

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

**Proceedings of the Academy
of DNA Genealogy
Boston-Moscow-Tsukuba**

**Volume 5, No. 12
December 2012**

**Академия ДНК-генеалогии
Boston-Moscow-Tsukuba**

ISSN 1942-7484

Вестник Академии ДНК-генеалогии.

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии.
Издательство Lulu inc., 2012.

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
Академия ДНК-генеалогии

Оформление издания
Anatole A. Klyosov
Павел Шварев

© Авторские права на статьи принадлежат Академии ДНК-генеалогии,
2012. При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2012

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Гаплотипы группы R1a на Алтае: «автохтоны» и «индоевропейцы» <i>А. А. Клёсов</i>	1511
Япония и Корея. Ранняя история, этногенез и новый взгляд на образование алтайской языковой макросемьи с позиций ДНК-генеалогии. <i>И. Рожанский</i>	1526
О статье венгерских авторов «Краткое сообщение: Новые бинарные маркеры Y-хромосомы улучшают филогенетическое разрешение внутри гаплогруппы R1a» (Pamjav et al, Am. J. Phys. Anthropol., 2012) <i>Анатолий А. Клёсов</i>	1552
Not All SCOTS R-M222 were Irish First. <i>Susan M. Hedeem</i>	1565
DNA GENEALOGY SCHOOL	
The Jewish Levites J2a4b1 recent and ancient ancestors. <i>А. А. Клысов</i>	1582
КРАНИОМЕТРИЯ И ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ	
Предисловие редактора	1596
Соображения по статье В.А. Рыжкова. <i>И.Л.Рожанский</i>	1604
Исходные расовые кранотипы выборок черепов в коллекции Хауэллса и их корреляции с гаплогруппами. Часть II. Американды, эскимосы и европейцы. <i>Владислав А. Рыжков</i>	1608
Послесловие редактора в отношении расчетов времен до общего предка.	1706
ПОЛЕМИКА	
Полемика по статье О. Валецкого «Происхождение славян в свете работ историков сербской «автохтонной» школы. Вестник, т. 5, № 11, ноябрь 2012, стр. 1325-1393. В.А. Рыжков.	1709
Комментарий редактора.	1716
Комментарий О. Валецкого в отношении критики.	1718
Дискуссия на Форуме «Родство».	1729
В порядке дискуссии – что такое ADMIXTURE, и очередной накат жонглирования понятиями и «выводами» в стиле «популяционной генетики» в геномных исследованиях. <i>А.А. Клёсов</i>	1742
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 46, письма 156-158.	1758

Гаплотипы группы R1a на Алтае: «автохтоны» и «индоевропейцы»

Анатолий А. Клёсов

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

Фраза, поставленная в заголовок, представляет довольно новую формулировку в науках о происхождении человека. До сих пор в популяционной генетике бытует мнение, что гаплогруппа R1a появилась где-то в южных степях, на территориях, где сейчас находятся современные Россия и Украина, по одним данным 15 тысяч лет назад, по другим 10 тыс лет назад, и переживала ледниковый период в «украинском убежище». Обе цифры вышли из-под руки Спенсера Уэллса без каких-либо пояснений, как без пояснений осталось и то, по какой причине он далее изменил 15 тыс лет на 10 тыс лет, и как это R1a могла переживать «ледниковый период» 10 тыс лет назад на Украине, когда ледникового периода в те времена давно уже не было. Но популяционные генетики продолжают излагать и про ледниковый период, и про «украинскую гаплогруппу» R1a, и про 15 тысяч лет назад. Никаких источников датировок никто из них не приводит, да и нет никаких этих расчетов ни у Уэллса, ни у других для «южных степей». Это – нормальное дело для популяционной генетики.

В то же время немало данных указывают на Южную Сибирь и на её алтайский регион как место обитания древних европеоидов. Это было показано как старыми работами по анализу «генетических расстояний» в полиморфных формах белков (серия работ А.Ф. Назаровой 1980-х и 1990-х годов), так и исследованиями по переходу носителей гаплогруппы Q из Южной Сибири, и, видимо, именно из Алтайского региона через Берингов мост в Америку. Поскольку прибытие носителей гаплогруппы Q в Америку датируется по разным данным от 20 до 12 тысяч лет назад, то они должны были покинуть Южную Сибирь не позднее 40-30 тысяч лет назад (обычно скорость древних миграций принимается за 1 км в год).

По расчетам, гаплогруппа Q образовалась из сводной гаплогруппы Р в интервале 45-40 тысяч лет назад. Тогда гаплогруппа Р уже должна была быть в Южной Сибири в те времена, и позднее образовать гаплогруппы R, R1, R1a и R1b. Все эти гаплогруппы – европеоидные по антропологии, и европеоидными они и пришли в Европу – R1a примерно 11-9 тысяч лет назад на Балканы, R1b – около 10 тыс лет назад на Русскую равнину, и около 5 тысяч лет назад в западную и центральную Европу (а также на Балканы, в юго-восточную Европу).

Вот такой, казалось бы, парадокс – европеоиды получили свое название от Европы, в которую прибыли после долгих и далеких миграций из Центральной Азии. Но на самом деле все правильно, если принять возможность того, что европеоиды в самом деле образовались в Европе в виде сводной гаплогруппы FT, из которой выделились две ветви – IJK осталась в Европе, а NO+P ушли на восток, в Южную Сибирь, где гаплогруппа P и осела на долгие 20 тысяч лет, перед своим (в потомках гаплогрупп R1a и R1b) началом возвращения в Европу.

Такие длинные миграции традиционно воспринимаются с недоверием в академических кругах исследователей истории и лингвистики. У них просто нет методологического аппарата для изучения столь длинных миграций – на многие тысячи километров и на протяжении многих тысяч лет, порой десятков тысяч лет. Обычно сходство материальных признаков на разных концах континентов, а то и на разных континентах принимается за случайные совпадения. Я не раз читал в качестве подобных аргументов то, что поскольку знак свастики, например, найден у древних индейцев, где ариев и быть не должно, значит, случайное совпадение, одинаковое представление солярного знака. Меня этот аргумент, признаться, никогда не убеждал, но отвести его – не было объективных данных. Сейчас они появились, в виде практически одинаковой керамики с десятками одинаковых признаков у европеоидов (и ариев) и у американских индейцев (частное сообщение Е. Мироновой), но это предмет другого разговора.

ДНК-генеалогия приводит новые и неопровержимые доказательства таких длинных миграций. Гаплогруппа R1a была найдена в северном Китае, где в ряде местных народностей и этнических групп ее доля достигает 30%. И главное даже не это, а то, что их гаплотипы настолько испещрены мутациями, как редкие (или вообще никакие) гаплотипы других гаплогрупп. Гаплотипы группы R1a в северном Китае доступны только короткие, но тем и характерны, потому что короткие гаплотипы обычно намного более стабильны, чем протяженные. Точность датировок по ним меньше, но при таких «глобальных» мутациях точность уже не столь важна, важен сам феномен. Северо-китайские гаплотипы дали датировку 20 тысяч лет до общего предка гаплогруппы R1a в том регионе. Базовый гаплотип их 5-маркерных гаплотипов

13 X 14 X X X X 12 X 13 X 30

имел только одно характерное отличие от гаплотипов R1a Русской равнины – в третьем маркере (DYS19) у последних обычно 16 или 17, китайских – 14.

Алтайские гаплотипы R1a были исследованы нами в работе (Klyosov and Rozhanskii, 2012), и найдено, что их общий предок жил совсем недавно по историческим меркам – всего 825 ± 320 лет назад, и его базовый гаплотип был

13 26 16 11 11 17 X 12 11 14 X 31

Он заметно отличается от базового гаплотипа R1a Русской равнины парой DYS385=11-17, которая на Русской равнине равна 11-14

13 26 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30

Общий предок этих двух базовых гаплотипов жил 8100 лет назад (Klyosov and Rozhanskii, 2012). В целом перекрестное сопоставление базовых гаплотипов разных алтайских популяций привело к расчетам времен до общих предков европейских и алтайских гаплотипов группы R1a в интервале 10,400 и 7,300 лет назад (ссылка там же). Та же картина была получена и для тувинских гаплотипов, в целом, общий предок европейских, алтайских и тувинских гаплотипов жил 10,000-10,400 лет назад (Klyosov and Rozhanskii, 2012).

Здесь следует отметить, что рассмотрением популяционных генетиков присуща одна и та же ошибка, которая постоянно повторяется в их «академических» публикациях. А именно, статическая картина и отсутствие исторического понимания. Если они видят гаплотип группы R1a в Азии, так он непременно «пришел из Европы», его тут же называют «скифским», «курганной культуры», «индоевропейским», не имея к этому ни малейшего основания. Иначе говоря, идут «рассуждения по понятиям», а не по науке. Не по науке – потому что датировки они считать не умеют и в рассмотрении-рассуждения их не включают.

На самом деле данные и расчеты показывают, что в алтайском регионе, Китае, Монголии, Южной Сибири, Центральной Азии (эти регионы пересекаются), есть по меньшей мере две группы гаплотипов группы R1a. Одна группа – исходная, древнейшая в отношении их общих предков, не европейская и не «индоевропейская», не арийская, а сугубо автохтонная. Эта группа фрагментирована, прошла различные бутылочные горлышки популяций, и представляет сейчас потомков предковых линий давностью от 600-800 лет назад до 7 тысяч лет назад, в редких случаях – до 20 тысяч лет назад, как у серии северо-китайских гаплотипов. Гаплотипы у этих серий заметно отличаются от гаплотипов Русской равнины.

Другая группа – это гаплотипы, действительно «пришедшие» из Европы 4000-3000 лет назад, со своими, как правило, арийскими,

«индоевропейскими» носителями группы R1a. Если они типизируются на субклады R1a, оно скорее всего покажут юго-восточный субклад L342.2 и его производные.

Поэтому мумии Таримского бассейна, например, с датировкой 4000 лет назад, могут быть или автохтонные, или «индоевропейские», и не стоит торопиться называть их «европейцами», «скифами», «курганниками». К этому, как было сказано, нет никаких оснований. Здесь помогли бы гаплотипы, но они, к сожалению, или не определялись, или не публиковались. Аргументы, что «на них была одежда типа шотландского пледа» тоже не являются состоятельными, потому что для состоятельности нужно показать, что этот тип одежды не был, напротив, принесен с Алтая в Европу. Рассмотрение подобных альтернатив не присуще популяционным генетикам.

Решению этого вопроса пока не помогает и археология. Рассмотрение афанасьевской культуры могло бы, наверное, внести ясность в решение проблемы, хотя бы частично, но оказалось, что в афанасьевской культуре практически отсутствуют объективные датировки, и откуда прибыли ее люди – остается неизученным, то ли они автохтонные, то ли «европейцы». Анализ ископаемых костных остатков не предмет гаплогрупп не проводился.

Обычное недоумение о связи происхождения гаплогрупп R1a, по сути европеоидной, с Алтаем, сводится к тому, что носители R1a на Алтае (и в прилегающих регионах) сейчас – типичные монголоиды и говорят на языках тюркской группы. Вопрос, который обычно задается – какие же это «индоевропейцы», когда это тюрки-монголоиды?

На это можно опять привести комментарий выше об отсутствии исторического видения, типа «что вижу, о том и пою». Гаплогруппа R1a на Алтае, как сообщалось выше, прошла бутылочное горлышко популяции всего 800-900 лет назад. Что это означает? То, что это уже не те европеоидные предки, которые там жили тысячелетия назад, хотя гаплогруппа сохранилась, хотя бы частично. Это означает, что ранее 800-900 лет назад (или в те времена) эта популяция была почти истреблена – либо в результате природных катаклизмов, либо – скорее всего – врагами. Выжившие носители R1a и их потомки по своему генотипу, а, следовательно, фенотипу, были уже другими людьми. То, что они перешли на тюркский язык, показывает, кто могли быть их недругами. Хотя причиной могли быть и тюркоязычные подруги и жены. Если недруги – по времени это могли быть китайские или монгольские нашествия 11-13 вв нашей эры. Гаплогруппа R1a у многих потомков осталась, а значит, уцелела

у (немногих) выживших предков, но жены были уже не европеоидные, а монголоидные. Именно это изменило и генотип, и фенотип потомков при сохранении мужской хромосомы и ее гаплогруппы R1a. Можно ожидать, следовательно, сдвига спектра мтДНК в сторону азиатских, монголоидных вариантов митохондриальных гаплогрупп. Как будет видно ниже, именно так и оказалось.

Понятно, что таком состоянии вопроса новые научные публикации, на новом материале и с обоснованными выводами представляют несомненный интерес и важность. И вот в этом, 2012 году, появились две публикации на «алтайскую тему». Первая – совместная статья специалистов из Пенсильванского университета (Matthew Dulik, Theodore Schurr и др.), Института цитологии и генетики Сибирского отделения РАН (Сергей Жаданов и Людмила Осипова) и Института общей генетики и цитологии Казахстана (Айкен Аскапули), под названием «Вариации мтДНК и Y хромосомы свидетельствуют о недавнем общем предке америндов и автохтонных алтайцев». Вторая – статья испанских авторов (Барселона) Gonzales-Ruiz, Malgosa и др. «Происхождение смешивания популяций востока и запада алтайского региона (Центральная Азия)».

Надежды на появление продвинутых работ, как водится, оправдались только частично. Обе работы содержат интересные находки, которые, правда, в значительной мере тонут в болоте несообразностей. Более содержательной оказалась первая работа, но она на наши вопросы, изложенные выше, не ответила. Тем не менее, дала сырой материал, на основании которого можно было провести некоторые (но вполне содержательные) расчеты, показанные ниже.

Начнем со второй, значительно более простенькой (в том контексте, который изложен выше) работы.

Статья Gonzalez-Ruiz et al (2012)

Gonzales-Ruiz и соавторы исследовали мтДНК в костных остатках Пазырыкской культуры. Это – археологическая культура железного века (3-5 вв до н.э. , хотя некоторые опускают дату до 6-го века до н.э.), которую относят к «восточному скифскому кругу». Регион – горный Алтай и смежные территории Алтая, Казахстана и Монголии. Основное занятие – кочевое скотоводство. Высказывается предположение, что пазырыкская культура – производная от афанасьевской. Ее основные антропологические типы – долихокранный европеоидный с высоким и широким лицом (видимо, носители гаплогруппы R1a), брахикранный монголоидный с невысоким лицом и мезодолихокранный монголоидный с высоким лицом

(последние могут быть носителями гаплогрупп С, N, Q, и парным им мтДНК).

Надо сказать, что предыдущий параграф в статье почти не изложен. Вместо этого авторы много говорят о том, что Алтай – граница западных и восточных евразийских степей, о особенно много о «скифах», которые были «европеоидны» и говорили на «индоевропейских языках». В общем, стандартный букет популяционно-генетических установок, включая упоминания Геродота. Никаких других данных, что изучаемые авторами костные остатки принадлежали именно скифам, в статье нет, и неясно, зачем о скифах нужно было вообще писать. Вообще неизвестно, скифы ли это. Тут же и про «номадический пасторализм», хотя кости про это тоже ничего не говорят. Короче, мощным фоном идет то, что к содержанию материала никакого отношения не имеет. Но так принято в популяционной генетике. То, что в захоронениях нашли европеоидные антропологические особенности, тут же подается, как «скифы имели европейскую морфологию». То, что европеоидность могла остаться от автохтонных европеоидов, авторам в голову не пришло. Популяционная генетика.

Авторы изучали мтДНК (HVRI, гипервариабельная область) 19-ти скелетных остатков монгольского Алтая из четырех захоронений, относящихся к бронзовому (три мтДНК) и железному (16 мтДНК) веку. Было постулировано (точнее, принято как данность) что гаплогруппы мтДНК подразделяются на три региональных происхождения:

- Западно-евразийские: R0 - R0a'б, HV, N1, JT, UK, W, X
- Восточно-евразийские: M - C, D, G, Z, M9, M10, M11, M13, A, B, F, N9a
- Южно-азиатские: M*, U1a-c, U9, R*, R1-R2, R5-R6, N1d.

Дальше пошли типичные популяционно-генетические корреляции, типа «разнообразие генов», «разнообразие нуклеотидов», Арлекин, FST, «парные генетические расстояния между популяциями» и прочее, чему смысла в ДНК-генеалогии нет, но есть какой-то тайный смысл в популяционной генетике, что и хорошо. Чем излагать эту алхимию, сразу посмотрим, что это по сути дало. Это будет конструктивнее.

Итак, из 19 ископаемых гаплогрупп 11 оказались А, С, D и G, то есть «восточно-евразийские», 9 оказались J, K, HV, U и T, то есть «западно-евразийскими». Авторы предпочитают эти цифры – 9 и 11 – напрямую не давать, и указать «58%» и «42%», иначе уже слишком малы эти количества. На самом деле из первых 11 гаплогрупп 7 оказались гаплогруппы D – все три гаплогруппы «бронзового века» и еще четыре – железного века. По

одной были А, С и G, все из железного века. Еще в железном веке в алтайской выборке были найдены три К, два U (U5a1), по одной J, HV, и T. Это позволило авторам сделать вывод, что в бронзовом веке все (три) гаплогруппы были «восточные», а в железном веке к ним добавились разнообразные «западные». Это и есть “admixture”. В общем, может быть. Правда, из бронзового века были всего три образца, а из железного – 16. Интересно, какое было бы распределение, если бы было наоборот, 16 из бронзового, и 3 из железного? Оно, явно, было бы другим. Тем не менее, авторы назвали пазырыкскую популяцию «генетически гомогенной».

Если принимать картину как данность, то получается, что невестами и женами алтайцев (в основном R1a, как будет видно ниже) были восточно-азиатские женщины (наверное, монголоидные), а в железном веке добавились западноевразийские женщины. Либо сами приходили, либо их умыкали.

Вот, собственно, и вся статья. Все остальное – общие разговоры. Много из той статьи, конечно, не почерпнуть. Хотя сам факт анализа ископаемых мтДНК – уже немалое достижение, требующее определенной технической научной школы.

Статья Dulik et al (2012)

Статья Dulik et al, как было упомянуто, значительно более продвинутая. Правда, основной вопрос, который она рассматривает, а именно о происхождении америндов, и приходит к выводу, что они из Южной Сибири, давно решен в литературе. И то, что общими между ними являются гаплогруппы Q и C, тоже давно решен. Авторы углубляются в детали, какие именно субклады являются у них общими, но это, на мой взгляд, мало что дало, кроме общих упражнений на эту тему. Ну, нашли общие субклады (на самом деле больше не нашли, чем нашли), и что это даст, на какую загадку ответит? Более того, авторы запутались между «генеалогической» и «популяционной» скоростями мутаций, и в итоге пришли к категорически неверному выводу, совершенно смазав дискуссию и выводы.

Огорчительно, что авторы оказались совершенно не знакомы с современной литературой на тему скоростей мутаций. Например, автор этих строк опубликовал еще три года назад обстоятельные статьи в журналах J. Genet. Geneal. (2009) и Human Genetics (2009) о том, какие на самом деле величины констант скоростей мутаций и как они калибруются. Ну, не читают авторы литературу по скоростям мутаций, тогда зачем публиковать на эту тему статьи, увы, безграмотные? Это уж не говоря о том,

что многочисленные форумы по косточкам уже давно разнесли «популяционные скорости Животовского», а авторы об этом, видимо, и не догадываются. Это как же надо не уважать предмет своих исследований, настолько им не интересоваться, чтобы не читать форумы, наконец, не читать журнал «Вестник Академии ДНК-генеалогии», в полусотне выпусков которого – с 2008 года – эти константы скорости мутаций разбирались десятки раз, в том числе многократно было показано, что «популяционные скорости Животовского» - это для реальных систем сущая бессмыслица, более того, по сути это продукт подгонки и откровенной манипуляции данными. Об этом были отдельные статьи в Вестнике. И тем не менее, авторы ссылаются на Животовского, хотя, похоже, уже понимают, что что-то там не так. И потому считают параллельно и «генеалогически», и «эволюционно», что приводит вообще к полной каше в результатах расчетов. Так и пишут, что если, мол, считать «генеалогически», то получается недавно, а если «эволюционно», то бронзовый век. Ну нельзя же так. Хотя, впрочем, «популяционная генетика», там все можно. Как и в шаманстве.

Но самое забавное даже не это. Авторы в итоге пришли в тому, что «популяционная скорость» более правильно описывает данные, лучше стыкуясь с данными истории. Так, «генеалогические» скорости для южно-американских Q1a3a1a* дают времена жизни общих предков (по данным авторов) в Америке 4.9 тыс лет и 7.7 тыс лет, а «по Животовскому» 22.0 и 13.4 тыс лет, значит, вторые правильнее.

Это, конечно, уму непостижимо. Слышали ли авторы про «бутылочные горлышки популяции»? Откуда они вдруг решили, что любая популяция при расчетах дает именно «истинное» значение времени жизни древнейшего общего предка? Например, по данным самих же авторов серия алтайских Q1a3a* (которая должна быть старше по филогении, чем Q1a3a1a*) на 19-ти 17-маркерных гаплотипов дает всего 29 мутаций, от базового гаплотипа

13 24 13 10 15 18 X X 13 14 14 17 – 16 14 19 11 16 11 22

причем в отмеченных маркерах вообще нет мутаций. Ясно, что общий предок этих 19 гаплотипов – недавний. Действительно, $29/19/0.034 = 45 \rightarrow 47$ условных поколений (25 лет в каждом), то есть 1175±250 лет до общего предка. А должно быть, по «логике» авторов, не менее 20 тысяч лет. Значит, «метод неправильный», не так ли? А это просто предки в потомках не выжили, ДНК-генеалогическая линия почти пресеклась, популяция прошла бутылочное горлышко, или «генетический дрейф», как любят говорить популяционисты. Короче, недавно жил общий предок данной серии,

и ничего неправильного здесь нет. Так и в Америке для серии Q1a3a1a* гаплотипов. Не надо ее искусственно задирать в три раза с помощью ущербного метода.

Не в том, конечно, «продвинутость» статьи, что неправильно считали, и что «открывали Америку», которая давно открыта. А в том, что поместили в статью хорошую подборку гаплотипов разных алтайских популяций, целых 189 гаплотипов в 17-маркерном формате. Лучше бы гаплотипы подлиннее, но и на том хорошо. Лучше бы субклады у R1a1a1 выявили, но и на том хорошо. А то измерили только R1a1a-M17 (R1a1a) и R1a1a1-M417 (R1a1a) [первый сноп можно было бы и не определять, он в данной ситуации лишний, поскольку все имели M417], и на этом остановились, неверно отметив R1a1a1* (со звездочкой), как будто у него нет нисходящих снопов. То, что у него не оказалось M458 (центрально-европейская и западно-славянская ветви) и L365 (северо-европейская ветвь), так их и не могло быть. Известно, что на востоке их нет, кроме недавних «туристов». А вот измерить L342.2 было бы в самый раз, он-то и разделил бы автохтонные субклады и «индоевропейские». Жаль, авторы об этом снипе, наверное, и не знали.

Авторы нашли, что изученные популяции имели в основном «восточно-евразийские мтДНК гаплогруппы», что целом противоречит предыдущей, цитированной выше работе, согласно которой начиная с железного века началось активное «смешивание» мтДНК. В действительности же, гаплогрупп А, С, D и G оказалось большинство у всех тестируемых популяций:

- у челканов (38%), еще 19% N9a, остальные минорные;
- у кумандинов (62%, остальные все минорные);
- у тубаларов (64% и 53% у двух популяций, остальные все минорные);
- у шоров (50%), еще 14% у F1, остальные минорные;
- у алтай-кижи (48% и 36% у двух популяций, остальные все минорные),
- у теленгитов (40%), еще 15% гаплогруппы В, остальные все минорные, и
- у телеутов (51%, остальные все минорные).

Это важно, и подтверждает высказанную выше гипотезу, что несмотря на европеоидную гаплогруппу R1a монголоидные женщины превратили носителей R1a из европеоидов в монголоидов, да еще и сменили их язык на тюркский.

Переходим к самому важному для нас (в ДНК-генеалогии) – гаплотипам. Из 189 гаплотипов 75, то есть 40%, было R1a, из них большинство – 60 гаплотипов R1a - у популяции алтай-кижи. Для сравнения – R1b гаплотипов

было всего 6 единиц, или 3%, все в популяции кумандинов. На втором месте по численности была гаплогруппа Q, суммарно 34 гаплотипа (18%), в пяти субкладах. Гаплогруппа C (в двух субкладах, C3* и C3c1) включала 24 гаплотипа (13%). Гаплогруппа N в четырех субкладах (N1*, N1b*, N1c* и N1c1 [последнего всего два гаплотипа]) включала 22 гаплотипа (12%). Остальные гаплогруппы – D3a (6 гаплотипов), J2a (3 гаплотипа), E1b1b1c, I2a и L (по одному гаплотипу). Это все, так сказать, опять популяционная генетика, и относится к тому, что есть СЕЙЧАС. К ДНК-генеалогии это не имеет практически никакого отношения. Все эти единичные гаплотипы из 189, как правило, случайны, например, из групп I2a, E1b, J2a в Южной Сибири. Что не случайно – это 75 гаплотипов европеоидной (по происхождению) гаплогруппы R1a, причем если на западе они имеют в основном мтДНК группы H, то на Алтае – в основном мтДНК группы C. Вот и причина их монголоидности.



Рис. 1. Дерево из 75 гаплотипов гаплогруппы R1a1a1-M417 на Алтае. Верхняя левая ветвь – тубалары (57, 68, 70, 71, 74), челканы (60, 61, 62) и алтай-кижи (57). Нижняя правая ветвь – подобный состав: тубалары (66, 67, 69, 73, 75) и один челкан (63). Нижняя левая ветвь – смешанная: кумандины (64, 65), тубалар (72), алтай-кижи (8, 51, 59). Остальные гаплотипы – алтай-кижи.

На рис.1 приведено дерево 75 гаплотипов гаплогруппы R1a на Алтае.

Видно, что дерево состоит из нескольких совершенно различных ветвей. Столь характерное дерево редко встречается в пределах одной гаплогруппы, и обычно свидетельствует о серии бутылочных горлышек популяции, которая разошлась на ветви в древности, и претерпела трудное выживание в относительно недавнее время. О том, что исходные общие предки были в далекой древности, свидетельствуют масштабные различия между ветвями.

Если все гаплотипы дерева перемешать и усреднить, что будет совершенно неправильно, то фантомный «общий предок» якобы жил примерно 4300 лет назад. Делать это неправильно потому, что дерево состоит из ветвей, каждая из которых описывает отдельную ДНК-генеалогическую линию, причем ветви - разного размера, то есть разного «веса». При усреднении теряются самые древние ветви, и дерево «омолаживается». В «методе Животовского» это умоложение искусственно «выправляется компенсацией» за счет умножения возраста почти в три раза. Почему именно на три? Да так. Так показала теория для 10 тысяч гаплотипов при их полной гомогенизации за всю историю человечества, что совершенно искусственное и нереальное допущение. Причем самое «тупое» - это что умножение на три не зависит от формата гаплотипов, будь это 6-маркерные, 9-маркерные, 12-маркерные или 17-маркерные. Или любые другие. То есть принимается, что константа скорости мутации не зависит от того, какие маркеры в гаплотипе и столько их там. Уму непостижимо, что никто из «популяционных генетиков» не обращает на это никакого внимания. Хоть бы кто подумал, что такого быть просто не может. Вот что такое отсутствие адекватной научной школы. Полная атрофия мышления. Короче, при использовании метода Животовского» получится, что до общего предка всего дерева 12,800 лет. На самом деле этого нет и близко.

Рассмотрим дерево гаплотипов на рис. 1 с точки зрения ДНК-генеалогии.

Восемь гаплотипов на верхней левой ветви имеют базовый гаплотип (в формате Y-файлера, то есть DYS 393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 439, 389-1, 392, 389-2 - 458, 437, 448, GATAN4, 456, 438, 635):

13 24 16 9 12 14 10 14 11 18 - 14 14 20 12 17 11 23

В ветви всего 10 мутаций (в отмеченных маркерах; в остальных маркерах мутаций вообще нет), что дает $10/8/0.034 = 37 \rightarrow 38$ условных поколений, то есть 950 ± 315 лет до общего предка (стрелка - поправка на возвратные мутации, 0.034 - константа скорости мутации для 17-маркерных

гаплотипов). Этот гаплотип заметно отличается от базового гаплотипа Русской равнины (на 9 мутаций)

13 25 16 11 11 14 10 13 11 17 - 15 14 20 11 16 11 23

и от базового гаплотипа юго-восточного субклада L342.2 (на 8 мутаций)

13 25 16 11 11 14 10 13 11 17 - 15 14 20 12 16 11 23

Это помещает их общего предка на 7250 лет назад (на 6750 лет назад с общим предком для субклада L342.2). Это не мог быть «индоевропейский» R1a, в те времена они обитали в Европе, и даже на Русскую равнину еще не прибыли. Это – автохтонный общий предок, скорее всего фантомный (то есть датировка может быть заметно занижена), но это не «индоевропейский» общий предок. Современную довольно молодую популяцию представляют в основном тубалары и челканы. Сейчас они монголоидны и тюркоязычны.

У подножия описанной ветви находится мини-ветвь из четырех гаплотипов, три из которых одинаковы, и четвертый (56) отличается всего на одну мутацию (в DYS390).

13 26 16 10 11 14 10 14 11 18 - 15 14 21 12 16 11 23 (№ 27, 28, 29)

13 25 16 10 11 14 10 14 11 18 - 15 14 21 12 16 11 23 (№ 56)

Шесть мутаций (отмечены) разводит общих предков этих гаплотипов и базового гаплотипа Русской равнины на $6/0.034 = 176 \rightarrow 214$ поколений, или 5350 лет, и помещает ИХ общего предка на $(5350+4600)/2 = 4975$ лет назад. Это тоже слишком рано для прибытия на Алтай «индоевропейских» R1a. Они прибыли на тысячу лет позже.

Одна мутация между приведенными выше гаплотипами помещает мини-ветвь на $1/0.34 = 29 \rightarrow 30$ поколений, то есть примерно на 750 лет назад. Но между этой мини-ветвью (алтай-кижи) и ветвью тубаларов и челканов – 6.5 мутаций, или 5900 лет между их общими предками. Это помещает ИХ общего предка на $(5900+950+750)/2 = 3800$ лет назад.

Иначе говоря, от ДНК-линии, идущей от 3800 лет назад (которая в свою очередь тоже явно прошла бутылочное горлышко популяции) остались две подветви с возрастом 950 и 750 лет назад. Но расстояние между ними выдает, что они далеко разошлись от ИХ общего предка, и это расстояние можно без труда вычислить.

Итак, мы видим, что верхняя левая часть дерева – это не «индоевропейские», а автохтонные гаплотипы группы R1a. Они древние по происхождению, значительно древнее гаплотипов R1a (точнее, их общих предков) на Русской равнине.

Подобные расчеты позволяют получить следующие базовые гаплотипы и возраст общих предков ветвей:

Малая ветвь слева из семи гаплотипов (в которых всего три мутации):

13 25 16 11 11 14 10 14 11 18 – 15 14 21 10 16 11 23 (325 лет до общего предка)

Довольно древняя ветвь из 6 гаплотипов (на 7 часов) [27 мутаций]:

13 25 15 10 11 14/15 10 13 11 17/18 – 15 14 20 12 16 11 23
(3800 лет до общего предка)

Это вполне может быть субклад L342.2, базовый гаплотип которого на западе Русской равнины следующий:

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

Молодая ветвь из 10 гаплотипов внизу дерева, в которой всего 4 мутации:

13 25 16 11 11 14 10 14 11 18 – 15 14 21 12 17 11 23 (300 лет до общего предка)

Ветвь из семи гаплотипов в верхней правой части дерева, в которой всего 5 мутаций, что дает $5/7/0.034 = 21$ поколение, или примерно 525 лет до общего предка:

13 **26** 16 **10** 11 **17 11 14 11 18** – 15 14 **19 11 15** 11 23

Она на 11 мутаций на 17 маркерах отличается от базового гаплотипа субклада L342.2 (отмечено выше),

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

что разводит их общих предков на $11/0.034 = 324 \rightarrow 472$ поколения, или 11,800 лет, и помещает общего предка L342.2 и алтайской ветви на $(11800 + 4900 + 525)/2 = 8600$ лет назад. С базовым гаплотипом Русской равнины общий предок жил 7700 лет назад. Это – опять автохтонные общие предки гаплотипов. В этой (и следующей) ветви у них характерный признак, DYS385 = 11-16, в то время как на Русской равнине он 11-14.

Подветвь из 9 гаплотипов на 3 часа (в которой всего 7 мутаций, то есть общий предок жил $7/9/0.034 = 23$ поколения, то есть 575 лет назад), с базовым гаплотипом

13 26 16 **11** 11 17 11 14 11 **17** - 15 14 19 11 15 11 23

Видно, что это родственная ветвь предыдущей. У них одинаковые значения $DYD385=11-17$, и они отличаются всего двумя мутациями, то есть их общие предки расходятся на $2/0.034 = 59 \rightarrow 63$ поколения, то есть на 1575 лет. Их общий предок жил $(1575+525+575)/2 = 1340$ лет назад. Ясно, что эта двойная ветвь молодая (в отношении своего общего предка). Видно, как фрагментированы ветви, как они рассыпаются на совсем недавно выжившие и давшие недавних же потомков.

Пара гаплотипов (13, 14) одинаковы, поэтому технически их общий предок не имеет возраста:

13 25 16 11 11 18 11 14 11 17 - 15 14 19 10 15 11 23 (0 лет)

Наконец, последняя ветвь (на пять часов) из 6 гаплотипов, в которых всего 11 мутаций, то есть $11/6/0.034 = 54 \rightarrow 57$ поколений, то есть примерно 425 лет до общего предка, имеет базовый гаплотип

13 24/25 16 11 11 14 11 14 11 17 - 16 14 20 **14** 16 11 23

Он резко отличается от соседней двойной ветви выше по дереву, особенно по GATANH (отмечено). В целом отличия от базового гаплотипа Русской равнины составляют 6.5 мутаций

13 25 16 11 11 14 10 13 11 17 - 15 14 20 11 16 11 23

и от ветви выше по дереву - на 12.5 мутаций

13 26 16 10 11 17 11 14 11 18 - 15 14 19 11 15 11 23

что дает $12.5/0.034 = 368 \rightarrow 570$ поколений, или 14,250 лет между общими предками. Их общий предок жил $(14250+525+425)/2 = 7600$ лет назад. Это опять же автохтонный общий предок.

Если мы в итоге выпишем базовые гаплотипы всех десяти ветвей дерева, включая (кажущийся) базовый гаплотип всего дерева на вершине (последний гаплотип в матрице), получим следующую матрицу:

13 24 16 9 12 14 10 14 11 18 - 14 14 20 12 17 11 23	(950 лет)
13 25. 5 16 10 11 14 10 14 11 18 - 15 14 21 12 16 11 23	(750 лет)
13 25 16 11 11 14 10 14 11 18 - 15 14 21 10 16 11 23	(325 лет)
13 25 15 10 11 14. 5 10 13 11 17. 5 - 15 14 20 12 16 11 23	(3800 лет)
13 25 16 11 11 14 10 14 11 18 - 15 14 21 12 17 11 23	(300 лет)
13 26 16 10 11 17 11 14 11 18 - 15 14 19 11 15 11 23	(525 лет)
13 26 16 11 11 17 11 14 11 17 - 15 14 19 11 15 11 23	(575 лет)
13 24. 5 16 11 11 14 11 14 11 17 - 16 14 20 14 16 11 23	(425 лет)
13 25 16 11 11 18 11 14 11 17 - 15 14 19 10 15 11 23	(0 лет)
13 25 16 11 11 14 10 14 11 18 - 15 14 21 12 16 11 23	(0 лет)

Вся матрица содержит 51 мутацию (отмечены), что помещает возраст общего предка на $51/10/0.034 = 150 \rightarrow 176$ поколений, или на 4400 лет ниже среднего возраста всех базовых гаплотипов матрицы (765 лет), то есть общий предок всех ветвей жил $4400+765 = 5165$ лет назад. Это может соответствовать возрасту афанасьевской культуры.

Литература

Dulik, M.C., Zhadanov, S. I., Osipova, L.P., Askapuli, A., Gau, L., Gokcumen, O., Rubinstein, S., Schurr, T.G. (2012) Mitochondrial DNA and Y chromosome variation provides evidence for a recent common ancestry between Native Americans and indigenous Altaians. *Amer. J. Human Genetics*, 90, 1-18. DOI 10.1016/ajhg.2011.12.014

Gonzalez-Ruiz, M., Santos, C., Jordana, X., Simon, M., Lalueza-Fox, C., Gigli, E., Aluja, M., Malgosa, A. (2012) Tracing the origin of the East-West population admixture in the Altai region (Central Asia). *PLOS One*, 7, 1-11. e48904

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. *Adv. Anthropol.* 2, No. 1, 1-13.

