669**, **L670**
 - • • • • **R1a1a1i3** **L366** Central Eurasian-3 branch
 - • • • • **R1a1a1i α** **Z92** Northern Eurasian branch
 - • • • • **R1a1a1i α x** L235
 - • • • • **R1a1a1yy** **Z284**
 - • • • • **R1a1a1yy*** - Old Scandinavian branches
 - • • • • **R1a1a1yy1** **L448** Young Scandinavian Branch
 - • • • • **R1a1a1j** **L176.1/S179.1**
 - • • • • **R1a1a1j*** -
 - • • • • **R1a1a1j1** **L175**
 - • • • • **R1a1a1a** **M56**
 - • • • • **R1a1a1b** **M157.1**
 - • • • • **R1a1a1c** M64.2/**Page44.2**, M87, M204
 - • • • • **R1a1a1d** P98
 - • • • • **R1a1a1e** **PK5**
 - • • • • **R1a1a1f** M434

В трех случаях ветви идентифицированы характерными аллелями, как в случае «десятников» (DYS388 = 10) северо-западной Европы, башкирской ветви, тоже «десятников» (DYS425=10), и «старой европейской ветви» (DYS392=13). Все три маркера - очень «медленные», и мутации в них происходят в среднем раз в 4,500, 20,000 и 1,900 поколений, соответственно. Вряд ли стоит это переводить как один раз в 112,500 лет, 500,000 лет и 47,500 лет, соответственно, хотя технически это верно. Лучше рассматривать это как одно рождение мальчика с такой мутаций на 4,500, 20,000 и 1,900 рождений. Это - потенциальные ветвеобразующие мутации.

ЛАДОЖСКАЯ АСТРОБЛЕМА

В.Юрковец

valery.yurkovets@gmail.com

В статье рассматриваются геологические, геоморфологические, ландшафтные и иные доказательства того, что котловина Ладожского озера является молодой - около 40 тысяч лет - астроблемой. Представлены некоторые выводы, следующие из этого положения.

В 2002 году Институт озероведения Российской академии наук выпустил атлас «Ладожское озеро», в котором собрал результаты многолетнего его изучения (Институт озероведения РАН, 2002). Во второй части атласа приводятся основные данные о котловине озера - реконструкция этапов развития Ладожского озера в поздне- и послеледниковую эпохи, карта рельефа дна, тектоническая схема района Ладожского озера, геологическая карта, карта четвертичных и современных донных отложений.

Согласно представлениям учёных Института озероведения, котловина Ладожского озера представляет собой т.н. «активизационную структуру» - рифейскую (!) грабен-синклиналь, которая непостижимым образом могла сохраниться в течение миллиарда лет (со времени среднего рифея) в неизменном виде. И не только сохраниться, но и остаться даже не заполненной при этом осадками: на дне Ладоги, по данным Д.А.Субетто (стр. 47, здесь и далее номера страниц даются по Атласу), отсутствуют какие бы то ни было осадки кроме голоцен-верхнеплейстоценовых, самая нижняя пачка которых представлена ледниковыми отложениями. Т.е. возраст озера совпадает с возрастом валдайской (вюрмской) ледниковой толщи и не может превышать 70 тысяч лет.

Неудачным, на мой взгляд, является и название - «грабен-синклиналь», с помощью которого составитель тектонической схемы района Ладожского озера А.В.Амантов объясняет причину появления котловины Ладоги (стр.44). И, вероятно, по умолчанию все наблюдаемые в районе Ладоги ландшафтные, геоморфологические и геологические аномалии, остаются нехарактерными для такой стабильной в тектоническом плане территории как Русская платформа.

Например, закартированный автором Геологической карты А.В.Амантовым (стр.46) локальный (не затронувший смежные территории) надвиг древнейших пород волынской серии верхнерифейского-нижневендского

возраста на породы редкинского горизонта, более молодые. Амплитуда надвига составляет 5 – 6 километров. Сам надвиг расположен полукольцом и представляет собой естественную границу, отделяющую глубоководную часть Ладоги от мелководной. В глубоководной части Ладоги глубины достигают 200 метров и больше, в мелководной – метры и первые десятки метров; средняя глубина Ладоги - 47 метров (стр. 39-43).

Нет объяснения и проявлению вулканизма на этой территории, о чём свидетельствуют покровные и субвулканические базальты, слагающие северо-восточную окраину Ладожского озера, а также гряда экстрезивных куполов габбро-граносиенитов, прорывающих на дне глубоководной части Ладоги осадочные породы среднего рифея. Верхушки этих экстрезивных куполов являются главными островами Ладоги – Валаамский архипелаг, о. Мантсинсари, о. Лункулансари. Максимальный перепад высот, который можно наблюдать вдоль этой гряды – 268 метров (между о. Валаам и глубоководной впадиной к западу от него), что является одной из геоморфологических аномалий Ладоги. Такие перепады вообще не характерны для столь древнего рельефа, который наблюдается здесь.

К другим геоморфологическим аномалиям относятся, в первую очередь, большие глубины северо-западной части Ладоги, в несколько раз превышающие высоты окружающей суши (на суше перепад высот редко превышает 100 метров). В результате этого глубоководная часть Ладоги выглядит как гигантская воронка. Это сходство ещё больше усиливается из-за того, что она имеет почти идеальную круговую форму. Кроме того, резкий геоморфологический контраст наблюдается между северной глубоководной и южной мелководной частями Ладоги, что определённо свидетельствует о различном генезисе этих двух частей единого озера.



**Рис.1 Глыба весом несколько тонн (естественное образование).
Воттоваара. Карелия**

К ландшафтным аномалиям можно отнести большое количество разного размера (нередко огромных) обломков горной породы с острыми неровными и не окатанными краями (следовательно, не подвергшимися переносу), повсеместно разбросанных в окрестностях Ладоги. В том числе и на равнине, вдали от каких-либо источников скальных пород, и которым (обломкам) взятая здесь было неоткуда кроме, как прилететь по воздуху. Возможная транспортировка их ледниками исключается, как уже сказано, из-за того, что такие глыбы не несут на себе следов переноса – Рис. 1, 2.



Рис.2 Варашев камень. Ладога, Погранкондуши. Высота около 2 метров

Все эти аномалии не находят объяснения в геологическом строении данной территории, характеризующейся в первую очередь исключительной стабильностью именно в тектоническом отношении (краевая часть Русской платформы и Балтийский щит). Это не исключает и компенсационную постледниковую тектонику, поскольку Ладога находится в зоне нулевых значений изостатического постледникового поднятия Фенноскандии (Ollier, 1981). Или – в северной части – близких к ним.

Следовательно, причина образования Ладожского озера не земная, а, как я полагаю, космическая - т.е. котловина Ладоги образовалась в результате падения огромного метеорита или астероида. При этом глубоководная часть представляет собой кратер взрыва диаметром более 80 километров.

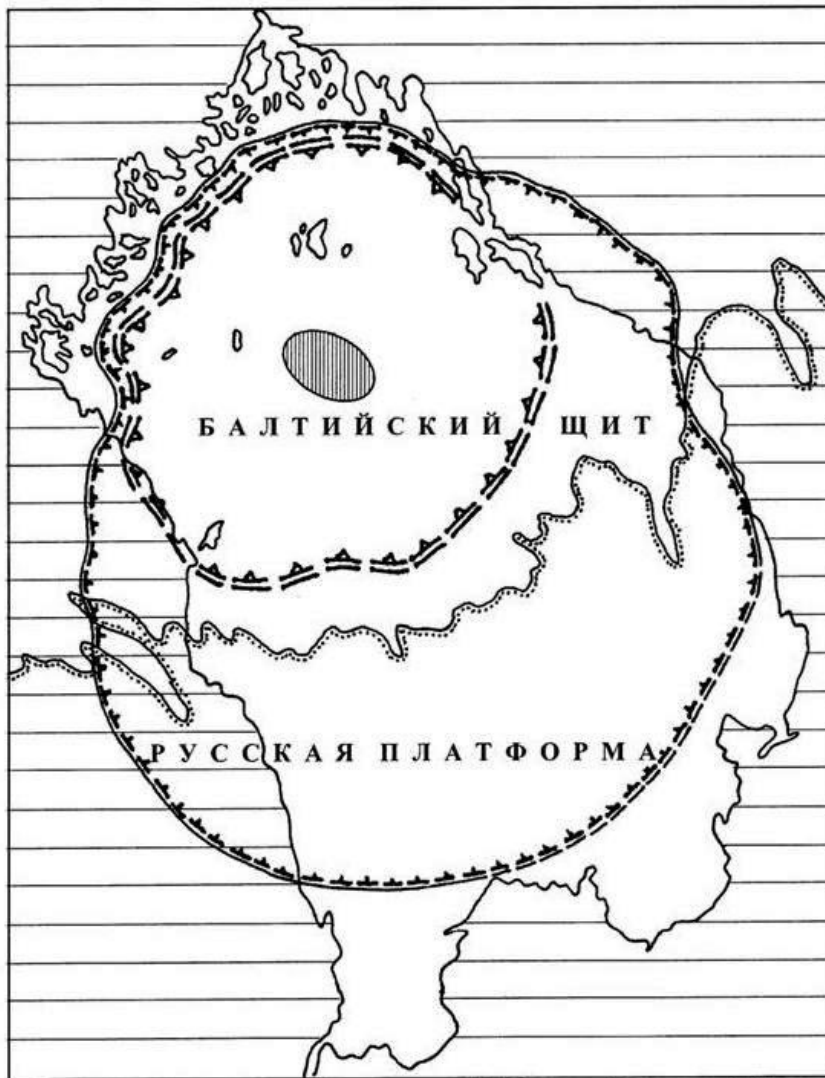
В 2004 году вышла моя статья, где была предложена данная модель образования котловины Ладожского озера, объясняющая все перечисленные выше геологические, геоморфологические и ландшафтные аномалии (Юрковец, 2004). Ниже представлены основные выводы этой статьи и структурно-тектоническая схема (рис. 3), построенная на их основе с использованием данных Тектонической схемы (стр. 44-45) и Геологической карты (стр. 46) А.В.Амантова.

Несмотря на критику, считаю необходимым отметить превосходную работу А.В.Амантова, выделившего все основные элементы геологического строения Ладожской астроблемы, но давшего им неверное, с моей точки зрения, толкование, либо вообще не давшего никакого толкования тем особенностям, которые не находили своего объяснения в рамках земной парадигмы образования Ладоги. Как, например, в случае с вулканизмом. Или со «стратиграфическим парадоксом» в полосе распространения редкинского горизонта, отложения которого перекрываются более древними породами верхнего и среднего рифея. На мой взгляд А.В.Амантов закартировал здесь надвиг - южный край огромного кратера, образованного взрывом. Взрыв поднял нижележащие - более древние породы верхнего и среднего рифея, и уложил их поверх более молодых отложений.

Основным элементам строения Ладожской астроблемы на Тектонической схеме Амантова соответствуют элементы строения «активизационной структуры». Её ширина в северной части - более 80 км (кратер взрыва). И - около 140 км в самом широком месте (кальдера проседания). Максимальная глубина в районе кратера - немногим более 1000 метров (до кровли кристаллического фундамента). Эти данные замечательно совпадают с теоретической моделью астроблемы, которая получается при решении обратной задачи - определении параметров космического тела по исходным данным, о чём будет сказано ниже.

Наличие внутри кратера взрыва геологических структур вулканического происхождения указывает на то, что взрыв был настолько мощным, что нарушил монолитность земной коры в месте удара. По образовавшимся трещинам из нижележащего слоя земли на поверхность стала поступать магма. Из-за резкого перепада давления в этом слое, а также огромной температуры, образовавшейся при взрыве, горные породы просто вскипели. Это привело к выбросу в атмосферу в виде вулканического пепла гигантского количества материала, сопоставимого с объемом образовавшегося понижения - Ладожского озера. За вычетом массы воды, вносящей свой вклад в это понижение, масса изверженного материала составила более триллиона тонн.

**СТРУКТУРНО-ТЕКТОНИЧЕСКАЯ СХЕМА
ЛАДОЖСКОЙ АСТРОБЛЕМЫ**



Составил: В.Юрковец

У с л о в н ы е о б о з н а ч е н и я:


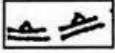
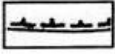

- | | |
|---|--|
|  | Геологическая граница между породами плитного чехла (Русская платформа) и кристаллического фундамента (Балтийский щит) |
|  | Граница кратера взрыва |
|  | Граница кальдеры проседания |
|  | Эпицентр современной тектоники |

Рис.3 Структурно-тектоническая схема

Опустошение недр привело к формированию кальдеры проседания в районе катастрофы, сформировавшей мелководную часть котловины Ладожского озера (рис. 3). Тектонические нарушения были залечены остывшими в приповерхностном слое субвулканическими породами, сформировавшими дайкообразные тела, слагающие острова Валаам, Мантсинсари и другие.

И без того невообразимые масштабы катастрофы, произошедшей здесь, тем не менее одной только Ладогой не ограничиваются. Природа возникновения Онежского озера, системы озер Сайма, озера Ильмень, вероятнее всего, аналогична ладожской. На это указывает, в частности, наличие явно просматривающейся кольцевой структуры "озерного края" Финляндии, необычные контуры и большие глубины Онеги, неопределённый генезис озера Ильмень.

Какого размера было небесное тело? Оценить, хотя бы примерно, размеры небесного тела, падение которого привело к образованию котловины Ладожского озера, можно с помощью самой котловины. Котловина, как это видно на Структурно-тектонической схеме, имеет не только явно выраженную пространственную асимметрию, но и структурно-геологическую. Например, надвиг пород волынской серии (более древних) на породы редкинского горизонта (более молодые) имеет место только по юго-восточному обрамлению кратера взрыва, что говорит о том, что удар астероида пришёлся именно в этом направлении. Кроме того, центр кальдеры проседания не совпадает с центром кратера взрыва (что должно было бы наблюдаться при вертикальном падении), а смещён относительно него на некоторое - весьма существенное - расстояние.

Для того, чтобы оценить это смещение и одновременно избежать субъективного фактора в оценке влияния геологического строения территории, просто аппроксимируем границы Ладогой эллипсоидной фигурой, как это показано ниже (рис. 4). Очевидно, что нижний фокус является эпицентром кальдеры проседания - т.е. зоной, из которой шло поступление магматического материала верхней мантии на поверхность во время извержения.

Расстояние между фокусами эллипса составляет около 100 километров. Мощность земной коры в данном регионе - около 40 километров. Следовательно, система трещин, по которым поступала магма, расположена под углом около 20 градусов (тангенс 20 градусов примерно равен 0,4). Вероятно, под этим углом и произошёл удар астероида о Землю.

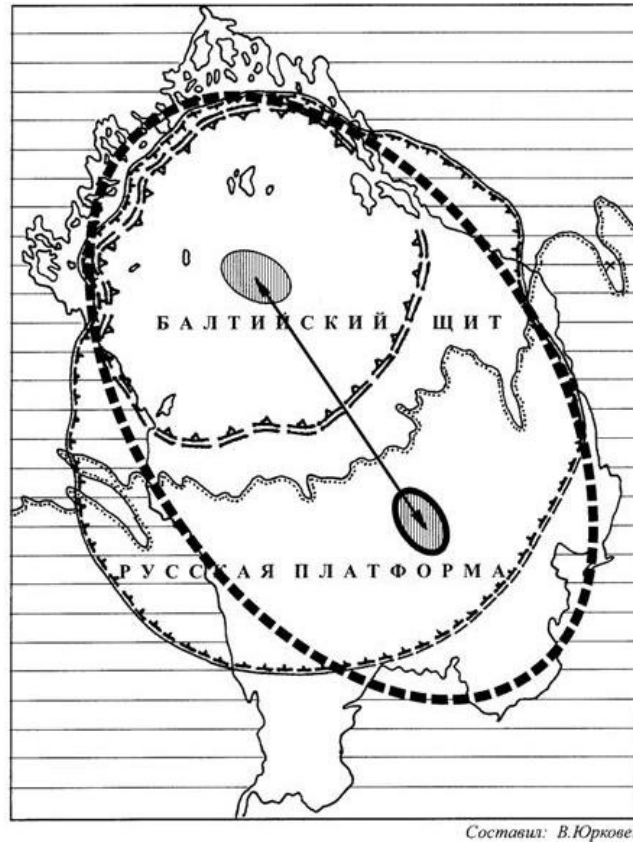


Рис. 4 Аппроксимация модели Ладожской астроблемы

Эта величина, наряду с размерами кратера взрыва, свойствами мишени и космического тела, даёт возможность оценить другие параметры данного события с помощью программы «Earth Impact Effects Program» (Imperial College, 2010). Определённые методом подбора под исходные данные, они следующие. При размере космического тела 11 км в поперечнике, скорости падения на Землю 17 километров в секунду (согласно программе - наиболее вероятной), плотности космического тела и мишени 3000 и 2750 кг/куб. м соответственно (табличные, близкие к реальным), угле падения 20°, будет образован кратер диаметром 87,8 километров и глубиной 1,14 километра. Совпадение расчётных пропорций с наблюдаемыми (Тектоническая схема А.В.Амантова) практически идеальное, что также говорит в пользу предложенной модели.

Импактный комплекс, по-видимому, распространён в основном в озёрной впадине – в глубоководной её части. За исключением того материала, о котором сказано выше – значительной массы обломков пород мишени, разбросанных повсеместно в окрестностях Ладоги, т.е. - **взрывной брекчии**, если называть вещи своими именами, внешний контур, как это и

должно быть, представлен самым крупным обломочным материалом.

Сопоставление данных геологической карты и тектонической схемы А.В. Амантова практически не оставляют в этом сомнений. На геологической карте эта зона представлена породами среднего рифея нерасчленённого – песчаниками, алевролитами, аргиллитами, конгломератами, гравелитами, т.е. породами плитного чехла, в то время как на тектонической схеме здесь же нарисована та часть «активизационной структуры», которая находится на щите – севернее границы, отделяющей плитный чехол от пород Балтийского щита.

Налицо явное противоречие, которое усугубляется тем, что на поверхности (вне вод озера) севернее этой границы, породы плитного чехла отсутствуют. Согласно этим построениям, получается, что породы плитного чехла 80-километровым языком вторгаются в самую глубоководную часть озера, что является ещё одним - структурным - парадоксом в добавление к описанному выше стратиграфическому - ведь двухсотметровой глубины впадина должна обнажить более глубокие слои, а она невероятным образом обнажила слои более молодые.

Этот парадокс легко разрешается, если принять во внимание наличие здесь кратера взрыва. Космическое тело ударило примерно в районе границы плитного чехла и пород щита, взрывом сдвинув границу между ними немного к югу. А образовавшийся из пород плитного чехла (и, вероятно, щита) обломочный материал составил коптогенный комплекс пород Ладожской астроблемы, как это показано ниже на рис.5.

Ещё одним значимым последствием падения является т.н. «огненный шар» («fireball») – вспышка от гигантского взрыва, вызванного падением астероида. Её параметры, как следует из той же программы, таковы:

- видимый радиус шара: 131 километр;
- термальное воздействие: $3,49 \times 10^9$ джоуль/м²;
- продолжительность иррадиации: 29 минут;
- лучистый поток (кратно солнечному): 2000.

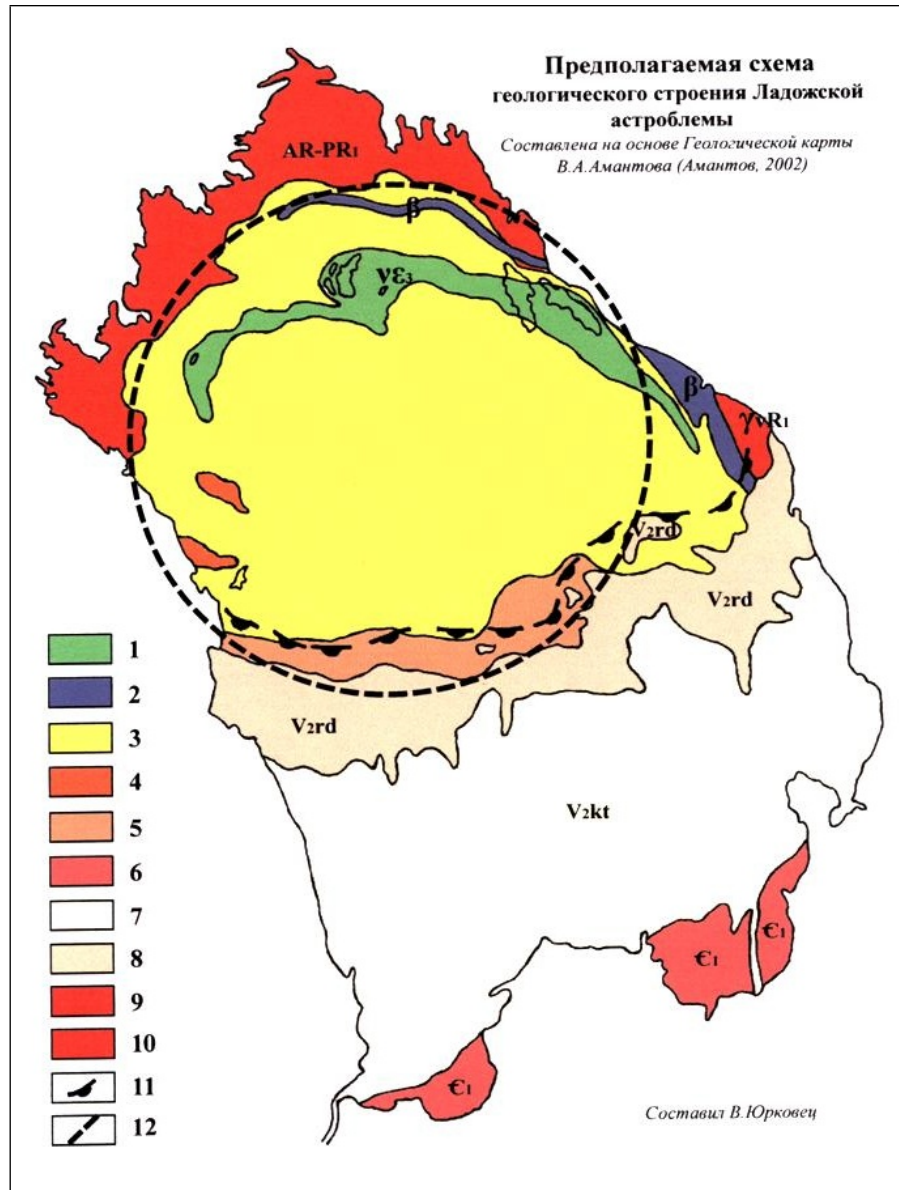


Рис. 5. Предполагаемая схема геологического строения Ладужской астроблемы

1 – габбро-граносиениты предположительно верхнеплейстоценовые; 2 – базальты предположительно верхнеплейстоценовые; 3, 4, 5 – породы коптогенного комплекса; 6 – нижний отдел кембрийской системы; 7 – котлинский горизонт валдайской серии верхнего венда; 8 – редкинский горизонт валдайской серии верхнего венда; 9 – нижний рифей; 10 – архей – нижний протерозой; 11 – граница распространения редкинского горизонта; 12 – граница кратера.

Понятно, что две тысячи солнц, воздействуя на окружающую поверхность в течение почти получаса, должны были оставить неизгладимый след на поверхности земли и проявиться в четвертичных отложениях на данной территории в виде маркирующего горизонта. Если бы не одно обстоятельство – Приладожье за прошедшее после падения время была в значительной мере перепахана ледниками верхнеплейстоценового Валдайского оледенения.



1a



1b



2

3

Рис. 6 Образцы оплавленной гальки

1a – галька дунита, верхняя оплавленная сторона; 1b – тот же образец с нижней неоплавленной стороны; 2 – гранитная галька, вид сбоку; 3 – песчаник, вид сверху

Тем не менее, значительные фрагменты этого горизонта сохранились на территории Ленинградской области, расположенной к югу от Ладоги, где сплошного оледенения не было. В частности, он был вскрыт в подводной части песчаного карьера в п. Шапки Госненского района Ленинградской области. Карьер уже выработан ниже уровня грунтовых вод, и песок в нём берут драгой со дна образовавшегося водоёма. Маркирующий горизонт находится на глубине около 10 метров, откуда массово поднимается галька частично оплавленных пород самого различного состава. Как правило, с оплавленной стороны наблюдается слой мелкой каменной крошки, прилипшей к оплавленной корке, поднятой, очевидно, вихрем взрывной волны. Некоторые образцы из этого карьера можно видеть на фото ниже, все они примерно одинакового размера, 7 - 8 см в поперечнике.

Здесь же были найдены, возможно, прямые доказательства падения космического тела – предполагаемый микрометеорит, который попал в гальку девонского кварцевого песчаника – горной породы, распространённой в Приладожье (рис. 6).



Рис. 7 Предполагаемый микрометеорит



Рис.8 Предполагаемый микрометеорит. Вид сверху

Размер образца в поперечнике около 10 см. Согласно предварительному анализу, сделанному в лаборатории ВСЕГЕИ, предполагаемое метеоритное вещество представлено в нём переплавленным троилитом (?), углеродом – сажей, и другими минералами. Морфологически - наличием регмаглиптов и следами плавления, он также соответствует метеориту (рис. 7). Однако окончательный вывод относительно этой находки можно будет сделать только после изучения в специализированной лаборатории. Например, в лаборатории метеоритики ГЕОХИ РАН, если эта публикация их заинтересует.

На фото (рис. 6) видно, что удар привёл к образованию трещин в гальке девонского песчаника, которые были частично залечены мгновенно остывшим метеоритом. Девонские кварцевые песчаники являются почти мономинеральной горной породой, относительно слабо сцементированной. В результате попадания микрометеорита в такую мишень образовалась оплавленная корка из стекла, которая, вероятно, обеспечила сохранность этих быстро разрушающихся в земных условиях минералов. К этой корке также прикипела каменная крошка, поднятая взрывом. Большой сохранности способствовало также то, что образец до его добычи находился в погребённом состоянии ниже зоны окисления.

Похоже, падение основного космического тела сопровождалось настоящим ливнем из микрометеоритов, плотность которого можно оценить по следующему образцу (рис. 8). Его размеры примерно 20 x 20 сантиметров, тем не менее, на его поверхности можно насчитать более десяти следов удара микрометеоритов.



Рис. 9. Образец со следами ударов микрометеоритов

Такие образцы – с единичными и множественными следами от ударов микрометеоритов – не редкость. В относительно небольшом объёме песка упомянутого выше карьера мною их найдено около десятка. Точной привязки к какому-либо горизонту нет, поскольку они поступают вместе с песком, который черпает драга со дна водоёма.

Открытие Ладужской астроблемы позволило разгадать (пока чисто теоретически) один из самых таинственных феноменов Ладоги – т.н. «баррантиды».

*(Справка. **БАРРАНТИДЫ** – местное название звуков непонятного происхождения, идущих из-под воды Ладужского озера в районе между островами Валаам и Коневец. Звуки чаще всего появляются в районе самых больших глубин в озере и своим жутким воздействием пугают местных рыбаков и пассажиров проплывающих мимо судов (Энциклопедия аномальных явлений).*

Гул длится секунды и напоминает звук проходящего вдали поезда. Помимо звуков данное явление может сопровождаться моретрясением и «кипением воды» при полном штиле, что многократно описано моряками и путешественниками в разные времена.

В 1988 году о загадочном явлении рассказал журнал "Природа" (№ 5) в статье научных сотрудников Института физики Земли Б.А.Ассиновской и А.А.Никонова "Загадочные явления на Ладужском озере". В этой статье приводятся как древние исторические свидетельства данного феномена, так и современные, в том числе рассказы очевидцев, записанные самими авторами. Как пишут Б.А.Ассиновская и А.А.Никонов, первая попытка научного изучения ладужского феномена была предпринята в 1914 году после письма в Главную физическую обсерваторию в Петербурге делопроизводителя Валаамского монастыря иеромонаха Поликарпа. В этом письме он сообщал, что «...за истекшие пять лет у нас наблюдается следующее явление: в юго-западной и западной сторонах Ладужского озера слышатся иногда подземные звуки, имеющие сходство с отдаленными пушечными выстрелами. Этот подземный гул бывает разной степени: иное время он бывает слышен вдали, в озере, как бы исходя из водной пучины, в редких случаях гул этот слышится явно, раздаваясь под землею и по большей части в западной части Валаама. В последнем случае случайно приходилось наблюдать, что подземный гул, слышанный на острове, сопровождался едва уловимым сотрясением земли. ... 28 минувшего сентября и 9 сего октября подземный гул, слышанный в западной части острова Валаама, сопровождался чуть заметным содроганием почвы. Как отражается этот подземный шум на водной поверхности Ладужского озера и вызывает ли на поверхности воды волнение, этого не приходилось наблюдать по той причине, что Ладужское озеро редко бывает в спокойном состоянии...».

Систематические исследования организовать тогда не удалось, но по просьбе сейсмологов монахи вели записи о появляющемся шуме до 1927 года. Всего было обнаружено 125 таких записей. Но, как предполагают авторы, таких записей, а следовательно и самих явлений, могло быть и больше. Известны подобные описания и в более отдалённом прошлом - например, свои впечатления о баррантиде оставил Александр Дюма, посетивший Валаам в 1858 году.

Из статьи следует, что данное явление носит постоянный характер, наблюдается в течение многих столетий и - по крайней мере, в период наблюдения за феноменом монахами Валаама - по несколько раз в год.

Единственная на настоящий момент научная версия о происхождении баррантид - сейсмическая. Как пишут авторы *«...источниками подземных гулов бывают слабые землетрясения, очаговые зоны которых расположены в непосредственной близости. Сила звуков определяется энергетической величиной толчка и расстоянием до наблюдателя. Количество ударов зависит от волновой характеристики события - прохождения продольных и поперечных волн. Хорошо известно, что слабые, а тем более сильные землетрясения в эпицентральной области часто сопровождаются центростремительным подземным гулом и свечением атмосферы. А моретрясения и «кипение воды» при полном штиле также многократно описаны моряками и путешественниками разных времен и народов»*.

Но вот парадокс - существующая высокочувствительная сейсмологическая сеть, в том числе финская, не регистрировала землетрясений из района Ладожского озера (Асиновская, Никонов, 1988).

И ещё одна цитата из этой же статьи: *«Примечательная информация поступила от капитана местной флотилии. Лет десять назад его судно на пути к Валааму (то есть южнее острова) неожиданно попало в участок бурлящих вод, что не объяснялось никакими погодными условиями. Невозможно не обратить внимание на согласные свидетельства всех очевидцев о месте возникновения звуков - к юго-западу и западу от о. Валаам. Именно здесь находится самое глубокое место озера»*.

По описанию капитана одного из судов, попавшего в такой кипящий «котёл», вода в нём оставалась холодной, а само кипение распространялось «полосами».

Т.е. «кипела» холодная вода, следовательно, на поверхность озера выходил не пар, а какой-то газ, источник которого не нужно долго искать, если принять во внимание существование когда-то в данном регионе локального

вулканизма, вызванного падением здесь массивного метеорита либо астероида.

В пользу такого предположения свидетельствует тот факт, что баррантиды наблюдаются в зоне самых больших глубин ладожской котловины, т.е. в центре кратера взрыва. В таком случае Ладога - и поныне действующий вулкан в его последней, фумарольной стадии. А на её глубине, в самом сердце кратера, работает уникальный по происхождению и геологическому строению аналог камчатской Долины Геизеров и Йеллоустонского парка Америки.

Как известно, вулкан в фумарольной стадии уже не извергает лаву или пепел, а вся его активная деятельность происходит в форме выделения газовых струй (вероятно, этим явлением объясняются полосы «кипения» на Ладоге), водяных паров и горячей воды. Видимо оттого и не фиксирует существующая высокочувствительная сейсмологическая сеть землетрясений, что причины баррантид – не сейсмические.

Известно, что на выделение воды и пара определяющее влияние оказывает гидрогеологическая специфика местности, в нашем случае – её крайний вариант, когда фумарольное поле полностью находится под водой. Такое поле, как на Ладоге (если оно действительно существует) ещё не изучалось учёными-вулканологами, но паро-газовые выбросы действующих вулканов на Камчатке, которые слышны за несколько километров, или работа гейзеров удивительно напоминают ладожский феномен. Вот как описывает очевидец работу одного из самых крупных гейзеров на Земле – Первенца из Долины Геизеров на Камчатке:

*«После извержения грифон пуст, на дне его видно отверстие - канал. ... **Через некоторое время из-под земли доносится гул, похожий на шум мотора:** по каналу начинает подниматься вода, постепенно наполняющая бассейн. Она кипит, доходит до краев бассейна, поднимается все выше и выше, выплескивается и, наконец, **со взрывом** вырывается косо направленный столб кипятка, окутанный густыми облаками пара. Фонтан поднимается на высоту не менее чем 15 – 20 м.»*

Если из этого описания исключить увиденное и оставить только услышанное, получим удивительное совпадение с той звуковой картиной, которую рисуют свидетели баррантид – как современники, так и наши предки.

Вещественные признаки Ладожской астроблемы. Как уже было сказано выше, нарушение монолитности Балтийского щита привело к проявлению

локального вулканизма в зоне удара. Об этом свидетельствуют излившиеся базальты, закартированные в северо-восточной части кратера, а также гряда экструзивных куполов габбро-граносиенитов, прорывающих на дне глубоководной части Ладоги осадочные породы среднего рифея.

Такой разброс петрографического состава в пределах одного извержения, вероятно, трудно будет объяснить уникальностью Ладожской астроблемы, однако это дело будущих исследований. Тем не менее, очевидное решение данной проблемы состоит в том, что базальты данной структуры, если она действительно представляет собой астроблему, настоящими базальтами не являются. Возможно, они являются тагамитами – расплавленными при ударе породами, которые образуют собственные геологические тела, подобные ладожским базальтам. В пользу этого предположения говорит тот факт, что тагамиты в большинстве случаев формируются за счет плотных изверженных и метаморфических пород и редко встречаются в кратерах, сформированных в осадочных толщах. Что и наблюдается в нашем случае – покровные и субвулканические базальты распространены в северо-восточной части кратера, как раз в пределах метаморфических пород Балтийского щита.

Поскольку тагамиты наследуют черты валового химического состава пород, из которых они образуются, то наши базальты, если они действительно являются тагамитами, могли образоваться только из пород основного состава. Что как раз и имеет место в этой зоне – метаморфические породы Балтийского щита представлены в основном метабазами и амфиболитами, т.е. метаморфизованными и метаморфическими породами основного состава.

Как оказалось, нет проблем и с ещё одним (кроме взрывной брекчии, «микрометеорита» и предполагаемых тагамитов) вещественным подтверждением того, что котловина Ладожского озера является астроблемой, нарушившей монолитность Балтийского щита. Речь идёт о вулканическом пепле, который, судя по кальдере оседания и отсутствию эффузивной толщи, был основным продуктом ладожского извержения. Это кроме, разумеется, базальтов (относительно которых, однако, имеются сомнения) и субвулканических габбро-граносиенитов (относительно которых никаких сомнений нет).

В условных обозначениях к Геологической карте А.В.Амантова последние представлены как породы «габбро-граносиенит-субщелочно-лейкогранитовой» серии. Этим породам должны соответствовать пеплы трахитового состава. Однако для того, чтобы искомые пеплы имели отношение к Ладожской астроблеме, необходимы дополнительные

условия. Во-первых, чтобы они - из-за экстраординарной масштабности события - имели широкое распространение. А во-вторых, имели подходящий, т.е. верхнеплейстоценовый, возраст.

Такие пеплы есть на Русской равнине, и они действительно довольно широко распространены. И не только на Русской равнине, но также и в Южной Европе. Их состав, возраст и площадь распространения идеально соответствуют необходимым условиям. Речь идёт о т.н. «С1 тефре» Костёнок и Дуванок (с. Александровка) Воронежской области, где она впервые была найдена и описана. Кроме того, эта тефра встречается в Ростовской области, на Украине, в Болгарии, Румынии, Греции, на Кипре, в морских донных осадках Восточного Средиземноморья (Мелекесцев и др., 1984; Мелекесцев и др., 2002).

Состав этих пеплов - трахитовый, что вполне соответствует составу субвулканических построек в кратере Ладоги. Возраст - около 40 тысяч лет, т.е. верхнеплейстоценовый, что хорошо вписывается в хронологические рамки донных отложений Ладожского озера. Что касается площади распространения, то она огромна. По данным вулканологов Института вулканологии ДВНЦ РАН И.В.Мелекесцева и др., занимавшихся изучением этих пеплов, она равна 2,5 - 3 миллионам квадратных километров.

В настоящее время происхождение этой тефры связывают с катастрофическим извержением Флегрейских полей в Италии. С чем, однако, решительно невозможно согласиться. Дело в том, что объём выброшенного Флегрейскими полями пепла по оценкам вулканологов составляет 75 - 150 кубических километров. Он не может превышать верхней планки в 150 кубокилометров, которая и так несколько завышена, поскольку эмпирически установлено, что объёмы выброшенного в атмосферу пепла и лавовых пирокластических потоков у извержений подобного типа примерно равны или находятся в соотношении 2:3. А объём материала пирокластических потоков в районе Флегрейских полей примерно равен 140 кубических километров (Мелекесцев и др., 2002). И для того, чтобы не превысить этот объём, авторам пришлось «размазать» эту тефру по столь огромной территории очень тонким слоем - 3 - 5 см. Однако даже на удалении 1200 км от предполагаемого этими же авторами источника - острове Крит - слой данной тефры равен 6 см. А ещё дальше - в Воронежской области России, т.е. на расстоянии около 2000 км, установлены слои пепла мощностью до 50 см (Костёнки) и более. Так, например, средняя мощность пеплов с. Александровка в этом же районе - 62 см.

Авторы попытались обойти данное противоречие с помощью «субинхронных понижений рельефа» - балок, оврагов, котловин, в которых мог накапливаться мощность (теоретически) переотложенный пепел. Однако это опровергается наблюдаемой в реальности картиной распределения пеплов в разрезе. Так, на «классической» схеме геолого-геоморфологического строения правобережья долины Дона в Костенковско-Борщевском районе по Г.И.Лазукову, слой пепла присутствует не только в разрезе низких террас, но и на водораздельной части рельефа (Лазуков и др., 1981). Уменьшение его мощности наблюдается только на крутых склонах (рис. 10). В целом он залегает согласно с подстилающей и перекрывающей его гумусированными слоями (древними почвами). Т.е. переотложение, конечно же, было, но даже на водоразделах сохранились его относительно ненарушенные реликты в десятки сантиметров мощности.