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

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

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

Япония и Корея. Ранняя история, этногенез и новый взгляд на образование алтайской языковой макросемьи с позиций ДНК-генеалогии

И. Рожанский

РЕЗЮМЕ

По результатам анализа 2690 17-маркерных гаплотипов японцев и корейцев были определены основные генеалогические линии двух народов, рассчитаны времена до их общих предков и предложена модель этногенеза, учитывающая данные археологии, антропологии, письменной истории, мифологии, лингвистики и ДНК-генеалогии. Наиболее согласованной оказалась гипотеза, что в своей основе японский и корейский этносы сформировались на Корейском полуострове в период времени с 6000 до примерно 2500 лет назад. В процессе этногенеза на ранней стадии доминировали носители гаплогруппы O2b, в дальнейшем к ним добавились двигавшиеся из Маньчжурии представители гаплогрупп O3, C3 и N. Отдельная история современных японцев восходит к временам около 2500 лет назад, когда жители Корейского полуострова начали постепенно осваивать о. Кюсю. Отношения первых переселенцев с местным населением, представлявшим гаплогруппу D2, были, по всей видимости, мирными и взаимовыгодными, что позволило последним на равных влиться в состав формирующегося нового народа. Расчет общего предка двух ветвей гаплогруппы O2b дал практически ту же самую датировку, что расчет времени расхождения японского и корейского языков методами лексикостатистики – 6400 и 6700 лет назад, соответственно. Этот результат можно считать косвенным аргументом в поддержку алтайской гипотезы, до сих пор являющейся спорной. Было высказано предположение о существовании еще более древней урало-алтайской диалектной общности, существовавшей 8600 лет назад или ранее, и объединявшей носителей гаплогруппы N.

ВВЕДЕНИЕ

Начиная с первых упоминаний людей «Во» (和) в китайских источниках на рубеже нашей эры [Nakagawa, 2003], происхождение японцев (а это были они), живших на самом краю тогдашней Ойкумены, оставалось для китайской, а потом и для западной науки во многом загадкой. В силу политических обстоятельств, систематическое изучение началось лишь в конце XIX века, но сразу пошло бурными темпами. Уже к середине XX века в целом были идентифицированы и датированы основные этапы дописьменной истории Японии, определены основные антропологические типы жителей архипелага, показаны языковые и культурные связи с другими регионами. Тогда же выяснилось, что ближайшие географические соседи японцев, корейцы, относительно близки к ним по антропологии, культуре и языку. Относительно, потому что по меркам Европы и Ближнего Востока такое родство, в частности, языковое, следовало бы назвать очень дальним, поскольку оно очевидно лишь на фоне совсем уж далеких языков других соседей – китайцев, айну и аборигенов о. Тайвань.

Однако, при всей их всесторонности, исследования тех лет так и не смогли дать надежный ответ на основные вопросы: откуда, когда и в сколько волн заселяли люди Японский архипелаг, какова природа связей между японцами и корейцами (общее происхождение? культурное влияние? миграции?), какова степень родства японского и корейского языков. Не удивительно, что с появлением методов анализа ДНК японцы стали одними из первых объектов исследования [Hammer and Horai, 1995; Horai *et al.*, 1996]. Тогда же удалось показать, что, в согласии с гипотезами антропологов, народность айну можно считать прямыми потомками ранних обитателей архипелага, живших там, как минимум, 13000 лет, тогда как современные японцы в своей основе происходят от переселенцев с континента, начавших продвижение по Японии около 2500 лет назад. Выводы эти были тогда во многом интуитивными, а датировки вообще были фигурально взяты с потолка по причине отсутствия надежных методик по их определению. Как следствие, широко растиражированные заявления о решении загадки айну или об африканском происхождении жителей Восточной Азии оставались в лучшем случае декларациями о намерениях, чем научно подтвержденными фактами [Ke *et al.*, 2001].

К сожалению, ситуация не улучшилась при более детальном анализе, на более репрезентативной выборке гаплотипов и с привлечением нескольких математических моделей [Hammer *et al.*, 2006]. Виной тому – далекие от реального физического смысла модели популяционной генетики, а особенно – печально знаменитые «эволюционные» скорости мутаций. Как пример, вот какие датировки дают авторы для субклада O-47z (O2b1a в

нотации ISOGG-2012), в годах до настоящего времени: 7870 (5720–12630), 12270 (4680–27630), 3810 (1640–7960), 8690 (3840–17640), 6800 (2990–13800). В скобках – верхний и нижний пределы для 95 % доверительного интервала. Выложив вереницу цифр, посчитанных в разных численных моделях, авторы, не моргнув глазом, соотносят эту генеалогическую линию с волной миграции, начавшейся около 2500 (!) лет назад. Откуда такой разнобой, внятного объяснения не дается. И так по ходу всего обсуждения результатов – расчеты сами по себе, интерпретации сами по себе. Очевидно, посчитав задачу выполненной, в академической печати к этой теме популяционные генетики больше не возвращались, и ошибочная по сути работа «забронзовела», обретя статус классической. В таком статусе она предстает, например, в недавнем исследовании различных моделей заселения Японии [Ding *et al.*, 2011].

В той же статье упоминается и Корейский полуостров как вероятная родина ветви O2b1a, но из общих соображений, не подкрепленных ни расчетами времен, ни данными по гаплотипам корейцев. Этот пробел был отчасти восполнен в работе исследователей из Южной Кореи, собравших репрезентативную статистику 17-маркерных гаплотипов как по корейцам, так по другим популяциям Восточной Азии [Kim *et al.*, 2011]. К сожалению, «эволюционные скорости мутаций» свели на нет потенциально интересные результаты их скрупулезной работы. Кроме того, авторы сосредоточились на гаплогруппе O2b, тогда как для надежной реконструкции желательнее иметь данные по всем более-менее представленным генеалогическим линиям. Таким образом, несмотря на кажущийся большой материал по анализу ДНК, японцы и корейцы остаются белым пятном для ДНК-генеалогии.

Перед тем, как начать анализ генеалогических линий, следовало бы указать принципиальные датировки в ранней истории японцев и корейцев, известные из других источников. В случае дописьменной эпохи это, в первую очередь, археология, а также сведения из мифов и лингвистические реконструкции. В последнем случае использовались данные С.А. Старостина [Старостин, 1991] и недавняя работа японских лингвистов, использовавших лексикостатистические расчеты для составления дерева японских диалектов [Lee and Hasegawa, 2011]. Сравнительная лингвистика корейского осложнена тем, что языки, бывшие в ходу на Корейском полуострове к началу нашей эры, были постепенно вытеснены среднекорейским и вышли из употребления к 7-10 вв. н.э., оставив после себя лишь списки личных имен и топонимов, к тому же записанных китайскими иероглифами. Существует достаточно проработанная гипотеза, что один из вымерших языков – когурёский, был близок к древнеяпонскому, но она в основном базируется на авторской

интерпретации чтения иероглифов в топонимах, а потому неизбежно страдает известной долей субъективизма [Beckwith, 2004].

Таблица 1. Датировки ранней истории Японии и Кореи.

Время (лет назад)	События
~ 13000	<i>Археология:</i> Зарождение культуры Дзёмон (шнуровой керамики) в Японии.
~ 7000	<i>Археология:</i> Зарождение культуры Юнгимун (керамики догребенчатого периода) в Корее.
~ 6000	<i>Археология:</i> Зарождение культуры Чыльмун (гребенчатой керамики) в Корее и Маньчжурии.
~ 6000	<i>Лингвистика:</i> Разделение японской и корейской ветвей алтайской макросемьи.
4345	<i>Мифология:</i> Основание корейского государства Кочосон легендарным королем Тангуном.
~ 3000	<i>Археология:</i> Зарождение культуры Мумун (гладкой керамики) в Корее; начало интенсивного земледелия, обработки бронзы, строительство мегалитов.
2672	<i>Мифология:</i> Основание японского государства легендарным императором Дзимму.
~ 2500	<i>Археология:</i> Конец периода Дзёмон, появление культуры Яёи в Японии; начало интенсивного земледелия и обработки металла.
~ 2200	<i>Лингвистика:</i> Распад прото-японской диалектной общности.
2120	<i>История:</i> Падение королевства Кочосон в войне с империей Хань, образование раннекорейских государств Когурё, Пэкчё и Силла; начало письменной истории Кореи.
~ 1750	<i>Археология:</i> Начало периода Кофун (курганов) в Японии; доминирование государства Ямато; проникновение буддизма.
1475	<i>История:</i> Образование единой империи Ямато с центром в долине Асука; начало письменной истории Японии.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В качестве источника были использованы 2690 17-маркерных гаплотипов японцев и корейцев, опубликованные в [Kim *et al.*, 2011], [Mizuno *et al.*, 2008] и [Seong *et al.*, 2010]. В настоящей работе они приводятся в порядке маркеров, принятом в стандарте FTDNA: DYS393, DYS390, DYS19, DYS391, DYS385a, DYS385b, DYS439, DYS389I, DYS392, DYS389II, DYS458, DYS337, DYS448, GATAH4, DYS456, DYS438, DYS635. Значения маркера GATAH4 указаны в конвенции Relative Genetics, для перевода в стандарт FTDNA следует вычесть 1. Для 517 гаплотипов из 2690 были известны SNP [Kim *et al.*, 2011], для остальных отнесение к гаплогруппам и субкладам проводилось путем построения деревьев, включающих как отнесенные по SNP гаплотипы, так и те, для которых такого отнесения не проводилось, выделения стабильных ветвей и оценки их сходимости к одному предку [Rozhanskii, 2010]. В ряде случаев, дальнейшее уточнение было возможно путем сравнения базовых гаплотипов выделенных ветвей с протяженными гаплотипами из коммерческих баз данных.

Расчет деревьев проводился с помощью программного пакета PHYLIP (<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>), с оптимизацией Neighbour Joining и Fitch-Margoliash, и графической обработкой в программе MEGA 5 (<http://www.megasoftware.net>). Времена до общих предков и погрешности рассчитывались в соответствии с опубликованной методикой [Rozhanskii and Klyosov, 2011]. Распределение гаплотипов по провинциям Южной Кореи и префектурам Японии (где было доступно) в рамках данной работы не исследовалось, и каждая из двух выборок рассматривалась как единое целое.

РЕЗУЛЬТАТЫ

По результатам анализа, описанного в методической части, было получено распределение гаплотипов по гаплогруппам в обеих популяциях (Табл. 2). Для сравнения приведены данные работ, где отнесение было подтверждено SNP. Они дают практически те же цифры, с учетом статистической погрешности, что говорит, во-первых, о хорошей репрезентативности данных, и, во-вторых, об эффективности использованного в настоящей работе подхода к отнесению гаплотипов, не типированных на SNP.

Таблица 2. Распределение японцев и корейцев по гаплогруппам (%).

Популяция	Япония			Южная Корея	
	Данная работа	Hammer et al., 2006	Kim et al., 2011	Данная работа	Kim et al., 2011
Всего г/т	1164	259	157	1526	506
Гаплогруппа					
C1	4.8	5.4	5.1	0.4	0.2
C3	6.4	3.1	7.0	14.0	12.3
D2	30.4	34.7	29.3	1.3	1.6
N	1.5	3.9	2.5	4.7	4.5
O1	1.4	...	1.9	2.1	2.2
O2	33.2	31.7	29.9	32.7	32.4
O3	21.8	20.1	24.2	42.9	44.3
Q	0.4	...	0	1.4	1.4
Прочие	0	1.1	0	0.5	1.2

В сравнении с народами Европы или Ближнего Востока японцы и корейцы показывают заметно меньший набор гаплогрупп, что вполне ожидаемо для этих достаточно изолированных популяций. Ниже приведен анализ по каждой из гаплогрупп, найденных в этом исследовании.

Гаплогруппы C1 (M105) и C3 (M217).

В верхней части дерева на рис. 1 (выделено оранжевым в сетевом издании) находятся 62 гаплотипа гаплогруппы C1 (M8), из которых только 6 принадлежат корейцам. Все они образуют однородную ветвь с общим предком, жившим 4200 ± 500 лет назад, и базовым гаплотипом

14 24 13 10 13 15 13 13 11 29 19 14 18 12 16 10 21

Поиск по доступным базам данных дал более-менее близкие совпадения только в Японии, причем в единичных экземплярах. Видимо, в настоящей работе оказалась собрана самая большая на сегодняшний день выборка этой редкой, далеко отстоящей от всех ветви.

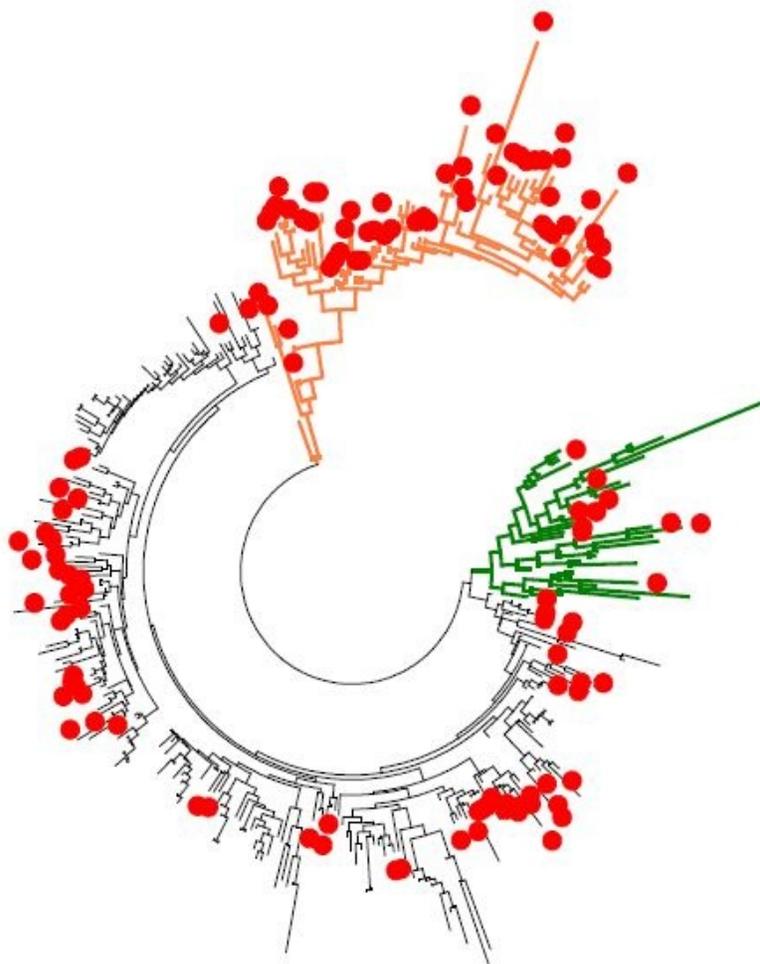


Рис. 1. Дерево 349 17-маркерных гаплотипов гаплогрупп C1 и C3 из Японии и Южной Кореи. 62 гаплотипа гаплогруппы C1 (M8) выделены оранжевым цветом, остальные - гаплотипы группы C3. Кружками помечены гаплотипы японцев.

Остальные 287 гаплотипов относятся к распространенной на Дальнем Востоке и в Центральной Азии гаплогруппе C3. Они встречаются среди как японцев, так и корейцев, с заметным перевесом у последних - 14,0 против 6,4 % от японской выборки. Их список распадается на 2 неравные по размеру ветви примерно одинакового «возраста». Первая, насчитывающая 40 гаплотипов, располагается справа (отмечена зеленым в сетевом издании). Она сходится к предку, жившему 7300 ± 900 лет назад и базовому гаплотипу

13 24 15 9 12 12 11 13 11 29 16 14 21 11 15 10 21

Вторая насчитывает 247 гаплотипов и занимает 3/4 круга на диаграмме. Ее общий предок датируется временем 7075 ± 750 лет назад. Базовый гаплотип

15 23 16 10 11 18 12 14 11 29 16 14 21 11 15 10 21

Эти базовые гаплотипы расходятся на 15 мутаций, что соответствует примерно 18800 годам между ними. Время жизни общего предка обеих ветвей можно оценить как $(7300 + 7075 + 18800)/2 \approx 16600$ лет назад. Это в пределах погрешности совпадает с временем жизни предка всех ныне живущих носителей гаплогруппы С3, рассчитанному по протяженным гаплотипам.

Поиск по базам данных дает для первой ветви большое количество близких гаплотипов в Центральной Азии, тогда как распространенность второй ограничена в основном народами Дальнего Востока – корейцами, японцами, маньчжурами, ханьцами. Поскольку гаплотипы не типировали на снипы, нисходящие к M130, а разрешение 17-маркерного формата не позволяет с должной надежностью соотносить имеющиеся данные с протяженными гаплотипами из коммерческих баз данных, в настоящее время нет возможности сказать, к каким из известных субкладов С3 относятся эти ветви. В «дальневосточной» ветви можно выделить несколько достаточно стабильных дочерних подветвей «возрастом» порядка 4500 лет и одну еще более молодую – 1575 ± 250 лет до предка, что насчитывает 38 гаплотипов из Южной Кореи, но их детальный анализ не входит в цели настоящего исследования.

Гаплогруппа D2 (M55).

К гаплогруппе D2 относятся 374 гаплотипа, из которых только 20 найдены в Корее. Все остальные японцы (рис. 2). В коммерческих базах данных эта гаплогруппа также представлена одними японцами, она же оказалась доминирующей у народности айну с о-ва Хоккайдо, хотя и на очень малой выборке в 12 человек [Tajima *et al.*, 2004]. Начиная с первых публикаций, эту генеалогическую линию резонно относили к потомкам аборигенов, живших на архипелаге с времен мезолита, однако применение «эволюционных скоростей» не позволило дать для нее какие-либо реалистичные датировки. Этот пробел восполнен в настоящей работе.

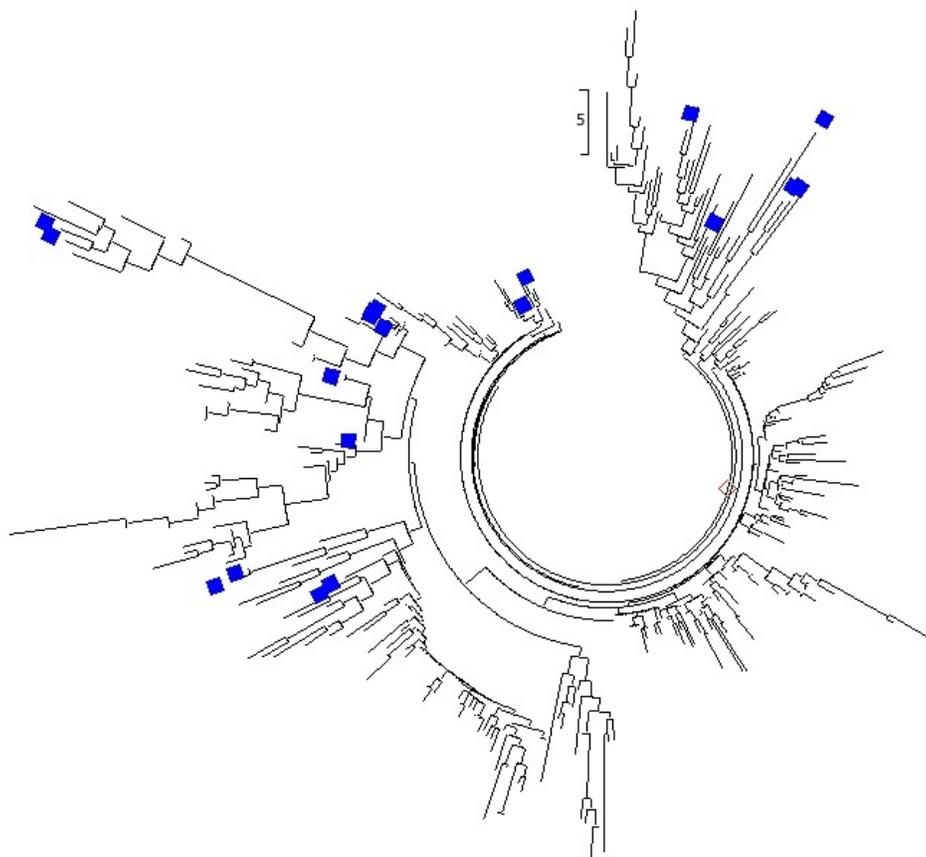


Рис. 2. Дерево 374 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы D2 из Японии и Южной Кореи. Квадратами помечены гаплотипы корейцев.

Дерево гаплогруппы D2 (Рис. 2) оказалось очень сложным, с большим количеством перекрывающихся ветвей разного «возраста», потому без знания протяженных гаплотипов и нисходящих SNP возможен лишь предварительный его анализ. На сегодняшний момент его можно разделить на 4 группы с отстоящими на 5-8 мутаций друг от друга базовыми гаплотипами. Вот они в порядке убывания численности ветви:

13 25 17 10 13 17 12 14 11 31 15 14 19 11 15 10 21 - 191 г/т, 2250±250 лет,

13 25 16 10 13 17 12 13 11 30 15 14 17 11 15 10 22 - 88 г/т, 9300±100 лет,

13 25 15 10 14 17 12 13 11 30 15 14 17 12 16 10 21 - 51 г/т, 1900±250 лет,

13 25 17 10 13 18 12 13 11 30 16 14 18 12 15 10 21 - 43 г/т, 7000±800 лет.

Время, когда жил общий предок этих довольно разнородных ветвей, можно оценить из сравнения базовых гаплотипов самых старых из них – второй и четвертой. Они различаются на 6 мутаций, что соответствует дистанции в 5325 лет и $(5325 + 9300 + 7000)/2 \approx 11000$ годам до общего предка. Ввиду недостаточного разрешения дерева оценка это пока предварительная, но она вполне согласуется датировками, что дает археология для культуры Дзёмон, с которой начался рост населения в Японии. Следует также отметить, что около 2/3 носителей этой гаплогруппы находятся в молодых ветвях, что начали расти на рубеже нашей эры, а все 20 корейцев расположились в старых ветвях.

Гаплогруппа L (M20).

К гаплогруппе L по результатам анализа SNP были отнесены 3 корейских гаплотипа из выборки [Kim *et al.*, 2011], еще 2 было добавлено из данных [Seong *et al.*, 2010] по сходству STR. Они показывают в сумме 49 мутаций от следующего гаплотипа:

12 24 15 10 14 20 12 12 13 28 17 15 19 11 15 10 22

Формально, это соответствует 10000 ± 2000 годам до их общего предка, но анализ на сходимость показывает, что этот предок «фантомный», а сами гаплотипы, по всей видимости, принадлежат к разным субкладам гаплогруппы L, и их предку не менее 20000 лет. Ввиду малого количества гаплотипов и отсутствия данных по SNP, нисходящие к M20, их дальнейший анализ не проводился.

Гаплогруппа N (M231).

К гаплогруппе N относится 89 гаплотипов из выборки, в основном корейцы. Все вместе они дают 782 мутации от следующего базового гаплотипа:

13 23 14 10 11 13 11 14 15 30 16 14 19 11 15 10 21

Это соответствует 0,517 мутациям на маркер или, с учетом поправки на возвратные мутации, 8600 ± 950 годам до общего предка. Хотя на дереве (рис. 3) можно выделить, как минимум, четыре довольно далеко отстоящие ветви, проверка на сходимость показывает, что выборка довольно однородна. Это подтвердил и расчет по базовым гаплотипам отдельных ветвей, давший около 9 тыс. лет до их общего предка. Следовательно, время жизни общего предка всех этих дочерних линий можно считать надежным в рамках статистической погрешности.

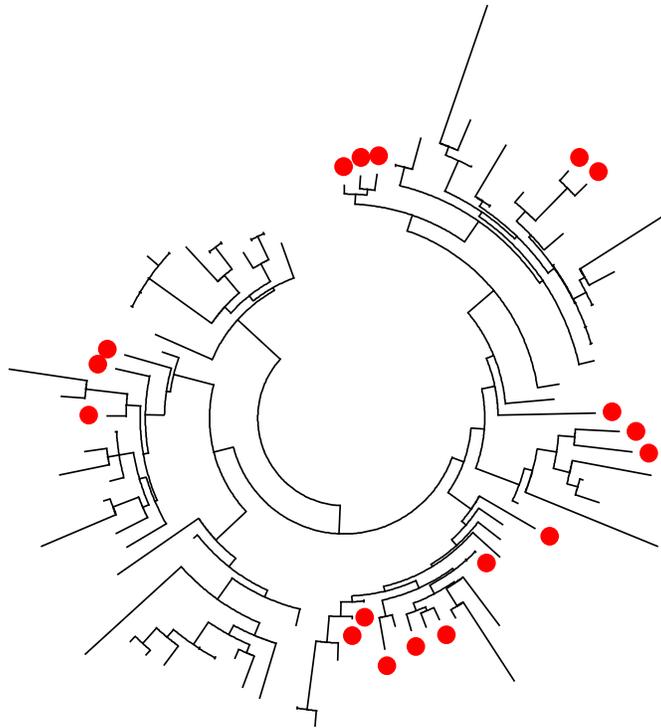


Рис. 3. Дерево 89 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы N из Японии и Южной Кореи. Кружками помечены гаплотипы японцев.

Поскольку это практически единственная гаплогруппа японцев и корейцев, что встречается с заметной частотой в Европе, имеет смысл сравнить дальневосточные и европейские линии. Так, базовый гаплотип южно-балтийской ветви N1c1 (L550), характерной для балтов и восточных славян, дает разницу в 8 мутаций от “дальневосточного”:

14 23 14 11 11 13 10 14 14 30 17 14 19 12 14 10 22

Это соответствует 7625 годам между гаплотипами, или, с учетом «возраста» обоих, $(8600 + 2700 + 7625)/2 \approx 9450$ лет до их общего предка. Это в пределах погрешности совпадает с временем жизни предка носителей гаплогруппы N у японцев и корейцев, что, очевидно означает, что он был и предком европейских N1c1, или, во всяком случае, был к нему близок. Это согласуется с известными данными о восточноазиатском происхождении гаплогруппы N. Из этого примера также следует, что у корейцев и японцев представлены ветви N, отличные от европейских. По ним сейчас нет данных о SNP, и крайне мало протяженных гаплотипов, так что эти ветви пока ждут своих исследователей.

Гаплогруппа O1a (M119).

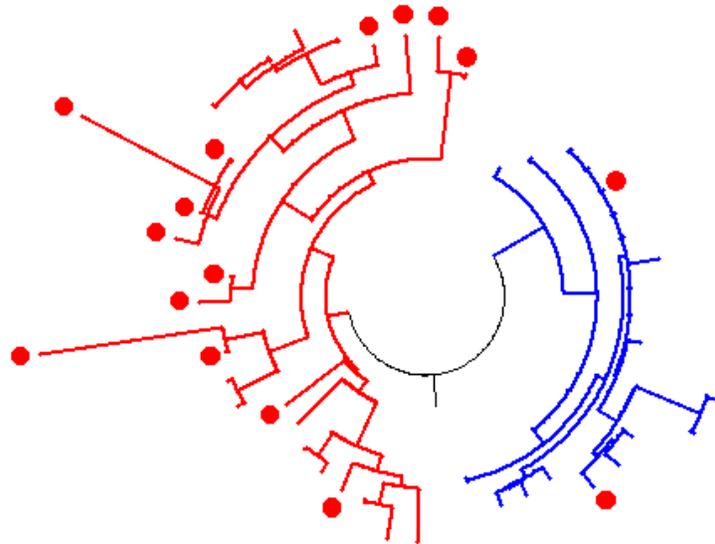


Рис. 4. Дерево 48 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы O1a из Японии и Южной Кореи. Кружками помечены гаплотипы японцев.

Гаплогруппа O1a составляет небольшую долю среди японцев и корейцев, 48 гаплотипов, и распадается на две ветви. Первая, из 28 гаплотипов, расположенная на дереве слева (Рис. 4), показывает общего предка 6500 ± 850 лет назад, и сходится к базовому гаплотипу:

14 23 15 10 12 14 12 12 14 29 15 14 18 11 16 10 21

Вторая, справа, состоит из 20 гаплотипов, и показывает недавнего общего предка - 1425 ± 300 лет назад, с базовым гаплотипом:

13 23 15 11 13 13 12 12 14 28 17 14 18 12 12 10 20

Хотя разница во временах может создать иллюзию, что вторая ветвь является дочерней к первой, это не так. Их базовые гаплотипы разделяет очень большая дистанция - 13 мутаций, что соответствует 15000 годам между ними, а их общий предок датируется $(6500 + 1425 + 15000)/2 \approx 11500$ лет назад. В академических исследованиях представители этой гаплогруппы найдены в основном среди народов Юго-Восточной Азии, включая аборигенов о. Тайвань (43 из 48 образцов) [Karafet et al., 2005], в коммерческих базах данных их единицы, и они рассеяны по всей Восточной Азии.

Гаплогруппа O2 (P31).

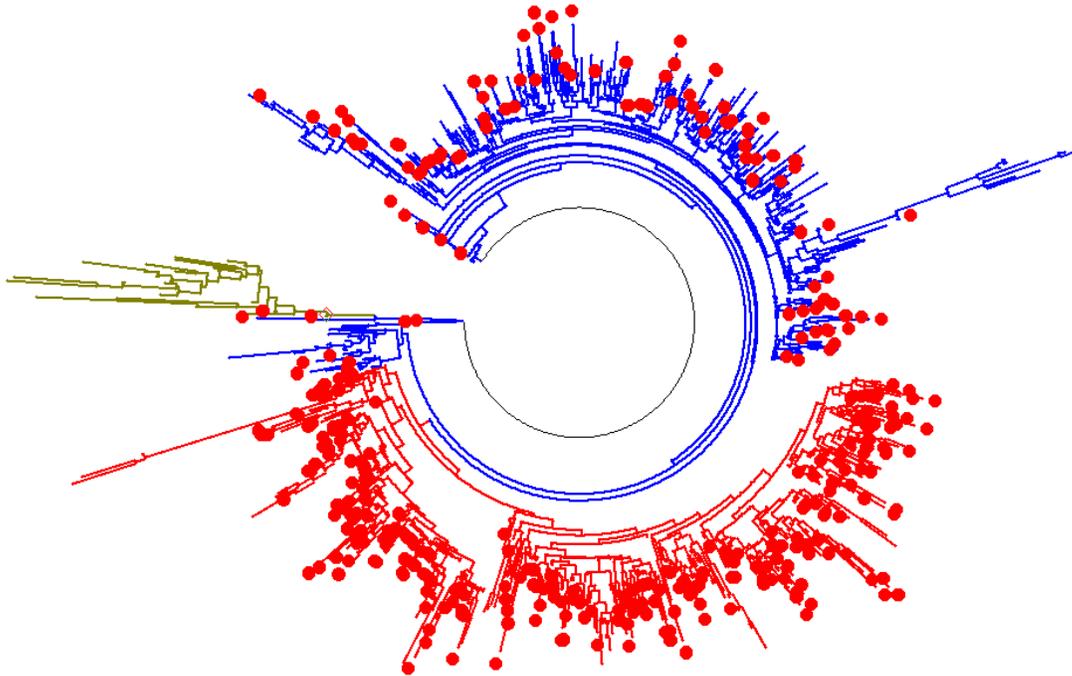


Рис. 4. Дерево 886 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы O2 из Японии и Южной Кореи. Кружками помечены гаплотипы японцев.

К гаплогруппе O2 относится 886 гаплотипов, или почти 1/3 всей выборки, что делает ее своего рода меткой корейцев и японцев. Среди других народов Восточной и Юго-Восточной Азии она встречается сравнительно редко [Karafet *et al.*, 2005; Kim *et al.*, 2011]. Дерево гаплотипов распадается на три заметно отстоящие друг от друга ветви (Рис. 4).

Первая, расположенная слева (выделена зеленым в сетевом издании) состоит из 26 гаплотипов (4 японских, 22 корейских) и показывает предка, жившего 4700 ± 650 лет назад. Базовый гаплотип:

14 24 15 10 12 17 11 14 13 30 16 14 18 12 15 10 21

В работе [Kim *et al.*, 2011] эта ветвь обозначена как O2*. Поиск в коммерческих базах данных дал близкие к ней гаплотипы, тестированные как O2a (M95). Поскольку в цитированной выше работе не определяли снип M95, то обозначение O2* в том контексте маркирует не парангруппу O2, а O2(xO2b), и отнесение этой ветви к O2a можно считать вполне обоснованным.

Вторая ветвь, занимающая верхнюю часть дерева (отмечена синим в сетевом издании), насчитывает 453 гаплотипа, из которых 343 (76 %) принадлежат корейцам. Ее общий предок датируется временем 3000 ± 310 лет назад. Базовый гаплотип:

13 23 16 10 10 18 12 14 13 29 17 14 18 11 15 13 21

Ветвь эта очень однородная, и из нее не удастся выделить какие-либо стабильные дочерние подветви с более поздними предками. Кажущаяся далеко отстоящая ветвь на 2 часа таковой не является – это алгоритм собрал вместе 7 гаплотипов с recLOH мутацией в парном маркере DYS385 10-18 → 10-10. Если засчитать эту мутацию как однократное событие, то они вольются в общую массу. В работе [Kim *et al.*, 2011] гаплотипы из этой ветви дали положительный тест на сноп SRY465, он же M176 (субклад O2b) и отрицательный – на 47z (субклад O2b1a). То есть, при отсутствии данных о других нисходящих SNP ее следует определять как O2b*.

Третья ветвь, расположенная внизу (красная в сетевом издании), состоит из 407 гаплотипов, и в ней наблюдается численный перевес японцев – 273 гаплотипа (67 %). Ее предок жил 3300 ± 350 лет назад. Базовый гаплотип:

13 22 15 10 10 19 12 14 13 30 18 14 18 12 15 13 20

Эта ветвь подтверждена как O2b1a (z47). В ее составе можно выделить несколько более молодых подветвей с временами до общих предков около 2200-2000 лет, но из-за низкого разрешения 17-маркерного формата их состав и базовые гаплотипы надежно оценить не представляется возможным. Ее базовый гаплотип отличается от базового гаплотипа ветви O2b* на 7 мутаций, что соответствует 6450 годам между ними, и $(3000 + 3300 + 6450)/2 \approx 6400$ годам до их общего предка. Ветвь O2a отстоит от O2b* и O2b1a намного дальше – на 14 и 13 мутаций, соответственно. Это помещает общего предка O2a и O2b на примерно 12 тыс. лет назад.

Гаплогруппа O3

Гаплогруппа O3 занимает первое место по численности в исследуемой выборке, в основном за счет корейцев. Все 909 гаплотипов дают в сумме 10063 мутации от следующего гаплотипа:

12 24 15 10 13 18 12 12 13 28 18 15 19 12 15 10 21

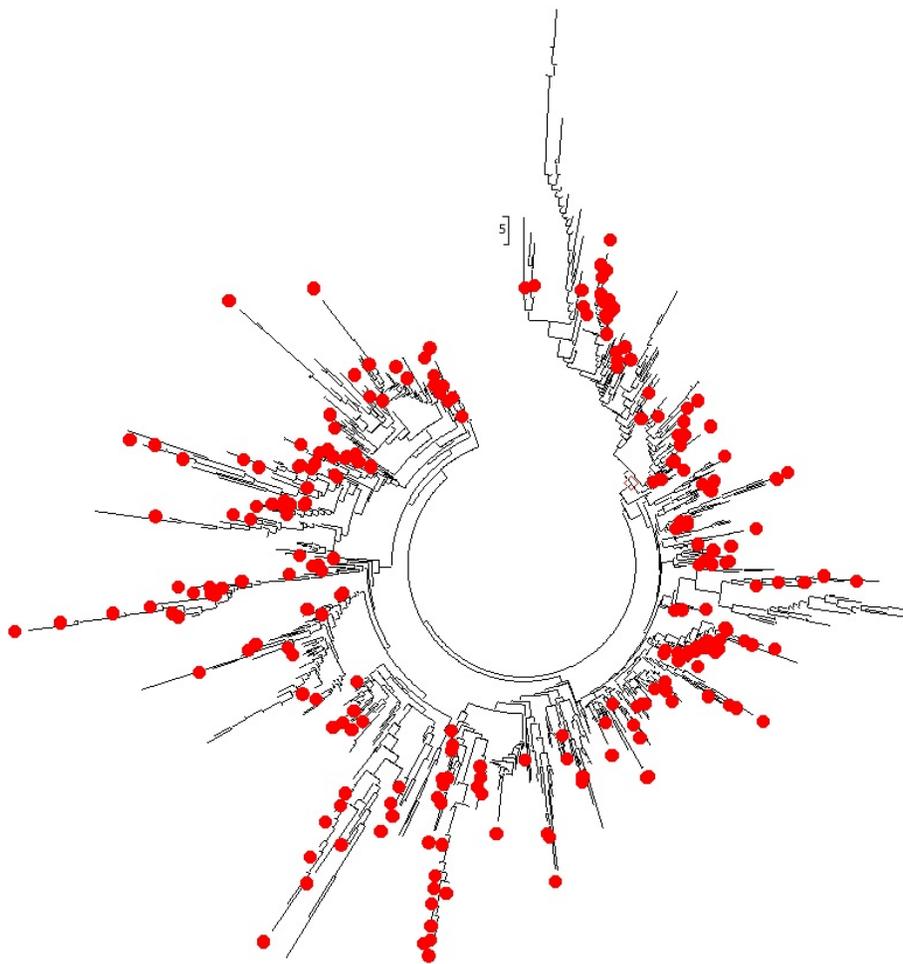


Рис. 5. Дерево 909 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы O3 из Японии и Южной Кореи. Кругами помечены гаплотипы японцев.