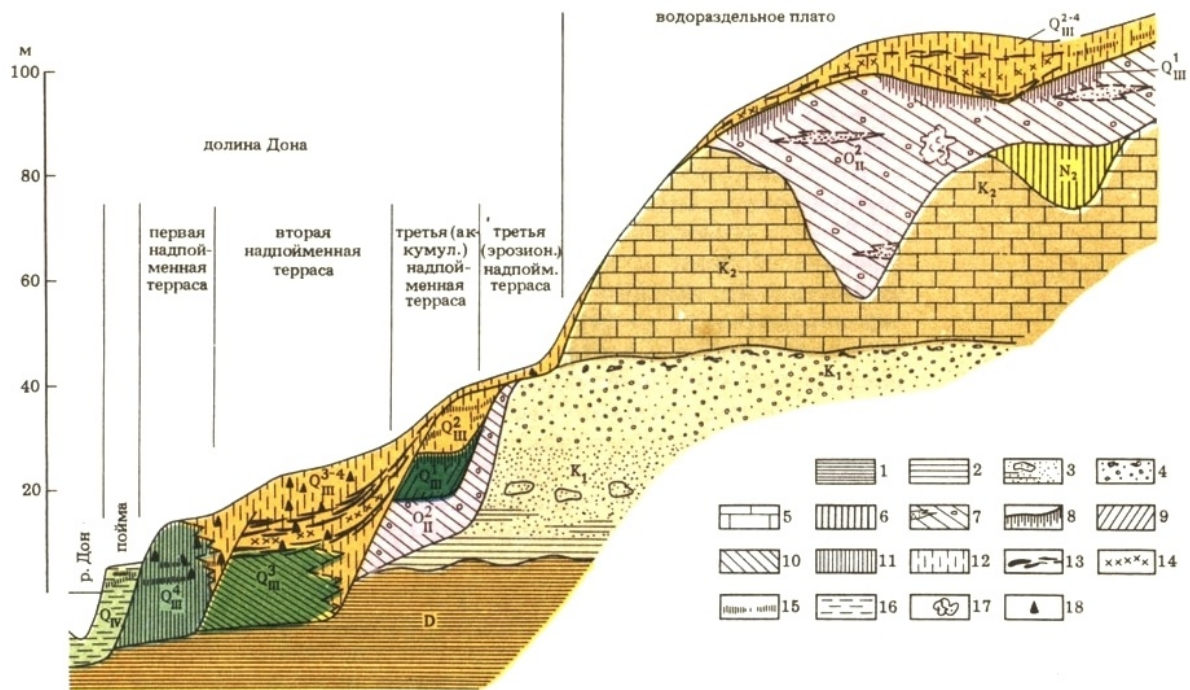


Рис. 10. Схема геолого-геоморфологического строения правобережья долины Дона в Костенковско-Борщевском районе (по Г. И. Лазукову) 1 - девонские глины, 2- нижнемеловые глины, 3 – нижнемеловые пески с прослоями глин и песчаников. 4- сеноманские пески, 5 - писчий мел, 6 - отложения скифского горизонта, 7 – отложения днепровского горизонта, 8 – микулинская погребенная почва, 9 – отложения третьей надпойменной террасы (аккумулятивной), 10 – аллювий второй надпойменной террасы, 11 – аллювии первой надпойменной террасы, 12 – лессовидные суглинки и супеси, 13 – гумусированные тощи на второй надпойменной террасе и водораздельном плато, 14 – вулканический пепел, 15 - послемиккулинские погребенные почвы, 16 – аллювий поймы, 17 – ледниковые отторженцы, 18 – культурные слои верхнепалеолитических стоянок.

Последнее обстоятельство резко – в несколько раз – увеличивает количество эруптивного материала, выброшенного в атмосферу. Оценить его объём по имеющимся данным можно только приблизительно. Для этого примем во внимание, что мощность слоя тефры убывает в южном направлении. На расстоянии 1200 км от Ладоги его мощность равна 50 см (минимальная для данного района). На расстоянии 2900 км (о. Крит) его мощность всё ещё остаётся значительной и равна 6 см. Если взять среднюю мощность тефры равной 50 см, что также является минимальным допущением, то объём эруптивного материала составит от 1250 до 1500 кубических километров (на самом деле он будет больше). Заметим – не 140-150 куб. км, а на порядок больше.

Эти цифры вполне согласуются с объёмом ладожской котловины, которую в первом приближении можно принять равной объёму водной массы Ладоги – 838 кубических километров, поскольку «насыпной» удельный вес пепла более чем в два раза меньше того вулканического материала, из которого он образуется.

Здесь, однако, возникает закономерный вопрос – а где те мощные слои тефры, которые должны были сформироваться в непосредственной близости от эруптивного центра? На этот вопрос имеется очень простой ответ – они не сохранились, поскольку эта территория после падения космического тела была дважды перепахана ледниками Средне- и Верхневалдайского оледенения, они же Вюрм II и III в Центральной Европе (Юрковец, 2011). Ледниковый щит здесь в это время достигал мощности 1500 метров и более, а краевая часть ледника в периоды максимума уходила на расстояние до 500 километров к югу от Ладоги (Гросвальд, 1989; Гросвальд, 2002).

Ещё одним аргументом, который приводят вулканологи в пользу итальянского источника, является тождественность химического состава пеплов Костёнок и игнимбритов Флегрейских полей. Однако данное обстоятельство не может быть решающим для того, чтобы отдать предпочтение тому или иному эруптивному центру, характеризующимся извержениями материала щелочного состава, поскольку химический состав трахитов определяется не географией вулканизма, а процессами дифференциации магмы. И если мы возьмём химический состав трахитов не из наших двух мест, а трахитов вообще – трахитов из любых точек планеты, то мы увидим, что их вариации мало чем отличаются от тех вариаций, которые мы наблюдаем в наших двух случаях. В качестве иллюстрации здесь можно порекомендовать, например, классические

работы по петрографии А.Н.Заварицкого и Е.А.Кузнецова, где есть эти данные.

Итак, если в качестве рабочей гипотезы допустить, что котловина Ладожского озера образована в результате падения космического тела, то все аномалии Ладоги находят свои непротиворечивые объяснения. Понятными становятся также причина и действительный масштаб столь драматического климатообразующего события, каковое получило название «ядерная зима» палеолита – выпадение огромных масс пепла на территории Русской равнины и юга Европы около 40 тысяч лет назад, что прервало естественное поступательное развитие преориньяка Костёнок (Anikovich, et al, 2007). Согласно представленным выше соображениям, извержение, имевшее столь катастрофические последствия, было как минимум на порядок более мощным, чем это можно было предполагать ранее – на основе изучения известных вулканических центров, примыкающих к данному региону.

Эта же цифра – **40 тысяч лет назад** – кроме того, является и уточнённой датой образования Ладожской астроблемы. А, следовательно – её наиболее древних донных отложений и вулканических пород кратера.

ДНК-генеалогический аспект. Катастрофические климатообразующие события подобного рода являются «бутылочными горлышками» для гаплогрупп, попавших в зону их влияния. А также причиной миграций и, как следствие, причиной образования новых ветвей на филогенетическом древе Y-хромосомы.

В качестве иллюстрации данного положения можно привести работу А.А.Клёсова, посвящённые расчёту хронологии появления всех мужских гаплогрупп современного человечества на основании анализа базовых гаплотипов самой медленной 22-х маркерной Y-хромосомной панели (Клёсов, 2011). Сопоставление филогенетического древа Y-хромосомы, построенной по этим данным, с климатической кривой (Yurkovets, 2011) позволяет предположить, что образование гаплогрупп С, I2 и R (или их родительских гаплогрупп, как Р или NОР, IJK) явилось следствием данного события. А это, в свою очередь, даёт не только временную, но и географическую привязку – т.е. место образования этих гаплогрупп. Таким местом в данном случае является юг Русской равнины, с большой вероятностью – палеолитические стоянки Костенковско-Борщевского района, пока единственные из известных подходящие по возрасту и географии.

Литература

- Ассиновская Б.А., Никонов А.А.,** 1998. Загадочные явления на Ладожском озере. «Природа», Москва. 5:49-53.
- Гросвальд М.Г.,** 1989. Последнее великое оледенение территории СССР. «Знание», Москва. 10:38-39.
- Гросвальд М.Г.,** 2009. Оледенение Русского севера и Северо-Востока в эпоху последнего великого похолодания. «Наука», Москва.
- Клёсов А.А.,** 2011. ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2). *Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484)*. 4(7):1367-1494.
- Институт озероведения РАН, ответственный редактор Румянцев В.А.,** 2002. Атлас «Ладожское озеро». Санкт-Петербург.
- Лазуков Г.И., Гвоздовер М.Д., Рогинский Я.Я.,** 1981. Природа и древний человек М: Издательство "Мысль". 169.
- Мелекесцев И.В., Кирьянов В.Ю., Праслов И.Д.** 1984. Катастрофическое извержение в районе Флегрейских полей (Италия) – возможный источник вулканического пепла в позднеплейстоценовых отложениях Европейской части СССР. *Вулканология и сейсмология*. Изд. АН СССР. Москва. 3:35-44.
- Мелекесцев И.В., Гурбанов А.Г., Кирьянов В.Ю., Черных В.И., Сулержицкий Л.Д., Зарецкая Н.Е.** 2002. Вулканические пеплы эксплозивных извержений позднего плейстоцена на территории Восточной и Южной Европы. Катастрофические процессы и их влияние на природную среду. Изд. «Региональная общественная организация ученых по проблемам прикладной геофизики». Москва. 65–86.
- Юрковец В.П.,** 2004. Первобыль. Исследование. «Родострой», Санкт-Петербург. 2:2-12.
- Anikovich M.V., M. V. Anikovich, A. A. Sinitsyn, John F. Hoffecker, * Vance T. Holliday, V. V. Popov, S. N. Lisitsyn, Steven L. Forman, G. M. Levkovskaya, G. A. Pospelova, I. E. Kuz'mina, N. D. Burova, Paul Goldberg, Richard I. Macphail, Biagio Giaccio, N. D. Praslov.,** 2007. Early Upper Paleolithic in Eastern Europe and Implications for the Dispersal of Modern Humans. *Science* 315, 223.
- Imperial College,** 2010. Earth Impact Effects Program, London. <http://impact.ese.ic.ac.uk/ImpactEffects/>
- Ollier, Cliff,** 1981. Tectonic and Landforms. Longman Group Limited, London and New-York. 44.
- Yurkovets, V.P.,** 2011. Climatic correlations. *Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484)*. 4(8):1633-1659.

Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии.

Веда 10. об исходе из Ини: к Северному морю, Полесью и Большому Кавказу.

Георгий Максименко

*«Feci, gnod potie,
Facant meliora potentes.»*

(А. Т. Липатов)

Резюме.

Продолжим серию исследований славяно-арийских вед «Велесовой книги» в свете заданной темы. В 10-й веде излагаются три направления исхода славян – ариев с их второй родины – Балкан: к Северному морю, на территорию Поленда и к горе Великой. Первое направление было исследовано ранее и опубликовано в двух материалах Вестника РА ДНК генеалогии, что облегчает исследование данного направления и сводится в основном к дополнению изложенной ранее информации. Ссылки на эти источники информации будут даны по ходу её освещения. Впервые исследуются ещё два новых направления исхода славян-ариев в Поленд, которое является не изученным доселе направлением, с точки зрения исследования славянских вед и Кавказское направление.

Данная веда не ограничивается описанием этих трёх исходов, хотя они представляют наибольший интерес с точки зрения исследований в области ДНК-генеалогии и являются наиболее привлекательными в исследованиях. Надо отдать должное автору (или авторам) этой веды, которые сумели отразить не только миграционную сторону, но и духовную её часть, отметив ряд простых постулатов, которые я счёл возможным вывести за рамки исследования, но вкратце пояснить их суть в резюме. Исследование предыдущих девяти вед и более ранние тематические исследования по вопросам образования славянской культуры, письменности и веры славян-ариев, на мой взгляд, убедительно показывают, что славянская культура, вера и письменности были основаны гораздо раньше предполагаемого срока и

относятся к периоду ориентировочно - 7519 лет назад, а употребление и применение понятия «праславяне», можно считать устаревшим и не имеющим под собой достаточно веских обоснований. Так было и при исследовании лингвистического понятия «индоевропейская» группа языков, в результате пришли к логичному заключению, на самом деле это есть арийская группа языков, привнесённая из Европы и дошедшая до Индии и Ирана, давшая свой язык большей части Евразийского континента (об этом много писал в своих работах **А. Клёсов**). Исток славянской веры был заложен ариями и распространён на два других рода I2a и N1c, после чего образовался славянский этнос. Насколько позже – в данной веле не указано, но то, изучение исхода с Балкан рода ариев, состоявшегося 6200 лет назад, свидетельствует о наличии в тот период у ариев славянской веры.

Об этом свидетельствуют и другие веды, изложенные в своде «Велесовой книги» (ВК), не оставляющие никаких сомнений. Что же касается подлинности излагаемой в ведах информации, она требует дальнейших исследований как сторонников, так и противников её подлинности. Сегодня мы занимаемся не спорами на эту тему, а исследованием излагаемой в ведах информации, и пока не будут исследованы все веды, в спор по данному вопросу считаю вступать преждевременным.

Содержание исследуемого первоисточника.

Исходный материал 10-й веды переложённый на кириллицу (с огласовкой).

2.6-III

Се бящеть ова щасе Оседень огнщано и се ие благо бя и Бозеи емоу даяце овни многа и скотя опаснстве о ступиех и се бящеть ове ие поре травех многоиех и Бозие даяце емоу скотю преплоднествы и умнозая ие и такове иде перед ооесиех стран менж и реще моу изыдешуте сыны тва о земе тоя до крае чудня иже и есте о захждене суне и та суне спие о одре златие и се комннещ скакщеть до ие и рещеть суние гренде суне до лузы сва сыни. То имаше скошете до повозу твоего и срящете од востоце и тако рещено бя скакащеть сые до иня крае и вешер скакащеть близень ие Инь комоньщець рещешете иже суне заиде за горе сва и возице све златне он ещеть и то ворозе хотящете утатете и тие близеньце комощаце оскаше до инь крае и тако зоря иде. Венде згы сва и одиегы Дажьбове трясе и згы тещяшуть до крае небесне и се реще и тако сыне два идьща до захождене суне и видяе тамо многа чуды и траве злащне и текоста до оце рещешете имоу яко красиен крае тые и се многа племены и роди изрещеша волете стенженете до тропы тоя и грендеша все поа Оседню и ту реще Орео оце о сыны сва быте на щеле овсе роди и не хотящете оны и одиелешесе на се и овье се бо кнеже Идне веле люды сва о Поленде и Оре венде о крае морсте и ту бя сушня велика и писяце многа и грендеша до горы и

тамо седшесе на полевики опреже о утворяще комоньствы велка идяшете о земе цюже и тамо вое стащесе на тропы ие до Сильща ие пратесе и бя рострещены и такове идьша далье и выдье земе тиеплы и не берегоща иех яко многие цюже племены тамо сидяе и гренде далие се бо Бозе вендеша ие яко люде сва и тьякоста ова до горы велике и тамо се перо уще о вразие идша дале. Те крате имяхомь сен споменуоте на то и тягенте за сва якожде и оце нашии ошчистесе молбоу омовие и мытесе молбы творяще ошчистие душие све и телесо яко Сварог о уставе тоя мовенествеи и Купалещ о та о указещеть и не смиехомь ото занещете и сен мыиемо тиелесо и умыемо духе сва о шчисте воде живие то грендохомь трудете сен о всиак ден молбы творяе и суре пияшете якожде до порижь яхомь и ту пентократы опыемо дено и хвалехомь Богы наша о радосще тые яко сен о суре млеко нашии на пропыте нашии и кромь иде о кравие до нои и тиемо живиемо и траве злащнии оувариехомь ове до млеку. Такая ждохомь кажедь щасте свое и тешахомь то реку те сыне мое яко времен онии о стращено ниже ие виешне переды нои и тамо зрящехомь пращуре свое и матере иже ряхоуте до Сварозе и тамо стаде своя попасуте и моуте и виены сва виеноуте и живот имящуте якожде нашь тамо ни есте иегунште ни еланьште ниже Праве кнежите има и та Правие истя яко Навие совлещеня ниже Яве дана и пребенде о виек виекы о Свентувидю и се Заребог идие крае тие и риещещеть о пращурие наша яко живиехомь о земие и яко страждиехомь и жде се бо те изжде имяхомь зол многиа и тамо злы ни имящуть и травие зеленея стрещоуте има и стрещещуть шлесте све о волие Божьсте и щасте люде тиех и тако имяхомь зряте стенпы райиестие о Сварзе яко сына ие и та сыне идешеть о Бога Свраогоу и Велес иде правенте стаде иех и тещящуть на злаце и воде живие и никые одерень о краие тоем. Рабе Ине не исте тамо и жертвьы Иня якожде хлиебы не имяе и се виногрозе и мед и зрно дае до молебь тиех и тако риещехомь славу Боземь яковие соуте оце наше и ись ме сыны иех и достоехомь бендете о шчистоте тиелиеснеа и душие нашии якова николе не умираиеть и не заомираиеть за щасе смерте тиелес нашиих и падещему о полие пре пероуница дае водоу живоу опыте и опоищеть иу иде до Сварзе на комоние билие и тамо Перунько ие встриещеть и венде до благе све щертозыщю и тамо пребендеть о щас оне и достащеть тиелесо ново и тако живиете имае о радощетесе при сние и до виекы виек про нои молбе творяще.

Авторский перевод.

Это будет другого времени Оседень, огнищанин. Это его благо будет. Боги ему давали овец много и скоту опасности в степях. Это будет новая его пора при травах многих. Боги давали ему скотины приплод и умножали его. Так идет перед очами странник-муж и говорит Оседню:

- Изойдут сыны твои к земле той до края чудного, который есть на западе. Там солнце спит в одре золотом. Пусть всадник скачет за ним и рассуждает так:

- Грядет солнце к лузе своей синей. То солнце имеет уклон по отношению повоза земного своего и наблюдается от востока.

Так было принято решение скакать отсюда к иному краю. Вечер скачет, близок его Инь, всадник рассуждает:

- Ежели солнце зайдет за горы свои, возницу свою золотую не покинет и появится солнце заново с востока.

То вороги хотят утаить. Те приближаются, всадник скачет к иному краю. Так заря идет, лучи свои ведёт и одеждою Дажьбовыми трясет. Лучи текут к краю небесному и об этом свидетельствуют.

Так два сына скакали на запад. Видели там много чудес интересных. Травы видели злачные. Возвратились к отцу, рассказали ему, как прекрасен тот край. Многие племена и роды изъявили волю стать на тропу к краю тому. Собрались все к Оседню. Тут Орей отец говорит сыновьям своим:

- Быть во главе у всех родов.

Не захотели сыновья Орея отца идти вместе и разделились на разные племена. Князь Иден повёл людей своих в Поленд. Орей повёл в края морские. Тут была сушь великая и песка много. Дошли до горы и там осели на пол века, опережая в сотворении конницу великую, идя в земле чужой. Там воины стали на тропы его, до Сильча врагов прятались, были разведены. Таковыми шли дальше. Видели земли теплые. Не берегли их, так как многие чужие племена там сидели. Пошли дальше, это Боги ведущие, как люди свои. Потекли новыми племенами к горе Великой. Там переучивались, во врагах идя дальше. Те многократно имели воспоминания всем, поэтому тянутся за своими также.

Отцы наши очищали мольбу омовением. Мылись, мольбы творя, очистив души свои и тела, как Сварог в Уставе том очищался и Купалец на то указывает. Не смеем того послушаться. Все моем тела и умываем дух свой в чистой воде живой. Идем трудиться, все каждый день мольбы творя и сурью пьем, когда готовую имеем. Ту пятикратно выпиваем за день и хвалим Богов наших в радости той, так как всем в сурье молоко наше. Оно на пропитание нам дано. Корм идет в кровь к нам, тем живем. Травы новые злачные отвариваем для молока. Так ожидаем каждый часа своего. Текут рекою те сыны мои, так как времен они утраченных, нежели Сварога вечность перед нами. Там видим пращуров своих и матерей, которые отошли к Сварге. Там свои стада попасут они. Воду мутят и венки свои свивают. Жизнь имеют свою там, так как наши они там, а не иегуны и не эллины, нежели Правь правит ими.

Та Правь – истина есть, так как Навь совлечена, нежели Явь нам дана и пребывает в веках вечных в Свентовиде. Это Заребог идет краями теми и разговаривает с пращурами нашими, так как живем в землях и так как страдаем. Ждем часа своего, из-за ожидания зол много имеем. В Нави зла не имеют. Травы зеленые встречаются им, встречается шелест свой в воле божественной и счастье людей тех. Так умеем видеть степи райские в Сварге, как синеву его. Та синь идет в Бога Сваргою и Велес идет править стадами их. Текут на золоте и водой живой. Никакой дани нет в крае том. Рабов для Ини не имеется там и жертвы Иня приносятся богам иные когда хлеба не имеют, приносят виноград, или мед, либо зерно дают с молебнами теми. Так провозглашаем Славу Богам, которые ведь как отцы наши и есть мы сыны их. Достойными будьте в чистоте телесной и душе нашей, которая никогда

не умирает. Не умирает жизнь во время смерти телес наших. Погибшему в поле от перуницы, дает воду живую опыта и напоив им, идет к Сварге на коне белом. Там Перуныко его встретит и ведет к благим своим чертогам. Там перебудут время они и обретут тела новые. Так живые имеются в радости при сне и во веки вечные. Во имя нас же самих мольбы творятся богам.

Тематические исследования.

Выбор тем для исследования в данной веде не велик. Обзорно в ней упоминаются несколько направлений исхода племён славян-ариев с территории Инеи (верховий Дуная и Карпатских гор) к Северному морю, на территорию Полесья и к Горе Великой. Если два первых направления идентифицируются без особых осложнений, то в отношении «горы Великой» возникают трудности с её идентификацией. С одной стороны, предыдущие исследования исходов, описанные в 9-й веде (**Вестник РА ДНК-генеалогии Т.4 №9 20011, с 1794**) выдали нам ряд маршрутов исхода по следующим направлениям:

1. Балканы – Карпаты;
2. Карпаты – Днепр;
3. Расселение по Русской равнине;
4. Исход за Урал и расселение по Южной Сибири,

а с другой стороны, в этой веде остался открытым вопрос о продвижении ариев в промежутке между Днепром и Уралом. Как они двигались, через Б.Кавказ, или как-то по иному? Данная веда может дать ответ на этот вопрос, если удастся ответить на вопрос о горе «Великой». То есть в 10-й веде описано три исхода с Балкан, не указанные в веде предыдущей:

- исход с Ини к Северному морю;
- исход с Ини в Поленд;
- исход к горе Великой.

Во второй половине веда посвящена религиозным и духовным аспектам в жизни племён ариев. Эта тема достаточно полно была освещена в предыдущих работах опубликованных в **Вестнике РА ДНК-генеалогии (Т.2 №5 за 2009 г., с 857)**, поэтому ограничусь коротким пересказом этой части вед и не буду выносить её на дополнительное исследование. Исследования показали, что поиск первоисточков славянской культуры и веры выводит нас на гаплогруппу R1a1, род ариев с периодом образования её 7519 лет назад на Балканах. На Карпатах арии появились с Балкан, откуда 6200 лет назад начали расселение по Европе сразу в нескольких направлениях: продвигаясь на Британские острова племенами ариев-скотичей, под руководством князя Кисека; в Голландию (Голунь) племенами ариев-вендов, под руководством Орея-отца; в сторону Днепра племенами ариев-русичей, под руководством князя Кия. Исход этот зафиксирован 1300 годом по древнему славянскому календарю. В данном исходе широко упоминается пантеон различных славянских богов, их быт и культура.

Исследования показали, что славянами арии являлись первоначально по вере, которая так и называлась – Славянской. Образовано это название было от понятия славления Богов. Иногда этот период верования ариев и других славянских родов, называют «многобожием славян». Это не нашло своего подтверждения при тщательном изучении данной веры. В пантеоне Славянских богов имеется представление о том, что существует Творец и его творение. Имя творцу было дано – Сварог, а его творение было названо Сваргой. Все остальные Славянские боги в пантеоне являются его ипостасями. К ним относятся упоминаемые в ведах боги: Перун, Велес, Свентовид, Ярило, Мара, Огнебог Семаргл, Лада, Леля, Заребог и многие другие формы его проявления и творения. Т.е. Славянская вера есть древнейшая вера славян, которая существовала на Руси, но по природе своей её нельзя называть многобожием, т.к. она признавала и единство и множественность. Понятия Прави, Яви и Нави, описываемые в данной веде, были рассмотрены в **Вестнике РА ДНК-генеалогии (Т.4 № 9 за 2011 г., с 1783)**. Из исследований видно, что древнему Славянскому Триглаву: Правь – Навь и Явь в некоторой мере соответствует современное понятие Триединство: Мера – Материя – Информация, изложенная в двухтомнике **К. Петрова «Тайны управления человечеством» (Т.1, С 115-119)**. На этом обобщённое понимание о периоде и месте образования Славянской веры и её первоисточков можно завершить данную главу и приступить к исследованию выбранных тем об исходах славян-ариев: - к Северному морю; в Поленд и к горе «Великой».

1. Исход славян – ариев с Ини к Северному морю

Это будет другого времени Оседень - огнищанин. Это его благо будет. Боги ему давали овец много и скоту опасности в степях. Это будет новая его пора при травах многих. Боги давали ему скотины приплод и умножали его. Так идет перед очами странник-муж и говорит Оседню:

- Изойдут сыны твои к земле той до края чудного, который есть на западе. Там солнце спит в одре золотом. Пусть всадник скачет за ним и рассуждает так:

- Грядет солнце к лузе своей синей. То солнце имеет уклон по отношению повоза земного своего и наблюдается от востока.

Так было принято решение скакать отсюда к иному краю. Вечер скачет, близок его Инь, всадник рассуждает:

- Ежели солнце зайдет за горы свои, возницу свою золотую не покинет и появится солнце заново с востока.

То вороги хотят утаить. Те приближаются, всадник скачет к иному краю. Так заря идет, лучи свои ведёт и одеждками Дажьбовыми трясет. Лучи текут к краю небесному и об этом свидетельствуют.

Так два сына скакали на запад. Видели там много чудес интересных. Травы видели злачные. Возвратились к отцу, рассказали ему, как прекрасен тот край. Многие племена и роды изъявили волю стать на тропу к краю тому. Собрались все к Оседню. Тут Орей отец говорит сыновьям своим:

- Быть во главе у всех родов.

*Не захотели сыновья Орея отца идти вместе и разделились на разные племена.
Князь Иден повёл людей своих в Поленд. Орей повёл в края морские. (ВК-10)*

Исследования, проведённые в **Вестнике РА ДНК-генеалогии Т. 3 № 7 за 2010 г (С 1194)**, позволили найти ответ на вопрос: куда повёл Орей свои племена и о каких морских краях идёт речь в тексте десятой веды. Исход был совершён по направлению к Северному морю. В этом разделе будет рассмотрен вопрос с точки зрения исхода одной из ветвей арийских племён гаплогруппы R1a1 в данном направлении, сделав выборку из уже исследованной темы **«Пути расселения арийских племён вендов отца Орея и скотичей князя Кисека»**. Проверим, как данная информация сочетается с другими первоисточниками. Для этого обратимся к информации, изложенной в первой славянской веле и посмотрим, какими племенами был совершён поход в данном направлении и откуда они исходили:

Князь скотичей - Кисек был и вендом и скотичем. Венды были родичами в степях со скотичами. Своими были на юге там, где свет сияющий пребывает, пришли венды с отцом Ореем, тот к Кисеку обратился со следующими словами:

- Оба племени свои, имеем детей, мужей и жен. А старших в роду имеем для защиты от врагов. Таково предлагаем, ежели племенами своими едим овец: скотичи объединяются с нами и будем племенами едины. Это боги подсказывают нам, и мы видим долгую надёжность в этом на веки вечные.

Подумал Кисек и произнёс своему племени:

- Кругом они начинают предлагать первыми. Хоть венды и решили, что будем племенем единым, могут так же и иначе решить. То ведь отец Орей отвел стада свои и людей от скотичей.

Не договорившись, венды в новые места подались и решили:

- На новом месте сделаем город, тот Гольнь будет, так как голая степь там и лысая.

Кисек уходит прочим путём:

- Это боть вендов, люди они свои для Ини; да не смешиваются они с людьми отца Орея. Это те старшие, так сотворили в земле той города и осели.

Так Кисек отошёл с людьми своими от вендов. Сотворили скотичи землю иную, там и осели. Таково отсюда отмежевание одних от других. Так рядом будучи, чужими стали скотичи для Ини. Выше те жили, силы свои имели и не перечили они другим. Был Кисек тот славен и люди Орея отца славны, когда слава ходила о них. В поле знали их стрелы. Меч знали. (ВК-1)

Как первая, так и десятая исследуемая веда отмечает, что Орей со своими племенами отошёл в западном направлении к морским берегам. Для этого необходимо идентифицировать исходную точку пребывания арийских племён до их расселения по разным направлениям. Из исследований, проведённых в области ДНК-генеалогии известно, что род ариев в последний ледниковый период пребывал на Балканах и прибыл туда около 11000 лет назад (**А. Клёсов, 2008**) и пробыл там до начала потепления в постледниковом периоде. В археологическом плане предки ариев, жившие на Балканах, вписываются в период существования Трипольской культуры раннего периода. Мнения археологии и ДНК-генеалогии в

вопросе этногенеза данной культуры сходятся в датировках разных периодов данной культуры. В вопросе этногенеза археологи отдают пока предпочтение в исследованиях более старой, чем ДНК-генеалогия, науке – антропологии, и склоняются к её гипотезе, настаивающей на средиземноморском и динарском типах, возможно и арменоидным антропологическим типом, распространенным среди давних жителей Восточного Средиземноморья, Малой и Передней Азии. Имеются и сторонники связи Балкано-Дунайских культур с культурой славян–ариев. К ним относятся: Балкано-Дунайская культура (**Б. Овчинников**) или Индоевропейская общность (**Б. Рыбаков**) в период с 7000 – 6000 лет назад на территории северо-восточных Балкан.

Изучив собранную информацию, найти исходную точку под названием Инь удалось при помощи привлечения к исследованиям картографического материала разных времён. Этим местом оказались степи между Балканами и Карпатами в районе Среднедунайской низменности, окружённой с юга Балканами, с запада – восточной конечностью Альпийских гор, а с севера и востока – Карпатскими горами. Сама территория под названием Инь просматривается в верховьях Дуная. Она располагалась по пяти рекам: Инн; Фильс; Изар; Лех; Иллер. (**Г. Максименко, 2010**). Оттуда и совершили свой исход арии-венды Орея, с параллельным продвижением к морским берегам племени ариев-скотичей.

О вендах и скотичах из истории известно, что германские народы считают вендами славян Северной и Центральной Европы. Слово «венды» в разное время использовалось по отношению к разным народам, иногда ко всем славянам в целом. Франки так называли полабских славян. На протяжении средних веков вендами называли все соседние с ними славянские народы: лужичан, бодричей, лютичей проживавших на территории современной Германии, а так же поморян, славян современной западной Польши и словаков. Отразился этот этноним и словах, встречающейся в восточных землях Германии: вендхаус, вендберг, вендграбен (могила), винденхайм (родина), виндишланд (земля вендов) и многих других. Под именем венды фигурируют полабские славяне, поморяне, руяне в Датских летописях. В Латвии 12-13 вв. обитал народ, известный под названием «венды». Следует отметить, что имеются разные теоретические предположения, что венды это часть курземских ливов; венды — остатки славян-венедов и т. д. У Латышей от вендов пошли такие названия как — река Винда (Вента) и город Виндава (Вентспилс) в Курземе, город Венден переименованный в Цесис. И наконец названия *Wenden*, *Winden* употреблялись немцами в средние века и употребляются до настоящего времени для обозначения славян Германии. У финнов и эстонцев слово «Россия» звучит как «*Venaja*» и «*Vene*», что связывает эти понятия с русскими.

Примерно такая же история выходит и с арийскими племенами скотичей. Топоним «Шотландия», как уже отмечалось ранее, на английском и англо-шотландском языках пишется как - **Scotland** (земля скотичей). В прошлом (до 1707 г) - это независимое королевство в северной Европе, а ныне — наиболее автономная среди остальных стран, составляющих Соединённое Королевство Великобритании и

С.Ирландии, страна. Учёные полагают, несмотря на то, что первые люди появились в Шотландии приблизительно 8 000 лет назад, первые постоянные поселения, образованные на данной территории, датируются 6 000 лет назад.

Выявив начальную точку исхода с верховий Дуная, можно ответить на вопрос к каким морским берегам племена могли попасть, идя в заданном направлении. Племена ариев отца Орея и скотичей князя Кисека шли разными путями к берегам Северного моря. Орей повёл свои племена через Альпийское нагорье вдоль Рейна, в низовьях которого и встретился с племенами князя Кисека. Кисек со своими племенами шёл другим маршрутом, каким - в ведах не сказано. Не договорившись об объединении племён, Кисек добравшись до территории Северной Ирландии и Шотландии обустраивается там.

ДНК тестирование на Y-хромосому показывает у шотландцев и ирландцев арийские ветви в основном с Русской равнины, возрастом от 4500 до 2200-1900 лет назад (**А.Клёсов**). Но по исследованным данным я склоняюсь к летописной дате указанной в ведах, из которой следует, что этот исход был совершен 6200 лет назад. Эта гипотеза требует дополнительных исследований, т.к. археология показывает, например, первое постоянное пребывание человека на территории Шотландии возрастом около 6000 лет назад - что вписывается в исследуемый период. Возможно, племенам первопроходцев не удалось миновать прохождения «бутылочного горлышка» и мы имеем данные только второй волны заселения данных территорий гаплогруппой R1a1. А возможно мы ещё найдем в генах современных потомков ариев данной территории следы первопроходцев.

Археология Шотландии даёт нам следующие данные по появлению следов рукотворных строений человека: Болбрайди – остатки древнего деревянного сооружения в графстве Абердиншин, относящиеся к неолиту древностью 6000 лет назад; следом идёт гробница Квортнерес возрастом 5700 лет и Неп оф Хауар, археологический объект являющийся поселением с датировкой 5500 лет назад, с найденными остатками «мусора» более раннего периода. Пожалуй это одни из древнейших свидетелей, зафиксированных на данной территории. Вслед за ними идёт крупное поселение Скар Брей возрастом 5100 лет назад, мегалиты Анстен возрастом 5400, «лежащий кромлех» - 5000 лет и культовое сооружение Калланиш датированное возрастом около 4900 лет назад.

С ариями-скотичами разобрались. Осталось описать дальнейший путь ариев вендов. Он был прослежен в июле 2010 г. и описан в Вестнике. Вот как выглядит данная информация:

Не договорившись, венды в новые места подались и решили:

- На новом месте сделаем город, тот Голынь будет, так как голая степь там и лысая.

Так Кисек отошёл с людьми своими от вендов. Сотворили скотичи землю иную, там и осели. Таково отсюда отмежевание одних от других. Так рядом будучи, чужими стали скотичи для Ини. Выше те жили, силы свои имели и не перечили они другим. (ВК-1)

Перейдём к поиску места пребывания вендов. Судя по приведённым выше строкам из вед, вендов отца Орея следует искать ниже Шотландии (Скотланди, по принятой славянской терминологии), где-то недалеко от них, на побережье Северного моря. Для поиска в нашем распоряжении имеется топоним Голынь расположенная в некоей голой степи. Исследования показали, что гипотетически больше всего к рассмотрению подходит Голландия, расположенная на территории Нидерландов. Что нам известно по данной территории того периода?

Исторически самой развитой провинцией Нидерландов были Южная и Северная Голландия. В истории Нидерландов с последнего постледникового периода отмечается наличие тундры со скудной растительностью и самые старые следы человеческой деятельности. Какие племена жили в данном регионе периода 6000 лет назад говорится расплывчато: *«В конце ледникового периода территория была заселена различными палеолитическими группами. Около 8000 лет до нашей эры в стране проживало мезолитическое племя, а в последующие несколько тысячелетий наступил железный век с относительно высоким уровнем жизни.»* (<http://ru.wikipedia.org/wiki/Nederland>)

На период появления вендов в районе Нидерландов около 6000 лет назад, приходится культура воронковидных кубков датируемая 4000—2700 гг. до н. э., которая распространилась от Северных Нидерландов и Северной Германии до Эльбы, эпохи позднего неолита. (**М. Гамбутас**). В рамках гипотезы М.Гамбутас эта археологическая культура рассматривалась как староевропейская; согласно другой точке зрения, представляла собой гибрид первой волны индоевропейских завоевателей с носителями предыдущей культуры Эртебёлле.

Ещё одним косвенным свидетельством имеется следующее упоминание в ведах: *«Нужды в советах не имеют, нам же рассказывают о иной жизни, это ведь слова наши. Истины ведаем ведь, их **Леждена**, это ведь наша **Лузь**, говорят об этом и не имеют.»* (ВК-1). В Голландии имеется город Лейден. В летописях он впервые упоминается в 922 году как владение епископа Утрехтского. Но в ведах, с некоторой степенью вероятности, упоминается его древнее название как «Леждена». К сожалению, дата образования данного города не известна и исследователи ориентируются на дату его первого упоминания в письменных первоисточниках. Поэтому можно только предполагать, с малой надеждой на достоверность этих предположений, что речь идёт о Леждене, располагавшейся на территории Голландии (Голуни).