Формально, это помещает общего предка на 11900 ± 1200 лет назад, но проверка на сходимость показывает, что этот (модальный) гаплотип не является базовым, а реальный предок носителей O3 из Японии и Кореи жил существенно раньше. Такой же вывод можно сделать из структуры дерева, состоящего из далеко расходящихся ветвей (Рис. 5).

Для более аккуратной оценки необходимо провести разделение по ветвям, рассчитать базовые гаплотипы и времена до общих предков каждой из ветвей, и по дистанциям между ними рассчитать, когда жил их общий предок. Текущая версия ISOGG перечисляет 18 ветвей O3, маркированных SNP, но в имеющейся выборке типирование проводили только на 3 из них: M122 (O3), M324 (O3a) и P201 (O3a2). Это не дает возможности надежно выявить ветви в этой старой гаплогруппе, и предварительная оценка была

сделана по дереву 17-маркерных гаплотипов. В общей сложности, было определено 10 ветвей, в порядке убывания численности:

A) 12 24 14 10 13 19 12 12 14 28 18 15 20 12 15 11 20	252 г/т	6300±650 лн
B) 12 24 16 10 15 20 11 12 13 29 16 15 19 12 15 10 21	177 г/т	7800±820 лн
C) 12 24 16 10 12 19 12 12 13 28 18 14 19 12 14 10 22	89 г/т,	6000±660 лн
D) 12 23 15 11 12 16 13 12 12 29 18 15 19 12 15 10 20	85 г/т,	5700±650 лн
E) 12 25 17 10 14 18 12 12 13 27 18 14 19 12 14 10 23	72 г/т,	5950±670 лн
F) 12 23 15 10 12 18 12 12 12 29 18 15 19 12 16 10 19	70 г/т,	6100±700 лн
G) 12 24 15 10 12 18 12 12 13 28 18 14 19 11 15 10 22	69 г/т,	9250±1000 лн
H) 12 24 16 10 14 21 11 12 13 29 17 14 20 12 15 10 21	42 г/т,	9500±1100 лн
I) 12 23 16 10 11 11 12 13 14 29 17 15 19 12 15 10 20	32 г/т,	8600±1050 лн
J) 12 23 15 10 11 19 11 12 12 29 18 15 19 11 16 10 21	17 г/т,	1075±250 лн

Дерево, построенное по базовым гаплотипам из этого списка, сошлось к предку, жившему около 14500 лет назад (Рис. 6). Эту оценку можно считать верхним пределом для предка японских и корейских носителей гаплогруппы ОЗ. Нижний предел – около 20000 лет назад до общего предка, что были получены при счете по медленным 22-маркерным гаплотипам из коммерческих баз данных.

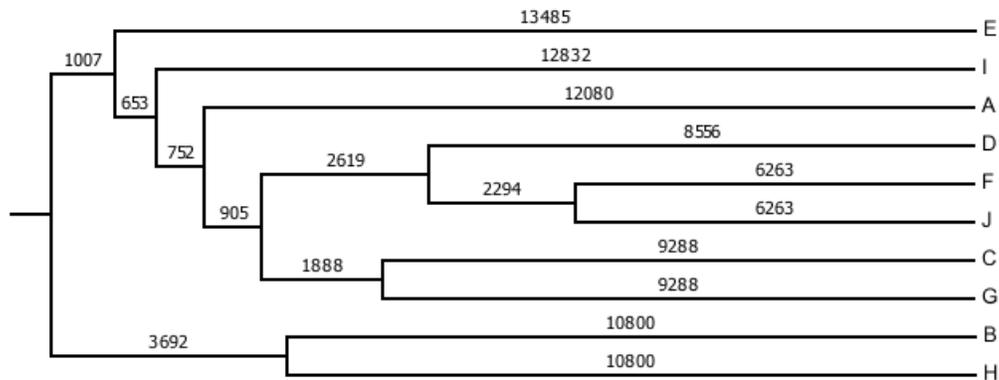


Рис. 6. Оптимизированное дерево базовых 17-маркерных гаплотипов ОЗ из Японии и Южной Кореи. Дистанции до развилок указаны в годах.

ОЗ, без сомнения, является самой большой по численности среди всех гаплогрупп в мире, и встречается повсеместно в Восточной и Юго-Восточной Азии. Ее подробная филогения пока не исследована на таком уровне, как у европейских и ближневосточных гаплогрупп, но из приведенных здесь данных очевидно, что в данной выборке не обнаружены линии ОЗ, что можно было бы назвать специфически японскими или специфически корейскими.

Гаплогруппа Q (M242).

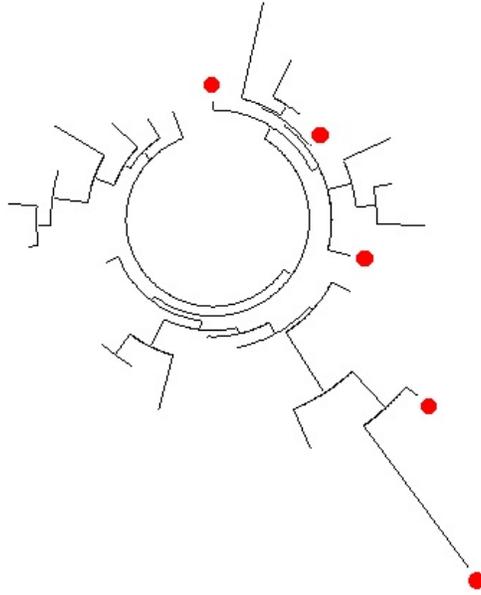


Рис. 7. Дерево 27 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы Q из Японии и Южной Кореи. Кружками помечены гаплотипы японцев.

К гаплогруппе Q относится 27 гаплотипов из выборки – 5 японцев и 22 корейца. В отличие от другой минорной гаплогруппы, L, они не разрознены, а образуют однородную ветвь с общим предком, жившим 4800 ± 650 лет назад, и базовым гаплотипом:

14 24 13 9 15 22 11 14 14 30 16 14 19 10 15 12 22

Дальнейшее типирование этих гаплотипов на SNP не проводилось, поэтому субклад, к которому относится ветвь, неизвестен. В коммерческих базах данных были найдены близкие протяженные гаплотипы из Монголии и Китая, также не типированные на SNP, но, скорее всего, относящиеся к субкладу Q1a3. Последний является своеобразным рекордсменом по географическому распространению в доколумбову эпоху – его носители жили повсюду, кроме Африки южнее Сахары, Австралии и Океании. Однако среди всех этносов, кроме коренных жителей Америки и некоторых народов Сибири, их доля редко превышает 1-2 %. Япония и Корея – не исключение.

Гаплогруппа R.

В выборке присутствуют три гаплотипа из гаплогруппы R, все из Южной Кореи:

13 19 15 11 13 13 12 14 13 30 17 15 19 11 15 10 24

13 25 17 10 11 13 10 13 11 30 17 14 20 12 16 11 24

13 25 17 11 11 14 11 13 11 31 15 14 19 13 16 12 24

Первый из них типичен для субклада R1b1a1 (M73), два других, по-видимому, R1a1a1 (M417). И та, и другая гаплогруппа встречается у монголов и тюркоязычных народов Южной Сибири. По-видимому, это «хвост» от их статистического распределения.

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

Анализ имеющихся данных подтвердил в целом закономерности, что были найдены для японских Y-хромосомных линий на выборках меньшего размера [Hammer *et al.*, 2006; Kim *et al.*, 2011]. А именно, специфической для Японии является гаплогруппа D2, к которой принадлежит около 30 % японцев, а специфической для японцев и корейцев оказывается гаплогруппа O2b, которая охватывает у обоих народов около 1/3 гаплотипов. Дальнейшие выводы популяционных генетиков о модели заселения Японии фактически основаны на этой статистике, поскольку приводимые ими датировки этой модели противоречат (см. Введение), и они ими просто пренебрегли.

С другой стороны, датировки, полученные в настоящей работе, дают более веское обоснование версии, что культура Яёи была принесена с Корейского полуострова сначала на о. Кюсю, а потом и на всю территорию Японии, а ее носители принадлежали по преимуществу к гаплогруппе O2b. Среди японцев представлены обе ветви O2b, хотя и в другой пропорции, чем у корейцев, причем у обеих начало роста приходится на время, предвещающее на 500-800 лет появление первых находок культуры Яёи в Японии (3300, 3000 и 2500 лет назад, соответственно). Обе ветви весьма однородны, и не делятся на чисто японские и чисто корейские подветви. Такое их распределение говорит о том, что миграция с Корейского полуострова была достаточно длительным процессом, и затрагивала довольно большие группы населения. Рост их численности в Японии был плавным продолжением роста, начавшегося еще на континенте. Помимо O2b, к той же волне переселенцев можно отнести представителей гаплогрупп O3, C3 и N. Краниометрические данные группируют

представителей культуры Яёи с японцами Средневековья и современности (что закономерно), а также с современными корейцами и северными китайцами времен династии Шан (около 3000 лет назад) [Pietrusewsky, 2010]. Это также свидетельствует в пользу предложенной гипотезы об источнике и характере миграции.

Несколько необычна ситуация с аборигенной линией японцев – D2. В других частях света генеалогические линии древнего населения почти полностью вытеснялись линиями мигрантов, находившихся на более высоком технологическом и социальном уровне. В качестве примера можно привести гаплогруппы C и D в Юго-Восточной Азии, A0 и A1 в Африке, G2a и I в Европе. На Японском архипелаге, однако, такого не произошло, и гаплогруппа D2 там является одной из основных. Более того, начало роста ее самой населенной линии датируется временем 2250 ± 250 лет назад, что совпадает как с временем распространения культуры Яёи, принесшей рисосеяние на острова, так и с началом распада протояпонской диалектной общности [Lee and Hasegawa, 2011]. Очевидно, это означает, что взаимодействие мигрантов с континента и аборигенов Японии можно описать не как вытеснение последних, а как своего рода симбиоз. Коренные жители, в первую очередь с о. Кюсю, достаточно быстро усвоили технологические достижения своих соседей, что дало толчок к росту их численности. К началу формирования государства Ямато на западе о. Хонсю обе группы этносов уже слились в один народ.

О движущих силах такого редкого сценария можно пока только предполагать. Возможно, это было связано с тем, что богатые морские ресурсы Японии позволяли поддерживать высокую численность населения и соответствующий уровень материальной культуры даже при отсутствии развитого земледелия и животноводства, тогда как земледельцы, переселившиеся с Корейского полуострова, могли испытывать на первых порах трудности с внедрением такой теплолюбивой культуры, как рис, и недостатком белка в их структуре питания. Это не могло не способствовать активному товарообмену между двумя народами и, как следствие, их сближению. Косвенные указания на подобный ход событий можно найти в японских мифах, которые помещают дату образования японского государства на 660 г. до н.э. Его основатель – легендарный император Дзимму (神武, букв. “бог-воитель, божественный воин”), был потомком богов, создавших острова, сошел с небес на о. Кюсю, и вместо со своим кланом завоевал область Ямато на Хонсю. Миф о рождении Дзимму можно трактовать и как знак того, что его род жил на архипелаге с незапамятных времен (потомок богов Японии), и как то, что он прибыл из других краев (спустился с небес). Некоторую ясность о происхождении правящего клана древнего Ямато могли бы дать ДНК-тесты членов японской императорской

фамилии – его прямых потомков, но это уже политический вопрос, и вряд ли он будет решен в ближайшем будущем.

Этногенез корейцев протекал иначе. Характерные для них генеалогические линии O2b* и O2b1a восходят к временам, когда на Корейском полуострове наступила эпоха бронзы, а именно к началу 1-го тысячелетия до н.э. По археологическим данным, *«процесс распространения культуры бронзы по Корейскому полуострову, с севера на юг, в X-V вв. до н.э., был одновременно и процессом смешения "северных пришельцев" – емэк – с автохтонным неолитическим населением полуострова»* [Тихонов и Кан, 2011, гл. 3]. Исходным регионом, откуда началось это движение, считается Южная Маньчжурия, где сложился комплекс культур, родственных как китайской Шан-Иньской, так и степным карасукской и ордосской. Среди современных народов, населяющих этот регион – маньчжуров и сибиряков, преобладают гаплогруппы O3 и C3 из тех же ветвей, что найдены у корейцев [Kim *et al.*, 2011; Shi *et al.*, 2011; Zhong *et al.*, 2011]. Видимо, их носители составляли основную часть емэк, имевших восточно-азиатский монголоидный антропотип.

Собственно корейские ветви гаплогруппы O2b могут, в принципе, относиться как к народам, принесшим культуру бронзы на Корейский полуостров, так и к потомкам ее неолитического населения, с их культурой гребенчатой керамики, начавшей распространяться около 6000 лет назад. Судя по тому, что археологические данные свидетельствуют скорее о смешении, чем о вытеснении населения Кореи эпохи бронзы, второй вариант выглядит более предпочтительным. Откуда носители O2b пришли на полуостров, остается неизвестным. Археологи связывают неолитическую керамику Кореи с современными ей культурами Приморья, но данных ДНК-генеалогии на этот счет пока нет. Если сопоставить археологические и ДНК-генеалогические датировки, то по ним прослеживается планомерное движение на юг народов, населявших Маньчжурию около 3000 лет назад. Достигнув южного побережья Кореи, они после недолгой паузы переправились через Корейский пролив и продолжили свой путь уже в Японии. За то время, что они расселялись по Корейскому полуострову, эти народы в значительной мере смешались с местным населением, чем и обусловлен, вероятно, перевес O2b над O3 у японцев.

Остается пока загадкой, кто населял территорию Кореи до того, как туда стали проникать представители гаплогруппы O. Среди археологов нет единого мнения о происхождении самой ранней неолитической культуры Кореи – Юнгимун, или догребенчатого периода керамики. Существуют предположения об ее родстве с современной ей японской Дзёмон, носители которой, по всем признакам, принадлежали к гаплогруппе D2. Если

принять во внимание наличие у корейцев гаплотипов D2, причем из старых ветвей, то такое предположение о ранних контактах между Японией и Кореей, в том числе и миграционных, не лишено оснований. Эта проблема еще ждет своих исследователей. В качестве отправной точки может быть сообщение о находках чрезвычайно древней керамики (13700-13300 лет назад) в трех далеких друг от друга регионах – Японии, Южном Китае и российском Дальнем Востоке [Kuzmin, 2006].

В рассмотренном выше разделе удалось с той или иной степенью достоверности реконструировать миграции реальных людей, а не эволюцию керамики и краниотипов, с которыми обычно имеет дело археология. Представляется логичным связать эти данные с тем, что мы знаем о языках, на которых говорили эти люди. Если двигаться по тому же пути от Маньчжурии к Японии, то вначале идет регион, где говорят (или говорили в недавнем прошлом) на тунгусо-маньчжурских языках, среди носителей которых преобладает гаплогруппа O3, затем следует корейский язык, а к носителям O3 добавляются O2b, и, наконец, у носителей японского и родственной ему группы рюкюских языков к этим двум гаплогруппам добавляется аборигенная D2. То есть, внешне идет своего рода эстафета по передаче языков от пришельцев местному населению, с соответствующей трансформацией языка-предка.

Однако такая «диффузионная» схема оказывается чрезмерно упрощенной, если рассмотреть степень родства тунгусо-маньчжурских, корейского и японского языков. Они слишком далеки друг от друга, и распад их общего языка-предка (если такой существовал) должен был произойти намного раньше тех 3000 лет назад, что получаются при реконструкции миграций. Существует гипотеза, что все эти языки входят в алтайскую семью, время образования которой оценивается как около 7 тыс. лет назад (<http://starling.rinet.ru/images/globet.png>). Ее поддерживают не все лингвисты, и противники такого объединения приводят не менее весомые доводы в пользу того, что японский и корейский – языки-изоляты с неизвестными связями. В пользу «изоляционистов» работает то, что гаплогруппы O2 и O3 разошлись около 22 тыс. лет назад, а гаплогруппа D имеет общего с ними предка, уходящего на 60 тыс. лет вглубь. Если тунгусо-маньчжурские языки развились из языков, на которых говорили носители O3, корейский – из языка носителей O2, а японский – из аборигенных языков D2, то за такое длительное время они должны были утратить любое сходство между собой.

Однако, даже самые непримиримые противники алтайской гипотезы отмечают сходные черты в японском и корейском, но трактуют их как результат контактов, а не следствие общего происхождения. Сами по себе

данные ДНК-генеалогии не могут разрешить этот давно зашедший в тупик спор, но позволяют взглянуть на проблему под другим углом, и связать абстрактные лингвистические модели с реальными носителями языков. Относительно родства японцев, корейцев и айну имеются следующие данные из смежных дисциплин:

- (1) как в Японии, так и в Корее широко представлены две ветви гаплогруппы O2b примерно одного «возраста», а их общий предок датируется временем около 6400 лет назад [данная работа];
- (2) одна из ветвей (z47+) имеет перевес среди японцев, другая (z47-) – среди корейцев [данная работа];
- (3) после распада раннекорейского государства Кочосон во II в. до н.э. образовались королевства Когурё (на севере), Пэкчё (на юго-западе) и Силла (на юго-востоке), враждовавшие между собой в течение 700-800 лет, пока они все не были объединены королями Силла при активном участии китайской армии [Тихонов и Кан, 2011];
- (4) существуют веские доказательства, что во время периода междоусобиц на Корейском полуострове в ходу было несколько разных языков с неустановленной степенью родства – в каждом из королевств свой, а объединение страны на правах вассала империи Тан привело к быстрому замещению языков покоренных народов на язык победителей – средневековый корейский [Beckwith, 2004];
- (5) в японском языке крайне мало заимствований из языка айну, отсутствует и какой-либо явный субстрат айну в древнеяпонском [Старостин, 1991];
- (6) язык айну относится к языкам-изолятам, каких-либо связей с другими не выявлено (http://www.ethnologue.com/show_language.asp?code=ain);
- (7) по своему краниотипу айну занимают особое положение среди народов Азии, сближаясь только с краниотипами носителей аборигенной японской культуры Дзёмон [Pietrusewsky, 2010].

Все эти факты приводят к предположению, что протояпонский язык был принесен на острова переселенцами с Корейского полуострова, среди которых преобладали носители гаплогруппы O2b. Родственные им языки оставались на континенте в ходу еще в течение 1000-1200 лет, пока не были постепенно вытеснены корейским, также зародившимся в среде носителей O2b, но другой ее ветви. В свою очередь, носители языков, родственных корейскому, переселившиеся на Японский архипелаг, утратили их еще в дописьменную эпоху, перейдя на язык доминирующего клана Ямато. Разрозненные языки аборигенов, далеко разошедшиеся за тысячелетия изоляции, были быстро вытеснены протояпонским, очевидным *lingua franca* региона, и почти не оставили в нем следов. Возможно, в реальности все происходило по более сложному сценарию, но по состоянию на сегодняшний день такая модель описывает факты наименее противоречивым образом, с минимальным числом допущений.

Поскольку в рамках этой модели у японцев и корейцев из гаплогруппы O2b был один общий предок, очевидно, говоривший на языке, предковом как для корейского, так и для японского, то имеет смысл сравнить датировки, что дают ДНК-генеалогия и лингвистика. Первая из них указана выше – это около 6400 лет назад. Вторую можно получить из лексикостатистического анализа японского и корейского языков, сделанного в предположении, что они входят в алтайскую макросемью. Он дал для праапонского и среднекорейского 25 % общей базовой лексики [Старостин, 1991, с. 169], что соответствует дистанции в 10700 лет между ними [Старостин, 1989], или, с учетом времени существования этих языков, $(500 + 2200 + 10700)/2 = 6700$ лет до распада их языка-предка. Обе датировки совпали в пределах погрешности, что может считаться косвенным аргументом как в пользу предложенной выше модели этногенеза японцев и корейцев, так и гипотезы о существовавшей в прошлом протоалтайской диалектной общности, при распаде которой образовались тюркские, монгольские, тунгусо-маньчжурские, корейский и японский языки.

Однако, ДНК-генеалогия, в свою очередь, может внести коррективы в простую лингвистическую схему с расхождением языка по мере географического размежевания некоего народа-предка. Дело в том, что времена расхождения языков в каждой из ветвей алтайской макросемьи коррелирует с ДНК-генеалогическими датировками разных гаплогрупп, представленных среди соответствующих этносов. Для японского и корейского это O2b, для монгольских – C3, для тюркских – целый набор ветвей, включающий C3, N1b, N1c, Q1a2, Q1a3, R1a1, R1b1a1, для тунгусо-маньчжурских пока недостаточно данных. Очевидно, распад протоалтайской диалектной общности происходил не только, и не столько за счет потери языкового контакта между носителями языков, но и за счет языковых переходов этносов, говоривших на других, не родственных алтайским языках. В случае японского и корейского, видимо, имел место как языковый переход (с неизвестного языка аустрической (?) макросемьи на протоалтайский), так и потеря контакта (миграция на Корейский полуостров). Формирование других ветвей макросемьи требует отдельного рассмотрения.

Существует несколько конкурирующих гипотез, где, когда и как долго существовала гипотетическая протоалтайская общность. Пока нет критерия, какая из них более адекватна. С позиций ДНК-генеалогии, возможно, имеет смысл обратить внимание на гаплогруппу N – одну из самых старых в Восточной Азии, датировки и география которой во многом коррелируют с тем, что мы знаем об истории алтайских языков. Эту же гаплогруппу не без оснований связывают и с другой языковой макросемьей,

зародившейся в том же самом регионе – уральской. Если принять во внимание время до общего предка носителей гаплогруппы N в Японии и Корее (скорее всего, и во всем дальневосточном регионе) – не менее 8600 лет назад, то она, видимо, указывает на существование в прошлом еще более древней языковой общности – урало-алтайской. Так это или нет, может решить дальнейшая работа.

ВЫВОДЫ.

Одним из основных результатов данного исследования можно считать то, что анализ большой выборки Y-хромосомных гаплотипов двух дальневосточных народов дал новый взгляд на теории их этногенеза, и позволил выбрать более вероятные трактовки имеющихся данных археологии, антропологии и лингвистики. Так, было показано, что в своей основе японский и корейский этносы сформировались на Корейском полуострове в период времени с 6000 до примерно 2500 лет назад. В процессе этногенеза на ранней стадии доминировали носители гаплогруппы O2b, в дальнейшем к ним добавились двигавшиеся из Маньчжурии представители гаплогрупп O3, C3 и N. В Y-хромосомных линиях японцев также значителен вклад аборигенной гаплогруппы D2, которая показывает быстрый рост численности, начавшийся с появлением переселенцев с Корейского полуострова. Это может быть истолковано как то, что (как минимум) в начальной стадии контактов отношения двух этносов были мирными, и представители коренного населения рано влились в состав народа, давшего начало современным японцам. Анализ двух ветвей гаплогруппы O2b дал дополнительные аргументы в пользу гипотезы, что в древней и раннесредневековой Корее существовал язык, родственник древнеяпонскому, но вышедший из обращения после объединения Кореи в VII веке н.э. Анализ датировок этих же ветвей также можно рассматривать как косвенное свидетельство в пользу алтайской гипотезы, хотя и в модифицированном в сравнении с «классическим» вариантом. В заключение хотелось бы добавить, что за скобками осталось рассмотрение минорных ветвей, которое могло бы дать дополнительную информацию о других, менее многочисленных волнах миграции. Например, из Приморья через Сахалин или по островной дуге со стороны о. Тайвань. Они слишком малочисленны, и для большинства из них не хватает данных вне Японии. Не обсуждался также путь носителей гаплогруппы D2 по причине отсутствия каких-либо надежных данных.

Литература

Beckwith, C. I. (2004) «Koguryo, the language of Japan's continental relatives: an introduction to the historical-comparative study of the Japanese-Koguryoic languages with a preliminary description of Archaic northeastern Middle Chinese». Brill's Japanese studies library, 0925-6512, v. 21, Leiden, 274 pp.

Ding Q., Wang C., Farina S. Li H. (2011). Mapping Human Genetic Diversity on the Japanese Archipelago. *Adv. Anthropol.*, 1, No. 2, 19-25; doi: 10.4236/aa.2011.12004.

Hammer M.F., and Horai S. (1995) Y chromosomal DNA variation and the peopling of Japan. *Am. J. Hum. Genet.*, 56, 951-962.

Hammer M.F, Karafet T.M., Park H., Omoto K., Harihara S., Stoneking M., Horai S. (2006) Dual origins of the Japanese: common ground for hunter-gatherer and farmer Y chromosomes. *J. Hum. Genet.*, 51, 47-58; doi:10.1007/s10038-005-0322-0

Horai S., Murayama K., Hayasaka K., Matsubayashi S., Hattori Y., Fucharoen G., et al. (1996). mtDNA polymorphism in East Asian populations, with special reference to the peopling of Japan. *Am. J. Hum. Genet.*, 59, 579-590.

Karafet T.M., Lansing J.S., Redd A.J., Reznikova S., Watkins J.C., Surata S.P., Arthawiguna W.A., Mayer L., Bamshad M., Jorde L.B., Hammer M.F. (2005) Balinese Y-chromosome perspective on the peopling of Indonesia: genetic contributions from pre-neolithic hunter-gatherers, Austronesian farmers, and Indian traders. *Hum Biol.*, 77, 93-114.

Ke Y., Bing S., Song X., Lu D., Chen L., Li H. et al. (2001). African origin of modern humans in East Asia: A tale of 12,000 Y chromosomes. *Science*, 292, 1151-1153. doi:10.1126/science.1060011

Kim S.-H., Kim K.-C., Shin D.-J., Jin H.-J., Kwak K.-D., Han M.-S., Song J.-M., Kim, W., Kim W. (2011) High frequencies of Y-chromosome haplogroup O2b-SRY465 lineages in Korea: a genetic perspective on the peopling of Korea. *Investigative Genetics*, 2: 10 (11 pp); doi:10.1186/2041-2223-2-10.

Kuzmin Y.V. (2006) Chronology of the earliest pottery in East Asia: progress and pitfalls. *Antiquity*, 80, 362-371.

Lee, S., and Hasegawa, T. (2011) Bayesian phylogenetic analysis supports an agricultural origin of Japonic languages. *Proc. R. Soc. B*, 278 (1725), 3662-3669.

Mizuno H., Nakahara H., Sekiguchi K., Yoshida K., Nakano M., Kasai K. (2008) 16 Y chromosomal STR haplotypes in Japanese. *Forensic Science International*, 174, 70–75.

Nakagawa, M (2003) The *Shan-hai ching* and Wo: A Japanese Connection. *Sino-Japanese Studies* 15, 45-55.

Pietrusewsky M. (2010) A multivariate analysis of measurements recorded in early and more modern crania from East Asia and Southeast Asia. *Quaternary International*, 211, 42–54.

Rozhanskii, I. (2010) Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a1 tree. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 2, No.8, 1316–1324

Rozhanskii I.L, and Klyosov A.A. (2011) Mutation Rate Constants in DNA Genealogy (Y Chromosome). *Advances in Anthropology*, 1, No. 2, 26-34.

Seong K.M., Yoo S.Y., Hwang J.H., Kim S.H., Chung K.W., Cho N.S. (2010) Population genetic polymorphisms of 17 Y-chromosomal STR loci in South Koreans. *Forensic Science International: Genetics*, 5, e122–e123.

Shi M., Bai R., Bai L., Yu X. (2011) Population genetics for Y-chromosomal STRs haplotypes of Chinese Xibe ethnic group. *Forensic Science International: Genetics*, 5, e119–e121.

Tajima A., Hayami M., Tokunaga K., Juji T., Matsuo M., Marzuki S., Omoto K., Horai S. (2004). Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages. *J. Hum. Genet.*, 49, 187-193.

Zhong, H., Shi, H., Qi, X. B., Duan, Z. Y., Tan, P. P., Jin, L. et al. (2011) Extended Y chromosome investigation suggests postglacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. *Mol. Biol. Evol.*, 28, 717–727.

Старостин С. А. (1989). Сравнительно-историческое языкознание и лексикостатистика. // «Лингвистическая реконструкция и древнейшая история Востока.» Москва, Наука, с 3-38.

Старостин С. А. (1991). «Алтайская проблема и происхождение японского языка». Москва, Наука, 190 сс.

Тихонов В.М. и Кан Мангиль. (2011) «История Кореи. Том 1: С древнейших времен до 1904 г.» Москва Наталис, ISBN 978-5-8062-0343-5, 533 сс.

О статье венгерских авторов «Краткое сообщение: Новые бинарные маркеры Y-хромосомы улучшают филогенетическое разрешение внутри гаплогруппы R1a» (Pamjav et al, Am. J. Phys. Anthropol., 2012)

Анатолий А. Клёсов

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

Копию этой статьи я получил от англоязычного коллеги с припиской – «интересно, что из этого мы не знали?». Под «мы» он имел в виду, конечно, нас, а не себя, поскольку всего за несколько дней до того прочитал нашу с И.Л. Рожанским статью в *Advances in Anthropology* о ветвях R1a, и прислал свое восхищение.

Коллега прав – в этой статье (Pamjav et al, 2012) почти всё, начиная с названия, вызывает недоумение. Краткое сообщение – это обычно новая, прорывная информация, которой придают статус особенно ускоренной публикации, чтобы научная общественность с ней срочно ознакомилась. Что же здесь нового, начиная с постановки задачи? То, что SNP в гаплогруппе R1a улучшают филогенетическое разрешение, структуру гаплогруппы? Да это ясно просто по определению. Что здесь торопиться сообщать?

Далее, может, авторы нашли какие-то новые снипы, что резко улучшает наше понимание структуры, иерархии субкладов в гаплогруппе R1a? Да ничего подобного. Давайте посмотрим. В нашей недавней статье (Rozhanskii and Klyosov, 2012) мы рассмотрели следующие субклады гаплогруппы R1a, приведенные ниже в четырех последовательных развертках. Первой мы обозначили развертку от R до R1a1a1-M417,

- R** M207
 - **R1** M173
 - **R1b** M343
 - **R1a** L62/M513, L146/M420
 - **R1a1** L120/M516, SRY10831.2
 - **R1a1a** M17, M198, M512
 - **R1a1a1** L457, M417

которая включает исходную R1a-M420, она же (по современной номенклатуре) R1a-L62. Сюда входит и R1a1a-M17, она же R1a-M198. Я пишу «она же», хотя в будущем может быть найдено, что это последовательные субклады. Далее идет развертка большого субклада R1a1a1-M417, как указано ниже. В него входят «десятники» DYS388=10 в двух субкладах (субклад L664- пока под вопросом), параллельные Z93 и Z283, и три основных субклада группы Z283 – M458, Z280 и Z284:

- • • **R1a1a1** M417
- • • • **R1a1a1i** L664- (the Tenth, NW branch)
- • • • • **R1a1a1i** L664+
- • • • • **R1a1a1h** Z93 (South-Eastern branch)
- • • • • **R1a1a1g** Z283 (Eurasian branch)
- • • • • • **R1a1a1g1** M458 (European branch)
- • • • • • **R1a1a1g2** Z280 (Central Eurasian)
- • • • • • **R1a1a1g3** Z284 (Scandinavian)

Далее пошла развертка Юго-Восточной ветви, она же субклад Z93:

- • • • • **R1a1a1h** Z93
- • • • • • **R1a1a1h1** Z94
- • • • • • • **R1a1a1h1** L342.2
- • • • • • • • **R1a1a1h1a** L657

Наконец, развертка большого субклада Z283, евразийской ветви:

- **R1a1a1g** Z283 (Eurasian branch)
- • **R1a1a1g2** Z280 (Central Eurasian branch)
- • • **R1a1a1g2a** P278.2 (West Carpathian)
- • • **R1a1a1g2b** L365 (North European)
- • • **R1a1a1g2c** L366 (Central Eurasian-3)
- • • **R1a1a1g2d** Z92 (North Eurasian)
- • • **R1a1a1g2d** (North Carpathian)
- • • **R1a1a1g2e** L784
- • **R1a1a1g3** Z284 (Scandinavian branch)
- • • **R1a1a1g3a** L448 (Young Scandinavian)
- • • • **R1a1a1g3a1** L176.1 (Scottish Highland)
- • • • **R1a1a1g3b** Z287 (Old Scandinavian)
- • **R1a1a1g1** M458(European branch)
- • • **R1a1a1g1a** Central European branch
- • • • **R1a1a1g1a1** L1029
- • • • **R1a1a1g1b** L260 (West Slavic branch)

Всего мы проанализировали, описали и рассчитали времена жизни общих предков для 38 ветвей гаплогруппы R1a, субклады для части которых пока не идентифицированы.

Какие субклады-снипы рассмотрели авторы «Краткого сообщения»? Их всего четыре – M198, M458, Z280 и Z93. Они выделены выше серой «тенью». Как видно, авторы и не прошли глубже по снипам, они ограничились исключительно поверхностным рассмотрением. Ценность такой информации в наше время минимальна. А статья, между прочим, представлена к публикации в апреле 2012 года, когда все эти снипы, включая нижестоящие, были уже известны. А авторы, не моргнув глазом, пишут – *«многие попытки предпринимались в отношении идентификации снипов внутри гаплогруппы R1a1... SNP внутри гаплогруппы R1a1 неизвестны»*. И это в апреле этого, 2012 года! Это или чудовищная некомпетентность, или просто передергивание общедоступной информации. На каких читателей они рассчитывали? И дальше они продолжают – *«со времени открытия снипа R1a1-M458, это первая научная попытка разделить гаплогруппу R1a1-M198 на множественные суб-группы со своими SNP»*. Ну, знаете...

Впрочем, несколькими строками ниже они пишут, что эти снипы – не их открытие (кто бы сомневался), а их ранее нашли в проекте «1000 геномов».

Наконец, все это завершает то, что возраст общих предков авторы считали с помощью печально известного «метода Животовского», завысив полученные величины, как водится, в три раза, что окончательно превращает их выводы в полный мусор.

Надо добавить, что ситуацию несколько прояснило сообщение одного из авторов статьи в ответ на жесткую критику на одном из международных форумов. Автор написал – в свое оправдание – что поданная больше года назад статья встретила резкое сопротивление рецензентов, в частности, по двум «позициям». Первое – что авторы приложили более 500 гаплотипов из «коммерческой» базы данных FTDNA по различным этническим группам, второе – что расчеты проводили не по «методу Животовского», а используя «генеалогическую» константу скоростей мутаций (видимо, «каноническую» 0.002 мутации на маркер на поколение). По первой «позиции» рецензентов можно понять только в том отношении, что помещать в статью (в виде приложения) более 500 протяженных гаплотипов, когда они и так легко доступны из открытой базы данных – никакого смысла не имеет.

Но здесь, видимо, была другая подоплека – в «академической науке», особенно в современной популяционной генетике с ее ограниченными, схоластическими и начетническими подходами не принимают

«коммерческие» базы данных по гаплотипам на том основании, что они не носят строго неупорядоченный, статистический характер, в списки могут попасть родственники, этничность может быть указана неверно, и так далее. В общем, стихия, в отличие от якобы полностью контролируемых «научных» выборок гаплотипов и гаплогрупп. Тупость этого якобы «академического» подхода совершенно очевидна, поскольку при анализе гаплотипов легко применить определенные критерии и показать, удовлетворяет ли выборка научному анализу. Я еще в далеком 2008 году провел эту работу и показал, что протяженные гаплотипы из баз данных FTDNA, YSEARCH и прочих дают те же результаты, что и «научные» выборки, только намного более точнее и информативнее, поскольку 67-маркерные гаплотипы несравненно более информативнее, чем 7-10-маркерные, и число «коммерческих» гаплотипов часто намного больше, чем «академических» в выборках, полученных на основе финансово ограниченных грантов.

Что же касается давления рецензентов и журнала, что необходимо использовать «скорость Животовского», которая давно себя дискредитировала, то это кроме как недобросовестностью, мягко говоря, не объяснить. Возможно, впрочем, это откровенная научная некомпетентность, но тогда вопрос – почему журналы призывают рецензентов, откровенно некомпетентных? Ответ прост – такова организация и суть современной «популяционной генетики человека». Других рецензентов нет, их вытеснили агрессивно-некомпетентные. На самом деле, скорее всего, дело еще проще, поскольку принятие в «академической науке» научно достоверных констант скоростей мутаций в гаплотипах, уже давно апробированных и откалиброванных, фактически отправит на свалку десятки, если не сотни статей погенетиков, и покажет их преступную (для науки) некомпетентность и ущерб, который они нанесли науке. Поэтому эти жулики, по другому их назвать просто нельзя, окопались в академических журналах, по принципу «рука руку моет», и назначают друг друга в рецензенты, отказывая статьям, которые покушаются на «их территорию».

Как написал автор той статьи на форуме, они были вынуждены «пойти на компромисс», сняв эти 500 с лишним «коммерческих» гаплотипов, и перейдя на «константу Животовского», хотя, как пишет автор, “I do not consider Zhivotovsky rate valid”, то есть «я не принимаю ее как правильную». И вот это делает мои резкие слова выше об авторах правильными. Хороши авторы, которые под давлением рецензентов и журнала идут на откровенно неверные данные в статье, понимая это и с этим соглашаясь «для компромисса», только чтобы получить публикацию в «ведущем журнале». Худшего поведения для людей «в науке» просто нет.

Впрочем, нет худа без добра. Подобные работы имеют определенную ценность, поскольку обычно сопровождаются списком гаплотипов. Пусть гаплотипов-коротышек (в данном случае 10-маркерные гаплотипы), но хоть что-то. То есть авторы выступают в качестве лаборантов, представляют экспериментальный материал, а остальное можно не читать. Обычная популяционная генетика. Ну что же, сделаем работу за них и проведем рассмотрение этих гаплотипов, и на том спасибо. Хотя с их стороны было бы честнее, если бы они просто опубликовали список гаплотипов, и написали, что вот всё, что мы получили, а что с ними делать – ума не приложим. Помогите, пожалуйста.

Переходим к голым экспериментальным данным, и забудем, что там авторы насчитали.

Авторы выявили 217 носителей гаплогруппы R1a-M198 из Европы и Азии, протестировав 1300 мужчин. Иначе говоря, в среднем нашли R1a у 17% испытуемых. Это число (17%), конечно, «средняя температура по больнице», но дает некоторое представление о частоте R1a у произвольно взятого набора людей. Из них

-- у венгров R1a была обнаружена у 27% испытуемых (в основном Z280 и M458), причем у венгерских секлеров – 17%, и тоже в основном Z280 и M458 (в том же порядке).

-- Народность Csango – венгры по происхождению, живущие в основном в Молдавии, и говорящие на румынском языке, имеют 21% R1a, поровну Z280 и M458. Впрочем, авторы пишут, что тестированные были жители Румынии, говорящие на венгерском языке.

-- У венгерских цыган 14% R1a, поровну M458 и Z93, и почти нет Z280.

-- У «малайзийских индийцев», потомков мигрантов из Малайзии в Южную Индию, 18% R1a, причем все без исключения – субклад Z93. Наверняка окажутся L342.2, но увы, авторы этот субклад не тестировали. Про Z93 – интересное наблюдение, хотя авторы по своему уровню компетентности его, естественно, не обсуждали. Получается, что этот субклад, принесенный ариями в Индию, прошел до Малайзии без примеси древних индийских R1a, и потом вернулся в Индию. Это показывает, что арии совершенно не смешивались с населением джунглей, или это происходило крайне редко.

-- У тестированных узбеков 23% R1a, в основном (две трети) Z93.

-- У монголов R1a практически не было, 5 из 222, то есть примерно 2%, и четверо из этих пять – опять Z93. Арийский след.

Древнего (или, точнее, исходного) M198 было всего четыре образца, все у венгров. По мутациям (13 мутаций на четыре 10-маркерных гаплотипа), общий предок этих четырех человек, который, конечно, фантомный, жил

$13/4/0.019 = 171 \rightarrow 206$ поколений, то есть 5150 лет назад. Это, естественно, не отвечает ожидаемому возрасту субклада M198, который должен уходить минимум на 9000 лет назад.

Для справки все-таки сообщим, что авторы насчитали для M458 возраст протестированной популяции 7306 ± 2321 лет. Это, конечно, опять характеризует компетентность авторов, теперь уже в математике, не говоря о здравом смысле – считать возраст с точностью до одного года, при погрешности в две с лишним тысячи лет. На самом деле в статье (Rozhanskii and Klyosov, 2012) с использованием большой серии 67-маркерных и 111-маркерных гаплотипов показано, что общий предок M458 жил примерно 4200 лет назад, и его центрально-европейские ветви были образованы 3100 и 2900 ± 400 лет назад, западно-славянская ветвь этого субклада – 2700 ± 300 лет назад.

Для Z280 авторы насчитали возраст 10283 ± 2574 лет, что, конечно, безумие. Во всех смыслах.

Для Z93 авторы насчитали 10272 ± 2187 лет. Уже можно не комментировать.

На этом закончилась «экспериментальная часть» статьи. В дискуссии авторы завели речь о «происхождении» рассматриваемых популяций, что, конечно, безнадежно, исходя из понимания, что там авторы считали и как анализировали свои данные. Относительно M458, авторы сами пишут, что ничего нового не привнесли по сравнению с данными Underhill et al (2010), согласно которым M458 встречается в основном в Восточной Европе, и в Азии его практически нет. Дальше авторы повторили в дискуссии то, что уже описали в экспериментальной части, что Z280 встречается в основном в Восточной Европе, и что малайзийские индийцы имеют исключительно Z93. Отсюда авторы делают «смелое» заключение, что «происхождение R1a1-M198 имело место между Южной Азией и Восточной Европой», но что это «спорно». Замечательно. Представляете расстояние между Южной Азией и Восточной Европой?

Авторы даже предлагают кандидатуры на это происхождение – «Украина - Южная Россия – Казахстан – Кавказ или Ближний Восток». Опять замечательно. Почему Z93 может быть более распространена в Азии – авторы, естественно, не обсуждают. То, что M458 довольно распространена среди цыган – это, конечно, по авторам, «генетический дрейф». И дальше – что возраст M458, насчитанный авторами как 7300 лет назад, близок к таковому у Underhill et al (2010) – 7900 лет, что «воспроизводится». То, что у обоих неверно, авторам в голову не приходит. Но они приписывают этот субклад неолитической культуре линейной керамики, как это сделал и

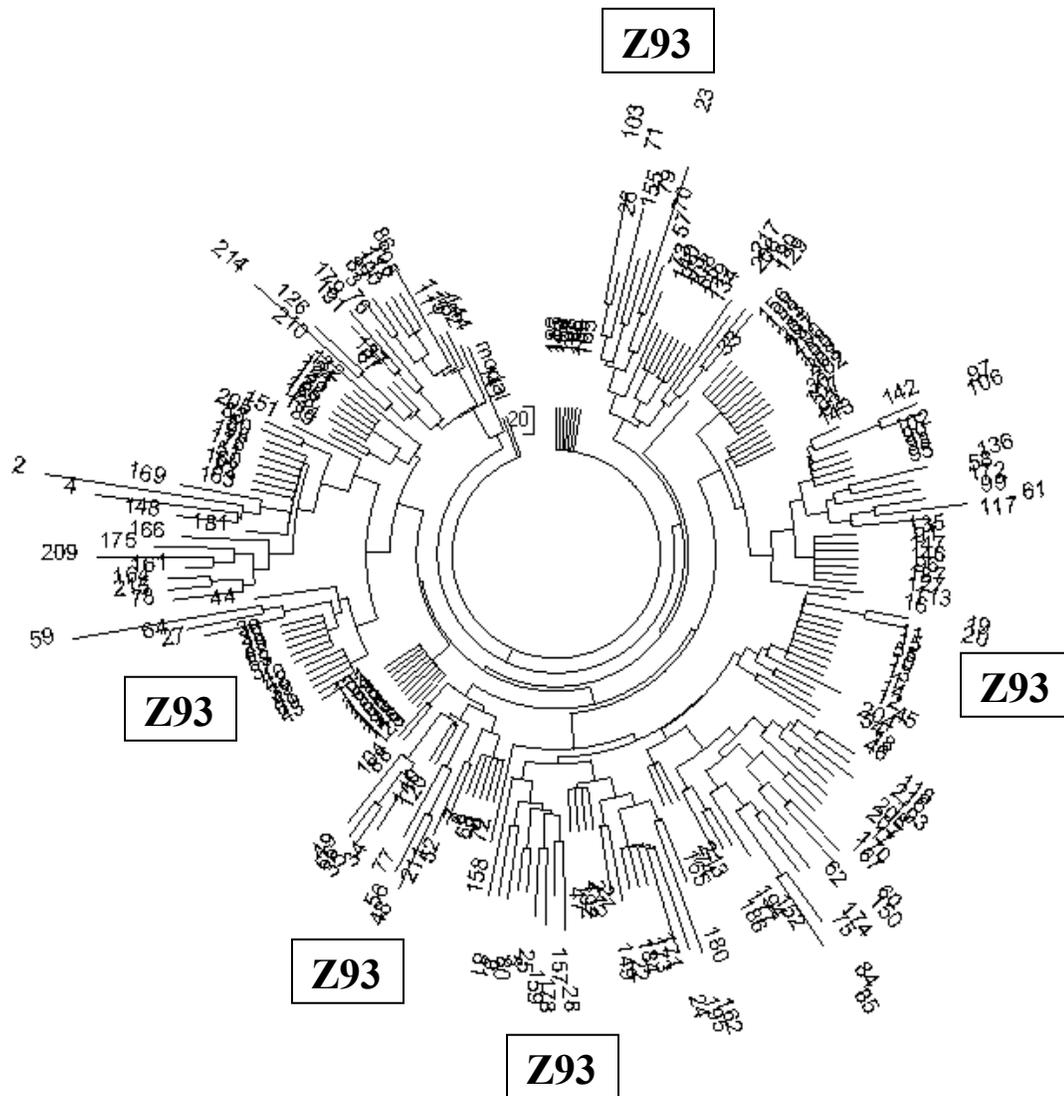
Underhill. Их, авторов, данные это «подтверждают». Это уже и не смешно. И дальше авторы продолжают в том же духе, обсуждая свои безумные «датировки», типа 10300 лет для Z280, и что это тоже сходится с данными Underhill, и что это меньше, чем в Индии, где возраст R1a1 14000 лет, и что это может означать. На этом статья закончилась.

Что же на самом деле показывают приведенные авторами цитируемой статьи 217 10-маркерных гаплотипов? На рисунке ниже показано дерево гаплотипов. В 10-маркерном формате различия между ними минимальные, и те небольшие вариации в аллелях между субкладами, там, где они вообще есть, тут же перекрываются неупорядоченными мутациями в самих гаплотипах. В 67-маркерном формате дерево весьма четко разделилось бы на субклады и ветви, а в 10-маркерном формате имеем кашу. Например, те пять сгущений гаплотипов субклада Z93, которые имеют место на дереве (см. рис. ниже) рассеяны по всему дереву, и включают 50 гаплотипов из 85 субклада Z93. Остальные 35 гаплотипов Z93 в ветви не выделяются, они рассеяны по другим ветвям и прочим вкраплениям. И так по каждому субкладу.

Действительно, в этой ситуации без независимого разделения набора гаплотипов (в данном случае 217 гаплотипов) на субклады не обойтись. Но что это дает для ДНК-генеалогии? В «популяционно-генетическом» отношении польза есть – можно сказать, что индийцы все Z93, и что половина цыган M458 и остальная половина Z93. Я, признаться, не знаю, зачем это, но попопуляционно виднее. Без датировок эта информация становится практически бесполезной, потому что эти M458 или Z93 могли к ним попасть и 300 лет назад, и 5000 лет назад. А от этого полностью зависит интерпретация данного наблюдения. Сказать глубокомысленно что это «генетический дрейф» - это на самом деле не сказать ничего. А датировать попопуляционно не умеют, и цитируемая здесь статья тому очередной пример.

Если бы анализ дерева мы проводили несколько лет назад, когда субклады не были известны, мы бы трактовали это дерево как просто R1a, и сказали бы, что из 217 гаплотипов 8 являются базовыми. Получили бы $[\ln(217/8)]/0.019 = 174 \rightarrow 211$ поколений, или примерно 5275 лет до общего предка. Решили бы, что это вполне разумно. Сейчас же мы знаем, что из этих 8 базовых гаплотипов (маленькая гребенка на вершине дерева) пять относятся к Z280, два к M458, и один к Z93. А все они в качестве «базовых» имеют вид (в формате DYS 393, 390, 19, 391, 439, 389a, 393, 389b, 437, 438):

13 25 16 10 10 13 11 17 14 11



Дерево 217 10-маркерных гаплотипов субкладов R1a-M198, Z93, Z280 и M458, построенное по гаплотипам цитируемой статьи. Расположение ветвей Z93 приведено в качестве примера

Иначе говоря, то, что случайно попало в этот гаплотип из субкладов, стало «базовым».

Из схемы

- • • **R1a1a1** M417
- • • • **R1a1a1i** L664- (the Tenth, NW branch)
- • • • • **R1a1a1i** L664+
- • • • • **R1a1a1h** Z93 (South-Eastern branch)
- • • • • **R1a1a1g** Z283 (Eurasian branch)
- • • • • • **R1a1a1g1** M458 (European branch)
- • • • • • **R1a1a1g2** Z280 (Central Eurasian)
- • • • • • **R1a1a1g3** Z284 (Scandinavian)

мы видим, что общий предок этих субкладов – R1a1a1-M417, и он жил как минимум 9000 лет назад (Rozhanskii and Klyosov, 2012). Как видно, для такого вывода уже не нужно и считать мутации.

Посмотрим в качестве упражнения, что будет, если посчитать мутации по субкладам. Начнем с Z93. Мы знаем, что общий предок этого субклада жил примерно 5700 лет назад, но гаплотипы этого субклада обычно указывают на общего предка **НЫНЕШНЕЙ ПОПУЛЯЦИИ**, жившего примерно 4050 лет назад.

Для начала проигнорируем ветви Z93 на дереве, поскольку они все равно рассыпаны по всем его частям, и посчитаем все мутации суммарно поперек всего субклада. Общий предок будет в значительной степени фантомным, но как первое приближение это нас пока устроит. Базовый гаплотип субклада следующий:

13 25 15 11 10 13 11 18 14 11

На самом деле у двух аллелей, в DYS19 и DYS391 там соответственно 15.49 и 10.52, то есть аллели поделены поровну между 15 и 16, и 10 и 11, соответственно. Это еще раз показывает, что в состав Z93 входят отдельные ветви, и «общий предок» будет фантомным. Аллели в DYS390 и DYS389b тоже несимметричны, и имеют значения 24.75 и 17.62, соответственно. Все это указывает на сложный состав субклада для рассмотренных популяций. Видно, что «базовый» гаплотип Z93 с учетом его дробности вполне вписывается в базовый гаплотип для всего дерева (см. выше)

13 25 16 10 10 13 11 17 14 11

В итоге все 85 гаплотипов имеют 215 мутаций от «базового» гаплотипа Z93. Чтобы перевести эти мутации во временные показатели, определим константу скорости мутации для данного 10-маркерного гаплотипа. Он

нестандартный, поскольку авторы зачем-то удалили DYS385a,b не только из своих «расчетов», но и вообще не показали в таблице аллелей. В принципе, это 12-маркерный гаплотип, использованный, например, в работе (Mertens, 2007), с константой скорости мутации 0.024 мутации на гаплотип на поколение (Klyosov, 2009). По данным Чандлера (Chandler, 2006) маркеры DYS385 имеют суммарную константу скорости мутации 0.00452, и можно ожидать, что для данного усеченного 10-маркерного гаплотипа константа скорости мутации равна $0.02400 - 0.00452 = 0.0195$. Проверим это значение с другой стороны. Сумма констант скоростей мутации для десяти маркеров в данном усеченном гаплотипе по данным Чандлера равна 0.01914. Разница между этими двумя константами составляет меньше двух процентов, что в пределах погрешности расчетов, поэтому будем использовать величину, рассчитанную напрямую, то есть 0.019 мутаций на гаплотип на поколение.

Таким образом, 215 мутаций на 85 10-маркерных гаплотипов дают $215/85/0.019 = 133 \rightarrow 154$ условных поколения, то есть 3850 ± 470 лет до общего предка субклада Z93 (на примере 85 человек данного субклада). Это в пределах погрешности с величиной 4050 лет назад, когда субклад вышел из фазы бутылочного горлышка (Rozhanskii and Klyosov, 2012).

Если обработать ту же серию из 85 гаплотипов более корректно, хотя тоже далеко от полностью корректного, что в данном случае бикини-гаплотипов просто невозможно, то можно выделить восемь отдельных ветвей, или подгрупп на дереве, относящихся к субкладу Z93. Это две плоских ветви (по шесть гаплотипов в каждой) на 8 часов, с базовыми гаплотипами

13 25 15 10 10 14 11 17 14 11
 13 25 15 10 10 14 11 18 14 11

которые отличаются друг от друга всего на одну мутацию, и у которых общий предок не определяем (он недавний, поэтому оба гаплотипа – предковые, мутаций в плоских ветвях нет).

Далее, это плоская ветвь (из пяти гаплотипов) на 7 часов, с базовым гаплотипом

13 25 15 10 10 13 11 18 14 11

Это ветвь из 8 гаплотипов на 1 час, с базовым

13 25 16 10 10 13 11 18 14 11

В ветви – 18 мутаций, что дает $18/8/0.019 = 118 \rightarrow 134$ поколения, или 3350 лет до общего предка.

Еще ветвь из 15 гаплотипов на 4 часа, с базовым

13 25 15 11 10 13 11 18 14 11

7 мутаций на 15 гаплотипов дают $7/15/0.019 = 25 \rightarrow 26$ поколений, или 650 лет до общего предка. Это – цыгане субклада R1a-Z93. И возраст их группы соответствующий, хотя для субклада H у цыган возраст их европейской популяции может достигать тысячи лет.

В целом для всех 17 цыган субклада R1a-Z93 имеется 11 мутаций от их базового гаплотипа

13 25 15 11 10 13 11 18 14 11

что дает $11/17/0.019 = 34 \rightarrow 35$ поколений, или 875 лет до общего предка. Ясно, что в отличие от более часто встречающихся цыган гаплогрупп H и R2, эти приобрели свою арийскую метку и принесли ее в Европу. Это приобретение может иметь индийскую природу, но не обязательно.

Ветвь из 6 гаплотипов на 6 часов с базовым

13 24 15 11 10 13 11 17/18 14 11

10 мутаций в которой дают $10/6/0.019 = 88 \rightarrow 97$ поколений, или 2425 лет до общего предка.

Ветвь из 4 гаплотипов на 7 часов с базовым

14 25 15/16 11 10 13 11 18 14 11

в которой 7 мутаций, что дает $7/4/0.019 = 92 \rightarrow 102$ поколения, или 2550 лет до общего предка.

Эти ветви охватывают 50 гаплотипов. Остальные 35 гаплотипов разбросаны по всему дереву, и в них 112 мутаций от базового гаплотипа

13 25 16 11 10 13 11 17 14 11

Это дает $112/35/0.019 = 168 \rightarrow 202$ поколения, или 5050 лет до общего предка. Неясно, чему эта величина соответствует. Это могут быть

преимущественно гаплотипы субклада L342.2, которые авторами цитируемой статьи не типировались, и время жизни общего предка которого соответствует 4900 ± 500 лет назад, или это может проявляться общий предок всего субклада Z93, который жил примерно 5700 лет назад – это остается неизвестным. Но если выписать все эти восемь базовых гаплотипов подряд

13 25 15 10 10 14 11 17 14 11	(0)
13 25 15 10 10 14 11 18 14 11	(0)
13 25 15 10 10 13 11 18 14 11	(0)
13 25 16 10 10 13 11 18 14 11	(3350)
13 25 15 11 10 13 11 18 14 11	(650)
13 24 15 11 10 13 11 17 /18 14 11	(2425)
14 25 15/ 16 11 10 13 11 18 14 11	(2550)
13 25 16 11 10 13 11 17 14 11	(5050)

то в них содержится 13 мутаций от базового гаплотипа всего субклада Z93

13 25 15 11 10 13 11 18 14 11

который, как было показано выше, и получается при счете поперек всего субклада, по всем 85 гаплотипам. При расчете по ветвям общий предок жил $13/8/0.019 = 86 \rightarrow 95$ поколений назад, то есть 2375 лет назад плюс средняя величина от возраста всех ветвей, которая равна 1753 года, округленно 1750 лет. Таким образом, общий предок жил $2375 + 1750 = 4125$ лет назад. Это несколько выше (хотя в пределах погрешности расчетов) 3850 ± 470 лет до общего предка субклада Z93, рассчитанного поперек всего субклада. Это же соответствует возрасту 4050 лет назад, рассчитанному по 67-маркерным гаплотипам (Rozhanskii and Klyosov, 2012). Рассчитанный авторами цитируемой статьи возраст 10272 ± 2187 лет, конечно, не является серьезным. Никаких научных оснований для расчета «методом Животовского» в таких ситуациях нет. Не говоря о том, что «константа» берется для всех гаплотипов одна и та же, да еще в три раза (!) меньше обычных.

Для субкладов M458 и Z280 времена жизни общих предков известны (см. выше), рассчитаны по 67- и 111-маркерным гаплотипам, и нет нужды считать их по 10-маркерным, бикини-гаплотипам. Стоит лишь отметить, что в субкладе R1a-M458 цыгане занимают плоскую ветвь из 10 одинаковых гаплотипов

13 25 17 10 10 13 11 17 14 11

Это - классический западно-славянский гаплотип группы R1a-M458. Данная ветвь не имеет «возраста», она совсем недавняя. Даже одна мутация в ней поместила бы эту ветвь на $1/10/0.019 = 5$ поколений назад, или на 125 лет.

Все десять Csango, указанных авторами в субкладе M458, удалось идентифицировать. Они расходятся на две ветви - пять из них имеют идентичный гаплотип

13 25 17 10 10 14 11 18 14 11

Это, видимо, вариант западно-славянской ветви, в которой DYS389 имеют несколько необычный вид 14-18, то есть 14, 32. Даная плоская ветвь совсем молодая, у нее «нет возраста», поэтому эта мутация в самом деле могла быть недавней. Вторая пятерка гаплотипов имеют базовый

13 25 **16** 10 10 **13** 11 **17** 14 11

то есть отклоняются на значительные 2.8 мутации, то есть на $2.8/0.019 = 147 \rightarrow 172$, или на 4300 лет между их общими предками. Эта пятерка имеет 9 мутаций от указанного базового гаплотипа, что дает $9/5/0.019 = 95 \rightarrow 105$ поколений, или 2625 лет до общего предка, что практически равно возрасту центрально-европейских ветвей этого субклада. В свою очередь это помещает ИХ общего предка на $(4300 + 2625 + 0)/2 = 3500$ лет назад. Это относительно близко к возрасту субклада M458 в Европе.

Литература

Pamjav, H., Feher, T., Nemeth, E., Padar, Z. (2012) Brief communication: New Y-chromosome binary markers improve phylogenetic resolution within haplogroup R1a1. Am. J. Phys. Anthropol., DOI 10.1002/ajpa.22167

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9,000 years. Advances in Anthropology, Vol. 2, No. 3, 80-86.

Not All SCOTS R-M222 were Irish First

Susan M. Hedeem

(a 7th generation Ulster Scot American McConnaughey)

BACKGROUND

Haplogroup R1b is currently estimated to approach 80% in Western Europe and the Isles with R1b1a2 (M269) predominant. Its sub-clade, L21 spread throughout Europe and estimated by (Myers 2010) to approach a distribution as high as 50% in the Isles. L21's young clade, M222 reaches a distribution of nearly 25% of R1b1a2 in Ireland (Klyosov 2010).

Few of the R1b1a2 sub-clades have generated as much popular interest as this young clade known today as R-M222. R-M222 branch of the Y-DNA tree is defined by a single nucleotide polymorphism (SNP) called M222. The diagnostic marker is primarily associated with individuals whose roots lie in the counties of Northwest Ireland, Ulster and Lowland Scotland (M222 Haplogroup DNA Project, FTDNA). The previously estimated high coalescence in Northwest Ireland has led to speculation that the mutation of the M222 SNP occurred with in one man in Ireland with further speculation that the man was none other than Niall. Noígíallach, Niall of the Nine Hostages, Legendary Chieftain who died during the 5th century CE. His sons are credited with the formation of the famous *Ui Neill* Dynasty which held power through high kingship of Ireland from the 7th century through 11th century CE (Pender 1951). Alistair Moffat and James F. Wilson 'The Scots: A Genetic Journey', claim R-M222 Scottish men are direct descendants of Niall, High King of the Irish, who lived around 1500 years ago. Questions regarding full demonstration of these theories persist among many Scot and Ulster Scot descendants who have tested positive for the R-M222 SNP.

INTRODUCTION

During the month of August 2012 a set of 58 R-M222 haplotypes were collected from the public data bases and assembled for analysis. The data set was YDNA results of men who predominately claimed Scot and/or Ulster Scot ancestral origin; 8 were of those claiming Irish ancestral origin. The purpose of the analysis was to determine how the various lineages represented by the selected 67 marker haplotypes would compare to one another in their haplotype phylogeny and TMRCA (time to the most recent common ancestor). Several of

the lineages, Amuligane (Milliken/Milligan), M'Donnachadh (the variously spelled McConnachie/McConnaughey) and Ewing had previously been considered by Dr. Anatole A. Klyosov in their separate groups with a few comparisons also with the O'Dochartaigh (Doherty/O'Doherty) of Ireland ancestral origin (Klyosov 2012, David Ewing 2012). The author subsequently also informally considered some of these same groups with similar results as Klyosov's.

The Amuligane lineages are historically known as SW Scots associated with the Nithsdale area (Milliken, Alan 2012). Although they are not the only surname group which carry the R-M222 SNP (single-nucleotide polymorphism) on the Y chromosome with historical references to the Nithsdale area and SW Scotland, this extended surname lineage has references back to the Scots Ragman Rolls of 1296 and firm assembled genealogies back previous to the 1500s (ibid, Milliken). The Milliken/Milligan surname group is among the oldest through TMRCA calculations found among M222 bearers. The Irish O'Dochartaigh extended lineages have similar TMRCA (ibid, Klyosov) with some of the lineages also with firm genealogies, and they are historically associated with the Donegal Irish septs descending from the *Ui Neill* dynasty credited to the sons of the legendary Niall Noígíallach Niall of the Nine Hostages (O'Dochartaigh Clan).

The McConnaughey/McConnachie, historically are associated with Scotland. Although the Gaelic root personal name, Donchad is found in both Ireland and Scotland, it is assumed Scotland is where they chose surnames and remained until (for many of the lineages) they saw migration into Ireland during the mass Scottish migration of the 17th century (Hanna, Chas. A, 1902). Scottish records reveal that those of the surnames were in Scotland with the earliest references found in the Scots Ragman Rolls of 1296. The surname is placed in the highlands with alliances with the MacKintosh during the 1300's (Macfarlane, 1900) and later as sept of Clan Donnachaidh (Clan Donnachaidh Society). The surname has also been identified in alliances with Clan Campbell (ibid, Hanna). Finally there is what has been termed an ancient sept that resided for centuries on Isle of Bute (Reid, John Eaton 1864).

Irish Doherty/O'Doherty lineages claim descent from the *Ui Neill* in County Donegal. They are identified in the histories as being in Donegal in the 1200's and believed to have been a group which moved out of the Finn Valley about 800 CE (O'Dochartaigh Clan).

The analysis additionally considers other ancestral Scots: McGee, McKee, McCord and Ewing R-M222 haplotypes in comparison to the Milliken/Milligan, the variously spelled McConnachie/McConnaughey, and a paired down set of the Doherty/O'Doherty. This investigation does not concern itself with the

genealogies or the veracity of the genealogies of these surnames. The analysis considers the R-M222 haplotypes of YDNA tested results of men of the surnames listed above. Although one of the criteria made by the author in collaboration with fellow researcher, Alan Milliken, was one of searched and documented genealogies; the criteria was set to assist in qualifying the haplotype analysis result. The previously considered groups are used as control groups since their haplotype sets have been numerously considered separately and in comparison to one another, and have consistently demonstrated repetitively the age of these surviving M222 surname groups.

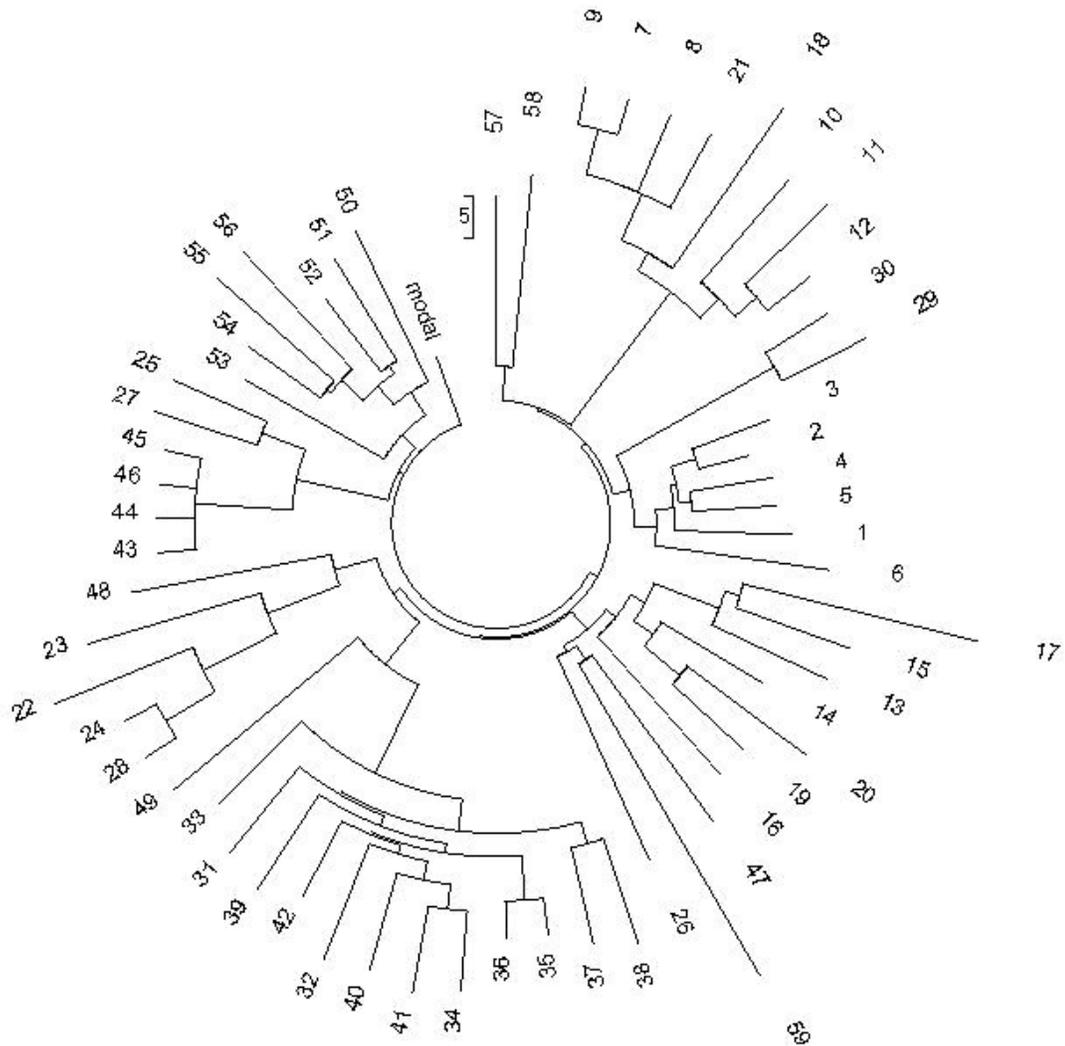
METHODS AND MATERIALS

The method employed for this comparison is the DNA Genealogy method developed by Anatole A. Klyosov. Description of the method may be found in numerous peer review publications and further discussed in the Proceedings of the Academy of DNA Genealogy. Papers and discussions may be accessed: <http://aklyosov.home.comcast.net/~aklyosov/>. The 58 haplotypes were collected and assembled using Microsoft Excel from the public FTDNA databases of the surname, Clan, and Haplogroup projects, branched (see phylogenetic tree PHYLIP), base haplotypes formed for the tree branches and sub-branches of each. TMRCA for each branch was calculated.

The phylogenetic tree below represents the lineages of selected Scots and the one Irish lineage as described in the legend. The positions of the branches of the circular tree are referred to here as how we would refer to a clock; that is a branch positioned on the tree in the same position as a clock's 4 o'clock will be labeled as "4 o'clock". This phylogenetic tree features 7 major branches and a pair of haplotypes located at the 12 o'clock position. The Doherty/O'Doherty branch are noted to sit at two and three o'clock. They are separated because the Doherty lineages represented here by the two haplotypes are older. The branch positions are: 12 o'clock for the pair, 1, 2, 3, 4, 7, 8, 9, and 11 o'clock.

Regarding the surnames, surname usage at the earliest began about 1050 in Ireland and somewhat later in Scotland. Hereditary surnames were chosen for a variety of reasons inclusive of associations with septs and clans, territory, occupations, and personal names (what we term given or first names). These groups were reportedly Gaelic speakers in both Scotland and Ireland previous to Anglicization. All of the surnames listed above are in their Anglicized forms, and as noted with the Amuligane, O'Dochartaigh, and M'Donnachaidh groups, the spellings of those Anglicized forms differ. In the case of the M'Donnachaidh groups the surname has never been standardized and may be found in spelling variations excessive of 22 different forms (Bassett, 1952). It must be remembered that, in general, surnames cross the boundaries of haplogroups, sub-clades and

geography, hence a surname alone may be less of a hereditary indicator than the YDNA. For our purposes here, however, every attempt was made to assemble M222 haplotypes with visual similarity to one another within their surname groups.



67 MARKER PHYLOGENETIC TREE: Surnames McGee, McKee, McCord, Milliken, Milligan, Ewing, McConnaughey/McConnachie/McConkey, and Doherty, O'Doherty. Composed by Anatole A. Klyosov, August 2012

Below is the base haplotype for the entire set of the 58 haplotypes analyzed.

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

The calculated set age is 1875±190 years before present (ybp) or 55 BC – 325 CE. Using the logarithmic method, there is not one base haplotype which is the same as the set base 67 marker haplotype; although the 11 o'clock branch has 1 mutation difference from the set base. $[\ln(8/1)]/0.12 = 67 \rightarrow 72$ or 1800 ybp which is the same. Within the comparison of the individual branches, however, there are a few lineages/branches in their comparisons to one another which reflect a calculated older age than 1875 ybp. Listed below are the calculated comparisons showing TMRCA between selected branches (refer above to discussion on tree positions).

BRANCH COMPARISON TABLE

Tree Position o'clock	TMRCA, ybp	Estimated window	Branch Legend
4 + 7	2180±175	345 BC – 05 CE	1. Milliken/Milligan
4 + 8	2015±200	205 BC – 195 CE	2. Doherty
4 + 1*	1900±190	80 BC – 300 CE	3. O'Doherty
4 + 9	1865±200	55 BC – 345CE	4. Milligan/Milliken
8 + 7	1830±200	20 BC – 380 CE	7. Ewing
4 + 11	1765±180	65 CE – 125 CE	8. McConnaughey et al, Mc Gee
1 + 3**	1650±130	230 CE – 490 CE	9. McConnachie et al, McGee
4 + 2**	1590±200	220 CE – 620CE	11. McKee, McGee
1 + 7***	1580±120	310 CE – 550 CE	
1 + 11***	1575±125	310 CE – 560 CE	
1 + 8	1500±175	335 CE – 685 CE	
4 + 3	1440±160	410 CE – 730 CE	
2 + 8	1390±180	440 CE – 800 CE	
7 + 11****	1380±140	490 CE – 770 CE	
7 + 9****	1380±140	490 CE – 770 CE	
9 + 11	1330±140	550 CE – 820 CE	
8 + 9	1315±120	575 CE – 815 CE	
1 + 9	1290±150	570 CE – 870 CE	
2 + 7	1290±120	600 CE – 840 CE	
2 + 11	1075±130	805 CE – 1065 CE	
3 + 7	1015±150	845 CE – 1145 CE	
2 + 9	1000±170	840 CE – 1180 CE	
3 + 11	825±120	1065 CE – 1305 CE	
3 + 9	690±120	1200 CE – 1440 CE	

DISCUSSION

The R-M222 SNP proliferation appears to have been well underway by the time the *Ui Neill's* ancestor, Niall Noígíallach, lived in the fifth century in Ireland; his sons are credited with the founding of the dynasty (ibid, Pender). Where geographically or the identity of the man within whom the mutation first occurred is unknown. Considering various informal and published analyses by Klyosov and others we know that the mutation occurred previous to Niall since he supposedly lived and died in the 5th century. Many including the author have suspected that the mutation did not occur geographically in Ireland, but elsewhere, perhaps in the Isles and perhaps in the areas now identified as Scotland.