В исследовании появления гаплогруппы R1a в районе Шотландии и Нидерландов, заслуживает внимания дискуссионная информация на форуме Российской Академии ДНК- генеалогии, где **И. Рожанский**, изучавший племена кимвров и прорабатывая археологию Швеции, обратил внимание на следующие факты: *Ни одна из основных гаплогрупп региона (I1, R1b1b2, R1a1, N1c) не показывает там предка старше 4500 лет. Однако, археологи находят много артефактов эпохи неолита, на 2000 лет раньше. К каким гаплогруппам относились носители этих неолитических культур, мы вряд ли что-то скажем наверняка - их потомки не выявляются при анализе ДНК современных жителей.*

Вывод: 1. Даная часть вед, описывающая встречу родственных племён вендов и скотичей, с последующим их расхождением, с некоторой долей вероятности, могла состояться на равнине в низовьях Рейна около 6200 лет назад, после чего скотичи ушли переправившись через пролив на Британские острова, добравшись образовали свою территорию – Скотланд (Шотландия). Венды в то же время подались к берегам Северного моря и основали там свою вотчину под названием Голынь (Голландия).

Дальнейшее продвижение племён ариев-вендов было исследовано в **Вестнике РАНК-генеалогии Т. 3 № 9 за 2010 г (С 1611)**, в теме «Исследование славянских вед «Велесовой книги» как дополнительного источника информации, с позиции последних изысканий в области ДНК-генеалогии. Веда 2., в разделе 2.2. «Следы продвижения ариев гаплогруппы R1a1 К Балтийскому морю и освоение острова Рюген.» (Г. Максименко).

Вторая веда повествует о некогда существовавшей славянской Руге, которая была распознана по ряду признаков. Проведённые исследования вывели нас на крупнейший остров в пределах современной Германии - остров Рюген в Балтийском море.

Археологические находки указывают на то, что остров был заселен ещё в каменном веке. По всему острову сохранились курганы и камни для пожертвований. В соответствии с господствующей ныне гипотезой — на острове жило племя, от которых остров получил своё название. В соответствие с этой же гипотезой, в ходе Великого переселения народов на острове поселилось славянское (полабское) племя руян. Однако существует точка зрения, оспаривающая подобное чередование очень похожих по названию народов, в соответствие с которой эти древние «германцы» ругии — являлись непосредственными предками руян. На самом деле слово «ругии» может является просто транскрипцией их имени, которую использовали римляне.

Остров Рюген связывают и с мифологическим островом Буяном (Руяном). Остров и расположенные на нём остатки храма Аркона, являются предметом исследований немецких археологов и славянских исследователей - язычников. Принято считать доказанным: ругии (так же, как и руяне) - просто другое название племени русов. Одним из древнейших археологических объектов на острове является мыс Аркона. В дополнение к проведённым исследованиям хочу заметить, что правильней было бы речь вести всё же о племенах ариев-вендов, а не ариев-русов, т.к. нам пока неизвестно были ли в употреблении у вендов понятия русы или русичи, этот вопрос требует дополнительных исследований. Пока известно лишь то, что русами себя называла та ветвь ариев, что совершила исход с Карпат к Днепру и далее на Б.Кавказ и Ю.Урал, а также расселилась по Русской равнине 4800 лет назад с Днепроовского (и возможно Северо-Кавказского) направления.

Основываясь на раскопках, проведенных в 1868 г. на городище острова Рюген, **Вирхов** выделил славянскую керамику с волнистым и линейным орнаментом и указал на ее отличие от лужицкой, которую он считал германской или догерманской. Вопрос этнической интерпретации в данном случае был чисто хронологическим. Из письменных источников была известна точная дата (1168 г.) разрушения славянского храма в Арконе датским королем. Памятники, где найдена была керамика сходная с керамикой времени разрушения Арконы, можно было считать славянскими. Но точную дату образования Арконы никто не может подтвердить. (**Verhandlungen der Berliner Anthropologischen Gesellschaft, 1880.**)

Археологическая культура в Голландии периода позднего и переходного неолита просматривается в культуре линейно-ленточной керамики, напрямую относящейся к группе Дунайских культур неолита, приемником которой в период перемещения ариев к Северному морю стала культура воронковидных кубков, датируемая периодом 6000 лет назад, заместившая культуру Эртебёлле путём её вытеснения (**М.Гамбутас**). По другой точке зрения эта культура представляла собой гибрид первой волны арийских переселенцев R1a вперемешку с более старшей в Европе гаплогруппой II, задействованной в культуре линейно-ленточной керамики. Несомненный интерес представляет и голландская ветвь культуры шнуровой керамики или точнее *культуры кубков с утолщённым дном*. Эта культура просматривается на пути продвижения арийских племён с Дуная в бедующую Голунь (Голландию) вдоль Рейна, где в его низовьях так же обнаружена эта культура.

В данной работе я не ставил перед собой цели проследить весь путь миграции ариев-вендов с дальнейшим их продвижением и расселением, по направлению к Балтийскому морю, описываемых в ведах, это будет отражено в последующих исследованиях. В данной работе я показал те исследования, что были проведены ранее с привязкой к исходу одной из ветвей ариев (вендов и скотичей) по направлению в Северному морю указанному исследуемой веде. Поэтому считаю, что этим можно ограничиться по затронутому в ведах направлению.

Выводы:

1. Исход к Северному морю славян-ариев состоялся 6200 лет назад с горной части Дуная, примыкающего к Балканскому полуострову, двумя маршрутами племён скотичей и вендов. Наличие ариев на Дунае в этот период засвидетельствовано данными ДНК-генеалогии.
2. Племена ариев-скотичей под руководством князя Кисека добравшиеся до территории современной Шотландии и северной Ирландии, не находят пока своего подтверждения данными ДНК-генеалогии, на основании протестированных шотландских жителей с гаплотипами R1a. Их общий предок в данном регионе относится к периоду 4500 лет назад. Но вероятность их наличия в периоде 6000 лет назад фиксируется археологическими объектами, включая строения, культовые сооружения и захоронения.
3. Племена ариев-вендов, руководимые Ореем—отцом, не являющимся князем на момент исхода к Северному морю, 6200 лет назад совершили исход с горной части Дуная, пройдя вдоль Рейна к современной территории Нидерландов образовав там Голунь, получившею в последствии название — Голландия.

2. Исход славян – ариев с Ини в Поленд

*Не захотели сыновья Орея отца идти вместе и разделились на разные племена.
Князь Иден повёл людей своих в Поленд. (ВК-10)*

Что имеем из данной информации:

1. Исход части племён ариев осуществлён в другом направлении в одно время с исходом племён ариев – вендов ушедших под предводительством Орея к Северному морю;
2. Эта часть племён ариев выбрала себе иное направление – некий Поленд, под руководством князя Идена.
3. Известна отправная точка - это верховья Дуная либо Карпаты, с которых совершил исход князь Кий на Днепр, упоминаемый в этих же событиях и в это же время 6200 лет назад.

Что это за направление, с чего начинать поиски древней территории под названием «Поленд»? Давайте обратимся к ведам. В одной из них сказано:

*За века это либо Антия была по Русколани и древнее будем русами пребывать в нас, это в Волынь идет впереди, ибо бьёт врагов так как храбрость есть. И та **Волынь** наипервейшие роды есть ... (ВК-2)*

В других ведах говорится:

*Не упустим и сотворит та змея, есть погибель на нас, имеем все пора те и животы положите за землю нашу, та тянется от нас до поляней и Дреговиц, Руси тянутся до моря и гор, до стети **Поленде**, это Руси ведь ... (ВК-13)*

Таким образом, мы имеем несколько хороших привязок к данному топониму. Это территория Волыни, топоним которой сохранился до наших дней и этноним «поляне» к которому историки относят среднее и верхнее Приднепровье. Следовательно, речь может идти о Полесье. Так ли это и предстоит разобраться в данном разделе работы. Что нам известно о данной территории периодом 6200 летней давности и более позднего периода?

В трудах **Ю. Кухаренко** «Полесье и его место в процессе этногенеза славян» опубликованного Академией наук СССР и институтом славяноведения говорится:

Почти все исследователи, занимающиеся вопросами этногенеза славян, в своих теоретических построениях и предположениях придают большое значение Полесью — этой обширной и весьма своеобразной области, находящейся в центре славянского мира. Особый интерес к Полесью проявляли и проявляют лингвисты, которым в решении этногенетических проблем принадлежит решающее слово. Напомню, что в своё время они рассматривали Полесье как прародину индоевропейцев (Т.Пеше), затем появилась теория о полесской прародине славян (Я.Ростафинский, Я.Пейскер, М.Фасмер, Г.Улашин), о так называемом полесском озере — непроходимом болотистом барьере, разделившем в древности славян и балтов и тем самым нарушившем их первоначальное единство (Я. Розвадовский, А. Сенн, В. Кипарский, отчасти С.Б.Бернштейн и Б.В.Горнунг), о том, что Полесье в

древности было заселено в основном балтами и лишь в начале средневековья его колонизировали славяне (А.Кочубинский, К.Буга) и т. д. В самое последнее время лингвистами высказывается также мнение, что Полесье следует рассматривать либо как часть славянской прародины — в случае, если последняя находилась в Приднепровье, либо как район первой славянской миграции — если прародину локализовать на западе, в бассейне Вислы и Одера.

Известно из ранее проведённых исследований в области ДНК-генеалогии, что первым местом пребывания гаплогруппы R1a1 в Европе – после миграции из Азии – были Балканы (**А.Клёсов**) где они обосновались 11000 лет назад и пребывали там весь последний ледниковый период, развиваясь и населяя данный регион. Расселяться по всем направлениям они начали 6200 лет назад с Балкан, верховий Среднедунайской низменности и Карпатских гор. Движение части племён славян-ариев в Полесском (Полендском) направлении и осуществлялось в одно время с другими племенами. Об этом свидетельствует исследуемая нами веда.

По мнению **Ю. Кухаренко**, сами лингвисты пришли к выводу, что решение вопроса о месте Полесья в процессе этногенеза славян во многом зависит от сопоставления лингвистических карт Полесья с археологическими. Полесье в археологическом отношении было единым, так как на всей его территории были распространены памятники одной культуры ямно - гребенчатой керамики, изображённой на рис. 2. Её начало совпадает с периодом выхода в данный регион славян-ариев 6200 лет назад. По керамике можно проследить начало и конец первого этапа развития приходящегося на период 6200 - 5300 лет назад, что вписывается в рамки описываемых в ведах событий, где указано что между Днепровскими арийскими племенами и племенами, ушедшими в Голландию (Голунь), имелась тысячелетняя прямая связь и взаимный обмен. Далее же произошло событие, прервавшее на время эту связь. Причины этого в данной работе рассматривать не будем, но сам факт зафиксировать необходимо, т.к. это период начала следующего этапа развития ямно-гребенчатой культуры. Отметим и наличие некоторых наиболее значимых артефактов. К ним можно отнести следы данной культуры на реке Висле (Польша) и её следы с некоторыми вариациями стилей вплоть до Урала. Просматривается так же её связь с Литвой. Но эти связи уже рассматривались в Вестнике Академии.

Несколько странным выглядит мнение историков по поводу генетической принадлежности данной культуры. Несмотря на то, что существуют разные мнения, одни считают её носителей представителями гаплогруппы I1, другие - N1c1, но никто не предположил R1a1. Какой может быть в этих гаданиях смысл, если тестирование останков не проводилось, а по исследованиям в области ДНК-генеалогии потомков гаплогруппы N1c известно, что они появились из-за Урала в Европе только 2500 лет назад.

Обращает на себя внимание мнение некоторых исследователей по отношению к племенам культуры гребенчатой керамики, рассматривающих данную культуру как крупную этническую группировку существовавшую на этой территории, отождествляя её с балто-славянской языковой общностью (**Д. Телегин**), имеющей

свою пограничную зону, которая в дальнейшем расходится и не соприкасается друг с другом в археологическом плане.

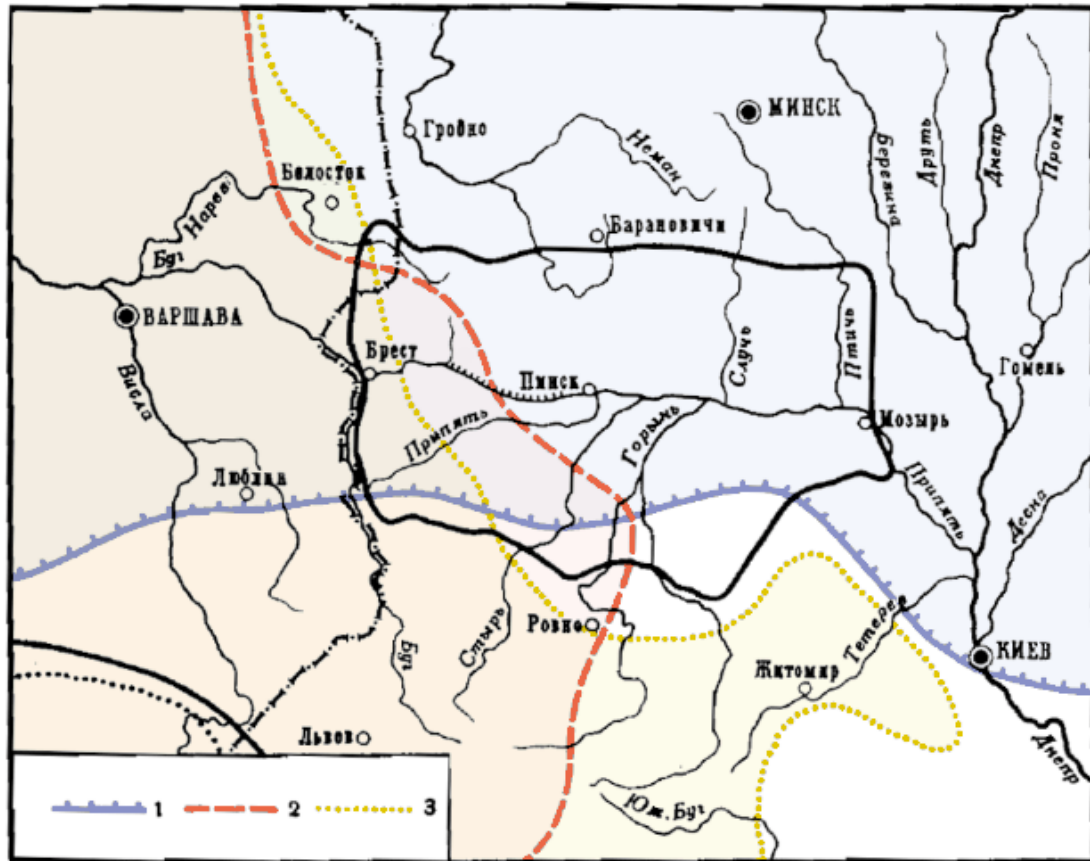


Рис. 2. Полесье в неолитическое время

- 1 — южная граница распространения культуры гребенчатой керамики;
- 2 — юго-восточная граница распространения культуры воронковидных кубиков;
- 3 — юго-восточная граница распространения культуры шаровидных амфор; сплошной линией на этой и на всех последующих картах обозначены границы Полесья

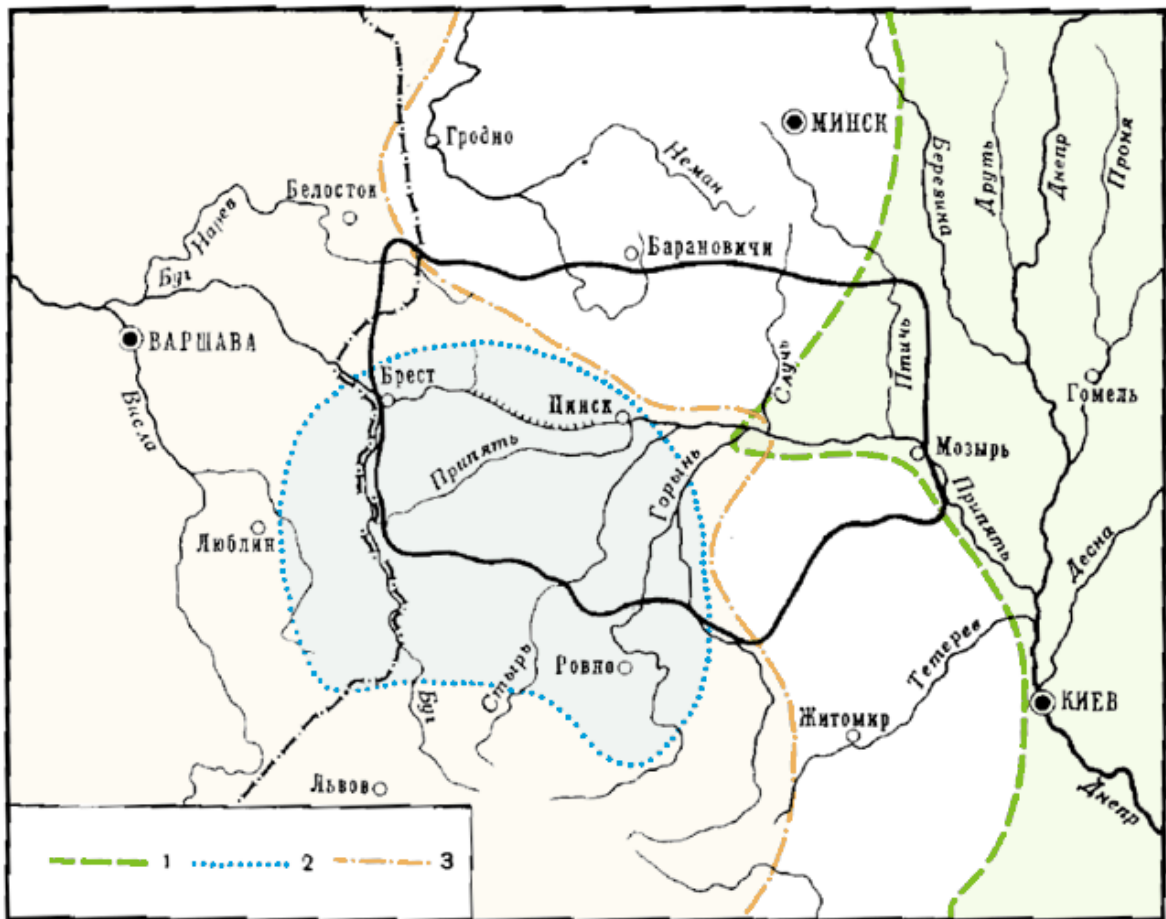


Рис. 3. Полесье в эпоху бронзы

1 — западная граница распространения среднеднепровской культуры; 2 — район, занятый стыжковской культурой; 3 — восточная граница распространения других групп культур шнуровой керамики

Выявление в районах Полесья к западу от Ясельды и Горыни памятников культуры воронковидных кубков (КВК), а в след за ней и культуры шаровидных амфор, основной район распространения которых находился к западу от Полесья (см. рис.2) характеризует преемственность культуры и её ареал просматривается от Чехии на юге до Нидерландов на западе. На севере он достигал Шведского города Упсала, а на востоке — устья Вислы, в сочетании с культурой шнуровой керамики и боевых топоров, приходящихся на второй последующий период развития региона Полесья и смешивания славянских культур. Быстрота перемен и наличие смешанных погребений предполагают внутренние подготовительные изменения КВК, возможно, связанные с проникновением в арийские племена других народов, которые объединившись образовали единый этнос. Либо это были заново объединившиеся ветви одного арийского рода, совершившие исход по

разным направлениям до расселения по всей территории Русской равнины 5000-4800 лет назад.