It is quite possible that several to many different bearers carrying the M222 mutation migrated into Ireland by various routes and at different times, and it is assumed through this analysis that M222 bearers in fact did migrate into Ireland. It is also quite likely that the present day high coalescence calculated the by population geneticists (as better than 10 points above those found in Scotland today) is due to the mass Scottish migration into Ireland during the 17th century. During the 99 years from the beginning of the Ulster Plantation 10s of thousands of Scots (and significantly fewer English), at a rate of 4000 to 5000 per year fled famine, high rents and devastating economic conditions in Scotland for Ireland (ibid Hanna, Bassett). Certainly, bearers were in Ireland and proliferating within the first 500 years after the BC/CE break; however, attributing the present day M222 of 25% of R1b varieties in Ireland as the result or the breeding habits of Niall and the *Ui Neill* is a short sighted conclusion.

For this set, it's speculated the most logical route for migration between Scotland and Ireland was across the sea where the coasts are estimated to be some 15 miles apart. It is clear from the table of the branch comparisons above that the emergence of the SNP mutation occurred long before Niall and the *Ui Neill* Dynasty. Although ancient migrations in the Isles are not easily sorted, the fact that the table indicates a progressive time line seems very telling. There is approximately a 575 year span between the oldest TMRCA between branches of 7 & 4 o'clock positions represented by the Ewing and one Milligan/Milliken group and when the ancestors of this set's Irish Doherty/O'Doherty lineages who claim descent from the *Ui Neill* in County Donegal (ibid O'Dochartaigh Clan) enter the TMRCA picture. Their oldest comparisons in this set are with ancestors of both branches of the Scottish Milliken/Milligan.

You will note from the table above that in comparison of the branch haplotypes of the Ewing branch at 7 o'clock and Milligan/Milliken branch at 4 o'clock the earliest ancestor of this set lived between 345 BC & 5 CE; the ancestors of the variously spelled McConnaughey at 8 o'clock and the same Milligan/Milliken 4 o'clock

branch lived between 205 BC & 195 CE; the ancestors of 7 o'clock Ewing and the 8 o'clock McConnaughey, 20 BC–380 CE, and so forth. The two branches of Milliken/Milligan estimate of 80 BC–300 CE is consistent with Anatole Klyosov's previous analysis of the Amuligane as shortly after the BC/CE break (ibid, Klyosov 2012). Previous estimates of the average age of Irish M222 resulting from the analysis of the Ireland Heritage Project is 1400 ± 190 ybp (Klyosov 2010) or 420–800 CE which corresponds with the time Niall lived and the establishment of the dynasty through his sons. It must be noted, however, that the Ireland Heritage analysis did not consider individual lineages but the entire data set of the project, and as seen here the comparisons of the individual lineages will add more detail and often older dates than that of an entire data set.

The table of these comparisons listed above seems to evidence the proliferation of the R-M222 SNP long before surnames and Niall or the *Ui Neill*. As with all populations, the bearers continued to split off to become over time the surname lineages with their characteristic haplotypes that we know today from the defined groups and data bases. At 1650 ± 130 ybp (230–690 CE) we see a suggestion of common ancestors between those who became the Scottish Milliken/Milligan in the 1 & 4 o'clock positions of the tree and the Irish Doherty/O'Doherty of this set located at the 2 & 3 o'clock positions. The youngest TMRCA is with the branch of 3 o'clock O'Doherty and McConnachie/McGee at 9 o'clock and would infer a date window about 1200–1440 CE

The respective date range for the 1 o'clock Milliken/Milligan and 3 o'clock O'Doherty is 230–490 CE while the other Milligan/Milliken branch at 4 o'clock and the 2 o'clock Doherty date out in approximately the same time period, roughly 220–620 CE. These dates demonstrate an interpreted split off of the ancestral lineages which became those of the Doherty/O'Doherty who claim descent from the *Ui Neill* and Milliken/Milligan of Scotland. Further forward, the ancestral Doherty/O'Doherty lineages split off from one another after 845–1145 CE. When the ancestors of those now known as the Doherty/O'Doherty actually migrated into Ireland is of course unknown; however we must assume that ancestors of the various lineages identified with the *Ui Neill* Dynasty must have been in Ireland within the first 500 years after the BC/CE break.

The two branches of variously spelled McConnaughey/McConnachie & some McGee appear to share common ancestors with the Doherty and each other roughly 440–800 CE, 575–815 CE, in short at the same time, perhaps a few generations apart. Forward these lineages continue to diverge and ancestors of 8 & 9 o'clock McConnaughey/McConnachie and McGee subsequently would migrate to Scotland from Ireland if in fact a common ancestor was shared in Ireland. The Doherty/O'Doherty groups are known to have been established in the Donegal area about 1200 CE; references to the more ancient genealogies

suggest the clan group is identified as early as 800 CE. Although the written histories in Ireland seem to establish the O'Dochartaigh as *Ui Neill* descendants (we have no historical reason for doubting the claim) the O'Dochartaigh Clan states, "It is thought..." that the Donegal groups identified in the 1200's were from a group which moved out of the Finn Valley about 800.

Regarding the McConnaughey/McConnachie, however, historically they are associated with Scotland, and it is assumed Scotland is where they chose surnames and remained until (for many of the lineages) they saw migration into Ireland during the mass Scottish migration of the 17th century, many found as tenants of the Ulster Plantation. We know from the Scottish records that those of the surnames were in Scotland with the references found in the Scots Ragman Rolls of 1296. Whether coincidental or suggestive of something else, as mentioned previously, the youngest comparisons of the branches in the table is that of branch 3 O'Doherty and branch 9 McConnachie/McGee with a date window of 1200–1440. The 8 o'clock McConnaughey group has been identified with those McConechy who received a 1506 charter from James IV to lands on Isle of Bute (Reid, JE, 1864) with anecdotal stories of migration from Perthshire via Rannoch Moore. The surname is placed in the highlands with alliances with the MacKintosh during the 1300's (Macfarlane, 1900) and later as sept of Clan Donnachaidh. Their descendents have been located in Ulster during the late 1600's and 1700's .

As with the others, we do not know whether or not ancestors of Milliken/Milligan extended lineages migrated into Ireland previous to the 17th century mass Scot migration into Ireland (Hanna, 1902). Both Milliken/Milligan groups are historically SW Scots and are identified with the Nithsdale. The surname is also found in the Scots Ragman Rolls of 1296 and numerous historical references thereafter. It is interesting that the youngest Milliken/Milligan TMRCA reflected in the comparisons between branch 1 of the Milliken/Milligan and branch 9 of the McConnachie/McGee in a window of 570–870 CE and the youngest TMRCA in the comparisons is between the same McConnachie/McGee branch and the 2 o'clock Doherty in the window of 840–1180 CE and the 3 o'clock O'Doherty in the window of 1200–1440 CE.

Migration of M222 bearers into Ireland could have begun any time after it mutated in the first bearer, and certainly the M222 sub-clade was fully established in Ireland with-in the first 500 years of the current era, and proliferating. In consideration for the fact that the SNP mutation precedes Niall, however, it would be irresponsible to conclude that all those who carry this marker descended from either Niall or those claiming descent from the *Ui Neill*, or that their progenitors lived in Ireland regardless of the suggestions through TMRCA estimates with the Irish Doherty/O'Doherty. Further study is needed among these Amuligane,

M'Donnachaidh and O'Dochartaigh groups in comparisons with other defined Irish M222 lineages with historical references such as the M222 McLaughlin who are among the oldest surnames identified *Ui Neill* descendant groups (McLaughlin, John 2012).

It should be understood here that this analysis makes no representation of any suggestion of “who begot who” among the M222 ancestors. What is being represented is the calculation of estimated time which has elapsed between present day descendants of lineages and when the groups may have shared a common progenitor. To clarify, the SNP mutation emerged in one man and proliferation began with his issued sons and continued through the generations with mutations occurring over time. Because these estimates reflect dating windows long before surname usage, verifiable recorded history of the lineages, unknown migrations, what we are actually following is the progression of mutations of the alleles which form their R-M222 YDNA haplotypes and attempting to assess how these lineages may fit together or not.

It is nearly impossible to assess the actual linear descent from the founder of the sub-clade. Furthermore, haplotype similarities or the reverse is a result of allele mutation over time. For recent lineages these similarities are pertinent in determining how closely related any given defined lineage may be within the genealogical period; previous to the genealogical period the only evidences that exist are some recorded histories (whether accurate or not), claims of ancestral origin and surname affiliations, and present day YDNA haplotypes which may only suggest genetic connections through their footprints (haplotype characteristics). Mutations are random and observations of repeat values may be similar or dissimilar coincidentally in addition to being inherited. The coincidental mutation differences may be seen in both the McKee and Ewing haplotypes where these lineages are obviously connected within their surname groups yet the mutations of certain alleles of their haplotypes did not uniformly mutate in the same direction (cited data bases).

BRANCH ANALYSIS

At the 12 o'clock position we find two outliers, 57, 58 of surnames McKee & McCord. Comparing two haplotypes generally will not produce a very accurate estimate; however, we attempt to do so here showing a fraction which is an adjustment for the multi-copy markers which tend to mutate at a faster rate than most other markers featured in the haplotypes. They share 6.5→7 mutations between them with a resulting conditional TMRCA of 700±285 ybp or an inferred date range of 1025–1595 when they may have shared a common ancestor. See discussion regarding the 11 o'clock branch.

At 1 o'clock we find one branch of the Milliken/Milligan discussed above. Their 8 haplotypes are numbered 7–12, 18,21. Their branch base haplotype is:

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

The shaded alleles are those mutation differences from the set base haplotype. Haplotypes 7 & 9 are identical with an estimated common ancestor with-in 200 years. Haplotypes 21 and 8 share 1.5→2 mutations between them; the 4 haplotypes (7,9,21,8) are estimated to share a common ancestor with in the last 300±130 years. # 18 is technically an outlier, and he shares a common ancestor with the others with-in the last 525±130 years. Haplotypes 10, 11, 12 share 2.5→3 mutations among them from their base haplotype for a TMRCA of 175±75 years. There are 1.5→2 mutations between the sub-branches base haplotypes. The entire branch is estimated to share a common ancestor 525±130 ybp or an inferred date range of 1355–1615 CE.

At 2 & 3 o'clock we find the Doherty and O'Doherty, 8 total haplotypes. Their base haplotypes are as follows:

2) Doherty

13	25	14	11	11	13	12	12	12	13	14	29	17	8	11	11	
25	15	18	29	16	16	16	17	11	11	19	22	17	16	17	17	
36	40	12	12	11	9	15	16	8	10	10	8	10	10	12	21	23
16	10	12	12	16	8	12	25	20	13	12	11	13	11	11	12	12

#s 29 & 30 share 1.5→2 mutations between them: $1.5/2/.12=7G$ or 175±130 ybp from their common ancestor.

3) O'Doherty

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

1–6 share 3.5→4 mutations among them from their base haplotype: 3.5/6/.12=5G or 125±75 ybp from their common ancestor. There are 1.5→2 mutations between their base haplotypes: 1.5/.12=13G or 325: (325+125+175)/2 = (312.5 rounded up) 315±75 ybp to their common ancestor or a date range of 1620–1770 CE.

At the 4 o'clock position is the other Milliken/Milligan branch represented by #s 13–17, 19, 20 joined by #26 McConnachie, 47 McGee, and 59 McCord.

#59 which exhibits 8 mutations from the base haplotype of 16,26,47, and is no closer to any of the others is thrown out. 13, 15, 17 share a common ancestor 625±120 ybp. 8.5/3/.12=24→25 conditional generations. 14, 19, 20 share a common ancestor 350±160 ybp, and they belong to an older lineage represented by # 16 who has 6 mutations from their base haplotype. 6/.12=50→53 conditional generations. (1325+350)/2= 840±160 ybp estimated for a common ancestor for the four of them. 26 & 47 perhaps shared an ancestor 700±280 ybp. With #59 thrown out, the branch age is 1900±190 ybp.

4 o'clock Milligan/Milliken M222 base haplotype

13	25	14	11	11	13	12	12	12	13	14	29	18	9	10	11	11
25	15	18	30	15	16	17	17	11	11	19	23	17	16	19	17	
38	40	12	12	11	9	15	16	8	10	10	8	10	10	12	21	23
16	10	12	12	16	8	12	25	20	13	12	11	13	11	11	12	12

The 7 o'clock branch is that of the Ewing, #31–42. By enlarge this branch are all descendants of one or two (or a closely related family) immigrants to the Americas, and their branch TMRCE reflects that. Intersecting the branch is #49, McGee, as an outlier. The branch base haplotype:

7 o'clock Ewing

13	25	15	11	11	13	12	12	13	13	14	29	17	9	10	11	11
25	15	18	31	15	16	16	17	11	11	19	23	18	16	18	17	
37	38	11	12	11	9	15	16	8	10	10	8	10	10	12	21	23
16	10	12	12	16	8	12	25	20	13	12	11	13	11	11	12	12

33, 37, 38 has a TMRCA of 325 ± 160 ybp (1525–1845 CE); with the outlier, 49, 1060 ± 160 (790–1110 CE). The outlier was removed for comparison with the other branches for the Table listing lineage comparison TMRCA since it was an intersecting haplotype rather than incorporated into a sub-branches as was the case with those inserted into the 4 o'clock branch.

31, 35, 36, 39 show a TMRCE of 260 ± 120 ybp (1630–1870); 32, 34, 40–42 show a TMRCA of 270 ± 110 ybp (1630–1850) and these 9 had a common ancestor 375 ± 110 ybp or 1525–1745 CE.

The branch TMRCA for all the Ewing (removing the McGee outlier) is 430 ± 110 ybp or an inferred date range of 1420–1620 CE which is consistent with their histories. The Ewing have TMRCA with the Doherty/O'Doherty at 600–840 CE and 845–1145 CE respectively.

At 8 o'clock are 4 haplotypes, 22–24, 28, representing McConnaughey with a McGee #48. Of the entire set, this branch has the most diverse M222 base haplotype.

13	25	14	11	11	12	12	12	11	12	14	28	17	9	11	11	11
25	15	18	30	15	15	16	17	11	11	19	23	17	16	19	17	
39	39	12	12	11	9	15	16	8	10	10	8	10	10	12	21	23
16	10	12	12	16	8	12	26	20	13	12	11	13	11	11	12	12

24 and 28 are identical at 67 markers, and in fact have 1 mutation between them at 111 markers. Conventional wisdom would suggest that they had a common ancestor within the last 100–200 years; however their actual common ancestor could not have been born later than 1730, probably, as 28's MDKA was in New Castle, Delaware (American Colonies) having his children baptized in 1759; and 24's MDKA did not immigrate to the US until well into the 1st quarter of the 1800's. None the less we assign a TMRCA to the pair as 200 ± 100 ybp. Comparing the pair

to # 22, the 3 share a common ancestor 425 ± 100 ybp (1485–1585 CE) which is consistent with residence on Isle of Bute (Charter received by 5 McConechy 1506).

There are $7.5 \rightarrow 8$ mutations between #'s 22 & 23: $7.5/2/.12 = 31 \rightarrow 32G$ or 800 ± 300 ybp or 910–1510 CE. Addition of the McGee outlier increases the TMRCA to 1340 ± 100 ybp. As with the Ewing, this McGee outlier was removed for comparisons with the other lineages, although **it should be noted (see table above) that comparison to the 9 o'clock McConnachie and McGee shows a TMRCA of 1315 ± 120 ybp, which is consistent with that of the 8 o'clock McConnaughey with the McGee #48.** Obviously those carrying the surnames of McGee and McConnaughey, et. al. have common roots and over the more than 1300 years with migrations and probable isolation of several hundred years on Isle of Bute for the one extended lineage of # 8, their YDNA diverged.

The 9 o'clock branch of the McConnachie and McGee, #'s 25, 27, 43–46 speculatively are related during the period of surnames. One of the McConnachie is ancestrally from Kirkudbrightshire, and both surnames are found in that area historically. The difference in the surnames could be the result of any number of possibilities including fosterage, a name change and/or Anglicization of surnames from the Gaelic. The phonetics with dialects of the Gaelic surnames could be very misinterpreted by the ear of the English speaking recorders in both Ireland and Scotland. The McGee of this branch are a very closely related recent lineage where as the McConnachie are not so closely related. Their base haplotype:

13	25	14	11	11	13	12	12	12	13	14	29	16	9	10	11	11
25	15	18	32	15	16	16	17	11	11	19	19	17	16	18	17	
37	38	12	12	11	9	15	16	8	10	10	8	10	10	12	21	25
16	10	12	12	16	8	12	26	20	13	12	11	13	11	11	12	12

25 & 27 share $2.5 \rightarrow 3$ mutations between them for a TMRCA of 260 ± 165 years, and in this case it would be plus, not minus. 43–46 are identical in haplotype and the 6 collectively share 3 mutations between their base haplotypes. The TMRCA estimated for the branch is 505 ± 165 ybp or 1340–1670.

The last branch on the tree is at 11 o'clock, and are McKee and McGee, #'s 51–56, and this branch is an asymmetrical branch. Where the asymmetry occurs is at dys 447. 54–56 all have 26 repeats at that allele; 50–52 have 25 repeats, and 53 has 24. Technically a base haplotype may not be formed; however because the tree base haplotype for the entire set examples 25 repeats at 447, an assumptive base haplotype with that value was formed.

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

This branch base haplotype is the least diverse from the over all set base haplotype of all the extended lineage groups.

54–56 has 5 mutations from their base haplotype and a TMRCA of 350±160 ybp.

53 because of his haplotype being closer to this group than the other sub-branch is compared to them. There are 3 mutations between him and 54–56 base haplotype. $3/.12=25 \rightarrow 26G$ or 650 years between their ancestors. $(650+350)/2=500 \pm 160$ ybp which corresponds to 1350–1670 with a mid=point date of 1510 CE.

50–52 have 3 mutations from their base haplotype. $3/3/.12=8G$ or 200±120 ybp. There is 1 mutation difference between the base haplotypes of 50–52 and 54–56. This would indicate that these two groups may have shared a common ancestor 375±160 ybp.

With 53, the branch age for all of them suggest a common ancestor at 775±120 ybp or an inferred date range for a common ancestor of 1115–1355. There is little doubt that the haplotypes of this branch descend from a common ancestor; however due to the asymmetry of the branch the actual branch age may be less than 775±120 ybp, and it would not be more.

The McKee outlier # 57 from 12 o'clock was brought down to compare to this group. His haplotype is closer to 50–52, and a TMRCA for the 4 of them would be 390±130 ybp; compared to # 51 & 52 alone the TMRCA is 350±140 ybp. He likely belongs to this group but appears not as closely related as was speculated by the group which submitted the haplotypes for this analysis.

CONCLUSION

From a genealogical consideration, the majority of these lineages have nothing in common with one another other than being R-M222 identified in their R1b haplogroup terminal SNP designations. These lineages all descend from the founder of M222 and are the result of the proliferation and splitting off of the early

lineages forward. In comparison to one another, however, it seems that a time line has presented itself in regard to potential ancient relationships their ancestors may have had and when. It also reinforces the possibility if not probability that not all Scots geographically were geographical Irish first, and clearly the majority of Scot lineages in comparison to one another and to the Irish Doherty/O'Doherty suggests that quite likely R-M222 bearers were in other areas of the Isles previous to Ireland.

ACKNOWLEDGEMENTS

The author is indebted to the following: Anatole A. Klyosov for his analytical assistance, consultation and guidance. Alan Milliken for his research and manuscript assistance. Donald C. Milligan for document assistance. And all of the above for their kind and generous support.

References

Klyosov, A.A. (2010) Irish haplotypes and haplogroups. Proceedings of the Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7483), 3, 1029-1053

Myers, Natalie (2010) A major Y chromosome haplogroup R1b Holocene effect in Central and Western Europe, European Journal of Human Genetics, doi.10.1038/ehg.2010.146

Pender S (ed) (1951) The O'Clery book of Genealogic. Analecta Hibernica, no 18 Dublin Stationary Office, Dublin

Klyosov, A.A. (2012) Amuligan -Milligan- Milliken and O'Dochartaigh - O'Dogherty-O'Doherty lineages (Letter 119). Proceedings of the Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7483), 5, 2482-2488

Klyosov, A.A. (2012) (Letter 142), Proceeding of the Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7483).

Ewing, David, personal communication

Milliken, Alan, R-M222 in Southwest Scotland, personal communication

O'DOCHARTAIGH CLANN ASSOCIATION, INC. A Michigan Non-Profit Corporation. See web listing below.

Macfarlane, Walter, "Genealogical Collection Concerning the Families in Scotland," 1900 2 volumes. B. 1, p.172

Hanna, Chas. A, "The Scotch-Irish, Vol 1, p 560, G. P. Putman's Sons, 1902

Hanna, Chas. A. "The Scotch-Irish," Vol 2, pgs 400, 432, G. P. Putman's Sons, 1902

Clan Donnachaidh Society headquartered in Edinburg, Scotland
Postal: Clan Donnachaidh Centre, Perthshire PH18 5TW, Scotland

Reid, John Eaton (1864), History of the County of Bute and families connected therewith, Oxford University. McConechy Charter located Appendix, pg 266

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

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). *Advances in Anthropology*, 1, No. 2, 26-34

Felsenstein, J. (2004) PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.

Moran, Lawrence A. Niall Noigiallach - Niall of the Nine Hostages, University of Toronto (2008)

Bassett, Josephine Risser, "The McConnaughey Family, (1952, p. 1, 5). *oclc/5243844*

McLaughlin, John, personal communications

Edwin B. O'Neill and John D. McLaughlin. Insights Into the O'Neills of Ireland from DNA Testing, *Journal of Genetic Genealogy* 2:18-26, 2006

Web Resources

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

M222 DNA Project site,

<http://www.familytreedna.com/public/r1b1c7/default.aspx>

Clan MacLaughlin site, <http://clanmaclochlainn.com/R1b1c7/>

Alan Milliken: <http://regarde-bien.com/scottish-m222.htm>

www.odochartaighclann.org sandwalk.blogspot.com/

freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/

Clan MacLaughlin site, <http://clanmaclochlainn.com/R1b1c7/>

ELECTRONIC DATABASES

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

<http://www.clandonnachaidhdna.org/>

<http://www.familytreedna.com/public/R1b1c7/>

<http://www.familytreedna.com/public/Sons-of-Aodh/>

<http://www.familytreedna.com/public/ulster/default.aspx?vgroup=ulster§ion=yresults>

http://www.ewingfamilyassociation.org/DNA_Project/index_Y-DNA.html

DNA GENEALOGY SCHOOL

The Jewish Levites J2a4b1 recent and ancient ancestors

Anatole A. Klyosov

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

Coincidentally, I recently on the same day received two haplotype datasets with nearly the same subject. Both were of the same haplogroup/subclade, J2a4b1, and both were Jewish. Naturally, both populations wanted to know where they came from, when and where their common ancestor lived. One dataset contained 61 of 67 marker haplotypes, another contained 191 of 37 marker haplotypes. Neither haplotype dataset were related by surnames; however, some were overlapping.

The 61 haplotype dataset was arranged as a story peppered with questions. The story told that all 61 individuals were unrelated and did not know of each other's existence. Their male ancestors, the most distant they were aware of, lived mainly in Eastern Europe - Ukraine (18 individuals), Lithuania (10), Belarus (8), Poland (7), Moldova and Romania (2 in each), Germany, Czech, Hungary, Puerto Rico (1 in each), and 8 individuals were of unknown origin. 82% of them consider themselves Jewish.

As it is common in population genetics (not in DNA genealogy, which is a discipline different in methodology), the study was derailed, in a way, with one major (and incorrect, as one sees below) assumption that the whole population of 61 haplotypes is "homogeneous", "uniform", and supposedly has one "modal haplotype" that fits all. As people working in DNA genealogy know well, this is very seldom true. Populations of that size are commonly a mix of several lineages, each with its own common ancestor, and with its own ancestral haplotype. The so-called "modal haplotype", therefore, is a fiction, a phantom formation, and a "calculated" TMRCA is typically a phantom too. This happens because those lineages in the dataset are typically of a different size (different number of individuals), and the largest lineage (that is, the largest number of individuals in it compared with other lineages) distorts the mix of haplotypes and in fact "dictate" the "modal haplotype". Smaller lineages, or branches are therefore discriminated, neglected, and the phantom "common ancestor" came

out as a result of a complex play of those lineages, that is of their “age”, quantity (of haplotypes in each one), etc. We will see an example below.

Another typical distortion of population genetics is the manner in which the data is presented. In the cited study it was a “degree of matching”, which looked as follows:

GD	DEGREE OF MATCH	NO. OF FAMILIES
0	67/67	5
1	66/67	9
2	65/67	16
3	64/67	11
4	63/67	10
5	62/67	7
6	61/67	3

It employed “genetic distances” (GD), or, in fact, counts of mutations from each haplotype in the total dataset compared to the “modal haplotype”. Since we already know (it will be shown later) that the dataset has in fact several ancestral haplotypes, and individual haplotypes belong to different lineages, the Table above is not particularly informative and yields no added information. It shows, in fact, how haplotypes from various lineages (branches) differ from one particular ancestral haplotype of only one particular lineage, which happened to be the largest one. Clearly, the last two in the Table are from the most remote lineage.

Yet one more distortion in presentation is how the timespan to a common ancestor is defined. In the cited paper it was “assumed” that the common ancestor lived before 1700 CE, and the length of generation is 30 years (it might be true and it might be not; the generation length in years is a rather arbitrary value), and the result was that the common ancestor lived:

- 50% PROBABILITY WITHIN 321 YEARS
- 75% PROBABILITY WITHIN 384 YEARS
- 95% PROBABILITY WITHIN 510 YEARS

In other words,

- 50% PROBABILITY between 1620 and 1700 CE
- 75% PROBABILITY between 1555 and 1700 CE
- 95% PROBABILITY between 1430 and 1700 CE

I frankly do not know what practical sense those numbers make. What good is it to know that a common ancestor lived “between 1620 and 1700 with a 50% probability”, if one thinks about it?

Finally, an incorrect mutation rate constant was used in the cited study for the 67 marker haplotypes, which in this instance was 0.0031 mutations per marker per generation (30 years, see above), with a note “Kerchner data”. It corresponds to $0.0031 \times 67 \times 25 / 30$ for 25 years per generation, or 0.173, instead of the correct and calibrated value of 0.12 mutation per haplotypes per 25 years. In other words, the cited work’s use of that mutation rate constant increased the result by 44% (!) compared with the calibrated value. No wonder, Kerchner’s data were generally incorrect, and using them he came to a “conclusion” that different haplogroups have different mutation rate constants. This conclusion was based often on 3-5 haplotypes in each haplogroup, which is statistically totally unreliable.

As we see, mutations were counted wrongly (since lineages were not separated), and the mutation rate constant was also wrong. With such a combination any data can be obtained for the TMRCA.

Finally, the cited authors decided that:

- **MOST LIKELY TMRCA = 13.7 GENERATIONS**
- **MOST LIKELY LIFE DATE OF MRCA = ca. 1529 CE (FOR 61 FAMILIES)**

It is the 16th century CE. As we will see below, it is more likely the 14th century CE.

Frankly, I have no idea how 13.7 generations of 30 years each, which is $13.7 \times 30 = 411$ years ago, that is $2012 - 411 = 1601$ CE became 1529 CE, with 72 years difference, but let be it. Both numbers are incorrect anyway.

The second set of 191 haplotypes was not a study; it was a list of haplotypes, and the sender asked me to calculate the TMRCA for the dataset.

It turned out that both datasets represent one large family of Jewish (originally) individuals, plus one population with much more ancient roots.

Let's consider them.

The tree of 61 haplotypes in the 67 marker format is shown in Fig. 1.

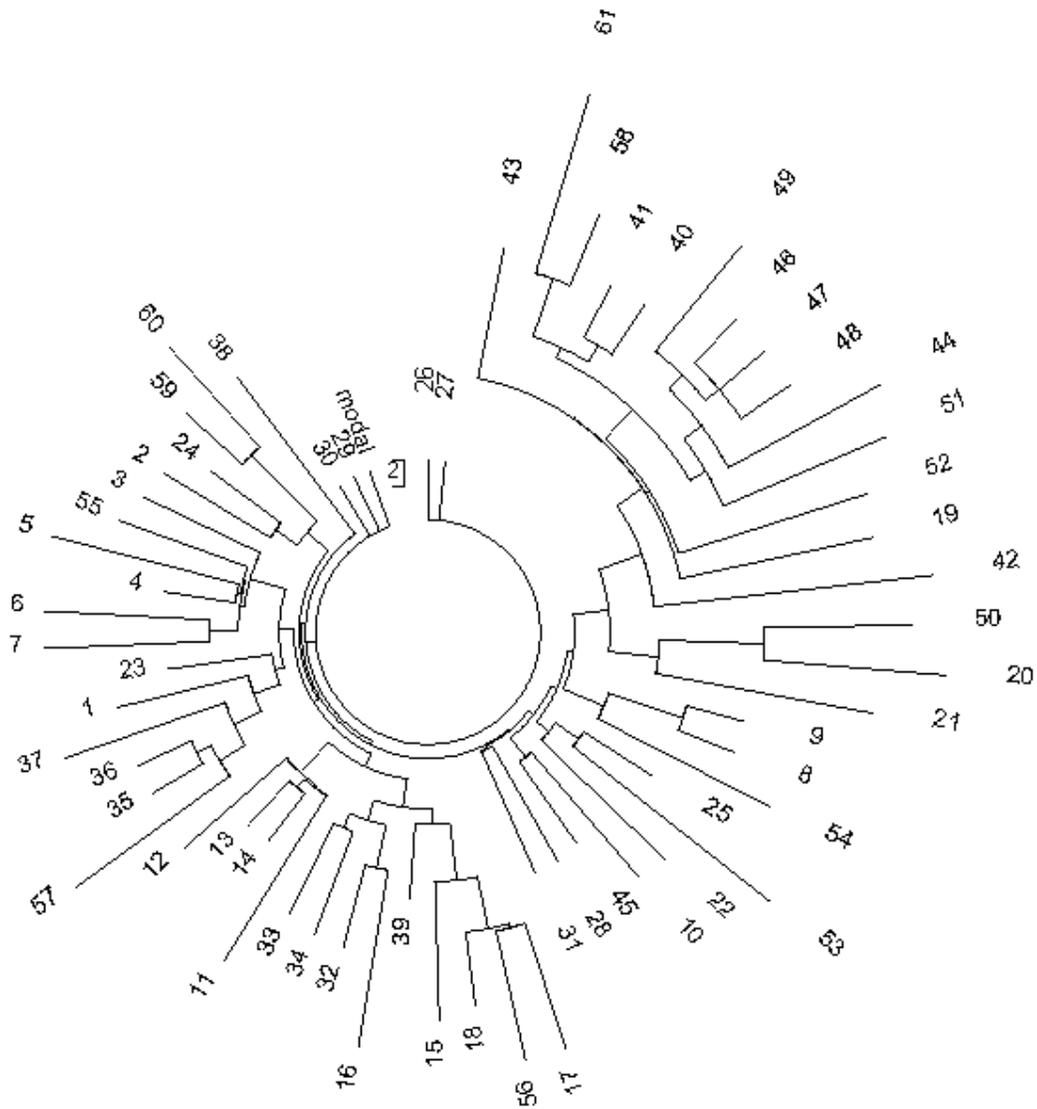


Figure 1. The J2a4b1 haplotype tree of 61 haplotypes in the 67 marker format. Most (or all) haplotypes in the tree are Jewish (by origin), mainly from Eastern Europe - Ukraine (18), Lithuania (10), Belarus (8), Poland (7), Moldova and Romania (2 in each), Germany, Czech, Hungary, Puerto Rico (1 in each), and 8 individuals were of unknown origin. 82% of them consider themselves Jewish.

It is fairly well seen that there are three principal branches in the tree. The largest branch - on the left-hand side - contains 34 haplotypes, including four base haplotypes on the top of the tree. The last four (26, 27, 29, 30) are identical to each other. The next branch of 12 haplotypes, between 43 and 52 on the upper right side, seems to be the youngest, judging from its position "at the tip" of another branch, and being rather flat. The next one, of 15 haplotypes, between 19 and 31, is on the lower right side.

If we calculate the whole tree, across all the branches, the calculations will be biased towards to largest branch. In other words, by doing that we make the largest branch "ancestral", which is not necessarily so, and therefore count all other mutations from that "ancestral" haplotype, instead to count them from their own ancestral, or base haplotypes in each branch. Clearly, the total number of counts will be elevated, which makes the phantom "common ancestral" older. How much older? - it is practically unpredictable, and depends on relative positions of the branches, their TMRCA, the number of haplotypes in each branch, etc. By silly coincidence we can even get the right number in some particular cases, but a totally wrong number in other cases. It is a kind of lottery, which, of course, cannot be recommended for calculations; however, it is a common practice in population genetics, in which all branches are disregarded, all haplotypes indiscriminately put "in a blender", and an absurd "population mutation rate constant" is employed, typically 0.00069 mutations per marker per 25 years (instead of 0.00179 for the 67 marker haplotype, or 0.002 for the 17 marker haplotype, etc), which is 2.6-2.9 times lower. In fact, that absurd "population" mutation rate constant can be applicable only in one case - when one considers a multitude of haplotypes from different haplogroups, ideally mixed together, with a common ancestor of tens of thousand years ago. In other words, it might work when the system reflects the whole of mankind. In reality nobody considers such exotic cases.

Back to the whole tree. All the 61 haplotypes have an apparent "base" haplotype as follows:

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 15 16 - 10 10 19
 22 15 12 15 17 34 36 12 9 - 10 7 15 15 8 11 10 8 11 9 0 17 17 15 10 12 12 15 8 11 22 21
 13 12 11 13 11 12 12 11

and contain 160 mutations from it. It gives $160/61/0.12 = 22$ conditional generations (of 25 years in each), or 550 ± 70 years to a "common ancestor".

The margin of error is calculated based on a number of mutations in the dataset. It is intuitively understandable that the fewer mutations in the dataset, the lower

accuracy of calculations. For example, if the dataset contains only one mutation, it could have been easily 0 or 2 mutations. Statistics is statistics. Indeed, calculations based on mathematical statistics show that 1 mutation in a dataset corresponds to $\pm 100\%$ margin of error (for one sigma calculations, that is of 68% confidence). With 10 mutations, the margin of error is $\pm 33.17\%$. Of course, those fractions in the margin of error do not have any practical sense, and the final figure should be rounded up anyway. With 100 mutations it is $\pm 14.14\%$. With 160 mutations it is $\pm 12.75\%$, hence, 550 ± 70 years. The formula for calculations of margins of error is given in (Klyosov, 2009). It assumes that the margin of error for the mutation rate constant (0.12) is $\pm 10\%$. This assumption was examined and verified many times, and it works well in general cases.

As we see, 22 generations is not those “13.7 generations” as the authors of the cited paper calculated based on their assumptions, and when they used “30 years per generation” (again, unproven and a rather arbitrary number), they received 411 ybp (years before present) for their phantom common ancestor, and 1601 CE as time when he lived. As it was commented above, it cannot be correct.

It should be said here, that 25 years per generation (rather, “conditional generation”) is not an arbitrary figure. It is not “assumed” out of the blue. It is firmly bound to the mutation rate constant of 0.12 for the 67 marker haplotypes, and calibrated that way using known documented genealogies and historical events.

Now, let us consider the branches separately.

The large, 34 haplotype branch on the left has exactly the same base haplotype as that of the whole tree:

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 15 16 - 10 10 19
 22 15 12 15 17 34 36 12 9 - 10 7 15 15 8 11 10 8 11 9 0 17 17 15 10 12 12 15 8 11 22 21
 13 12 11 13 11 12 12 11

It is quite understandable, because it is the dominating – in size – branch of the whole tree, and its alleles “overpower” other alleles in other branches.

The branch contains 70 mutations from its base haplotype. It gives $70/34/0.12 = 17$ conditional generations, or 425 ± 65 years to the common ancestor.

In principle, this large branch on the left contains six smaller branches, and each one can be calculated separately the same way. However, all six branches are about the same size, 5-6 haplotypes in each, therefore their “weight” is about the same. Since there are no dominating branches there, it is correct to pull them

together into the 34-haplotype branch as it was described above. Indeed, their alleles differ from each other in a random manner. Only in case of dominating branches and/or non-random distribution of alleles the branches should be separated.

This is what happens with the right-hand branch of 27 haplotypes. It clearly splits into two distinctly separate branches, which differ in three markers, as shown below with their two base haplotypes:

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 **16** 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9 - 10 7 15 15 8 11 10 8 11 9 0 17 17 **14** 10 12 12 15 8 11 22 21
14 12 11 13 11 12 12 11

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 15 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9 - 10 7 15 15 8 11 10 8 11 9 0 17 17 15 10 12 12 15 8 11 22 21
13 12 11 13 11 12 12 11

The upper branch on the right-hand side in Fig. 1 contains 22 mutations, which gives $22/12/0.12 = 15$ generations, or 375 ± 90 years to a common ancestor.

The lower branch on the right-hand side contains 43 mutations, which gives $43/15/0.12 = 24$ generations, or 600 ± 110 years to a common ancestor.

As a result, we have three base haplotypes, which differ from each other by only 3 mutations, which gives $3/3/0.12 = 8$ generations, or 200 years, which is a distance of their common ancestor from their average timespan from present time, which is $(425+375+600)/3 = 467$ years. Therefore, a common ancestor of all three branches, that is of the whole tree, lived 667 years ago, or around 1345 CE, in the middle of the 14th century.

This is VERY typical for Ashkenazi Jews in Eastern Europe, since the middle of the 14th century was the time of the Black Plague, and the Jews there (of course) were to blame and to be killed, which sadly, happened *en mass*. Some survivors fled to Eastern Europe, and set new DNA-lineages. That is how a series of Jewish lineages has appeared in Eastern Europe with the TMRCA around 650 ybp, in different haplogroups and subclades alike. That is how DNA genealogy opens up historical pictures, and helps folks to find their stories.

Now, one can see that the overall calculation of the whole tree gave 550 ± 70 years to a "common ancestor", instead of the more correct figure of about 667 years. This incorrectness is a price one pays for "quick and dirty" calculations.

I can only add that among those 61 haplotypes were individuals with surnames such as Levy, Levine, Kaplan, Caplan, of which the first two might be related to the Levites, and the last two - to the Kohanim. Obviously, in this "family" with a rather recent common ancestor they are mixed together.

Let us move to the second dataset of 191 haplotypes of J2a4b1 subclade. Those are commented on by the sender as the "Levite haplotypes". The haplotype tree is as follows (Fig. 2).

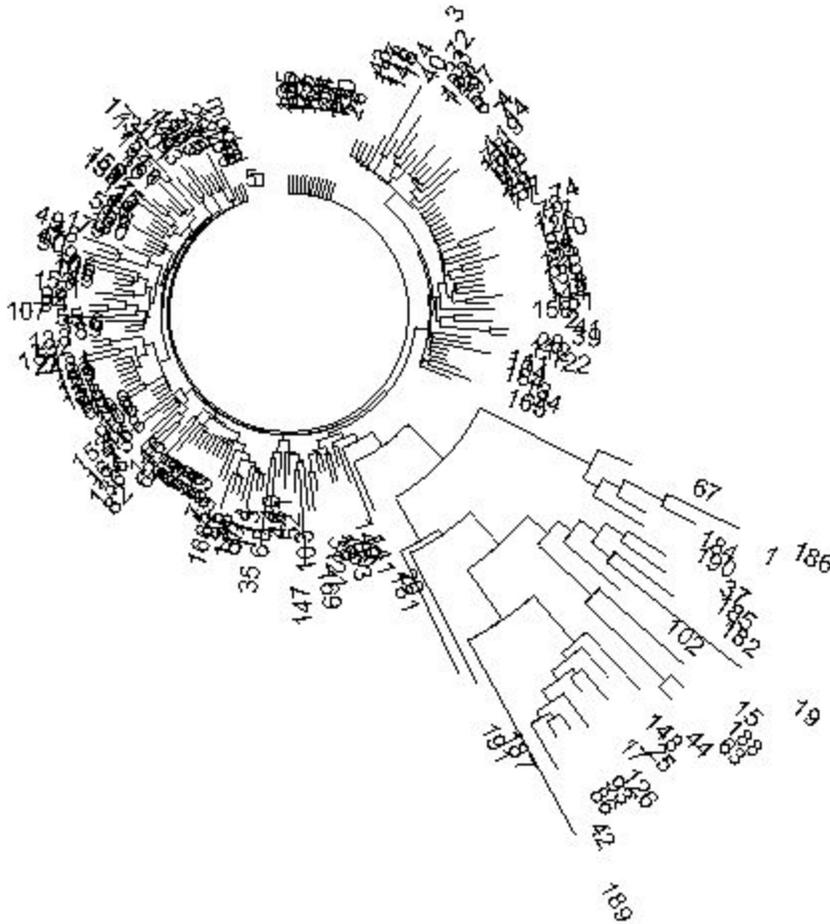


Figure 2. The J2a4b1 haplotype tree of 191 haplotypes in the 37 marker format. Most (or all) haplotypes in the tree are Jewish (by origin), and were commented on by the sender as the "Levite haplotypes".

The left-hand side consists of 105 haplotypes, including 14 base haplotypes on the top of the tree, plus a small branch of 6 haplotypes at the bottom of the tree, adjacent to the shoot-off branch at 5 o'clock. This last one is clearly descended from an ancient common ancestor. The base haplotype of the 105-haplotype branch is as follows:

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 15 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9

It is exactly as their base haplotype on the top of the tree, and it is exactly as the base haplotype in the 34-haplotype and the 15-haplotype branches in Fig. 1 above (the left-hand side branch and the lower branch on the right-hand side), of the 61 haplotype dataset of the Eastern European Jewish haplotypes. In other words, these two haplotype datasets, in Fig. 1 and Fig. 2 (the left-hand side branch) are the same Jewish family. In the 61 haplotype dataset these two branches (with the same base haplotype) have common ancestors who lived 425 ± 65 and 600 ± 110 years ago. It seems that it is the same common ancestor who lived $(70+43)/(34+15)/0.12 = 19$ generations, or 475 ± 65 years ago.

All 105 haplotypes in Fig. 2 (left branch) contain 212 mutations, which gives $212/105/0.09 = 22$ generations, or 550 ± 70 years to the common ancestor. He is the same for the all three branches in Fig. 1 and 2 within the margin of error.

The 6 haplotypes at the bottom of the tree contain only 3 mutations in 111 markers from the base haplotype

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 15 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 **35** 36 12 9

It gives $3/6/0.09 = 140\pm80$ years to their common ancestor. It is a very young branch. One mutation (marked) places the two common ancestors by $1/0.09 = 11$ generations (275 years) apart, and THEIR common ancestor lived $(275+140+550)/2 = 480$ years from the present time. Clearly, it is the same common ancestor who lived 475-550 years before present. That young branch is his descended branch.

The upper right branch of 18 haplotypes (at 1 o'clock) contains 26 mutations from its base haplotype

12 22 **15** 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 **16** 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9

which gives $26/18/0.09 = 16$ generations, or 400 ± 90 years from its common ancestor. There was no such a branch in Fig. 1, except two haplotypes (58 and 61) in the upper right corner might represent it. They both have those **15** and **16** alleles in their haplotypes. However, the similar "age" of the upper right branch in Fig. 1 (375 ± 90 years) did not bring any difference in the calculations.

The next branch of 34 haplotypes (at 2-3 o'clock) contains 45 mutations from its base haplotype:

12 22 **14** 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 **30** 13 13 16 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9

which differs by only two mutations from the preceding base haplotype. It gives $45/34/0.09 = 15$ generations, or 375 ± 70 years to its common ancestor.

Now we can calculate a timespan to a common ancestor of all the tree branches (without counting the daughter branch of 6 haplotypes at the bottom of the tree). Their base haplotypes

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 **15** 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9

12 22 **15** 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 16 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 **30** 13 13 16 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9

differ by only 2.62 mutations from each other (the allele 30 in is fact 29.62), which gives $2.62/3/0.09 = 9.7$ generations, or 240 years plus the average "age" of all the tree lineages, which is an average of 550, 400 and 375 years, or 442 years. The sum of $240+442 = 682$ years from THEIR common ancestor, or around 1330 CE. For the 61-haplotype dataset a common ancestor lived 667 years ago, or around 1345 CE, in the middle of the 14th century. Clearly, this is one and the same common ancestor for the two datasets. He was an Ashkenazi J2a4b1, who fled to Eastern Europe and set a lineage, which then split in a few lineages, albeit from the same common ancestor.

Let us move to the very distinct and a much older lineage with surnames related to Sephardic background, shown in Fig. 2 at the lower right-hand part of the tree. It consists of four sub-branches, of 5, 8, 8, and 3 haplotypes, plus one separate haplotype (number 189). It seems that they represent the parent Jewish branch of J2a4b1, which lived in Europe and which was splintered by those tragic events in Europe in the middle of the 14th century. Their base haplotypes and TMRCA are as follows:

For the upper sub-branch of 5 haplotypes with 13 mutations from the base haplotype:

13 22 14 10 12 15 11 15 11 13 11 17 - 15 9 9 11 11 26 14 21 28 13 13 15 16 - 9 10 19 22
16 12 17 16 35 36 10 9

$13/5/0.09 = 29 \rightarrow 30$ generations, or 750 ± 220 years to its common ancestor.

For the next sub-branch of 8 haplotypes with 71 mutations from the base haplotype:

12 22 14 10 12 15/16 11 15 11 13 11 17 - 16 9 9 11 11 26 14 21 32 13 13 15 15 - 10 10
19 22 16 13 17 16 35 37 10 9

$71/8/0.09 = 99 \rightarrow 110$ generations, or 2750 ± 430 years to its common ancestor.

For the next sub-branch of 8 haplotypes with 16 mutations from the base haplotype:

13 22 15 10 14 14 11 16 11 13 11 17 - 17 9 9 11 11 26 14 20 31 12 13 15 15 - 10 10 19
22 15 13 16 16 34 38 11 9

$16/8/0.09 = 22$ generations, or 550 ± 150 years to its common ancestor.

For the next sub-branch of 6 assorted haplotypes with 39 mutations from the base haplotype:

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 15/16 16 - 10 10
19 22 15 12 15 17 33 36 12 9

$39/6/0.09 = 72 \rightarrow 78$ generations, or 1950 ± 370 years to its common ancestor.

Besides, there is one "stray" haplotype (#189)

12 21 15 11 14 16 11 15 14 13 11 17 - 17 9 9 11 11 25 14 21 27 12 13 16 11 - 10 10 22
22 17 13 16 16 34 38 11 9

The first four base haplotype form a matrix with 45 mutations from the apparent base haplotype

12 22 14 10 13 15 11 15 11 13 11 17 - 15 9 9 11 11 26 14 21 31 13 13 15 15 - 10 10 19
22 16 13 17 16 35 36 10 9

It gives $45/4/0.09 = 125 \rightarrow 143$ generations, or approximately 3575 years plus the average of the "ages" of all four base haplotypes, which equals to 1500 years.

Therefore, the common ancestor of the whole shoot-out branch lived 5075 years ago.

If we also consider the “stray” haplotype, which adds 24 mutations, a common ancestor of the branch lived 5700 years ago. However, we cannot put so much weight on the stray haplotype, which does not necessarily belongs to the “Jewish” J2a4b1 branch.

Therefore, the conclusion is that a common ancestor of the Jewish J2a4b1 subclade lived about 5075 years ago, that is before the time of Abraham. They became Jews, and carried their lineage until present; however, in the middle of the 14th century, they had to flee from unjust persecution in Western and Central Europe to Eastern Europe, and a survived J2a4b1 Jew set a new lineage with the base haplotype

12 22 14 10 14 15 11 15 12 14 11 17 - 15 9 9 11 11 26 15 20 29 13 13 15 16 - 10 10 19
22 15 12 15 17 34 36 12 9

This lineage split in the course of the last 650 years to a number of descended lineages, and this is life. Today we see many descendants of those lineages, among them Levites, Cohens, and “plain” Ashkenazi. Apparently, those Levites and Cohens were “self-appointed”, according to their oral traditional, because the community needed them for smooth operation, and we cannot blame them. They were requested by the times.

The ancient shoot-off branch in the lower right hand-side is a very interesting one. It contains Sephardic surnames, and includes Cohanim and Leviim. A common ancestor of the older sub-branch lived 2750±430 years ago, that is in the time frame that could be related to the assignment of Cohanim and Leviim. In other words, it goes deep in times to about 3200 years ago within the margin of error. This is rather close to the Aaron and Moses times.

As it was explained above, the common ancestor of this branch had the following base haplotype:

12 22 14 10 12 15/16 11 15 11 13 11 17 - 16 9 9 11 11 26 14 21 32 13 13 15 15 - 10 10
19 22 16 13 17 16 35 37 10 9

The most distant haplotype in the branch (number 19) is as follows:

13 22 14 10 12 16 11 13 11 13 11 17 -- 16 9 9 11 11 25 14 21 31 14 14 15 15 -- 10 10 19
22 15 13 17 16 33 36 10 9

It differs from the base haplotype of the sub-branch by 11.5 mutations, that is $11.5/0.09 = 128 \rightarrow 147$ conditional generations, or 3675 years. This places the ancestor of haplotype #19 at approximately 3200 years before present. This is the same figure as mentioned above for the times of the assignment of Cohanim and Leviim.

This is also confirmed when haplotype number 37 in the same branch is considered (Fig. 2). It bears surname Gafanovich. This surname, according to their family history, oral tradition and archives, has the original ancestral surname knowing by Garfinkel - a Jewish Ashkanzic ornamental name, or a nickname meaning 'Carbuncle'. The name was originally derived from the Yiddish Gorfinkl, or the German Karfunkel. According to Exodus (28:17), Carbuncle is the name given for the third stone of the first row of the breastplate used by the Kohen Gadol. It represents the Tribe of Levi.

The brother branch, next to that one, is the Cohen branch. It is only 550 ± 150 years "old", however, it includes survivors, after their passing the population bottleneck. Both the last two Sephardic branches have a common ancestor who lived 4000 ± 500 years ago. Those are Abraham times.

If we compare the described above two base haplotypes, the first one is 5075 years "old"; the second one is 650 years old.

12 22 14 10 13 15 11 15 11 13 11 17 - 15 9 9 11 11 26 14 20 29 13 13 15 15 - 10 10 19
22 16 13 17 16 35 36 10 9

12 22 14 10 **14** 15 11 15 **12 14** 11 17 - 15 9 9 11 11 26 **15** 20 29 13 13 15 **16** - 10 10 19
22 **15 12 15 17 34** 36 **12** 9

Then we see 13 mutations between them, which set their common ancestor $13/0.09 = 144 \rightarrow 168$ generations, or 4200 years apart. THEIR common ancestor lived $(4200 + 5075 + 650)/2 = 4960$ years ago. This is almost exactly the "age" of the common ancestor of the shoot-off branch, which is 5075 years ago.

There were no Jews as such in those times. The Jewish J2a4b1 subclade arose from "proto-Jews", who about a thousand years later chose their religion and split from the Arabic lineage of J2a4b1 haplotypes.

ACKNOWLEDGMENT

I am indebted to the President of International Association of Kohanim, Mr. Pereira Cohen, since without his help this paper would not have appeared, to Mr. Mordechai Costa for collecting the database haplotypes, and to Susan Hedeem who helped me with preparation of this article.

References

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

ПРЕДИСЛОВИЕ РЕДАКТОРА

Я, признаюсь, неравнодушен к краниометрическим изысканиям В. А. Рыжкова, потому что продолжаю надеяться, что это даст независимые данные для ДНК-генеалогии в качестве опорных или контрольных, даже без его расчетов. Особенно, когда его счета нет (то есть почти на 100% "канонический тип" черепа), плюс есть независимая датировка. Потом, его данные часто наталкивают на размышления, что тоже полезно.

Но, к сожалению, В. А. Рыжков этим часто не ограничивается, его заносит в ДНК-генеалогию. А там у него критический взгляд часто отсутствует. После долгих дискуссий он снял датировки типа 29 ± 0.4 тысячи лет (обратите внимание на «точность» датировки, на уровне одного процента), основанные на промежуточных датах типа 12800 ± 12000 лет.

В общем, эта статья – результат множественных компромиссов. В.А. Рыжков снял многие расчеты и прочие сомнительные (на мой взгляд, но снял далеко не все) выводы, и в итоге статья опубликована. Многие спросят – а зачем? Мой ответ – а затем, что краниология, краниометрия, краниотипия – базируются на объективных данных, которые можно интерпретировать по-разному. В.А. Рыжков интерпретирует по-своему, на основании своей методологии, которая будет в будущем или подтверждена, или опровергнута, или некоторые выводы будут признаны верными, другие – нет. Именно в этом ключе я призываю читать статью В. А. Рыжкова. Как информацию к размышлению, при котором многие выводы могут оказаться верными, а многие другие – нет. Что важно – надо найти, причем обоснованно, какие выводы верные, какие – нет.

Ниже – некоторые фрагменты из моих писем В.А. Рыжкову в процессе подготовки статьи.

* * *

Общее впечатление - материал явно продвинутый, наверное - уникальный (я просто не знаком близко с другими публикациями на тему краниометрии, но в любом случае они не включают ДНК-генеалогию). Так что будем считать, что уникальный. Но именно в отношении ДНК-генеалогии у меня при чтении и редактировании возникают трудности. Они – двух категорий: (1) недостаточные пояснения в тексте, и потому непонятные, и (2) непонятно, откуда появляются такие датировки.

Обратите внимание, как излагаю материал я - привожу базовые гаплотипы, пишу, сколько было гаплотипов в серии, привожу число мутаций, затем делю - в тексте! - число мутаций на число гаплотипов (в ветви) и на константу скорости мутации, получаю число условных поколений, показываю - конкретно - какая поправка на возвратные мутации, получаю конечную цифру и привожу рассчитанную погрешность. Вопросов нет. Все совершенно прозрачно.

Далее, при наличии нескольких ветвей я привожу два или несколько базовых гаплотипов, показываю - визуально! - сколько между ними мутаций, делю их - в тексте! - на константу скорости мутации, получаю расстояние между ветвями, и показываю - в тексте - как это превратить в число лет до общего предка этих ветвей. Делаю я это для того, чтобы любой мог это воспроизвести и понять, откуда берутся эти датировки. Это - главный принцип в статьях - чтобы каждый мог понять и воспроизвести сам.

Теперь посмотрите на то, что я отметил в Вашей статье. Ничего непонятно, как получено. Иногда идут общие слова. Приведены «суперсверхмедленные» 8-маркерные гаплотипы - какие маркеры в них входят, какая принята константа скорости мутации, как велись расчеты, что за поправка на возвратные мутации введена - ничего не понятно. А датировки - большинство - тем не менее отличаются от моих, и всегда в сторону завышения.

(Примечание – в финальной версии В.А. Рыжков дал Приложение, в котором привел, какие маркеры входят в какие панели). Поэтому получается парадокс – я всё описываю, Вы не описываете, получаются существенно разные цифры, и как это воспринимать - совершенно неизвестно. Так нельзя. Вы ведь это с Вами уже не раз обсуждали. Более того, Вы приводите цифры типа 12800 ± 12000 лет, и тут же из них получаете 29000 ± 400 лет, рядом другую подобную, и их усредняете. Что эти цифры дают - сами понимаете. И вот они-то от моих отличаются, что не удивительно. Только в одном случае - M269 - Вы отметили в тексте статьи разночтение с нашими цифрами, но оно было не таким большим, но все же заметным.

Я предлагаю в этой ситуации дать Приложение к статье, в котором дать последовательные вычисления, как я описал выше. А я рядом в каждом случае дам свое вычисление. И сравним. Пусть и читатель сравнивает. По крайней мере станет яснее, в чем проблема. *(Примечание – это расчеты для сравнения я дал в этом Предисловии и в Послесловии).*

Как видите, я не ставлю заграждение перед Вашими цифрами. Это было бы

неприемлемо. Я - об обосновании цифр, и Ваших, и моих. Пора, наконец, с этим разобраться.

Подобная проблема у меня и с браминами гаплогруппы Q. В статье Sharma et all (2008), упоминающей сотни гаплотипов браминов (а именно, 621 гаплотип), гаплогруппа R1a по регионам достигает 72%. Вопросы опять нет. Гаплогруппа Q - сугубо единичные, их практически нет. Вот список по регионам - 1 чел, 1 чел, 1 чел, 3 чел, 1 чел. Это - из 621 гаплотипов. Какие там брамины гаплогруппы Q? Мало ли кто за 3500 лет из гаплогруппы Q туда, в брамины, пролез? Системы-то нет. Вы же пишете - "арийские времена", считаете времена общих предков. Причем на основании того, что кто-то это написал в проекте FTDNA, на который Вы и линк не даете, что недопустимо. Или я этот линк не нашел. Далее, пять гаплотипов Вам прислали. Опять, хоть какой-то комментарий, откуда известно, что это именно брамины. Кубарев вон пишет, что он Великий князь, тоже засчитаем за чистую монету?

(Примечание – В.А. Рыжков этот фрагмент статьи про браминов гаплогруппы Q из последнего варианта статьи снял).

А Вы дальше на этом основании уже развиваете тему про Тилака, про полярные легенды в Ведах, и про Q у браминов. Да нет у Тилака про "полярные легенды" в Ведах, как он сам подчеркивает, он это первый так прочитал, никто так (кроме Уоррена) это в Ведах не увидел. Нет там никаких "полярных легенд". Есть про зори, про гору, и про перепела Вартику в пасти волка, вот и все "полярные легенды".

(Примечание – это из статьи тоже снято В.А. Рыжковым).

Пожалуйста, будьте критичнее к тому, что Вы там местами написали. Повторяю, материал КРАЙНЕ ценный, но ценно не то, что я отметил. Давайте над ним еще поработаем. Это же Ваше детище, надо, чтобы детище было аккуратным. Не надо торопиться и его смазывать. Это и мое детище, но в другом смысле. Я хочу, чтобы краниометрия вкупе с ДНК-генеалогией заняла достойное место в науке. Давайте это хотеть вместе.

* * *

Я хочу, чтобы Вы излагали понятно. И как минимум я должен понять сам. Я, как и другие (и потенциальные последователи) не могут постоянно нырять в предыдущие публикации (как Вы полагаете, они должны делать), чтобы понять, о чем речь или расшифровать сокращения. Они просто бросят читать.

Статья до определенного уровня общего понимания должна быть самодостаточна. Никто не должен от нее нырять в ранние публикации. Именно этого я от Вас и хочу. Вы, видимо, не заметили, как много я вставил в Ваш текст расшифровок сокращений, потому что иначе – прогонять читателя.

Я уже пояснил, как я каждый раз объясняю в своих статьях, как ведутся расчеты. И я не требую от читателей, чтобы они бегали по ходу чтения в предыдущие публикации, никто этого делать не будет. Я болею за дело, и хочу, чтобы Ваш материал понимали. Но, к сожалению, Вы не даете ни констант скоростей мутаций, ни состава неких 8-маркерных гаплотипов, но пишете, что "между ними - одна мутация". Что это дает, когда нет константы скорости мутации? Что за "поправка" при этом на возвратные мутации, какая конкретно? Ничего не пояснено, потому что в статье нет констант скоростей мутаций.

(Примечание – кое-что из этого приведено, но констант скоростей мутаций все равно нет даже в окончательном варианте статьи. Есть некоторые числа, смысл которых не очень понятен).

Наши датировки легко проверяются, многократно опубликованы. Вы даете заметно другие, ни показав, почему различия. То есть Вы дискредитируете наши расчеты без пояснений, вот как это называется. Как я могу это допустить, без встречных объяснений, почему у нас получаются другие? А разные датировки давать нельзя без таких пояснений. Заметьте, я не говорю, что наши датировки верны, а Ваши неверны. Возможно, неверны наши, но это надо понять и объяснить и нам самим, и всем. Вы же это, как я понимаю, отказываетесь это делать, постоянно оспаривая необходимость этого.

Вот Вы пересчитали данные для R1b-V88, теперь они близки к нашим данным, а были далеко. То, что у Вас для U106 было 4800 лет до общего предка – было неправильно, сейчас 4250 лет - уже правильное. То же и для R1b-P312, 5400 лет - было совершенно неправильно, сейчас 4800 лет - тоже неправильно, но немного лучше. U106 и P312 должны быть примерно одинаковы, близко к 4250 лет до общего предка. U106, наконец, пришло у этому у Вас. Ну, и зачем каждый раз спорить?

То же будет, наверное, и с R1b якобы 22 тысячи лет назад. Но может, и покажете, что правильно. Ну так покажите. Зачем впустую спорить?

Остальное отмечено выше. И про браминов якобы гаплогруппы Q тоже. Не надо все пытаться охватить, когда данных почти нет. Зачем привязывать Q к ариям? Раньше Вы G2 к ариям привязывали, теперь Q. То, что датировки по единичным гаплотипам гаплогруппы Q в высших кастах Индии попали в 3000+ лет, ничего об ариях не говорит, когда гаплотипы единичные. Системы нет, понимаете? Мало ли кто где из гаплогрупп показал 3000+ лет, в Африке их сколько угодно. Тоже "арии"?

Вот в чем проблема.

Теперь по расчетам времен до общего предка. То, как Вы считаете - это безумие. Или, если в более мягкой форме, вызывает нескрываемое удивление. Технически, так считать, конечно, можно, но зачем? Это настолько искусственно, что в самом деле - зачем?

Итак, если я правильно понимаю, в Вашем варианте счета есть две особенности. Первая - Вы разбиваете 67 маркеров на семь "панелей" с разными коллективными скоростями мутаций. Вторая - разбиваете гаплотипы по странам и регионам. Это приводит к огромной матрице, в которой пошагово, лесенкой суммируются ряды "расстояний до современности", и в каждом суммировании, естественно, есть своя ошибка. Ну, и наверное, третья особенность - Вы считаете и линейным, и квадратичным методом, и усредняете. Это вообще не имеет смысла. Смысла нет, потому что если расчеты верные - то и результаты должны быть одинаковые. А если результаты разные - то там систематическая ошибка, а систематические ошибки не усредняют. Их выявляют. Нельзя суммировать градусы Цельсия и Фаренгейта, чтобы узнать «истинную температуру». Надо понять, почему цифры разные.

Главный вопрос - зачем это делать, по панелям и по странам и регионам? Почему Вам не нравится рассматривать ВСЕ 67 маркеров сразу, по субкладам и/или ветвям, и не делить по странам и регионам? Сразу упростится счет и резко уменьшится ошибка. Это именно то, что Вам нужно. Зачем Вам все остальные "шашечки"? Вам нужно выбрать либо линейный метод, либо квадратичный, а для этого надо их объективно сравнить и выбрать наиболее воспроизводимый. Если они совершенно эквивалентны, то нет смысла усреднять, как я уже отметил выше. А если один более дефектный, то усреднять тем более нельзя. Его нужно просто снять.

По порядку. Я догадываюсь, что разбивать по панелям Вам нравится, потому что у Вас иллюзия, что нельзя совместно рассматривать блоки маркеров "быстрых" и "медленных". Уверю Вас, что это именно иллюзия. Я

это проверял разными способами и с разными сериями гаплотипов из разных гаплогрупп. А Вы проверяли? Сравнивали? Не поделитесь результатами? А ведь эта разбивка по блокам только увеличивает погрешности расчетов.

Вот пример. Химические реакции происходят в результате столкновения молекул реагентов. Вы думаете, что скорости движения, энергетика молекулы одинакова? Ничего подобного. Но это все при счете усредняется, и моделируется ОДНОЙ константой скорости реакции. Никому в голову не приходит разделять молекулы по скоростям движения, и моделировать каждую категорию своей константой, а потом усреднять или суммировать. Потому что получится ровно то же самое. Потому что скорости параллельных реакций можно суммировать, как и их индивидуальные константы скоростей. То же самое в маркерах - константы скоростей по каждому маркеру - суммируются, по каждому блоку маркеров - суммируются. Поэтому для 67-маркерных гаплотипов неважно, что использовать - 0.00179 мутаций на маркер, или 0.12 мутаций на гаплотип на поколение в 25 лет. Или сумму констант для Ваших семи панелей. Если разница и будет из-за малых aberrаций, то она, эта разница, будет НАМНОГО меньше обычной погрешности счета.

Вот Вам примеры. Можно использовать все 67 маркеров (константа 0.12), а можно вынуть все 18 мультимаркерных и палиндромных маркеров, и использовать оставшиеся 49 маркеров (константа 0.080), результат будет тот же самый. Примеры приведены в Вестнике №6 за 2011 год. То же самое получается при счете по 67 (константа 0.12), и по 111 маркерам (константа 0.198). То же самое - по медленным 22 маркерам. Только в последнем случае погрешность выше (расчет более грубый), потому что мутаций меньше. Я этим специально занимался, и примеров могу привести сколько угодно.

Вторая особенность - зачем Вам разбивать гаплотипы по этносам, странам, регионам? Они, как правило, все одинаковые, если разбивать, то по СУБКЛАДАМ или ВЕТВЯМ. Например, дерево R1b-L21 прекрасно симметричное, один общий предок, туда входят все этносы, страны, регионы. Зачем столь искусственно разбивать? Пример - дерево для 1024 67-маркерных гаплотипов L21 на стр. 1145 Вестника №6 (2011) [оно приведено в Послесловии]. В них всех - 16056 мутаций от базового гаплотипа, одного для всех. Получаем $16056/1024/0.12 = 131 \rightarrow 150$ поколений, то есть 3750 ± 380 лет до общего предка. Вот и все. У Вас это заняло 4 страницы (см. Приложение) с несколькими таблицами, у меня - три строки текста. Причем все прозрачно и совершенно понятно. А Вы получили 4700 ± 1000 лет (в другом месте 4600 ± 1200 лет), то есть то же самое в пределах погрешности счета. Ну и стоит это того, чтобы строить несколько таблиц с

сотнями знаков, разбивать маркеры на семь панелей, суммировать по этносам? Вы в самом деле это серьезно? Далее, Вы произвольно ИСКЛЮЧАЕТЕ то, что Вам кажется (!) "явно занижающим" (см. Ваше Приложение). Нельзя же так.

Далее, Вы пишете, что "*В качестве примера возьмем кластер конечных ветвей современных потомков (КВСП) R1b1a2a1a1b4*-L21*,M222neg с FTDNA*". Зачем Вам это неуклюжее сокращение КВСП вместо просто "серия гаплотипов" из такого-то Проекта FTDNA? Что за "кластер конечных ветвей"? Где у Вас там "кластер"? Вы что, действительно брали "кластер", и как его определяли? Или Вы просто выписали гаплогруппы из Проекта? (кстати, даже не дали на него ссылку, и я не знал, где его искать, чтобы рассчитать самому). Откуда это - "конечные ветви"? Вы что, ветви определяли? Зачем эти мудрствования? Далее, L21* уже означает "M222neg". Кстати, эти neg принято писать L21(xM222). Вы постоянно изобретаете свои локальные сокращения и обозначения, которые давно стандартизированы. Еще можно было бы понять, если бы Вы этими введениями продвигали науку вперед, но как L21*,M222neg продвигает науку по сравнению с L21*? Или L21(xM222)?

Далее, Вы считаете квадратичным и линейным методами, и получаете в одном месте 3400 ± 250 против 3275 ± 400 лет, в другом - 3350 ± 275 против 3350 ± 175 лет. Есть разница? Зачем эти мудрствования с двойным счетом?

Далее, посмотрим на R1b-L159.2. Вот как это опубликовано у меня (Вестник 2011, №6, р. 1156-1157). В Проекте FTDNA (линк приводится в подписи к рис. 1, 4, и в тексте) есть 56 67-маркерных гаплотипов, дерево состоит из двух ветвей (рис. 6 на стр. 1157), предковой и дочерней. В предковой 40 гаплотипов, 319 мутаций от базового, что дает $319/40/0.12 = 66 \rightarrow 71$ поколений, то есть 1775 ± 200 лет до общего предка. Все прозрачно и просто.

Посмотрим у Вас. Семь панелей, в первых двух по нулям (мутаций нет), в третьей - 1800 лет до предка (так я понимаю Вашу криптографию), в четвертой - 1900 лет до предка, пятая панель - ноль, шестая - 500 лет до предка, седьмая - 5 мутаций, то есть 11500 лет до предка (так написано, как я понимаю). Дальше опять криптография, и в итоге - $T_{\text{ниж}} = 1800 \pm 200$ лет до общего предка. Как это вытекает из предыдущих цифр - ничего не понятно. Что такое $T_{\text{ниж}}$ - нигде не пояснено, во всяком случае я не нашел. Но каким-то чудесным образом совпадает с моей цифрой выше, 1775 ± 200 лет до общего предка. Вы, конечно, начнете спорить, что это не Ваша цифра с моей совпала, а наоборот, но это не имеет никакого значения. Моя - раньше опубликована. Вот эти бессмысленные споры и занимают огромное время, и ведут в никуда.

И что дальше? А дальше - что это "для родительского L21 даёт 5-ое расстояние от современности как $1.25+1.8 = 3.05$ тлн (что выглядит явно заниженным)". Что, почему, как это? Что за 5-е расстояние от современности? И - замечательное заключение - "Если из расчета возраста L21 исключить кластер ... L159.2, как явно занижающих 5-ое временное расстояние L21 от современности (3.05 тлн), то возраст L21 будет 5.25 ± 0.25 тлн".

Как так можно?

В общем, с расчетами для меня несколько прояснилось.

Замечу, что некоторые Ваши положения разумны, но я против них и не выступал. Некоторые мои замечания Вами, видимо, просто не поняты. Для дипломатической симметрии замечу, что некоторые Ваши ответы, вполне возможно, не поняты мной.

Вы на самом деле просто уходите от построения деревьев гаплотипов, потому придумываете многоярусные подходы. Если в каком-то регионе базовый гаплотип действительно другой, так он даст отдельную ветвь на дереве гаплотипов, и этим обнаружится. Тогда его и нужно анализировать отдельно. Вы же, как принято у популяристов, нарезаете в лапшу нормальное дерево, видя в каждой другой аллели отдельный "базовый гаплотип". Это вовсе не обязательно, потому-то я и применяю логарифмический метод, чтобы выявить отдельные базовые гаплотипы и отдельных общих предков. Но в принципе это обычно видно из дерева.

На самом деле другая аллель в Испании или где там - это вовсе не обязательно отдельный общий предок. Это обычно один и тот же общий предок, в данном случае в Испании или в том регионе. Дерево гаплотипов это тут же показывает. Простая аналогия - если Вы живете в доме с сыном, а Ваш родной брат - в соседнем доме с сыном, отцом, бабушкой и прабабушкой, то у вас всех общий предок все равно один и тот же. Просто Вы с сыном - более молодая часть дерева. Для этого не нужно разбивать анализ общего дерева на две части и считать ваши две семьи как «отдельные кластеры». Так вот, в соседнем доме "Испания", а у Вас - "Ирландия". А дерево одно. Так его дерево гаплотипов и покажет, что нет никаких отдельных ветвей. Даже если у Вас - сдвинутая на единицу аллель по сравнению с братом или отцом. И вот эти сдвинутые аллели Вы считаете раздельно, тем самым якобы удревняя дерево, что неверно. Я в этом у Вас не разбирался, но похоже, именно так и есть. Поэтому у Вас и большинство датировок завышенные.

А надо просто строить дерево без всех этих лишних премудростей, без усложнения системы и без ввода дополнительных погрешностей. А Вы их вводите все равно, хоть и оспариваете.

Подчеркиваю еще раз – расчет серий гаплотипов можно вести разными способами. Но эти способы должны непременно включать разделение серии гаплотипов на ветви, каждая из которых имеет своего общего предка, и, соответственно, свой базовый гаплотип. Но Вы это делаете «на глаз», без построения деревьев, «вручную». Это неминуемо ведет к систематическим ошибкам, что у Вас, видимо, и происходит. Сейчас не время и не место заниматься детальным анализом, насколько велики Ваши систематические ошибки. А что они есть – сомневаться не приходится. Вы по меньшей мере на порядок увеличиваете сложность расчетов, и, соответственно, трудозатраты расчетов, и все только потому, что не хотите (точнее, не умеете) строить деревья гаплотипов, и не хотите этому научиться.

В общем, у вас есть варианты - либо внести дополнительные коррективы по расчетам, либо ими пренебречь, и оставить все, как есть. Выбор Ваш.

(Примечание – В.А. Рыжков выбрал последний вариант, и оставил все расчеты и многие положения как есть. Его право. Но мое право как редактора – написать это Введение, что я и делаю. В тех местах, где В.А. Рыжков оставил мои замечания без ответа, я отметил их желтым цветом и дал дополнительное «Прим. редактора». Опять же – это было его право и мое право).