Как отмечает Ю.Кухаренко: *« в начале эпохи бронзы в Полесье отмечаются памятники двух близких культур, входящих в группу культур инуровой керамики: стицижовская в западных районах и среднеднепровская — в восточных (рис. 3 см. выше). И опять-таки границей между ними является всё та же линия, идущая примерно по Ясельде, Припяти и Горыни. Поскольку основные районы распространения этих культур выходили за рамки Полесья, последнее, таким образом, находилось на стыке между ними.*

Пограничная линия, просматриваемая между балтийскими и полесскими племенами ариев, очевидно, вызвана изначальным расхождением арийских племён по двум основным направлениям: к Северному морю и по направлению к Днепру. Возможно, это и послужило более ярко выраженным расхождением культур, как в бытовом, так и в лингвистическом планах.

В своих исследованиях автор приходит к выводу, что деление Полесья на две различные по этнической принадлежности области исключает также возможность локализации в Полесье прародины славян, поскольку последней должна соответствовать единая этническая общность. Сегодня можем определённо утверждать, что пришли они в Полесье с Балкан, а если быть точнее, то с верховий Дуная где и следует искать прародину европейских славян-ариев.

Этимология.

Рассмотрим этимологию слова «Полесье» и «Поленд». В литературе нет единого мнения по поводу происхождения топонима Полесье. Большинство исследователей придерживается мнения, что в основе термина лежит корень «лес». Из этого вытекает вывод, что Полесье — территория расположенная по лесу, или расположенная на границе с лесом. Существуют и другие точки зрения, по которым топоним происходит от балтского корня «rol» или «ral» обозначающего болотную местность. На этой версии настаивает Ф.Климчук, считающий, что Полесьем могли называть местность, где лесные участки чередуются с открытыми болотными массивами. По моему убеждению, ответ на данный вопрос должен быть увязан с первоначальным названием этой местности – Поленд. Следует обратить внимание на мнение польского исследователя–генеалога. **Stanislaw Pietrzak** пришёл в своих исследованиях к мнению, что место по вырубленному лесу это „полесе”. Пустое поле по вырубленному лесу, т.е. - „поляна”. Сжигаемое дерево - „полено”. Люди, живущие на месте выжженного леса, на полянах - это и будет древнее «поление», а на русском - «поляне». Это даёт понимание образования топонима «Поленд» (Полесье) и этнонима «поляне». При этом следует отметить, что польские лингвисты -этимологи выводят название „полание” от „поле”. Если автор гипотезы об образовании этого слова прав, тогда следует отметить, что оно может быть выведено от слова не «поле», а «поляна». Это даёт дополнительную уверенность о том, что с поисками Поленда нет ошибки.

В завершение хочу привести ещё одно свидетельство из вед о том, что славяне-арии пришли на территорию Полесья в период неолита, и объединившись, имели связи между славяно-арийскими племенами, осевшими между территориями Балтийского побережья и Среднего Приднепровья, при расселении ариев по Европе, а в дальнейшем и по всей Русской равнине:

Орей отец идет впереди нас. Кий ведет за Рушь, Щеко ведет племена свои. Хорев хорват своих. И земля Бограденц на то. Каковы это мы внушаемые, Богов от его деда, Хорев и Щехо (идёт) к Ини. Сидим до Карпатских гор. И там будем иные города творить. Мину имеем, соплеменников Ини. И Богов своих имеем много, поэтому враги не лезут на нас, так течем к Киев-граду. К Голуни (Голландии). Таким образом, распространялись огни свои. Польшающие к Свагре.(ВК-1)

Свершилось это в 1300 году по древнеславянскому календарю, следовательно 6200 лет назад.

Выводы:

1. Топоним Поленд идентифицируется как современное Полесье.
2. Исход данной части ариев в район Полесья был осуществлён в одно время с исходом племён ариев – вендов ушедших под предводительством Орея к Северному морю, а князя Кия в Среднее Приднепровье.
3. События произошли в 1300 году по древнему славянскому календарю или 6200 лет назад;
4. Вёл племена ариев в Полесье князь Иден.
5. Отправная точка исхода – горная часть Дуная. Конечная часть маршрута – район Полесья.

3. Исход славян – ариев с Ини к горе Великой

Потекли новыми племенами к горе Великой. Там переучивались, во врагах идя дальше. Те многократно имели воспоминания всем, поэтому тянутся за своими также. (ВК10)

В этих строках видим ещё одно направление исхода славян – ариев с Балкан к некой «горе Великой». Что знаем о великих горах и где их искать?

Принеся жертвы в Коне Белом мы отошли от края Семиречья, что в горах у Иртыша. В Загорье обитали век. От Загорья, по нехоженому, идем на Двуречье. Разделились в том конницей своей. Продвигаемся к земле Сирийской. Там стали числом поменьше идти горами Великими, снегами и ледниками. (ВК-9, Вестник РА ДНК-генеалогии Т.4 №9 20011, с 1794)

В данной работе Великие горы со снегами и ледниками были идентифицированы как Б.Кавказ. Остаётся найти свидетельства из других первоисточников, которые могли бы подтвердить наши изыскания в данном вопросе. Одним из таких

свидетельств может служить информация, изложенная в азиатском первоисточнике, автором которого является географ **Массуди (перевод С. Микаэлян)**, описывающий историю Б.Кавказа в 947 г. н.э. В главе XVII знаменитого историко-географического труда Массуди, носящего название «Мурудж ад-Дзахаб», находим описание Б.Кавказа и его племен. На первых же страницах исследуемой работы Массуди в §1 описывается гора Кабх и живущие на ней народы. Гора Кабх переводится как - гора Великая. В этом сходятся многие переводчики. Вот как он её описывает:

На ней живут семьдесят два народа, каждый из которых имеет своего царя и язык, отличный от других. Эта гора имеет много отрогов и долин. Город ал-Баба вал-Аббаб стоит на одном из отрогов и построил его Кисра Ануширван между горой и Хазарским морем. ... Протяженность горы Кабх вверх, в длину и ширину — два месяца [пути] и даже больше. Вокруг нее живут народы, сосчитать которых может только Создатель. Одни из отрогов горы, как мы уже сказали, подходит к Хазарскому морю около ал-Баба. Другой отрог идет к упоминавшемуся морю Майтас, куда выходит Константинопольский пролив.

Под ал-Баба вероятно подразумевается одна из древнейших «Бат» - г. Баку, стоящий у начала Кавказских гор, на берегу Каспийского моря, либо между Баку и началом Кавказских гор, в его предгорье, а под морем Майтас – Азовское море, называвшееся в древности Миотским морем. Отвлекаясь от темы, хочу дать ещё несколько пояснений по данному первоисточнику, в котором постоянно путаются исследователи Б.Кавказа периода существования Хазарского каганата:

1. Под язычниками и неверными Массуди подразумевал славян-ариев живущих на Б.Кавказе, и народы Кавказа не принявшие к тому времени ни иудаизма, ни христианства, ни мусульманства, это может облегчить поиски исследователям по данному первоисточнику (*Что касается язычников в [хазарском] государстве, то среди разрядов их находятся сакалиба [славяне] и русы, которые живут на одной стороне этого города ...*) ;
2. *Хазары имеют челны, на которых они плавают из своего города вверх по реке, которая течет в их реку из верхних мест и которая называется Буртас вдоль нее живут оседлые тюркские племена, составляющие часть Хазарского царства. Их поселения тянутся непрерывно между Хазарским царством и бургарами. Эта река течет со стороны бургари суда непрерывно ходят по ней между землями бургар и хазар.*

Под рекой Буртас исследователи и переводчики подразумевают главное течение Волги, питающее тот рукав ее дельты, на котором стояла столица хазар, хотя признают, что название реки Буртас указывает на верхний плес где она течет с запада на восток. Но почему-то этим притоком считают приток Камы и грешат на неточности самого Массуди. Хотя погрешностей у Муссади в данном вопросе нет, и речь на самом деле идёт о реке Куме, по которой хазары плавали вверх по течению на своих челнах к бургарам

- (булгарам). Река Кума расположенная вдоль Кумо-Манычской впадины, и есть та самая река Буртас. Булгары в описываемый период Хазарского каганата располагались в Крыму и на Таманском полуострове, куда и плавали хазары по древнему маршруту: Кума (вверх по течению) – Маныч – Дон – Азов – Керченский пролив.
3. Приходится сплошь и рядом читать, что Массуди то здесь, то там ошибался, не разбирался, не знал и т.д. На самом деле он хорошо ориентировался в том, о чем писал. Интересен вопрос о переволоке, описанный в его трудах. В §8 в переводе у **С. Микаэляна** говорится о переволоке, которая подвергается исследователями жёсткой критике, и переносят они эту переволоку на сужение Волги с Доном. На самом деле в описании путаницы нет. На Б.Кавказе существовало две переволоки. Одну из них он и описал между Кумой и Манычем, отметив в своих трудах, что благодаря этой переволоке можно из Дона попасть в Волгу. Речь идёт о проходе по Кумо-Манычской впадине, по которой и прошли варяги на своих судах в Хазарский каганат. В одном исследователи всё же правы, что Массуди узнал о ранее существовавшем проходе по Кумо-Манычу, позволяющем попасть с Каспийского моря в Средиземноморье, и описал его, вероятнее всего, из древнегреческих первоисточников (Платон «Диалоги: Тимей и Критий»), либо - Египте, откуда пришла эта информация в древнюю Грецию через Солону. В связи с тем что на момент его жизни водный проход между Кумой и Манычем уже был утрачен, это и подвигло его дать опровержение данному событию. (*§ 9 перевода Мас'уди говорит: "Мы привели это сообщение, чтобы опровергнуть тех, которые утверждают, будто Хазарское море соединяется с Мэотис и через Мэотис и Понт — с Константинопольским проливом. Если бы это было так, русы нашли бы выход, потому что Понт — их море, как уже упоминалось. Среди народов, соседних с этим морем, нет расхождения мнений по поводу того, что море аджамов не имеет проливов для связи с каким-нибудь другим морем."*)
4. Темой «Аланских ворот», о которой разгорелась дискуссия на аланской ветви форума Российской Академии ДНК-генеалогии, закончу своё отступление. На мой взгляд, место нахождения «Аланских ворот», приписываемое Дарьяльскому ущелью, ошибочно. В § 17 перевода **С. Микаэляна** трудов **Массуди** сказано, что эти ворота расположены между царством Алан и горой Кабх, т.е. Б.Кавказам, а не на самих горах Б.Кавказа, где расположено Дарьяльское ущелье. Это - первый момент. Второй момент – эти ворота вели в Тифлис (современный Тбилиси), от этих ворот до Тифлиса было 5 дней пути, и он контролировался племенами «неверных», пока Тифлис не был завоёван мусульманами. Момент третий - пути проникновения из стран ислама в Тифлис оказались прерваны, так как они шли через земли этих племен язычников, ибо ими была окружена эта пограничная область, а страны исламского мира были и остаются расположены в районе передней Азии, а не на Б.Кавказе, откуда мусульмане и проникали в Тифлис через эти ворота. Момент четвёртый – в § 24 сказано, что к царству Джурзан

примыкает страна (стр. 67), называемая Самсхи, в районе Ахалциха на левом берегу Куры, до ее поворота на восток. Во времена Массуди Самцхе оказался между владениями “абхазской” династии и владениями Багратидов. Несколькими веками позже Самцхе именовался Саатабаго, состоял из христиан и язычников, и не имел царя. Т.е. царство Джурзан доходило до границ с р. Курой и до Тифлиса. Страна Самсхи, граничащая с Джурзан, тоже расположена на Куре. Проходить арабам приходилось через их ворота. Это не исключает наличия прохода в Тифлис со стороны Дарьяльского ущелья, где был описанный в первоисточнике проход. Наконец последний момент – в § 31 сказано, что Река Курр (Кура) вытекает из страны Джурзан, принадлежащей царю Джурджину и течет через земли Абхаз, пока не достигает пограничной области Тифлис, которую она пересекает посередине.

Таким образом, эти ворота надо искать со стороны южной части Б.Кавказа и Передней Азии, и такие ворота там имеются с древнейших времён. Они описаны не только азиатскими, но древнегреческими исследователями и путешественниками - это проход между Малым и Большим Кавказом расположенный по их границе между реками Риони и Курой. Не по горам, а по пологой горной местности, без крутых перепадов высот и заснеженных вершин. Земли «неверных», через которые они шли, это были земли племён, хорошо описанные **Страбоном**, о них мы поговорим ниже. Вариант с Дарьяльским ущельем не подходит ещё и потому, что расстояние преодолевалось за 5 дней, а в Дарьяльском ущелье набор высоты составляет более 2000 м. «Аланские ворота» надо искать на перевале между двух выше перечисленных рек, в районе Сурами. Набор высоты там от Черного моря до перевала всего 945 м на всём протяжении пути до ворот, а на отрезке от «Аланских ворот» к Тифлису 545 м на спуске, т.к. Тбилиси расположен на высоте 400 м. Т.е. за пять дней перекрывается всё расстояние от р. Риони до Тифлиса.

У Страбона есть такие строки: На Иберийской равнине обитает население, более склонное к земледелию и миру, которое одевается на армянский и мидийский лад; горную страну, напротив, занимают простолюдины и воины, живущие по обычаям скифов и сарматов, соседями и родственниками которых они являются однако они занимаются и земледелием. В случае каких-нибудь тревожных обстоятельств они выставляют много десятков тысяч воинов из своей среды, так и из числа скифов и сарматов.

На этих строках выстраиваются всякого рода спекуляции о том, что Кавказ якобы консервативен, и что было в далёком прошлом, то же самое было и в недалёком. Задаются вопросы – не русские ли вайнахи по крови? Кабардинцы ли, аланы-овсы, или скифы? Далее следуют утверждения, что несомненно нет, но вайнахи русские по стране, а также кабардинцы, аланы, скифо-сарматы в прошлом. Археологические культуры и быт перекрывают этносы, земли включают в себя большое разнообразие. (**Б. Болотаев**). Одним словом у человека полная «каша» и неразбериха в голове.

Вот моё мнение по данному поводу, высказанное на Академическом форуме. Страбон всё описал верно, так же как и Массуди был точен в своих описаниях. Просто исследователи понимают то, что там написано, каждый по-своему в меру широты видения истории в целом и конкретного эпизода в частности. Иберия, описанная Страбоном, в древние времена располагалась на территории «седловины» между Большим и Малым Кавказом, и между Чёрным и Каспийским морями. Той самой седловины, о которую мы только что обсуждали. Данная территория сравнительно пологая, особенно в районе нижней и средней части Куры (с северной части этой седловины). Жители этой территории и были более склонны к земледелию, т.к. там была относительно ровная территория. Мирными были потому, что приходилось общаться с народами как Большого, так и Малого Кавказа. К границам их территории примыкала Мидия. Поэтому одевались и на тот, и на другой лад.

Под горной страной, напротив, подразумевается Б.Кавказ, который занимали разные народы, среди которых были простолюдины и воины. Одним словом, рядовые жители трудились, а воины защищали свою территорию, в чём и заключались обычаи не только этих народов, но и скифов с сарматами. Речь идёт о жизнеустройстве ариев Б.Кавказа и сарматов, о влиянии культуры, которую они принесли с Балкан, и обычаям которым подражали народы Б.Кавказа. Соседями и родственниками эти народы являются по причине соседства скифов (арии R1a1a1) и сармат с этими народами. Сарматы, очевидно - прямые родственники, жившие по обычаям балканцев и прибывшие на Б.Кавказ вслед за ариями – или вместе с ними, или чуть раньше их – это надо исследовать и выяснять. Скифы – соседи, но родственные им племена. Скифы и сарматы в отличие от горских народов также занимались земледелием, как и иберийцы. Это и отразил Страбон в своих работах. Когда опасность была незначительной, горские народы выставляли своих воинов и сами отражали неприятеля. Когда опасность была серьёзной и угрожала гибели народов всего Б.Кавказа, тогда воинские силы объединялись вместе с силами скифов, сарматов и других народов, давая отпор врагу совместными усилиями. Об этом и поведал Страбон. Из его работ также следует, что арии и сарматы не являлись между собой родственными племенами, и эта информация может пригодиться нам в дальнейших исследованиях.

Вернёмся в русло исследований исхода славян-ариев с Карпат к горе Великой (на Большой Кавказ). Последние исследования, проведённые **И. Рожанским** по датировкам на Б.Кавказе показывают время и «возраст общего предка» по данным гаплогрупп R1a1a1 ветви ЦЕА. Это составляет 4600 лет, что свидетельствует о постепенном продвижении гаплогруппы R1a1a1 с Балкан на Б.Кавказ. Данная ветвь может являться не первой, а второй волной в данном регионе, и которая причастна к расселению ариев по Русской равнине. Первая волна к тому времени продвинулась за Урал, не оставив своих следов на Б.Кавказе, либо следы ещё не выявлены в связи с малым количеством протестированных гаплогрупп.

Из более ранних исследований, опубликованных в Вестнике **РА ДНК-генеалогии Т. 2 № 2 за 2009 г (С209)** известно, что славяне-арии появились на Б.Кавказе ранее

этого срока (4600 лет назад), и следы их пребывания, по выдвинутой гипотезе, просматриваются в археологии Майкопской культуры, культуре Кубани эпохи бронзы, существовавшей там 5000 лет назад, и в дольменной культуре. Последняя характерна тем, что начало её роста (около 6000 лет назад), расцвет и затухание (около 3500 лет назад) совпадают с возрастом появления и исчезновения ариев с Б.Кавказа, описанных в исследуемой и других славянских ведах. Совпадают не только датировки, но и ареал распространения данной культуры. Ещё одной характерной особенностью дольменной культуры является её зарождение на Б.Кавказе и распространение по всему Евразийскому континенту в ареале миграций гаплогруппы R1a1a1.

Упоминания о давнем пребывании ариев-русичей на Б.Кавказе имеются у **Ибн Руста**, описывающего Б.Кавказ, в сочинениях персидского историка XI века Гардизи «Зайн ал-ахбар», составленном в Афганистане в начале 50-х годов XI века. (**Гардизи/Бартольд. С. 39; Новосельцев. 1965. С. 399-400**). Из более поздних писателей интересные сведения об этом добавляет египетский историк и географ **Ибн Ийса** (1448-1524 г.г.) в своем труде «Аромат цветов из диковинок округов». Древнегреческие первоисточники тоже не обошли эту тему стороной. Историю Б.Кавказа подробно описал **Платон (Аристокл)** 2366 лет назад в своих Диалогах: «Тимей» и «Критий». Знал об этой истории и **Солон** (640-559 г. до н.э.) который 2583 года назад провел десять лет в Египте, среди жрецов, хранителей древних тайн. Там, в г. Саисе, он и познакомился с документами, относящимися к древнейшей истории Греции, Египта и Б.Кавказа, письменно засвидетельствовав эти знания.