Чтобы не сложилось впечатление, что я навязываю В.А. Рыжкову свое личное мнение, я направил статью ниже на отзыв И.Л. Рожанскому. Ниже – его рецензия и общие впечатления и соображения.

Анатолий А. Клёсов

Соображения по статье В.А. Рыжкова

И.Л. Рожанский

Честно говоря, интерес к изысканиям Рыжкова у меня пропал после того, как посмотрел его статью о скоростях мутаций в молгеновском RJGG, которая строится на графиках, пример которого дан ниже. Он на полном серьезе обсуждает аппроксимации, подобные той, что в статье в этом выпуске Вестника. А, главное, на таких взятых с потолка осцилляциях

строится вся модель. Боюсь, что спектральное разложение краниологических измерений - из той же оперы. То есть, модель в своей основе отгалкивается от принципиально неверифицируемых постулатов типа "солнечного шейпинга", и даже привлечение датировок ДНК-генеалогии ее не спасает. Схоластика, иными словами, пусть и облеченная в наукообразную форму.

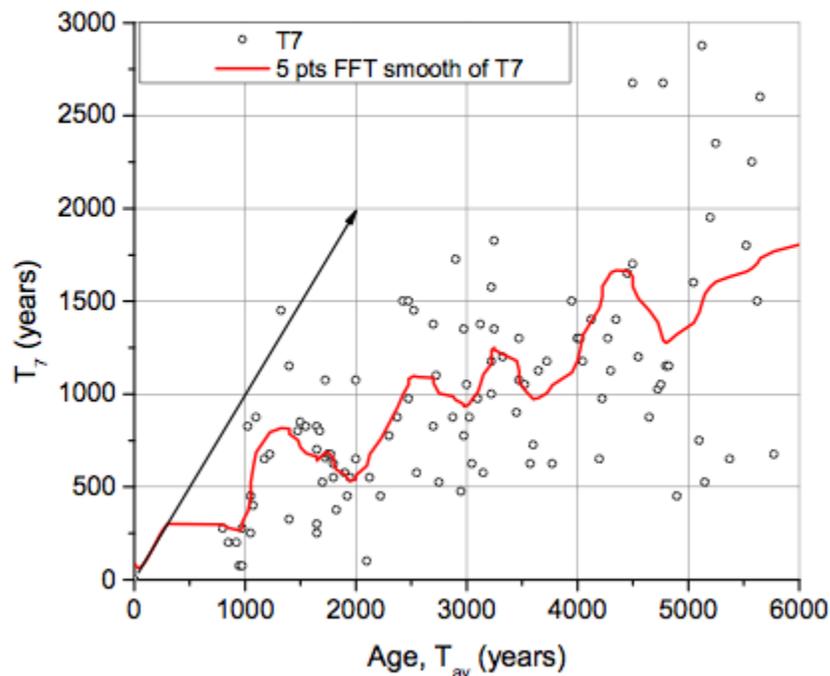


Рисунок 7. Зависимость датировок по CDY_{a,b} (панель №7) от усредненного возраста образцов: стрелкой показана идеальная линейная зависимость.

Лично меня поражает то, что в подобных статьях напрочь отсутствует понимание физического смысла предлагаемых моделей. Я, конечно, не математик, но что такое обратная спектральная задача, представление имею еще со студенческих лет. Подход В.А. Рыжкова по сути - один из вариантов ее решения. Причем такой, в котором отсутствуют какие-либо критерии того, что это решение оптимально. О том, что оно единственно, и речи быть не может - в таких многопараметрических задачах по определению должен быть целый набор решений. Любой грамотный физик или инженер должен это понимать на уровне подсознания, и свои выводы обосновывать с позиций того, что его решение - наилучшее из

нескольких (многих). В статье, приведенной ниже, во всех построениях это понимание отсутствует – там все наперед задано без каких-либо вариантов, и решение считается единственным. Или я не увидел такого понимания из-за чрезвычайно мутного стиля изложения.

Если перейти конкретно к краниологической модели, то в ней, насколько понимаю, задействовано 5 экспериментально измеряемых параметров. В простейшем варианте теории возмущений первого порядка такой набор можно описать путем нахождения собственных значений симметричной матрицы 5×5 , в которой имеется 15 отличных друг от друга коэффициентов – 5 диагональных, которые условно можно назвать базовыми значениями, и 10 недиагональных, что задают отклонения измеряемых величин от базовых. При этом диагональные элементы считаются переменными величинами, а недиагональные – константами. Задача спектрального разложения в такой формулировке сводится к нахождению диагональных элементов матрицы в виде линейной комбинации от разных базовых краниотипов.

В тривиальном варианте все недиагональные коэффициенты считаются нулями, и задача сводится к решению системы линейных уравнений, в которой в качестве переменных служат проценты вклада n -го базового кранотипа, а значения базовых кранотипов выступают в роли коэффициентов, которые также требуется найти. В статье предлагается именно такой, линейный, вариант. При достаточно большом наборе экспериментальных данных (коллекция Хауэлла вполне для этого подходит) все искомые величины, в идеале, можно извлечь, но в реальности оказывается, что в таких "рыхлых" системах решения, как правило, страдают неустойчивостью. То есть, при малой вариации какого-либо из базовых значений (или их количества, например) решения (т.е. проценты вкладов) получаются радикально другими. В случае глобального или достаточно глубокого локального минимума такого быть не должно. Не знаю, знаком ли автор с такой особенностью обратных задач, но без анализа на устойчивость решений все выводы просто не имеют смысла. Это примерно то же самое, что в прогнозе погоды указывать количество осадков с точностью до миллиметра, но умолчать, что неизвестно, будет ли завтра дождь вообще.

Честно говоря, я не знаю как проводить такой анализ, и, наверное, не я один. В обширной литературе по краниометрии никто особенно не делает попыток разложить краниотипы на составляющие, а в ход идут стандартные статистические методы – нахождение средних значений и дисперсий в сериях, с последующим построением корреляционных диаграмм по принципиальным компонентам. Это те же самые подходы, что

используются в популяционной генетике, что вполне закономерно. Законы, управляющие распределением аутосомных маркеров и кранотипов в пределах одной популяции - одни и те же. И там, и там временная составляющая отсутствует.

Ситуацию осложняет еще и то, что линейная модель в таких сериях не работает, поскольку краниометрические показатели, как правило, коррелируют друг с другом в той или иной мере. То есть, недиагональные элементы не равны нулю, и решать надо уже систему квадратных уравнений, что, кажется, до сих пор проблема для вычислительной математики. Соответственно, все проблемы с устойчивостью и единственностью решения также следует возвести в квадрат. Предположение, что выбранные автором 5 показателей независимы (что эквивалентно линейной модели), постулируются без доказательства.

В общем, в том состоянии, как в статьях, эта модель оказывается совершенно неинформативной - ни один из ее выводов нельзя ни доказать независимым методом, ни опровергнуть. Она живет сама по себе, в отрыве от реальности.

Правда, потенциал в таком подходе все же есть, но он лежит совсем в другой плоскости. Дело в том, что в отличие от "классической" популяционной генетики (не испорченной попытками заменить собой ДНК-генеалогию), время все же присутствует в краниологических сериях в неявном виде - как датировки ископаемых черепов. Это отличает кранотипы от гено- или гаплотипов, для которых нет данных по ископаемой ДНК в столь большом объеме. Сейчас их исследуют точно теми же статистическими методами, в которых отсутствует время как параметр. Было бы заманчиво его ввести, но пока неясно, как это сделать по тем причинам, что изложены выше. Насколько мне известно, в этом плане большой прогресс был в исследовании зубов. Может быть, позаимствовать что-то оттуда?

Исходные расовые кранотипы выборок черепов в коллекции Хауэллса и их корреляции с гаплогруппами.

Часть II. Американды, эскимосы и европейцы

Владислав А. Рыжков

РЕЗЮМЕ

Показано, что анализ спектров расовых маркеров краниальных выборок выглядит очень полезным инструментом краниометрии и ДНК-генеалогии в целом. В отличие от прямого представления по выражению амальгамы (что есть продукт «сплавления» исходных предковых популяций), «спектральный анализ» определяет кранотипы непосредственных предков исследуемой популяции, а не дает широкий спектр идей о возможных предках, включая очень отдаленных по времени. Вклады кранотипов двух предков в кранотип популяции, определяемые по спектрам расовых маркеров, находятся в примерно равных пропорциях, т.е. 50% на 50% – как и полагается при наследовании потомком своим родителям, что дает подсказку для отбора наиболее близких предков при их простом представлении через выражение по формуле амальгамы.

Анализ спектров расовых маркеров позволяет оценить динамику сплавления, отмечая более ранние и более поздние амальгамы, а также позволяя оценить момент начала сплавления. Кроме того, кранотипы найденных амальгам позволяют определить возможных самостоятельных расовых игроков на исследуемой исторической арене.

Показано, что предки выборки черепов перуанских Яуё коллекции Хауллса (КХ) выглядят общими предками американдов и в северной Америке, но не для эскимосов. Показано, что предки Яуё могли быть предками людей Солютра, что может означать смешение волн кланов С3+ и Q1a3a+ в Европе и их приход в Америку из Солютра через Русскую равнину и Сибирь.

Показано, что волна эскимосского вторжения в Америку и далее в Гренландию вероятнее всего началась около 10 тлн из Передней Азии через Кавказ на Русскую равнину и далее на её север (10-9 тлн), откуда часть на запад – в Скандинавию и север континента, включая Острова, а другая – Сибирь, откуда в Берингию и на Алтай/Саяны и Среднюю Азию. Показано, что эскимойды Гумугоу могут быть предками саков Казахстана, Шакья (саков) Индии и сако-скифов Алтая. Последние порождают кочевых скифов Русской и Венгерской равнин.

Показано, что исходные равнинно-прибрежные европейские кранотипы уже с верхнего палеолита выглядят эскимойдными. С другой стороны, исходным горно-лесным кранотипом в Европе был папуасоидный П2, который лишь к моменту появления субкладов R1 (23±2 тлн), т.е. незадолго до начала максимального оледенения, испытал сильные дрейфы в сторону

неоевропеоидного кранотипа. Последний, в итоге, является единственным европейским базовым горно-лесным кранотипом, обнаруживая маргинальность (то есть невыводимость из кранотипов предков клана) по ВЛУ (верхне-лицевой указатель), СКУ (скуластости) и ОШО (относительная ширина орбит). Показано, что доли неоевропеидного кранотипа и производного от него ариоидного (кланы R1 → R1a, R1b) кранотипа в Европе коррелируют с кластерами R1a+R1b и даже лучше с кластерами их вероятных мито-партнерш в лице мт-Н(V).

1. Исходные кранотипы у америндов и эскимосов

Таблица 1

Расовые кранотипы предков популяций КХ (из Коллекции Хауэллса) в Америке и Гренландии

	влу	Ску	ошо	ошн	шно	Примечание
Схул-Кавз.	51.5	95	33	22.7	68.8	смесь ЛСТ (людей современного типа) с архантропами
Рд1	41.5	97.5	28.5	17.6	61.75	
Р1 Сан	41.8	94	28.6	17.6	61.5	96±9% Р1 австрал. /4% П2 94±11%Рд1/6%Рд2, 93±12%Рд1/6%П2
П1, папуа-Соид	45	96.5	29	17.7	61.03	90±11%Рд1/10%Рд2 (П2), 89±13% Р1 Сан / 11% Схул-Кавзех
С2Л	44.28	97	28.42	16.52	58.14	базовый глобальный
АзП1	44	97	26	16.5	63.46	базовый восточно-азиатский
Авары	53.62	91.69	26.81	18.84	70.27	51±31% АзП1/49%П2
Р1 Эскимо	48.4	97.4	28.8	14.6	50.7	базовый лаппо-эскимид
Р1 Яуё	44.44	95.45	27.3	15.8	57.87	92±12%С2Л/8% авары
Р1 Арикара	46.33	97.3	27.2	16.5	60.6	81±1% Р1 Яуё /19% лап.Караваихи
Р1 СтКруз	45.83	96.11	27.7	15.4	55.6	87±8%Р1 Яуё Перу /13%ПЕ-МД
СВГ	49.93	89.49	28.78	17.91	62.24	33±10% С2Л + 33% авары+ 17% И7 /17% Н.Е.
И7, евроз.	47.02	94.43	30.66	16.23	52.92	80±12% Р1 эским. КХ / 20% Р2 эским.КХ
МД, европ.	50.57	93.98	29.67	15.85	53.41	73±5% Р1 Эскимо / 27% Р2 Эскимо
РНД, евро.	48.26	92.84	27.78	15.28	55.05	66±32% Р1 эским. КХ/ 34% авары
Рд2	54	84	33	24.75	75	
Р2 Сан	53	84	33	24.75	75	~100%Рд2, исходный по отношению к П2?
П2, папуас.	54	85	32	24	75	П2= 89±15% Р2 Сан/ 11% Схул-Кавзех
Н.Е.	61.6	75	36.8	23.2	63	базовый горно-лесной неоевропеоидный
Р2 Эскимо	56.6	87.6	32	20	62.5	84±6% НСК /16% Н.Е., 57±9% Волошс./43% ЛНРР
Р2 Яуё	55.34	86.75	30	21.3	71	72±20% авары/ 28%Н.Е., 72±23% НЮК/ 28%П2
Р2 Арикара	54.75	89.17	30.3	21.3	70.3	88±13% Р2 Яуё /12%ПЕ-МД
Р2 СтКруз	54.31	89.3	30.6	20.3	66.34	75±6% Р2 Яуё Перу/25% ПЕ-МД, 69±13%авары/31% Волошское

Эскимосы Гренландии и америнды Арикара, Санта Круз и Яуёи из Перу – классические выборки коллекции Хауэллса. Точные мито-ДНК и Y-хромосомные составы у америндов Арикары, Санта Круза и Перу не известны, как неизвестны и датировки захоронений этих черепов. У

американцы могут превалировать мито-первой волны – 60-70% мт-М и мт-Н с кластером мито-ДНК второй волны (B_R) около 30-40%. У эскимосов Гренландии мито-линии первой волны в лице мт-А_N могут составлять около 100%, а состав Y-хромосомных линий может быть следующим: 3.5%С+2.5%Р-90%Q-4%R1. Данные по составу Q1+ у эскимосов Сибири хорошо представлены Харьковским в [25].

1.1 Американы Америки

Для всех 3-х популяций американцев КХ в качестве исходных предков подходят предки перуанских Яуё. Американы Яуё и Арикара из предков Эскимосов КХ-54 не производятся, тогда как американцы Санта Круза производятся, но неудовлетворительно 50±30%. Эта условная производность может предполагать примесь эскимоидного кранотипа у американцев Санта Круз.

1.1.1 Перуанские американцы Яууо КХ-55

Результаты анализа спектров расовых маркеров перуанских Яуё КХ-55 (Яууо) представлены в табл.2.

Таблица 2

	влу	Ску	ошо	ошн	шно	среднее	Примеч., T _{зах} , лет
Яуё КХ-42	50.26	91.56	28.37	18.71	66.08	50±9%P1/50%P2 = 61±6% авары+ 32% С2Л + 7% Н.Е. vs 63±23%С2Л/ 37%P2, 60±15%АзП1/40%P2	
амал.-1	48.72	92.51	27.7	18	65	64±14%P1/ 36% P2, ~ 96±8%юж.Маори / 4% P2	
доля1,%	53	52.7	34.5	36.4	61.8	48±12%	
SD1n	3.05	0.95	1.24	1.8	3.71	2.15±1.19	900±500 лет до захоронения
амал.-2	52.5	89.6	28.3	19.7	69.6	32±19%P1/68%P2, ~87±18% сев.японцы /13% P2	
доля2,%	38	29.1	40	43.6	21.8	34.5±9%	
SD2n	2.5	0.88	1.35	2.46	1.7	1.78±0.7	750±300 лет до захоронения
P1 Яуё	44.44	95.45	27.3	15.8	57.87	92±12%С2Л/8% авары	
доля3,%	4	10.9	10.9	10.9	9.1	9±3%	
SD3n	0	1.17	0.99	3.9	6.72	2.56±2.7	1075±1150 лет до захоронения
P2 Яуё	55.34	86.75	30	21.3	71	72±20% авары/ 28% Н.Е., 72±23% НИОК/ 28%P2	
доля4,%	5	7.3	14.5	9.1	7.3	8.5±3.5%	
SD4n	0.89	1.36	1.31	2.19	1.97	1.54±0.53	650±225 лет до захоронения
сев.япон.	52.32	89.04	29.22	19.11	65.45	45%С2Л+8%АзП1+2%СВГ/27%P2+18% Н.Е.	
юж.Маори	49.35	92.17	29.03	18.15	62.62	66±2.3% сев. Маори /34% МД	

Оба предка перуанских Яуё КХ-55 выглядят исходными для соответствующих предков америндов Северной Америки – в лице Арикары и Санта Круза (Калифорния), тогда как маршруты америндов из Сибири в Америку предполагают обратное – исходность северо-американских америндов по отношению к южно-американским. Резонно предположить, что добавки у северо-американских америндов Арикары и Санта-Круза поздние, а исходные кранотипы америндов Америк были близки или идентичны таковым у равнинно-прибрежного и горно-лесного предков Яуё КХ-55 Перу.

Кранотип предка Р1 перуанских Яуё довольно хорошо ($\pm 12\%$) определяется базовыми кранотипами азиатов - С2Л (92%) и авар (8%), т.е. исходно, видимо, относится в основном на кланы С3+. Кранотип центрально-азиатских авар хоть и выглядит базовым (маргинальным) по ОШО, но допускает грубое представление через примерно равные пропорции исходного равнинно-прибрежного азиатского АзП1 ($51\pm 31\%$) и горно-лесного папуасоидного П2 (49%), т.е. по сути может оказаться смесью двух разных миграционных потоков, в котором папуасоид П2 представляет кланы К(xLT) в лице потомков LT, MS, NO и P (\rightarrow Q,R), а АзП1 может представлять и С+ и NO.

Кранотип предка Р2 Яуё лишь удовлетворительно ($\pm 20\%$) определяется аварами (С3+) с добавкой неоевропеоидов, исходная клановая принадлежность которых может относиться на кланы Р+. В целом, примерная формула кранотипа перуанских Яуё как 61% авары + 32% С2Л + 7% Н.Е. \approx 31% АзП1 + 32% С2Л / 30% П2 + 7% Н.Е. оставляет на кранотипы кланов Р+ (Р*, Q1a3, R1) около 37% и, возможно, часть от 31% АзП1, т.е. около 50%.

Идея представления Р2 Яуё через 72% кластер НЮК (неолит южного Китая) и 28% долю П2 (Р+) увеличивает долю подходящего исходного кранотипа для клана Q+ и его исходной мито-партнерши мт-Х2 до 51% (как сумма 23% Н.Е. + 28% П2).

Р2 Яуё КХ-55 (5) = $72\pm 23\%$ НЮК / 28% П2 = 40% авары + 9% С2Л / 23% Н.Е. + 28% П2,
 т.к. **НЮК, 6-5 тлн (5) = $64\pm 18.5\%$ шумеры Убэйда / 36% авары**
Шумеры Убэйда (6) = $50\pm 7.5\%$ Н.Е. / 30% авары + 20% С2Л

Кранотип амальгамы-1 перуанских Яуё дает идею формирования кранотипа южных Маори, совпадая с ним на 96%, что может относиться на родственность по клану С, а вернее, для америндов – на родственность в

части женских линий клана С, которые у них преобладают. Тут есть возможность для спекуляций о частичном проникновении пра-американских кланов в Америку «полинезийским маршрутом», т.е. по Тихому океану. Но для таких спекуляций нужны хорошо представленные кранотипы Маори и других полинезийцев, а также кранотипы американцев Южной Америки.

Кранотип амальгамы-2 Яуё даёт альтернативную идею формирования кранотипа северных японцев, у которых мажорная амальгама по кранотипу примерно идентична кранотипу всей выборки перуанских Яуё.

1.1.2 Американцы Арикара КХ-42

Разложение кранотипа Арикары по выражению амальгамы в числе наиболее вероятных предков указывает на бурят КХ (93%) с добавкой айну (7%), т.е. на тех, кто связан на генезис японцев периода Яёй и северных японцев, соответственно. Если учесть параллели перуанских Яуё с северными японцами и Маори, то ситуация с генезисом популяций Тихого океана и Америки становится намного интересней, чем выглядит по спектрам расовых маркеров. Очевидно, что нужно привлечение намного большего числа выборок из этого региона. А пока будем довольствоваться тем, что получается по коллекции Хауэллса.

Анализ спектров расовых маркеров (табл. 3) указывает на производность предков Арикары от предков Яуё за счет примесей поздней волны вторжения в Америку, которую можно отнести на счет пра-эскимосов.

Таблица 3

Расовые компоненты американцев Арикара КХ-42

	влу	ску	ошо	ошн	шно	Среднее	Примеч., T _{зах} лет
Арикара КХ-42	50.91	93.82	28.81	19.25	66.84	46±8% P1/54% P2, 59±10% авары+ 32% C2Л / 9% Н.Е., 69±24% П1 / 31% П2, 61±22% C2Л / 39% П2, 59±17% АзП1/41% П2, 93±10% буряты / 7% айну	
амал.-1	48.5	94.47	28.6	18.2	63.63	66±7% P1 / 34% P2, 66±13% Солотр / 34% C2Л, 74±16% сум. Маори / 26% C2Л	
доля1,%	16.7	52.4	47.6	42.9	21.4	36±16%	
SD1n	0.98	1.08	1.11	2	1.38	1.31±0.41	550±175 лет до захоронения
амал.-2	51.19	91.62	29.2	19.8	67.8	33±6% P1 / 67% P2, 94±7% Солотр / 6% Волошское	
доля2,%	61.9	21.4	23.8	26.2	50	36.5±18%	
SD2n	2.09	0.54	0.53	1.61	2.64	1.48±0.94	625±400 лет
P1 Ар.	46.33	97.3	27.2	16.5	60.6	81±1% P1 Яуё / 19% лап. Каравайхи, 90±10% C2Л / 10% авары	
доля3,%	7.1	16.7	14.3	7.1	11.9	11.5±4%	

SD3n	1.2	0.58	1.23	2.13	1.72	1.37±0.59	575±250 лет
P2 Ар.	54.75	89.17	30.3	21.3	70.3	88±13% P2 Яуё /12%МД, 76±22% авары / 24%Н.Е.	
доля4,%	14.3	9.5	14.3	23.8	16.7	15.7±5%	
SD4n	2.06	1.59	3.21	2.12	1.44	2.08±0.69 875±300 лет	
P1 Яуё	44.44	95.45	27.3	15.8	57.87	92±12%С2Л/8% авары	
P2 Яуё	55.34	86.75	30	21.3	71	72±20% авары/ 28%Н.Е.	
Маори	48.83	91.77	29.07	18.84	64.88	51±4.5% С2Л +22% авары /27% П2	
Солютр	49.3	91.49	28.82	19.1	66.27	46±9% P1 Яуё /54% P2 Яуё	
л.Карав.	47	97.2	27.6	19.7	71.4	76±22% P1 бурят КХ /24% P2 тасманцев КХ	

Так, предок P1 Арикары с отличной точностью ($\pm 1\%$) представляется количественной долей P1 Яуё и добавкой 19% доли крайне специфических «лапшаноидов» Караваихи «лапшаноидного неолита Русской равнины» (по средним мерам Т.И.Алексеевой [30]). Как мы видели выше, для представления предка P2 бурят также НЕОБХОДИМО участие специфического кранотипа Караваихи, который лучше всего определяется по выражению амальгамы через количественную долю P1 бурят КХ и 24% добавку P2 тасманцев КХ:

Лапшаноиды **Караваихи** (5) = 76±22% P1 бурят КХ /24% P2 тасманцев КХ

Поскольку предок P1 бурят в основном может относиться на счет кланов С3+/DE+ С4, а предок P2 тасманцев на счет потомков кланов К(хLT), то можно предположить, что кранотип лапшаноидов Караваихи на три четверти может определяться кланами С3+, а на четверть - потомками клана К(хLT), т.е. NO ($\rightarrow N1?$), P ($\rightarrow Q, R1?$), а потому исходно равнинно-прибрежный предок P1 Арикары, видимо, определялся кланами С3+ (и/или их мито-гаплогруппами).

Отметим, что участие специфического кранотипа Караваихи необходимо для ряда кранотипов, где кланы С3+ (и N1+, Q1+) предполагаются по ископаемой мито-ДНК - например, Синташты Приуралья, андроновцев Верхнего Приобья, или неолитических популяций Европы как, например, популяции Лендъел:

Сумма 3-х популяций Лендъел, 6.9-5.4 тлн (6) =
81±11% Винча-Гомолава/ 19% лапшаноиды Караваихи,
61±13% ариоиды / 39% лапшаноиды Караваихи

Лендъел Moragy-B1, 8/11 (6) = 76±18% эталон КНК / 24% лапшаноиды Караваихи,
66±19% ариоиды / 34% лапшаноиды Караваихи

Предок P2 Арикары на 88% наследует предку P2 Яуё - через минорную добавку европейского эскимоида МД (мезолит Дании - см. далее).

Амальгамы Арикары по составу предков взаимополярны: первая определяется на две трети равнинно-прибрежным предком, а вторая – наоборот, на две трети определяется горно-лесным предком. Амальгама-1 несет идею формирования кранотипа Маори (кланы С+?) – как и у перуанских Яуё.

Амальгама-2 представляет идею формирования кранотипа **Солютра** почти в чистом виде (94%) и с хорошей точностью.

О возможной праамериканской природе Солютра. Интересно посмотреть на кранотип Солютра (по мерам 3-х черепов из [29]) в свете гипотезы «Солютр-Кловис» [31a,b]. Вторая амальгама кранотипа Арикары КХ несет американскую идею формирования кранотипа Солютра, но минус минорная часть кранотипа Волошского. Вычитание кранотипа не имеет «физического» смысла, поэтому через предков Арикары Солютр представляется лишь неплохо ($\pm 13\%$). Однако, через предков Яуё кранотип Солютра представляется хорошо ($\pm 9\%$):

Солютр, 20-19 тлн (5) = $46\pm 9\%$ P1 Яуё / 54% P2 Яуё,
 $46\pm 13\%$ P1 Арикара / 54% P2 Арикара

Поскольку предки Яуё выглядят исходными для всех трёх американских популяций КХ, то можно предположить, что они могли быть исходными вообще для всех американских популяций, а потому выводимость из них кранотипа Солютра может означать **пра-американскую природу Солютра**. Но при таком разрешении вопроса следует, что слияние кланов СЗ+ и Q1a3a+ должно было происходить не в Америке (Северной), а раньше - в Европе, поблизости от Солютра. А потому не обязательно солютрейцам пробираться из Европы в Америку по кромке Ледника в Атлантическом океане, но можно пройти и обычным путем – через Русскую равнину и Сибирь.

В связи с эпипалеолитическим и мезолитическим наследием Солютра интересна возможность представления «кроманьонидов» нормандского мезолитического Тевиека через определяющую долю кранотипа Солютра и поздних шумер 4-ой династии Киша, которые количественно определяются неоевропейским кранотипом (см. раздел 2):

Тевиек, мезолит, 8-6.5 тлн?, 7 (6) = $31\pm 6.5\%$ СВГ+ 12% И7+ 35% С2Л / 22% Н.Е.,
 $64\pm 22\%$ Солютр / 36% шумеры 4-ой династии Киш,
(5) = $49\pm 16\%$ P1 Яуё / 20% P2 Яуё + 31% Н.Е.

Как видим, кранотип Тевиек существенно лучше ($\pm 16\%$) представляется через предков Яуё КХ и 31% добавку неоевропейцев, которая может

означать как добавку «свежих» кланов Q1a3+, так и добавку кланов R1b1+ и/или R1a1+. Параллели, проводимые традиционной антропологией, между «кроманьоидами» мезолитического нормандского (Бретань) Тевиека и «кроманьоидами» мезолита Попово (10.2 тлн, север Русской равнины) кранотипически невозможны – кранотип Тевиек не только не близок к таковому у Попово, но и не представляется через него:

Маркер	Тевиек	Попово
ВЛУ (<i>верхне-лицевой указатель</i>)	49.2	51.76
СкУ (<i>скуластость</i>)	89.89	92.16
ОШО (<i>относите. ширина орбит</i>)	31.93	30.17
ОШН (<i>относительная ширина носа</i>)	19.96	17.23
ШНО (<i>отношение ширины носа к длине орбит</i>)	62.5	57.11
М9с (<i>оносительная ширина лба, М9/М45</i>)	72.06	68.93

Невыводимость Тевиека из Попово того же порядка, что и невыводимость предков эскимосов из предков америндов, несмотря на их общую клановую основу в лице Q1a3+ и С3b. Далее мы увидим, что кранотип «кроманьоидов» Попово с хорошей точностью (на 94%) идентичен эскимосам КХ и, кроме того, выводится через кранотипы двух предков этих эскимосов, т.е. поповцы – эскимоиды «в квадрате». Тогда как люди Тевиека могут оказаться потомками пра-америндских линий С3 и Q1a3+.

1.1.3 Датировки субкладов и ветвей С3+, Q1a3+ и мито-ветвей

Что имеем по Y-хромосомным кланам для америндов и предполагаемых европейских наследников Солютра? Возрасты конечных ветвей С3+ и Q+ рассчитаны по методике отдельных панелей формата 67FTDNA, изложенной в [23], где также приведены датировки для полутора сотен ветвей современных потомков. Для датировки предков субкладов была использована методика датирования по мутационным сдвигам базовых гаплотипов относительно базовых гаплотипов предков (см. Приложение). В этом случае измеряются временные расстояния от современности до предка, для чего сначала рассчитываются возрасты конечных ветвей современных потомков (КВСП), а затем по мутационным сдвигам базовых гаплотипов в отдельных панелях формата 67FTDNA находят временные расстояния от предков этих ветвей до предков их родительских субкладов. Например, предок американского субклада С3b-P39 в табл.4 датирован как 27±9 тлн по двум конечным ветвям потомков североамериканских индейцев следующим образом.

Предок ветви С3b-N.American3 датируется как 14575 лет (см. сводную табл. в [23]), а мутационные сдвиги в панелях, принятых к расчету, следующие:

В 1-ой панели из 8-ми сверхультрамедленных маркеров (I-8) с пределом датирования не выше 90 тысяч лет (согласно [23]) обнаруживается 1 мутация, которая с учетом поправки Адамова-Клессова эквивалентна **21300 лет**, что принимается к расчету среднего временного расстояния между предком ветви и предком родительского субклада, поскольку эта оценка много ниже предела датирования по этой панели. Предел датирования оценивается согласно выражению $T_{эф} = 0.674/КСМ$ для эффективной длительности одного шага мутаций в [23]. Принятие результата к расчету среднего временного расстояния выделено в таблице жирным шрифтом.

Во 2-ой панели из 15 ультрамедленных маркеров (II-15) с пределом датирования не более 25 тысяч лет обнаруживается 1 мутация, эквивалентная **4300 лет** (согласно [23]), что опять же принимается к расчету, поскольку средняя датировка по двум ультрамедленным панелям как около 12800 лет меньше, чем предел датирования по 2-ой панели (25000 лет).

В 3-ей панели из 13-ти маркеров (III-13) с пределом датирования около 11 тысяч лет обнаруживается 3 мутации, эквивалентные 5900 лет, что не принимается к расчету, т.к. предел датирования (11 тыс.лет) ниже, чем средняя датировка по панелям I-8 и II-15 - 12800 лет, а потому панель III-13 может занижать датировку из-за того, что часть её маркеров попадают на второй шаг мутаций.

Все остальные, ещё более быстрые, панели имеют ещё меньшие пределы датирования, а потому результаты датирования по ним также не приняты к расчету среднего временного расстояния между предком ветви и предком родительского субклада.

Таблица 4а

Пример расчета возраста предка субклада

Субклад \ панель	I-8	II-15	III-13	IV-18	V-5	VI-5	VII-2	$\Delta T \pm SD,$	$T_{ниж} \pm SD,$
S_i , лет/мут.-панель	20000	4175	1725	575	975	425	350	тл	тлн
предел датирования	≤ 90	≤ 25	≤ 11	$\leq 4-4.5$	$\leq 3.5-3$	$\leq 1.3-1$	$\leq 0.3-$		
$\Delta T_{max}(i)$, тл							0.5		
$S_3 \rightarrow S_{3b}$ -P39 (1)	0	1= 4.3	<u>0</u>	3= 1.9	2= 2.4	0	2=1.3	2.1 \pm 1.5	27.1 \pm 0.4
S3b-N.American3	1= 21.3	1= 4.3	3=5.9	10=7.9	1=1.1	4=2.7	1=0.5	12.8 \pm 12	14.575
S3b-US3	1= 21.3	2= 8.9	9=23.3	8=5.9	3=4.1	3=1.8	1=0.5	15.1 \pm 8.8	11.725

Усредняя датировки по 1-ой и 2-ой панелям получаем временное расстояние между предком ветви S3b-N.American3 и предком родительского субклада S3b-P39 как 12800 \pm 12000 лет, что означает первое

временное расстояние от современности (возраст) предка этого родительского субклада как $14575+12800 = 27375$ лет.

Аналогичную процедуру проделываем для другой ветви этого субклада - C3b-US3, откуда получим второе временное расстояние от современности (возраст) предка этого родительского субклада как $11725+15100 = 26825$ лет. Усредняя эти два близких друг к другу временных расстояния от современности предка родительского субклада C3b-P39 получаем среднюю оценку его возраста как 27100 ± 400 лет. В данном случае среднее квадратичное отклонение $SD = \pm 400$ лет дает идею составляющих систематической и случайной ошибки данной методики оценки возраста предков субкладов, т.е. идею схождения оценок возраста по разным ответвлениям. Тогда как полная погрешность анализа (около ± 9000 лет) в данном конкретном случае в большей степени определяется статистической погрешностью анализа, которая в большей степени определяется низкой статистикой для оценки временных расстояний между предками ветвей и предком их родительского субклада - в сумме 2 и 3 отсчета (мутационных сдвига).

В дальнейшем схождение датировок возраста предков по разным ответвлениям будет указываться в скобках вслед за погрешностью анализа - $\pm \delta$.

Таблица 4б
Датировки субкладов и ветвей C3+

T $\pm\delta$ (SD), тл	Субклад / ветвь
29\pm7 (1.6)	C3-M217,P44,PK2
27\pm9 (0.4)	C3b-P39
14.575	C3b-P39-CanUS2-3
11.725	C3b-P39-US3
27\pm13 (9)	C3*-Asia
~21.000	C3*-M217-Kazakh-Abakh#17&61+Ashmail#63-3
~20.700	C3*-M217-Kazakh29(57)
1.825	C3*-M217-AltaiKazakh12(21)
1.675	C3-M217-388=14-Hazara12(14)
1.250	C3*-M217-Kerey/Ashmail7(15)
0.950	C3*-M217-Kizhi9(15)
0.675	C3*-M217-Kerey/Abakh7(25)
0.675	C3-M217-388=12-Hazara3(4)
0.500	C3*-M217-Kazakh-Argyn+Kerey/Ashm-Ab-4(5)
23\pm9 (2)	C3c-M48, Asia
~9.000	C3(c?)-Jap1Kor3-2/4
12\pm5 (5)	C3c-Eurasia
13.750	C3(c?)-HunCzehGerPol3-7

6.050	C3(c?)-Kazakh4
1.550	C3c-M48-AltaiKazakh20(47)
1.150	C3c-M48-Kizhi5

Согласно датировкам табл.4 появление субклада C3-M217 в Азии может относиться примерно на 29 тлн, тогда как субклад C3b-P39 датируется как около 27 тлн с конечными северо-американскими ветвями с датировками около 14.6 тлн и 11.7 тлн. Примерно этим же временем датируется и азиатский пара-кластер C3*, что может относить событие отделения американского субклада C3b на Азию и времена около 27 тлн. Возраст азиатского субклада C3c-M48 оценивается существенно меньше – около 23 тлн, а его евразийского кластера – как около 12 тлн, т.е. с началом голоцена (мезолита) Европы. Таким образом, кланы C3 пока к Соллотру отнесены быть не могут.

Какова картина с Q1a3+? – Смотрим возможные датировки по той же методике в табл.5.