Есть ли в ведах сведения о том кто из князей вывел свои арийские племена на Б.Кавказ? Такие сведения в ведах имеются, и встречаются не единожды. Это – князь Славен:

*Так род **Славена** передвигался к земле иной, где солнце в ночи спит. Коню травы много. Луга тучные. Речки рыбой полны. Конь никогда и не умрет. Годь была еще на зеленом крае. Немного упредили отцов, идущих вдоль Ра реки, река эта велика и отделяет нас от иных людей. Течет к морю Фасисте.*

Ум свой напрягите, надежно укрепившись этим. Та река Ра идет по направлению солнца восходящего, но в обе стороны реку смотрите, там, где садится солнце смотрите эту реку тоже. Матери Сва слава на ней зарождается. Та обоими своими крыльями увязана, она также беретя землю той. (ВК-3)

Следовательно, вёл на Б.Кавказ одну из ветвей ариев князь Славен, который прошёл, по сведениям из вед, через Днепр прямо на Б. Кавказ. Прояснить данный вопрос в ближайшем будущем может снип-мутация Z93, на которой сегодня сосредоточили своё внимание ДНК-генеалоги. В этом случае может оказаться, что данная ветвь, не задерживаясь на Днепре, вышла на Урал ещё 5200 лет назад (возможно через Б.Кавказ), о чём свидетельствует снип Z93, отмеченный данным периодом. В веле отмечается, что новые племена пошли на Б.Кавказ (К горе

Великой) после встречи и сопротивления кавказских племён двинулись дальше - на Урал.

О том, что гора Великая и есть горный массив Б.Кавказа, имеется доказательство в последней приведённой цитате, где говорится о Ра реке. Как удалось выяснить, это описанный в азиатских первоисточниках «рукав Волги» - Кумо-Манычская впадина. Б.Кавказ в ряде первоисточников описан как «остров русов». Приведём некоторые упоминания:

«Тут муж роду Белояру идет по ту сторону Рая - реки. Упредил там гостей - синьцев идущих - до фряженцев, так как иегуны ведь на ОСТРОВЕ свои. Поджидают гостя да обирают его ...» (ВК)

Или вот здесь:

*«Это бьет крыльями Матерь Сва птица, как же боры новые идут на ней, те расходясь щель дают, таково текут, не лезут на нее. Эта течь туга, велика в краях наших, как дымки степные повязаны те, стелется это, до Сварги также, Жаля плачется в нас, кличет Матерь Сва до Вышнего, зачем ей давал лес он до огнищ наших, и те взывают о помощи. Эта мощь ворожит на врагов, Гематьрех уступится. Годь отойдет на Калицу Малую и течет до берегов морских. Таково землю одержат до Дона, по тому Дону реке и есть Калка Великая, его граница между нами и первейшими племенами, **там годь была четыреста лет**, о своем врагам, тому имеем мы землю нашу, Ра имеем, добротные земли и эллинам. (ВК-1)*

Если принять во внимание последние расчёты, проведённые **И.Рожанским** по Б.Кавказу, находим подтверждения периода пребывания гаплогруппы R1a1a1 возрастом 4600 лет назад. Основные возрастные данные гаплогрупп по Б.Кавказу выглядят следующим образом:

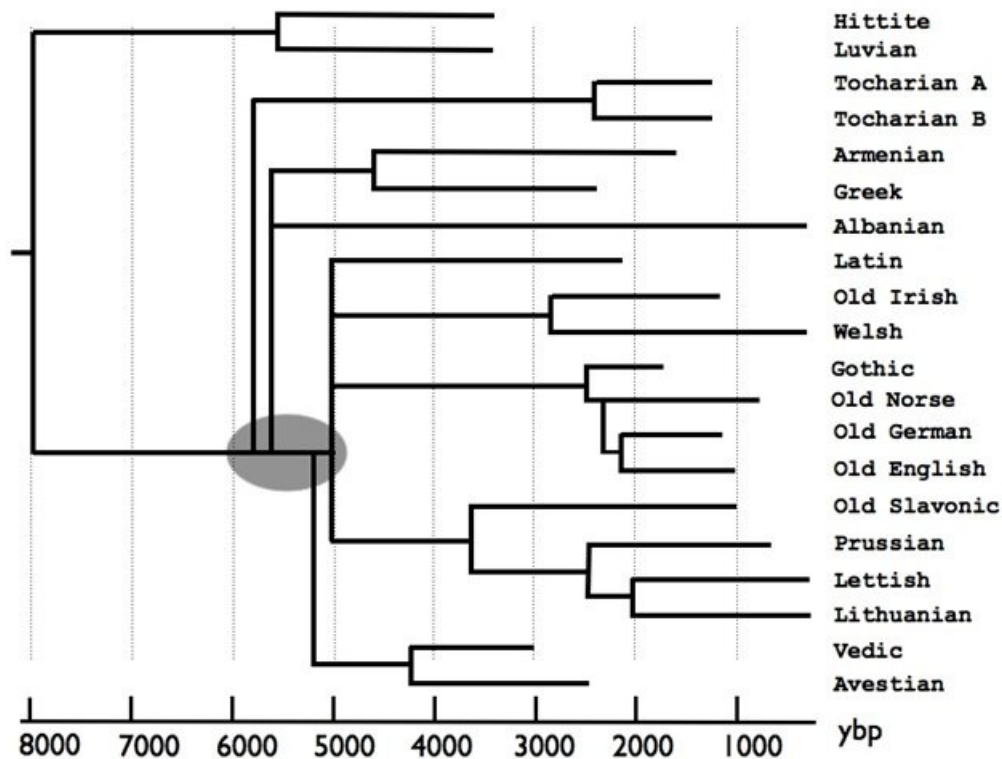
| | |
|------------------|--------|
| G2a3b1 (родит.) | - 6600 |
| R1b1a2 | - 6500 |
| J2a4b | - 5600 |
| J1*(DYS 388=13) | - 5250 |
| R1a1a1 ЦЕА ветвь | - 4600 |

По представленным данным можно попытаться сделать свои вычисления на основе изложенной информации в славянских ведах. Из неё мы видим, что возраст гаплогруппы годи (R1b1a2) на Б.Кавказе – 6500 лет. Опережение в появлении на Б.Кавказе по сведениям, имеющимся в ведах, составляет - 400 лет. Таким образом, первая волна ариев гаплогруппы R1a1a1 могли появиться там 6100 лет назад, что пока не подтверждается исследованиями в области ДНК-генеалогии. Если эту информацию сопоставить с периодом выхода князя Славена со своими племенами от Балкан 6200 лет назад (имеется календарная дата) тогда становится понятным, что данная информация в пределах допустимых погрешностей может являться достоверной, но пока не подтверждённой результатами тестирования ДНК.

И. Рожанский, сравнивая возрастную таблицу гаплогрупп Б.Кавказа, с картами памятников майкопской и куро-аратской культур, взятых из монографии «Археология СССР» в томе «Эпоха бронзы Кавказа и Средней Азии. Ранняя и средняя бронза Кавказа», отмечает, что налицо явная корреляция куро-аракской культуры и субклада J1*(DYS 388=13), совпадающая также по времени. Взаимоотношения J2a4b с Майкопской культурой не столь очевидны, и требуют более тщательной проработки.

По данным **И. Рожанского** в Европе отслеживаются ветви, что отстраиваются от основной массы R1a1 довольно рано. *Помимо старой европейской M417, это северо-западная группа ветвей ("десятники" [DYS388=10]), общий предок которой с центральной евразийской ветвью приходится примерно на 6000 лет назад. Однако, в Азии тоже есть, как минимум, 2 ветви того же иерархического уровня, что и "десятники". Это линия, обнаруженная среди части алтайцев. Их 10-маркерные гаплотипы приведены в статье Андерхилла 2009 г., они же в 17-маркерном формате есть в сопроводительной информации к статье Животовского 2010 г. о скоростях мутаций. Их отличительная особенность - $DYS385a,b = 11-17$.*

Вторая линия "отметилась" среди чеченцев из статьи Балановского 2011 г., а также у части иранцев. В коммерческих базах данных к ним присоединяются ирландец и таец с Пхукета. У них характерная метка - $DYS385a,b = 11-11$ и $DYS438=10$. Ни ту, ни другую линию не типировали на M417, но, скорее всего, они входят в этот субклад, поскольку у них типичное для данного субклада значение $DYS392=11$, а общий предок с центральной евразийской ветвью приходится примерно на то же время, что и у "десятников" - порядка 6000 лет назад. Однако, она вписывается в тот же масштаб времен, что и распад протоиндоевропейской диалектной общности:



При тестировании чеченского представителя гаплогруппы R1a1a1 был выявлен снип Z93+ и L342-. Таким образом, Z93 должен стоять над L342, возраст которой около 4500 лет. Для этого требуются дополнительные исследования.

Исходя из полученных данных, можно подвергнуть сомнению и научную дискуссию на форуме Академии ДНК-генеалогии И.Мутушева о том, что представители гаплогруппы R1a1a1 отсутствуют в ареале Майкопской культуры. Их максимум, как верно отмечает И.Рожанский, приходится на верховья Кубани. Самое большое количество находок Майкопской культуры найдено там же. При появлении ариев R1a1a1 на Б.Кавказе данная информация свободно вписывается в эти показатели.

Выводы:

1. Выражение (либо топоним) «гора Великая» идентифицирован как Большой Кавказ.
2. Исход данной части ариев в район Б.Кавказа был осуществлён в одно время с исходом племён ариев – вендов, скотичей, русичей и племени князя Идена.
3. События произошли в 6200 лет назад;
6. Вёл племена ариев на Большой Кавказ князь Славен;
7. Отправная точка исхода – горная часть Дуная. Избранное направление – Б.Кавказ.
8. Предположительное время появления на Б.Кавказе – 6100 лет назад.

Общие выводы:

1. Исследуемая веда является источником информации подтверждающим места обитания и пути миграции славяно-арийских племён и по ряду позиций не противоречит расчётам, проводимым в области ДНК-генеалогии, что подтверждается выборкой протестированного населения данных регионов;
2. Имеет место быть расхождение в датах периода появления ариев в Полесье и на Б.Кавказе. Но недостаточность количества протестированного населения гаплогруппы R1a1 требует дополнительного исследования данного вопроса;
3. Информация, изложенная в десятой веде соответствует археологическим эпохам, ранее не дававшим ответа, какому конкретному народу принадлежит та либо иная культура. Противоречий в причастности ариев к данным культурам выявить не удалось;
4. Выявлено два новых направления исхода славян-ариев с Балкан в район Полесья и на Б.Кавказ. Подтверждены два ранее исследуемых направления: к Северному морю и в район Среднего Приднепровья с возрастом начала исхода 6200 лет назад;
5. Найдено дополнительное подтверждение, что на период исхода ариев с Балкан 6200 лет назад арии были славянами по вере.

Литература

Археология СССР. Эпоха бронзы Кавказа и Средней Азии. Ранняя и средняя бронза Кавказа. Наука, М., 1994

Археология СССР. Под общей ред. Акад. Рыбакова Б.А. Древнейшие государства Кавказа и Средней Азии. «Наука», М., 1985

Всемирная история в 24 т., т.1,2 «каменный век», «бронзовый век». А.Н. Бадюк, И.Е. Войнич, Н.М. Вочёк и др. Минск, 1999

Даниленко В.Н. Энеолит Украины. К., 1974

Древняя Русь в свете зарубежных источников. Ред. Мельниковой Е.А., М., 2000

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

Клёсов А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, Т. 1 № 4 2008

Кухаренко Ю. В. Полесье и его место в процессе этногенеза славян. Академия наук СССР. Институт славяноведения. М., 1962

Кухаренко Ю. В. Первобытные памятники Полесья. М., 1962

Кухаренко Ю. В. Памятники железного века на территории Полесья. М., 1961

Кухаренко Ю. В.. К вопросу о происхождении зарубинецкой культуры. СА, 1960, №1

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

Максименко Г.З. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484): Т. 2 №5, 2009 (с 857); он же Вестник РА ДНК-генеалогии Т. 3 № 7 за 2010 г (С 1194); он же Вестник РА ДНК-генеалогии Т. 3 № 9 за 2010 г (С 1611); он же Вестник РА ДНК-генеалогии Т.4 №9 20011, (С. 1794)

Микаэлян С. Г. История Ширвана и Дербенда X-XI веков (перевод). Изд. восточной литературы. М., 1963

Мартынов В.В., Толстой Н.И. Полесье (Лингвистика, археология, топонимика), Академия наук СССР, институт славяноведения, изд. «Наука», М., 1968

Новосельцев, Ибн Руте, ВГА. Т.VII. Р. 145-147; 1965

Новосельцев, Гардизи/Бартольд. С. 39; 1965

Петров К.П. Тайны управления человечеством. Т.1. М. «Академия управления». 2008

Платон. Филеб, государство, Тимей, Критий. М., 1994

Платон. Диалоги. М., 1998

Рожанский И., Клёсов А. Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484) т.2 №6, ноябрь 2009

Рожанский И. Загадки кимвров. Опыт историко-генеалогического расследования. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484) Т. 3 № 4, апрель 2010

Рыбаков Б. С. Геродотова Скифия. М. 1979

Сафронов, В.А., Индоевропейские прародины. Горький. 1989

Телегин Д. Я., Нечитайло А. Л., Потехина И. Д., Панченко Ю. В. Среднестоговская и новоданиловская культуры Азово-Черноморского региона: Археолого-антропологический анализ материалов и каталог памятников. УкрОПИК-Библиогр. Национальная Академия наук Украины №014480

Шахматов А.А. Разыскания о русских летописях, академический проект, Шахматов А.А. 1908,1938, Кучково поле 2001

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

Чайлд, Г. Арийцы. Основатели европейской цивилизации. Москва, Центрполиграф, 2005

Электронные средства информации:

Археология Шотландии.

http://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%9A%D0%B0%D1%82%D0%B5%D0%B3%D0%BE%D1%80%D0%B8%D1%8F:%D0%90%D1%80%D1%85%D0%B5%D0%BE%D0%B%D0%BE%D0%B3%D0%B8%D1%8F_%D0%B2_%D0%A8%D0%BE%D1%82%D0%BB%D0%B0%D0%BD%D0%B4%D0%B8%D0%B8

Археология Нидерландов. Культура линейно-ленточной керамики.

http://ru.wikipedia.org/wiki/%CA%F3%EB%FC%F2%F3%F0%E0_%EB%E8%ED%E5%E9%ED%EE-%EB%E5%ED%F2%EE%F7%ED%EE%E9_%EA%E5%F0%E0%EC%E8%EA%E8

Клёсов А.А.

<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showtopic=1316&st=80&start=80>

Лекции по истории древней Руси.

<http://www.websib.ru/~gardarika/lec/lec1-9.html>

Рожанский И. Форум РА ДНК-генеалогии. Ноябрь 2011

<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showforum=1>

Stanislaw Pietrzak (Польша). Форум РА ДНК-генеалогии. Октябрь 2011

<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?showforum=1>

«Трипольская культура» Wikipedia.

Шилов Ю.А. «Великая неолетическая революция» и возникновение «индоевропейской общности».

http://recult.by.ru/docs/shilov/shil_06.htm

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

LETTERS FROM THE READERS: PERSONAL CASES

Part 32

Anatole A. Klyosov

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

LETTER 105

I have read your work online, especially in the field of Y DNA assessment. Because of your expertise, would you be so kind as to review and assess my Y DNA. I have no definitive knowledge about my father's paternal ancestry, other than what I have gathered through the results of FTDNA, and a few other websites. My Y DNA is R1a1a1g. I am interested in determining the country of origin for my paternal grandfather, if possible. I would love to know where the family was located when they emigrated to the USA, which is where I reside. Any insight you can offer would be greatly appreciated.

MY RESPONSE:

Unfortunately, your questions are practically irrelevant in this context, in a sense, that one haplotype cannot do it. Mutations in a single haplotype randomly change once in several hundred or even dozen years, so origin of your paternal grandfather is lost in between of those giant leaps of the haplotype and its markers. It can be recovered, though (in some particular situations) when many (at least dozens) of R1a1a1g-M548 haplotypes are put together, and - if they split into some fine branches, and your haplotype happen to be in one of those fine branches of your more close DNA-relatives - the picture can be analyzed more thoroughly, with more careful dating and more careful pinpointing of locations of the branch along with some other haplotypes.

In other words, power of DNA genealogy is not in single haplotypes, but in their combinations, in identification of their branches. In those cases it is possible -

sometimes - to say: look, those fourteen haplotypes form a nice branch, with a common ancestor who lived in Zurich in 1645-1694, was born and died there.

As you see, this kind of information is one you are looking for. For this you can do a homework - look for SIMILAR haplotypes (not "matches" only, it is senseless in this situation) in various "Projects" and in YSearch database, where "similar" are those haplotypes which differ from yours by, say, 8 mutations and less, in their 67 marker haplotypes. This would give you a timeframe of about 850 years ago (a middle of the 12th century AD) and more recently, in which timeframe you can find (with my help) more refined branches of your more close relatives and their ancestors. If you find only a few haplotypes with 8 or less mutations from your haplotypes, it would mean that a common ancestor is less certain to identify, than you (and now I) hope.

Meanwhile, let's see what your single haplotype can give you. Your subclade M458 consists of two large branches - Western Slavic (WS) branch and Central European (CE) branch, the last in turn splits into two branches, CE1 and CE2. You are NOT from the Western Slavic branch, since it has a few distinct features none of them is seen in your haplotype. Overall, the WS branch is as many as 17 mutations away from your haplotype, which is a lot in this particular situation. On the other hand, both of the CE branches are rather close to you, within 9 mutations only, which indicates that your DNA-lineage split within either of those CE branches 2500 years ago, that is in the middle of the 1st millennium BC. This was time when various R1a1 tribes were moving from the Russian Plain westward, and settled in Central Europe (there were and reverse movements, of course). The both CE branches arose 3000±400 years ago, it was still probably on the Russian Plain, maybe in Belarus or Poland.

Now, the next question - to which one of those two principal Central European branches your ancestor (and yourself) belong? The answer is rather easy and straightforward. There is a very distinct quadruplet DYS464a,b,c,d in your haplotype, it is 11-15-15-16. In CE1 it is 12-15-15-16, only one mutation away, which is normal. In CE2 it is 12-12-15-15, a very different one. In the WS branch it is 12-15-16-16, still further away, however, as I have said, the WS is not applicable by a number of other criteria.

So, you likely belong to the Central European branch, to one of their sub-branches, with the most recent common ancestor identified (in kind) so far as living in the middle of the 1st millennium BC. He had a distinct SNP mutation M458, as you continue to have.

Not too bad for the beginning.

CONTINUATION:

Thank you so much. If I understand you correctly, the number of mutations, in absolute numbers (i.e., having 8 or 9 differences from others similar to me) is more important than genetic distance (my closest to date is 12 on YSearch and 5 on the Czech website, but this is for 30 markers only). Further, the number of mutations do not matter (i.e., STR marker 442 has mutated to 16, a number of mutations from the modal). Is this correct?

MY RESPONSE:

Those are a kind of fuzzy questions, particularly since they involve some fuzzy terms which need to be clearly defined. Also, "more important" or less important depend on a particular situation. It is not clear to me what is "genetic distance" compared to a number of mutations? Then, you cannot compare 67 marker and 30 marker haplotypes (you do not compare them, but you should disregard those 30 marker altogether in the given context). Finally, what is "modal" (there are many definitions of "modal", hence, it is not a part of my vocabulary), and why that "modal" is worth considering, whatever it is?

What you have asked earlier and what I have tried to explain in reality requires many layers of knowledge and approaches, which depend on a particular situation, particular haplotypes, subclades, branches, calculations, correction factors, etc. Terms should be very clearly defined and quantitatively described and employed. Those terms which you use, already tell me that they are not from science, but from a "he said, she said" domain. Please do not take it personally, but this area is full with unsubstantiated "advises", rumors, pseudo-"methodologies", etc. That is why there is complete mess in the field which you looked into. For example, you have mentioned that your DYS442 "has mutated to 16... from the modal". What is "modal" here? Who determined it and how? Why that "modal" should be relevant to you? On what ground? Is that "modal" related to M458?? There are a number of branches there. Is that "modal" the same for all of them?? Is that "modal" related to your particular branch?

Again, do not take it personal. As I see, you are a novice in the field. Everyone was a novice at some point in life.

CONTINUATION:

You are correct, I am not knowledgeable as to a scientific approach. I am relying on what others have established as a norm. For example on FTDNA, within the projects one can join, there is a colorized version, with different shades of red and blue; they supposedly indicate how many marks on is above or below the typical norm (or modal as they call it). I guess it is an average. I do appreciate your reply and the work you are doing within the field.

MY RESPONSE:

>I am relying on what others have established as a norm.

That is exactly a problem. That is why the field is in disarray, very few people know which mutation rates to take, how to calculate data, how to examine them, how to calculate confidence intervals.

I do not criticize collection of data, the admins do wonderful job, they prepare nice colorized versions with different shades, etc. This is fine. On the other hand, "modals" are only confusing, because they are not defined. For example, in your subclade there are at least three branches, as I have described (in fact, many more), each has its own common ancestor who lived in a certain time. Each had its ancestral haplotype. Now, what is "modal" in this particular case? "Modal" should have been determined for each particular branch. When they clearly defined, they are not "modals", they are "base haplotypes", aka deduced ancestral haplotypes, each for each branch.

O.K., no problem. There is a big difference between a chit-chat and science. Your question which you have addressed today, was in the science area, not in chit-chat space. "Modals" and "distances" (in general terms) are not applicable for your question, because you do not know from what to count those distances. This is a multi-layer scientific problem, which in fact is manageable. But not through "modals".

CONTINUATION:

So, I will do as you advise. I will find others with 67 markers (on sites such as FTDNA project groups) and attempt to compare those with similar STR markers. Now, would you suggest I limit my search to just R1a1a1g, or more broadly to anyone with R1a1a? The problem I see to limiting my search, is on many sites (such as YSearch) persons are listed as R1a1a, but may be R1a1a1g. Perhaps they tested awhile ago, before R1a1a1g was discovered. Or, perhaps they have chosen

not to pay for the deep clade test. So, I may miss someone who may actually be R1a1a1g, even though they are not listed as such.

MY RESPONSE:

I would suggest to limit your research - for the beginning - by 8 mutations from your haplotype (some might say "genetic distance of 8", however, it is the same thing in this context). The thing is, as you have rightly indicated, that most people do not know that they are of M458, hence, it would be not wise to restrict your search only by the reported M458.

If you find, say, 50 haplotypes (better if hundred), the haplotype tree would immediately cut off other branches, so you will focus on your relatives anyway.

After you finish your search, send me the list of 67 marker haplotypes (only 67 markers) as an Excel file. I will do the rest.

CONTINUATION:

I have completed my excel chart. I searched YSearch, and the following projects from FTDNA: Polish, R1a Y DNA Haplogroup, R1a1a and Subclades, Russian DNA, Russian Empire, Russian Nobility, Russia-Slavic DNA, and Germany Y DNA. I also searched Molgen.org and even Genebaze.com, a Czech Y DNA website. Unfortunately, I don't match up with many in the databases. I had to adjust the number of different markers to 10 (I found none at 8 and only a few at 9). Even so, my list is only ten persons. There were probably 50, if I went to about 12 differences, but I thought that was too far to go. I hope you can do something with what I am providing. I do appreciate your time and effort. Thanks again.

MY RESPONSE:

Go ahead, widen your search to, say, 13 one-step mutations from your haplotype.

CONTINUATION:

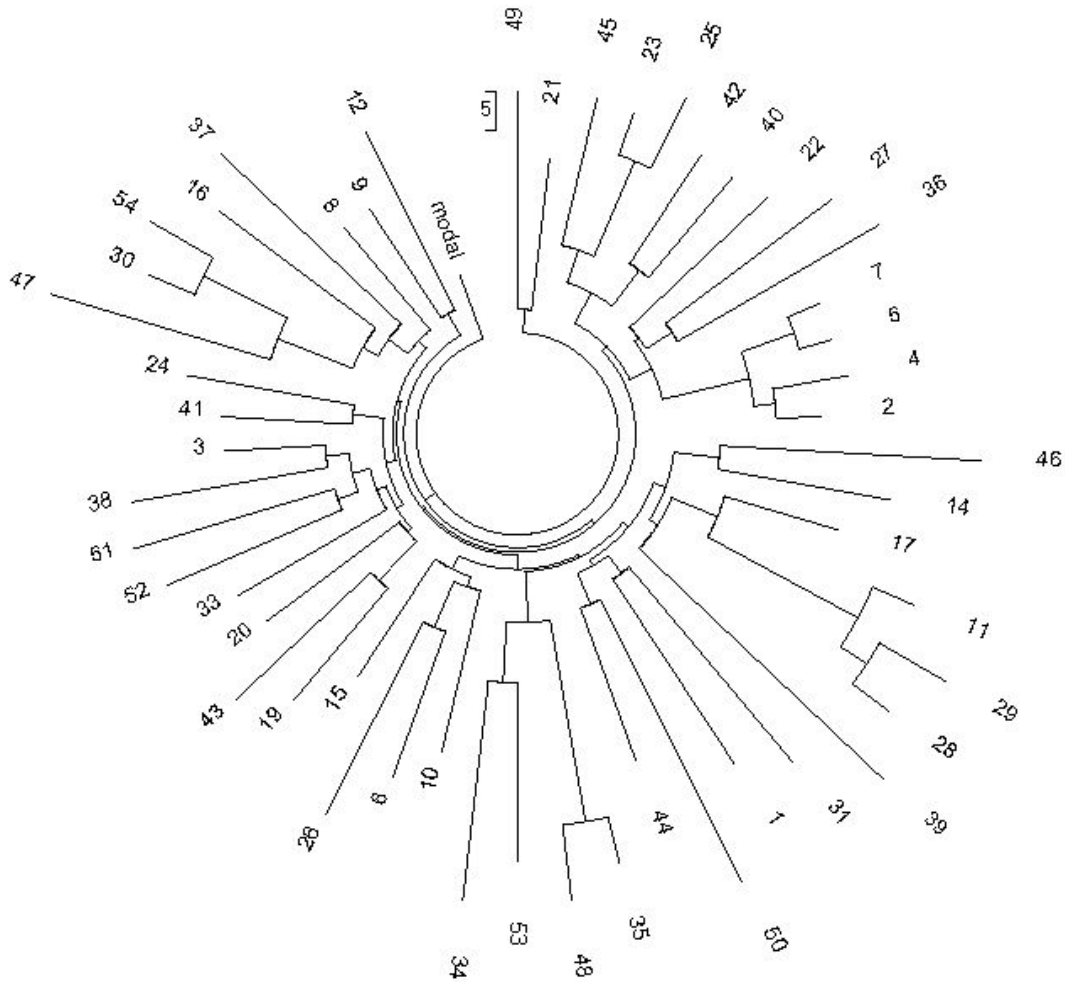
I have collected 53 of 67 marker haplotypes plus mine. Of them,
2 have 9 mutations from mine,
5 have 10 mutations,
11 have 11 mutations,
15 have 12 mutations,

20 have 13 mutations.

The Excel file is attached.

MY RESPONSE:

Here is your 67 marker haplotype tree.



Your haplotype is #1, in the lower right segment, in a branch of four haplotypes. The numbering of haplotypes is according to the order in your list. Three haplotypes were duplicates and deleted, particularly because they are unnamed on the list. Generally, I remove identical 67 marker haplotypes (I mean, remove one of the duplicate), because they skew calculations, however in this case I left one couple on the tree (5=7) only because they have different names.

The "methodology" which you have used (and which I have suggested) is close

to be hand-picking of haplotypes, and it is not exactly a "scientific" one, however, it is O.K. in this particular case. Haplotypes on the tree are supposed to be randomly picked, and restricted by independent criteria, for example, a particular subclade, a particular haplogroup, or a whole population available.

As you see, the tree represents a bunch of different "families" - there are at least 8-9-10 branches. All of those branches are different lineages. Even in this case your branch can be considered as one having, say, 11 haplotypes, but they split into two pairs of haplotypes, which, nevertheless, are coming from one root. Four haplotype would not give us a good resolution, however, for this shotgun approach it is still O.K, because it looks reasonable. By "reasonable" I mean that when four of 67 marker haplotypes have only 4 mutations in their first 12 markers (4 mutations in as many as 48 markers) it already shows that a common ancestor is not very far away. Then, they have 11 mutations in the first 25 markers (among the 100 markers total), 33 mutations in the first 37 markers (in 148 markers total) and 38 mutations in all four 67 markers haplotypes (268 markers total). So, it looks more or less consistent. It results in 2150 ± 410 years to a common ancestor of all the four haplotypes. It is the end of the last era (BC).

So, you see that our attempt to find your more close "family" are not very successful thus far. However it is not because we did not try, but because haplotypes of your more close relatives are still not available.

Now, you four individuals are next to a branch of 7 haplotypes (11, 14, 17, 28, 29, 39, 46), whose common ancestor lived at the same time, 1975 ± 320 years ago. A common ancestor of the BOTH branches, that is the root of the both, lived ~ 3075 years ago. As you see, these two branches are rather distant.

The whole tree is a rather heterogeneous one, and does not have a common ancestor. This is a result of our "methodology" of hand-picking haplotypes. Again, no problem in this particular case. There is no better approach so far.

CONTINUATION:

Thanks so much for your analysis. So, #31, #44, and #50 are my closest matches?

MY RESPONSE:

You have to define "matches". In my vocabulary, they are not "matches". They belong to the same branch of haplotypes.

However, if in your language a Toyota is a "match" for Rolls-Royce, let it be. In that case, compare with a truck, you can call them a "match". It all boils down that out of 54 haplotypes you collected (which I reduced to 51 haplotypes), only four can be considered as your rather extended "family", with a common ancestor at the beginning of the common era. It is, of course, pretty far from resolving your initial question. However, that is what databases provide as of today. Keep looking at new haplotypes arrival.

Best regards.

LETTER 106

I live in Israel. My haplogroup is R1a1a, shorthand R-M198 confirmed (tested positive), presumed positive for R1a1a: L168, M17, M512, M514, M515, PS68 presumed positive for R1a1: M448, M459, SRY10831.2 presumed positive for R1a: M420, M449, M511, M513, M516 presumed positive for R1: M173, M306, P231, P233, P234, P236, P238, P241, P242, P245, P286, P294 presumed positive for R: M207, P224, P227, P229, P232, P280, P285.

I have tested with FTDNA 67 Y markers and I consider upgrading 67 to 111 marker test, or take advanced SNP test or take Deep Clade test.

Through FTDNA I found another male with 37 markers full match and 67 markers with 1 mutation compare to my haplotype, with no common surname, no common paper trail, but with common religion (Jewish), common tribe within the religion (LEVI), and last known parental forefathers who lived c. 1820 in towns in Poland (under Czarist Russia) which are merely 100 mile apart.

Can you suggest which tests should we take in order to find the time frame of our common ancestor?

MY RESPONSE:

What is "presumed positive"? If they are not specifically tested in your DNA, it is a superficial information. It looks like only M198 was found positive in your case. This is good enough for the time being. Delete everything else, there is no use in it. It goes automatically along with your M198.

>I have tested with FTDNA 67 Y markers and I consider upgrading 67 to 111 marker test, or take advanced SNP test or take Deep Clade test.

111 marker test is fine, but only if there are enough other Jewish 111 R1a1 marker haplotypes. Check it, otherwise what are you going to compare it with? Your 67 marker haplotype is good enough. Regarding other SNPs, check L342.

All Jewish R1a1 haplotypes available thus far are pretty much similar, because their common ancestor lived ~ 1300 years ago, in the 1st millennium AD, already in the Diaspora. So, there is no surprise that you found some close haplotypes. You are the same extended family, which was initiated in the pre-last name era for most of the people. Hence, different surnames.

>Can you suggest which tests should we take in order to find the time frame of our common ancestor?

You already know the timeframe for the common ancestor of the R1a1-Jews (see above). When I have your full 67 marker haplotype, I can be more specific. It would be helpful if you send me other 67 marker haplotypes of other Jewish R1a1 people you have compared your haplotype with. I can show your position among them in more detail.

CONTINUATION:

Any specific reason why you suggested the SNP L342 check?

MY RESPONSE:

I can explain when I have the 67 marker haplotypes which you have mentioned. Otherwise maybe you do not need L342. I cannot make my suggestions on being blind, that is without seen the haplotypes. If on some reason you do not want to show them, I cannot make any suggestions.

CONTINUATION:

Don't get me wrong, I'm simply not sure where to find my haplotype. But please see attached file. Is this what you asked for?

FTDNA do not point me to check L342 SNP. They offer me only one or more of the following: M417, M56, M157, P98, PK5, M434, M458, M334, L260, L176, L175. So you understand that I am not sure what to do.

MY RESPONSE:

:~)))

Now, look at the

http://www.lulu.com/items/volume_71/11342000/11342480/1/print/8049785_7842510_Lulu.pdf

page 1033 on top, you will find your haplotype with only one mutation (in the 15th allele).

It is the Jewish R1a1 ancestral haplotype with a common ancestor who lived 1300±150 years ago.

In fact, in the newer version that allele is corrected from 11 to 10, so you do not have a single mutation. You have the classical Jewish 67 marker ancestral haplotype.

Now, some R1a1 Jews have L342. It is not yet clear all of them or not. It seems that all of them are L342 with that haplotype you have or with just a few mutations from it. That is why I suggested you to test this SNP. There is no sense to test most of those FTDNA suggested you to test. After you know do you have L342 or not, it would be clear which way to go. If you do have L342, you are all set, for the time being. If you do not have L342 (I will be surprised), we will think which SNP you might have instead.

CONTINUATION:

I got to page 1033. Amazing! It is my haplotype indeed, published back in 2009. What a project you undertook. I'm impressed at your work on DNA genealogy, specifically Jewish DNA.

Thank you very much.

LETTER 107

You are doing great work. I am one of the Clan Donald USA members under Green Group, age 80 and dying to know my DNA status. I thought to be a distant relative of Somerled. My haplotype is attached. I appreciate your opinion greatly.

MY RESPONSE:

Your question has a certain and a well defined answer. Your ancestors lived ~ 5,000 years ago on the Russian Plain (aka East European Plain), which is a vast territory stretching between Germany to the west and the Ural mountains to the east. The 67 marker haplotype of that Russian Plain common ancestor is known

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 38 13 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8
14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

and your haplotype differs from it by 15 mutations. This places your direct ancestor who split from the Russian Plain DNA lineage at about 4,200 years before present. Than your ancestor moved to North-Westen Europe, and initiated about 4,000 years ago the DNA lineage which we now call in our classification the "Old Scandinavian branch".

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 16 18 19 34 37 12 11 -- 12 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 11 12 12 13 8
13 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

In fact, it is not exactly clear now, maybe the story was an opposite one, and there was a common ancestor in Europe some 6,000 years ago, from whom both the Russian Plain and the Old Scandinavian common ancestors descended. This work is advancing meticulously right now by studying SNP mutations in our Y chromosome. At any rate, your haplotype is 18 mutations away from that "Old Scandinavian" common ancestor, which places YOUR ancestor in that lineage by 3,950 years ago. A practically perfect match with the chronology (3,950 and 4,000 ybp, see above). The next split from that lineage has originated the "Young Scandinavian branch", 2300±300 years ago. The ancestral haplotype of that lineage is very close to yours personal haplotype, compare:

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

There are only 10 mutations between the above and your haplotype, which place a common ancestor of the Young Scandinavian and your haplotype by 2275 years ago. Again, a practically perfect match 2275 and 2300 years ago, showing that the Young Scandinavian common ancestor was indeed your direct ancestor. This was at the beginning of the Common Era.

Now, the Donald Clan is a split from the Young Scandinavian branch about 650 years ago (John Lord of the Isles died in 1386). Here is the Clan Donald ancestral 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

Your haplotype differs from the latter by 13 mutations, which is again places you at the beginning of CE. You do not belong to the Donald Clan. You belong to the parent DNA lineage with respect to the Clan Donald. Should Somerled live in reality (it look like he did, and we know his haplotype), your lineage would be parent to his. Consider yourself as a senior lineage with respect to Somerled.

I hope it helps.

Letter 108

The Barton DNA project is over 10 years old. There are 96 men in Barton Lineage I - all one genetic family. Forty six are tested at 67 and sixty one at 37 markers. Most of the others are an assortment of 25, 26 & 43 markers.

The three Barton men tested to 111 found only 2 more mutations and one of them is practically useless to us - as I already knew about it - actually I started it myself. It's only found in me and my son - but not my father nor any of the others who tested it. So, in effect, we found one potentially useful mutation in 3 tests. That's not very powerful - and these three men weren't close - based on what we know from paper trails that don't connect. In 2006, I also tested 10 of my men on 30 odd of Thomas Krahn's markers when he was still at DNA Fingerprint and found only one mutation then (neither of these last two efforts are on line - but the results up to 76 markers are)

<http://www.worldfamilies.net/surnames/barton/results>

MY RESPONSE:

I took a look at your Barton DNA Project dataset and composed a haplotype tree from all 80 of 67 marker R1b haplotypes, including other lineages. 47 haplotypes form a close branch. These 47 haplotypes contain 99 mutations from their base haplotype

13 24 14 11 10 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 - 11 11 19
23 17 15 19 17 35 36 12 12 - 11 9 15 17 8 10 10 8 10 10 12 23 23 17 10 12 12 15 8 13 23
20 13 12 11 13 11 11 12 12



A 67 marker haplotype tree of the Barton Project, containing 80 haplotypes
<http://www.worldfamilies.net/surnames/barton/results>

This gives $99/47/0.12 = 17.6$ conditional generations, that is 439 years from the common ancestor. I do not want to round up at this stage, so you can see a reproducibility of the results. It is 1572 AD \pm 62 years.

I also ran four calculations with the logarithmic method. In the 12 marker panel there were 35 identical haplotypes, that is the base haplotypes. Clearly, this base is the ancestral haplotype in this case. This gives $[\ln(47/35)]/0.02 = 14.7$ generations to the common ancestor.

In the 25 marker panel there were 26 base haplotypes. $[\ln(47/26)]/0.046 = 12.9$ generations to the common ancestor.

In the 37 marker panel there were 9 base haplotypes. $[\ln(47/9)]/0.090 = 18.4$ generations.

In the 67 marker panel there were 6 base haplotypes. $[\ln(47/6)]/0.12 = 17.2$ generations.

Please notice that the 67 marker panel gave 17.6 generations and 17.2 generations for the linear and the logarithmic methods, respectively. If we consider all these five calculations, we get an average of 17.6, 14.7, 12.9, 18.4, 17.2 generations, that is 16.2 \pm 2.3 generations, with $\sim 14\%$ variation. It would give you 405 years to a common ancestor, that is approximately 1606 AD \pm 58 years. As you see, the two estimates are overlapping in time.

So, you can take either 17.6 generations (1572 AD) from 47 of 67 marker haplotypes, or 16.2 generations from an averaged logarithmic method (1606 AD), it would not make a large difference. It is about one generation difference anyway. By the way, no correction for back mutations is needed here.