Таблица 5
Датировки субкладов и ветвей Q1a+

T, тл	Субклад /ветвь
33.5±3 (0.7)	P- M45, 92R7_1&_2, L138, L268, ...
33±3 (2)	Q-M242 (1)
34±3 (3)	Q → Q*
25.500	Q*-M242-Pashtun7(8)
31±2(0.8)	Q1-P36.2, L232, L273, L274
20±2	Q1 → Q1*
1.875	Q1*-M242?-17Yfiler-dys635=25-Leban3(9)
27±3 ^{M346}	Q1a-L472, L474, MEH2
12.7±4(3.8)	Q1a2-M25, M143,L714, L716
10±5(5)	Q1a2-Asian
~8.800	Q1a2-M25-IrishArmen2
1.000	Q1(a2?)- 17Yfiler-Iran8(13)
6.9±1(0.9)	Q1a2a-L712
7.850	Q1a2-M25,L712-PolGerHun2-4
1.000	Q1a2-392=17-Hungar5
1.050	Q1a2(a)- 17Yfiler-Rus2Pol2-4
0.150	Q1a2-392=13-Hungar1/6
21.7±3(1.1)	Q1a3-M346, L56-57, L474, L571, L892, Asia?
17.2±2(1.2)	Q1a3*-Eurasia
15.450	Q1a3*-M346-YCAiia,b=18,22-IndTurArab-3
8.800	Q(1a3-M346?)-392=14; 635=23-Iran4
6.850	Q1a3*-M346,L213neg-YCAiia,b=19,10-Arab1Anat3-4

4.200	<i>Q1a3*-M346,L213neg- Arm2PorGerBrit-5</i>
3.575	<i>Q1a3*-M346?-India4</i>
3.150	<i>Q1a(3*-M346?)-17Yfiler-Brahmin5</i>
1.775	<i>Q1a3*-M346*-Afghan4</i>
1.475	<i>Q1a3*-M346?-12FTDNA- India3</i>
0.800	<i>Q1a3*-M346?-Isles4</i>
2.7±0.9(0.8)	<i>Q1a3c-L527,L529, L639, Europe</i>
2.050	<i>Q1a3c-L527-Scand6</i>
1.500	<i>Q1a3c-L527-English6</i>
0.375	<i>Q1a3c-L527-English4</i>
0.175	<i>Q1a3c-L527-British7</i>
16.5±3(3)	<i>Q1a3a-L53, ..., L476, Z796-Z806, Europe?</i>
2.3±0.5(0.4)	<i>Q1a3a-L804,L807ng-Eurasian</i>
2.050	<i>Q1a3a-L804,L807ng-British10</i>
2.050	<i>Q1a3a-464a=13-Brit6</i>
1.575	<i>Q1a3a-L804,L807ng-Scand8</i>
1.225	<i>Q1a3a-NorSwe6</i>
1.350	<i>Q(1a3a?)-M242-TurkmenTajik2-3</i>
9±1 (0.4)	<i>Q1a3a3-L330, Europe?</i>
8.9±2(1.8)	<i>Q1a3a3*-L330</i>
0.325	<i>Q1a3a3*-L330-Brit-Rose4</i>
0.225	<i>Q1a3a3*-L330-Brit3(4)</i>
8.7±1.5(1.2)	<i>Q1a3a3*-L330-Altai</i>
1.700	<i>Q1a3a3*-L330-Chelkan4+1-5</i>
1.375	<i>Q1a3a(3-L330?)* -TubalarChelkan7</i>
0.975	<i>Q1a3a3*-L330 -Kizhi5</i>
3.2	<i>Q1a3a3a-L332, Europe</i>
0.400	<i>Q1a3a3a-L332-English6</i>
15.9±2^{M3}(1.5)	<i>Q1a3a-L213-American</i>
16.325	<i>Q1a3a-L213-Mexican6</i>
0.875	<i>Q1a3a-L213-US2</i>
13±2(1.4)	<i>Q1a3a1-M3, L341.2-American</i>
13.575	<i>Q1a3a1-M3-US2Mex2-4</i>
10.525	<i>Q1a3a1-M3-US1Mex3-4</i>
4.100	<i>Q1a3a1-M3-CanUS4-5</i>
1.425	<i>Q1a3a1-M3-US5</i>
11.2±2.5(2)	<i>Q1a3a1+L766-American</i>
~3.750	<i>Q1a3a1-L766-Mex2</i>
2±2(2)	<i>Q1a3a4-L569-American</i>

Вероятное место появления Q-M242 около 33 тлн выглядит как нагорья Ирана или горы Афганистана, а субклад Q1a3-M346 мог появиться около 22 тлн в Леванте или на Иранском нагорье. В евразийском пара-кластере Q1a3* самая старая ветвь (около 15.5 тлн) относится на араба, анатолийца и

индийца (15450), а следующие по возрасту – на иранцев (8800 лет) и арабо-анатолийцев (6850 лет), т.е. примерно времен раннего (убэйдского) Шумера. Единственная пока европейская ветвь этого паракластера относится на времена ККК (культура колоковидных кубков) – 4200 лет. По кранотипии «эталон» ККК Германии может происходить от шумер Убэйда через кранотип Винчи-Гомолавы, которая родственна убэйдскому кранотипу через кранотип Неа Никомедии, происходящий от кранотипа Чайёню – как и Убэйд. Цепочка наследования кранотипов от Чайёню к ККК представлена в последней, 6-ой главе, при кратком рассмотрении генезиса западноевропейцев.

В этой цепочке генезиса пращумер и их возможных потомков неоевропеоидный кранотип соответствует в большей степени кланам R1b1a2+ и, возможно, лишь в (крайне) минорной степени - Q1a3+. Как будет показано далее, время появления неоевропеоидного кранотипа – не ранее 24-23 тлн.

Последующая генеалогия ветвей Q1a3+ допускает возможность возникновения субклада Q1a3a-L53 в Европе около **16.5±3** тлн, что, в свою очередь, допускает солотрейскую родину этого субклада.

Прямой связи американских Q1a3a-L213, Q1a3a1-M1, Q1a3a1+L766 и Q1a3a4-L569 с сибирскими Q1a3a пока не видно – нужны сибирские гаплотипы Q1a3+. Как нужны и европейские, в том числе и ископаемые. Можно отметить, что гаплотип **7BF8H “CroMagnon” England**, позиционируемый как «кроманьонид» Англии, лучше всего подходит для Q1a3a(1).

Считается [Википедия], что самые ранние культуры эскимосов (pre-Dorset) появились около 5 тлн на Аляске, куда их предки мигрировали из Сибири около 8-7 тлн, т.е. отсчет прото-эскимосов в Сибири может начинаться ранее, чем 8-7 тлн. Считается, что движение в направлении Америки началось с Алтая. В Америке у эскимосов и алеутов в среднем обнаруживается до 46% линий клана Q1a3a(+). У эскимосов Сибири по данным Харькова [25] находят до 84% Q1a3a1, 7% Q(xQ1a3), включая 5% Q1a* и 9.3% C3*. Также у эскимосов Сибири обнаруживается Q1a3* (4 человека). У ряда северо-американских групп америндов линий кластер R1-M137 достигает вполне европейских значений Ojibwe (79%), Chipewyan (62%), Seminole (50%), Cherokee (47%), Dogrib (40%) и Papago (38%) [\[Википедия\]](#).

По поводу кластеров линий R1 у америндов есть две точки зрения – распространение из Евразии в Голоцене или вклад европейских колонизаторов, среди которых в таком случае мы должны бы увидеть

русские и исландские R1a1+. Если судить по америндскому проекту FTDNA, то R1a1+ у америндов редки, а среди довольно частых америндских R1b1a2+ можно увидеть в основном поздние европейские ответвления, которых около 8-7 тлн ещё не существовало. Сам узел R1b1a2-M269 датируется автором как 8.7±1.1 тлн [3], а А.Клесовым и И.Рожанским как около 7 тлн [27], а потому, в принципе, допускает существование каких-то особых америндских ответвлений. Однако, отсутствие R1b1a2+ у северных сибирских народов в таком случае отрицает приход пра-америндов и пра-эскимосов через Сибирь.

(Прим. редактора. Мне неизвестно, откуда появилась датировка возникновения субклада R1b-M269, приведенная В.А. Рыжковым. В цитированной статье в Вестнике [3] в таблице 4 (стр. 1116-1117) величина 8.7±1.1 тыс лет назад приводится как якобы факт, и не сопровождается никакими расчетами. Более того, там датируется не некий «узел», а конкретно «возраст» субклада R1b-M269 в культуре Чатал-Хоюк. Там же, в данной таблице, даются еще ряд датировок этого субклада, как 9.975 лет назад, 9.125 лет, 8.350 лет. Почему в предыдущем параграфе выбрана именно одна цифра из четырех, причем ни одна из них в статье не рассчитана, остается непонятным).

Согласно Кутуеву [28] мт-гаплогруппа X могла проникнуть на Кавказ с единой волной расселения ее носителей. Кутуев отмечает высокие концентрации мт-Х у андийцев и мегрелов, у которых частота данной гаплогруппы крайне высока по сравнению с изученными ранее популяциями мира - около 19% и 13%, соответственно. Это может указывать на проход Кавказа с запада - по восточному побережью Черного моря.

М.Деренко в [18] указывает на то, что южносибирские мт-Х2е формируют в дереве отдельный кластер (Х2е2а) вместе с другом из Леванта и в пределах этого кластера находится собственно южносибирский субкластер мт-Х2е2а1. В свою очередь, эволюционный возраст линий мт-Х2е2 около 12±3.2 тл, а возраст южносибирского (алтае-саянского) кластера мт-Х2е2а - примерно 6.2±2.5 тл, что указывает на значительную задержку в пути.

Мито-Х2 выглядит одной из наиболее вероятных исходных мито-партнерш клана Q1a+, тогда как мт-Х1 более вероятна как исходная мито-партнерша для кланов Q1b+. Природа обеих, мт-Х1 и мт-Х2 - явно левантийская, где частота встречаемости у них максимальная, а варианты исходные. Схема появления и ветвления мт-Х очень проста и выглядит следующим образом:
- мт-N (62) → мт-Х (31.8) → мт-Х1 (9.5) и мт-Х2 (20.9) → мт-Х2b (14.6), мт-Х2а (12.8) и мт-Х2с (7.2), ...

Датировки субкладов Q согласно методике [23] и табл.5 примерно синхронны соответствующим датировкам мт-Х, мт-Х1 и мт-Х2:

- CF (71) → F (52) ... → P (33-34) → Q (33) → Q1 (31) → Q1b (12), Q1a (23) → Q1a3 (22) → Q1a3*-Levant/Iran (17) → Q1a3a (16-17) → Q1a3a1 (13) и Q1a3a3 (94) → Q1a3a3*-L330-Altai (8.7±1.2), ...

Частота евразийской мт-Х2а (с американскими мотивами) в Северной Америке достигает 25% у Algonquian [\[Википедия\]](#), 15% у Сиу (Sioux), 11%-13% у Nuu-chah-nulth.

По данным Харькова [25] Q1a3 встречается у следующих сибирских народов: хакасы - 4,8%, северные алтайцы - 32%, южные алтайцы - 3,7%, томские татары - 11%, тувинцы - 14%, кыргызы - 1,3%, кеты - 84% и ханты - 21%; у селькупов 66,4% Q; Q1a3a1 имеет частоту у коряков - 6,1%, а у сибирских эскимосов - до 84%.

Специфическое распределение Q1a3 в Сибири (больше к северу, меньше к югу), возможно, указывает на северный путь её продвижения из Сибири к Америке, а не через Среднюю Азию и Алтай. По данным Харькова [25] наиболее древняя Q1a3 в Сибири - у кетов, а кетский язык имеет родственные связи с северо-кавказскими - сино-кавказская языковая общность.

Европейский и сибиро-американский шлейфы распространения мт-Х2 идут от Кавказа на север Русской равнины, а далее на запад - в Европу, и на восток - в Сибирь и Америку. Эта совокупность фактов предполагает распространение волны эскимосских кланов Q1→...→ Q1a3a1+ на Аляску следующим путем: с Кавказа на север Русской равнины и далее в Сибирь и на Аляску. Предположительное время исхода с Кавказа - около 9-8 тлн, если учесть, что в Сибири прото-эскимосы были около 8-7 тлн.

Согласно Деренко [18] эволюционный возраст южно-сибирских линий мтДНК гаплогруппы A2b составляет 3.1±1.8 тлн, а всей западноберингийской части A2 - 8.1±2.4 тлн, тогда как время коалесценции американских вариантов A2 оценивается в 16.1-20.5 тлн. Эволюционный возраст сибирского кластера C1a составляет около 10.3±4.2 тлн, что ниже аналогичных значений родственных ему американских субкластеров C1b (20.6±5.9 тлн, C1c (20.1±3.6 тлн), но сравнимо с американским кластером C1d (10.9±2.9 тлн). Эволюционный возраст кластера C4a составляет 23.4±2.1 тлн, что почти в три раза превышает возраст линий мтДНК сибирского кластера C4b, оцениваемый в 8±1.4 тлн.

Таким образом, по датировкам сибирских и родственных им американских мито-ДНК видны три волны вторжения из Сибири в Америку: одна не позже 21-20 тлн, а другая - около 16-15 тлн, а третья - не раньше 8-10 тлн. По датировкам Y-хромосомных ветвей первая волна вторжения, относимая на кланы C3b, могла быть около 27 тлн, а вторая волна, относимая на кланы Q1a3a/Q1a3a1, около 16-15 тлн, тогда как для третьей, пра-эскимосской, волны вторжения пока нет соответствующих гаплотипов. В любом случае, появление на Алтае/ Саянах Q1a3+ и родственных американским мито-линий относится на времена, существенно более поздние - не ранее 6 тлн, что исключает Алтай-Саяны из числа источников распространения как праамериндов, так и праэскимосов.

1.1.4 Американцы Санта-Круз КХ-51, южная Калифорния

При прямом представлении предков разложением по выражению амальгамы одним из наиболее вероятных предков американцев Санта Круза выглядит «палеоевропеоид» МД (мезолит Дании) с добавкой исходного папуасоида горно-лесного типа П2. Как мы увидим далее, на самом деле МД - это эскимоид. Анализ спектров расовых маркеров американцев КХ из Санта Круза (табл.6) с хорошей точностью указывает на количественное происхождение их предков от предков Яуё, но через добавление именно МД, что может быть отражением примеси поздней волны эскимосов, прошедших в Америку и далее через Русскую равнину и Сибирь.

Таблица 6

Расовые компоненты американцев Санта Круза КХ-51

	влу	ску	ошо	ошн	шно	среднее	Примеч., T _{зах} лет
Санта Круз	50.34	92.5	29.42	18.13	61.67	45±2.5%P1/55%P2 vs 76±23% П1 / 24% П2, 66±17% С2П / 37% П2, 84±17% МД / 16% П2	
амал.-1	48.91	94.15	29	17	58.62	66±7% P1 /34% P2, 48±11% С2П/52% эскимо, 51±6.5% МД/49% ЛЭ2	
доля1,%	33.3	33.3	45.1	21.6	33.3	33±8%	
SD1n	1.8	0.48	1.46	2.37	2.31	1.68±0.77	725±325 лет до захоронения
амал.-2	51.06	91.92	30	18.6	62	35±8%P1/65%P2, 98±1.5% Деривка/2% ЛЭ2	
доля2,%	41.2	35.3	31.4	47.1	41.2	39±6%	
SD2n	1.19	0.87	0.79	1.93	1.72	1.3±0.5	550±225 лет
P1 СтКруз	45.83	96.11	27.7	15.4	55.6	87±8%P1 Яуё Перу /13%МД	
доля3,%	9.8	9.8	11.8	7.8	11.8	10±1.5%	
SD3n	1.93	0.92	3.12	3.4	1.92	2.26±1	950±425 лет до захоронения
P2 СтКруз	54.31	89.3	30.6	20.3	66.34	75±6% P2 Яуё Перу/25% МД, 69±13% авары/31% Волошское	
доля4,%	15.7	21.6	11.8	23.5	13.7	17±5%	
SD4n	2.13	0.94	0.66	2.84	1.78	1.67±0.89	700±375 лет до захоронения

МД	50.57	93.98	29.67	15.85	53.41	73±5% P1 Эскиммо КХ / 27% P2 Эскиммо КХ
Дериивка	51.07	90.43	30.52	18.62	61	84±7.5% ЛЭ /16% Н.Е
ЛЭ2	46.33	93.84	29.04	18.17	62.52	среднее лапшов, С2Л и ЛНРР

Амальгама-1 америндов Санта Круза никаких особых идей не несет, т.к. может быть представлена смесями разных «лапшаноидов» и эскиммоидов примерно в равных пропорциях. Амальгама-2 америндов Санта Круза КХ указывает на возможность америндско-эскимосского варианта появления расового кранотипа Дериивки днепро-донецкого «мезолит-неолита» (ДДМН), т.е. как результат сплавления кланов С3+ и Q1a3+.

1.2 Эскимосы КХ-54, юго-восток Гренландии, Inugsuk

Результаты анализа спектров расовых маркеров эскимосов КХ-54 приведены в табл. 7. По формуле амальгамы двое предполагаемых предков эскимосов Гренландии КХ-54 лучше всего представляются как добавка исходных папуасоидов горно-лесного типа (П2) к количественному кластеру палеоевропеоидов МД (мезолит Дании), а через П1 и П2 не представляются по ОШН и ШНО, через С2Л/АзП1 и П2 не представляются по ШНО.

Как видим, в смысле принципиального непредставления через исходных папуасоидов П1/П2 и/или АзП1/П2, С2Л/П2 эскимосы КХ являют собой исключительный случай - случай крайне бореальной природы, выражающийся в крайне узком (ультра-бореальном) носе и, как результат, сниженном ШНО.

Таблица 7

Расовые компоненты эскимосов КХ-54 и их датировки

	влу	ску	ошо	ошн	шно	среднее	Примеч., T _{зах.} лет
Эскимосы	51.41	91.93	30.07	16.99	56.51	55±7.5%P1/45%P2 vs 82±5%МД/18% П2	
амальгама	52	91.4	30.32	17.13	56.5	50±6.5%P1 /50%P2, 68.5±6% МД /31.5% P2	
доля1,%	54	76	62.5	76	76	69±10%	
SD1n	2.72	1.87	2.12	<u>5</u>	<u>4.22</u>	2.24±0.43	950±175 лет до захоронения
P1 эским.	48.4	97.4	28.8	14.6	50.7	маргинальный эскимид	
доля2,%	33	15	28.5	15	13	21±9%	
SD2n	2.74	1.52	1.8	<u>4.34</u>	<u>3.7</u>	2.02±0.63	850±275 лет
P2 эским.	56.6	87.6	32	20	62.5	84±6% НСК /16% Н.Е., 57±9% Волош./43% ЛНРР, 86.5±17% шумеры Убэйда / 13.5% С2Л	
доля3,%	13	9	9	9	11	10±2%	
SD3n	1.89	0.98	1.8	<u>2.82</u>	<u>2.84</u>	1.55±0.5	650±200 лет
МД	50.57	93.98	29.67	15.85	53.41	73±5% P1 Эскиммо / 27% P2 Эскиммо	
И7	47.02	94.43	30.66	16.23	52.92	80±12% P1 Эскиммо / 20% P2 Эскиммо	
Н.Е.	61.6	75	36.8	23.2	63	базовый, неоевропеоидный	
Волошское 9-7 тлн	59.75	83.73	34.6	20.51	59.28	96±4.5% шум. 4-ой династии Киша /4%С2Л, 62±16% Н.Е. /19% И7+19%С2Л	

шум. Киш	60.1	82.87	34.64	20.5	59.25	64±15% Н.Е. / 36% И7
ЛНРР	49.01	94.13	29.54	19.4	65.66	58±20% Кёрёш, 9-7 тлн / 42% С2Л
Кёрёш	50.11	88.25	29.29	20.37	69.54	92±5% атайалы КХ / 8% Н.Е.

По спектрам расовых маркеров МД не проходит в предки эскимосов даже в качестве добавки. Наоборот, МД почти отлично ($\pm 5\%$) представляется через предков эскимосов КХ-54 как:

МД (5) = 73±5% Р1 Эскимо / 27% Р2 Эскимо

Т.е. «палеоевропеоид» мезолита Дании – это 100% эскимоид. В несколько меньшей степени это относится на «палеоевропеоида» И7, который через предков эскимосов КХ-54 представляется похуже ($\pm 12\%$), но все равно неплохо. Т.е. по месту появления и распространения И7 – это палеоевропеоид, а по кранотипу – эскимоид, как и подавляющее большинство палеоевропеоидов, за исключением палеоевропеоидов с кранотипом СВГ (неолит северо-востока Германии).

Через предков перуанских Яуё КХ-55 предки эскимосов КХ-54 не представляются, несмотря на некоторые сходные параллели с участием кранотипов Русской равнины и Западной Европы. Эскимосы и америнды – это две разные волны вторжения Q1a3+ и С3+ в Америку, хотя обе могли происходить через Русскую равнину и Сибирь.

Предок Р1 эскимосов КХ-54 маргинален по крайне лапшаноидной скуластости (97.4) и крайне эскимоидным ОШН = 14.6 (!) и ШНО = 50.7 – т.е. ширина носовой впадины почти в 2 раза уже длины орбит! Исходная клановая принадлежность этого предка – видимо, в основном клан С3+, причем, в части женских линий мт-А_N, поскольку сообщается, что у эскимосов юга Гренландии лишь примерно 3.5% линий Y-хромосомы С3b, но около 100% мито-линий мт-А_N, являющихся исходными мито-партнершами для кланов С.

По лучшему представлению предок Р2 эскимосов КХ-54 выглядит как количественный (84%) потомок неолита северного Китая (НСК) с добавкой неоевропеоидов, что в итоге может означать смесь 47% неоевропеоидов в лице Q1a3 (и/или, возможно, R1b+) с 37% С2Л (С3+) и 18% авар (С3+ и Р+):

Р2 Эскимо КХ-54 (5) = 84±6% НСК, 6-5 тлн (высоколицый монголоид)/16% Н.Е. = 47% Н.Е. +37% С2Л+ 18% авары

где НСК, 6-5 тлн (5) = 73±15% шумеры Убэйда / 27% С2Л,

Эти представления могут свидетельствовать в пользу заметного кластера линий Q1a3+ у шумер Убэйда в части 50% доли кранотипа неоевропеоидов

(шумеры Убэйда (6) = 50±7.5% Н.Е. / 30% авары +20% С2Л) - наряду с R1b1a2+.

Представление P2 эскимосов через Волошское (57%) и ЛНРР (лапшаноидный неолит Русской равнины - по средним мерам Т.И.Алексеевой) перекликается с представлением через НСК и неоевропеоидов, поскольку Волошское представляется через 19% эскимоидов И7, 19% эскимоидных «лапшаноидов» С2Л и 62% неоевропеоидов, а ЛНРР - через 92% атайал КХ и 8% долю неоевропеоидов.

Вариации кранотипии эскимосов Гренландии могут быть прослежены по средним мерам работы [26]. О происхождении этих черепов эскимосов Гренландии сообщается, что большинство из них относится на счет культуры Туле (1000-1600 гг. н.э.). Судя по небольшим среднеквадратичным отклонениям расовых маркеров у этих популяций от средних значений для всех 16-ти популяций, в целом эти эскимосские популяции представляют одну подрасу эскимосов Гренландии, что может означать происхождение от одних и тех же двух предков разных типов - равнинно-прибрежного и горно-лесного.

Разложением по формуле амальгамы проверим представимость этих эскимосских популяций найденными предками P1 / P2 эскимосов КХ, а также комбинацией МД/П2, которая очень хорошо представляет кранотип выборки КХ. Результаты представлений приведены в табл.8.

Таблица 8

Расовые кранотипы и представления разных популяций эскимосов Гренландии

#	влу	ску	ошо	ошн	шно	Примечание
111	51.08	92.41	31.86	15.82	49.66	60±36%P1/40%P2, через МД/П2 не представляется
112	53.41	90.89	30.74	16.87	54.89	47±13%P1/53%P2, 63±30%МД/37% П2
113	53.91	91.01	30.8	16.61	53.92	48±18%P1/52%P2, 62±38%МД/38% П2
114	53.26	90.68	31.18	17.09	54.82	43±16%P1/57%P2, 60±31%МД/40% П2
115	53.17	90.7	30.83	16.67	54.07	49±17%P1/51%P2, 65±30%МД/35% П2
116	53.07	90.41	30.48	16.52	54.2	51±17%P1/49%P2, 68±28%МД/32% П2
117	54.68	89.72	31.76	16.78	52.83	39±31%P1/61%P2, 50±45%МД/50% П2
121	53.93	90.38	31.86	16.75	52.58	42±31%P1/58%P2, 51±46%МД/49% П2
122	52.69	91.71	30.77	16.76	54.48	51±12%P1/49%P2, 70±24%МД/30% П2
123	54.91	90.77	31.2	16	51.28	49±33%P1/51%P2, через МД/П2 не представляется
124	54.1	90.5	31.14	16.61	53.32	46±23%P1/54%P2, 58±41%МД/42% П2
211	53.13	90.07	30.95	16.29	52.64	51±25%P1/49%P2, 64±32%МД/36% П2
212	56.57	87.84	30.81	16.44	53.35	37±35%P1/63%P2, через МД/П2 не представляется
221	51.77	91.18	29.46	16.42	55.75	60±15%P1/40%P2, 83±15%МД/17% П2
222	55.37	90.28	30.72	16.73	54.46	42±22%P1/58%P2, через МД/П2 не представляется

223	54.69	88.77	30.86	17.32	56.13	35±17%P1/65%P2, 52±35%МД/48% П2
среднее	53.73	90.45	30.96	16.6	53.65	47±21%P1/53%P2, 61±37%МД/39% П2
±SD	1.35	1.07	0.58	0.37	1.63	
эск.КХ55	51.41	91.93	30.07	16.99	56.51	55±7.5%P1/45%P2 vs 82±5% МД/18% П2
P1 Эск	48.4	97.4	28.8	14.6	50.7	маргинальный эскимид
P2 Эск	56.6	87.6	32	20	62.5	84±6% НСК /16% Н.Е., 57±9% Волошское/43% ЛН, 86.5±17% шумеры Убэйда / 13.5% С2Л

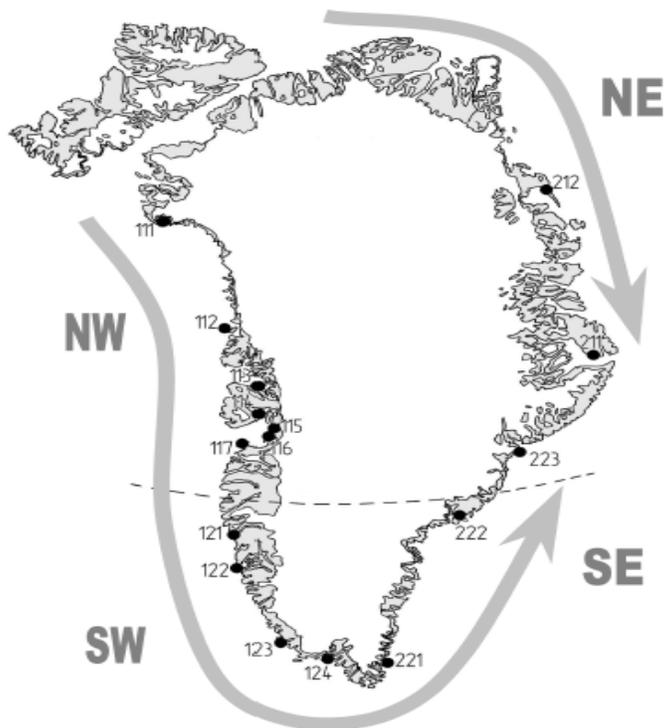


Рис.1 Схема отбора образцов эскимосов Гренландии в статье Якульской

Найденные предки P1 и P2 эскимосов КХ могут выступать в качестве предков для ВСЕХ этих эскимосских популяций, причем, в среднем удовлетворительно (±21%). Тогда как пара МД/П2 в среднем представляет много хуже – неудовлетворительно (±37%) и в 4-х случаях не способна представить эскимосские популяции вовсе. Наиболее близкими по кранотипам и составу предков к эскимосам КХ (юго-восток Гренландии) являются эскимосы юга Гренландии #122 и #221. Из 5-ти популяций, плохо (±31-36%) представляемых предками эскимосов КХ (Инугсук), четыре популяции значительно отдалены от Инугсука: #111 (крайний северо-запад), #117 (центро-запад), #121 (центро-запад), #212 (крайний северо-восток), а одна хоть и на юге, но с западной стороны южной оконечности Гренландии #123 (юго-запад).

По изменению абсолютных краниальных мер Якульска предположила направления расселения эскимосов в Гренландии, указанные на Рис.1

серыми стрелками, т.е. двумя волнами с крайнего севера, северо-запада, что выглядит не вполне естественным для любых людей, в том числе для эскимосов.

Расовая кранотипия по увеличению расхождения представления предками эскимосов КХ совершенно очевидно указывает на заселение с юга, что выглядит нормальным для нормальных людей. Видимо, Якульской сильно хотелось показать ЛЮБУЮ невозможность прихода эскимосов с запада? Но старт заселения от южной оконечности Гренландии не обязательно предполагает приход с запада, например, из Исландии.

2. Корреляции базовых кранотипов неоевропеоидов (европеоидов неолитического времени) и ариоидов с кластерами $y(R1a+R1b)$ и $mt-H(V)$

Прежде, чем прояснить природу палеоевропеоидов Европы, т.е. людей Европы до неолита, покажем корреляции долей неоевропеоидного кранотипа от кластеров главных европейских кланов $R1a+R1b$ и их наиболее вероятных мито-партнерш $mt-H(V)$. Кранотип назван неоевропеоидным в противовес палеоевропеоидному – как кранотип, не только в массовом порядке проявившийся в Европе лишь в неолитические времена, но и знаменовавший (т.е. отмечавший, маркировавший) появление носителей неолита в Европе. Если основных палеоевропеоидных кранотипов несколько и все они равнинно-прибрежного типа, то неоевропеоидный кранотип – это единственный и самый маргинальный горно-лесной кранотип европеоидов (кавказоидов) вообще. Все остальные неоевропеоидные подтипы, например, ариоидный (по кланам $AP - R \rightarrow R2, R1 \rightarrow R1a, R1b$), производны из него. Маргинальный – это крайний, как минимум, по одному расовому маркеру, что означает принципиальную неразложимость на компоненты.

Неоевропеоидный кранотип представляет собой проецируемого предка кранотипов Волошского (9-8 тлн)-Сескло (8 тлн)-Пецеля (5.6-4.8 тлн)-Киша (4.3 тлн)-Троицкого (2.4 тлн) – сокращенно семейство ВСПКТ. Поиск этого предкового кранотипа итеративный, т.е. заключающийся в выборе и подгонке расовых маркеров таким образом, чтобы достичь минимальных суммарных расхождений при представлении потомков ВСПКТ через определяющий вклад этого предка и кранотипы палеоевропеоидов. Самое раннее появление неоевропеоида пока что относится на времена черепов Сунгирь 1,2, т.е. около 22 и 23 тлн, соответственно, а это примерно времена появления гаплогрупп $R1 (23 \pm 2$ тлн) и $R1b (22.4$ тлн) [3]. К неоевропеоидному кранотипу могут относиться и другие горно-лесные кланы

кавказоидов. Из числа кланов нынешних горцев, которым исходно мог быть присущ неоевропеоидный (горно-лесной) кранотип, можно исключить кланы, образующие на Кавказе популяции с определяющими кластерами, поскольку кавкасионный тип не относится к неоевропеоидному (или даже к ариоидному), а, наоборот, в большей части расовых черт ближе к равнинно-прибрежному. К таким кавказским кланам можно отнести J1*-M267 (до 80-99% у даргинцев, кубачей и лезгин), G2a1a-P18 (56-73% у осетин-дигорцев) и J2a3b-M67 (до 79% у чеченцев). Но можно ли распространить данный вывод о недоминантности горно-лесного расового кранотипа у остальных кланов J1, G2a+ и J2a+?

Кланы J2a3d-M319 и J2a3b-M67 имеют в Европе раннемезолитическую прописку и, видимо, будучи потомками пост-натуфийцев, могли иметь равнинно-прибрежный эскимоидно-лаппаноидный кранотип С2Л. По крайней мере, этот кранотип отмечается как универсальный для всего Средиземноморья, включая острова (Крит, Сицилия, ...).

Кластеры кланов J2b-M12 (16.5 ± 3 тлн), J2b1-M205 (5.6 ± 1.6 тлн), J2b2-M241 (9.1 тлн) и J2b2f-L283 (3.5 ± 0.2 тлн) в Европе, как правило, малы (кроме Греции) и похожи на маркеры распространения КШК и пост-КШК: J2b*-Greek3 (3425 лет), J2b1-M205+-European6 (5300 лет), J2b1-M205-Greek2/4/6 (3175 лет), J2b2-M241-German11 (4875 лет), J2b2-M241-French5 (3800 лет), J2b2-M241-Greek2/4/9 (3400 лет), J2b2-M241+British8 (3650 лет), J2b2-M102?+Polish9 (3450 лет), J2b2f?-L282,L283-EnPolGer5-7 (3225 лет), J2b2f-L282,L283-EnScoPol4-6 (3225 лет) и J2b2(f)-NWGreek5 (2675 лет).

Из кланов J2+ на счет исходно горно-лесных можно отнести лишь J2a2-P279 с характерными «неолитическими» датировками узла (7.9 ± 0.6 тлн) и ветви J2a2-P279-German5 (8350 лет), тогда как ветвь J2a2*-P279*,L26ng-SwzAusGerFra5 (5725 лет) судя по всему относится уже на конец КЛЛК. Судя по мизерному кластеру J2a2-P279 у западноевропейцев, вклад линий J2a2-P279 в неоевропеоидных кластерах ранних неолитчиков Европы мог быть небольшим, что может указывать на отъём кланами R1a1a1+ и R1b1a2+ женских линий мт-Т и мт-Ј с преимущественной терминацией мужских линий J2a2-P279.

Выше было отмечено, что к исходно неоевропеоидным могли бы относиться кланы R2 и Q1a3+, но кластеры этих линий у европейцев мизерны.

Таким образом, у европейцев на счет кластера неоевропеоидов в «ариоидном» кранотипе можно отнести лишь R1a+ и R1b+. Кранотип ариоидов не является маргинальным горно-лесным - он произведен из

кранотипа неоевропеоидов через добавление различающихся долей разных палеоевропеоидов»:

Ариоид по типу КВК/КШК/ККК (т.е. в основе кланы R1a1a1+, R1b1a2+?) (6) =
62±6% Н.Е. (неоевропеоиды)/38% СВГ (палеоевропеоиды, северо-восток Германии)
67±9% Н.Е. /33% ЛЭ2 (с реднее кранотипов лаппов, С2Л и ЛНРР)
63±9% Н.Е. /37% лапшы (ранне-средневеков. Норвегии)
54±12% Н.Е. /46% агрегат мезолита Африки
75±13.5% Н.Е. /25% РНД (ранний неолит Дании)
77±13.5% Н.Е. /23% С2Л (льяловцы Сахтыша-2 – базовый глобальный)
67±15.5% Н.Е. /33% Солотр, 19 тлн
71±17% Н.Е. /29% МД (мезолит Дании)
52±17% Н.Е. /48% Тевиек (мезолит Бретани)
68±17.5% Н.Е. /32% ранний Лепенский Вир
71.5±17.5% Н.Е. /28.5% И7 (мезолит Ивановское-7, Бутовская к., 9.5-7.5 тлн)
67.5±18% Н.Е. /32% ЭС (Эртебёле-Скатехольм, около 6 тлн)
67±20% Н.Е. /33% агр. верхнепалеол.кроманьон. Европы, 30-20 тлн
67±19% Н.Е. /33% авары
61±24% Н.Е. /39% ран.неолит Кёрёш
(5) = 65±23% Н.Е. /35% Атайал КХ (палеомонголоиды NO→O)

Данные представления определяют «**физический смысл**» кранотипа **ариоидов – как кранотип, появляющийся в результате инвазий неоевропеоидов в ареалы «палеоевропеоидов» и смешивания с последними**, вернее смешивания с женщинами последних – в силу недостатка собственных женщин, неизбежно образующегося при дальних миграциях в чужие регионы. Т.е. число Y-хромосомных линий R1a+ и/или R1b+ у этих ариоидных кланов могло оставаться 100% (поскольку чужие мужчины как правило уничтожались вплоть до инфантицида), но редукция кластера собственных женщин приводила к уменьшению кластера исходной неоевропеоидности.

По этой причине кластеры исходных «неоевропеоидных» (ариоидных) женских линий должны лучше коррелировать с кластерами ариоидного/неоевропеоидного кранотипа. Поскольку кранотип ариоидов восстанавливался по кранотипам КВК, КШК и ККК Германии, то наилучшим (наиболее точным) представлением ариоидов является такое через неоевропеоида и палеоевропеоида северо-востока Германии (СВГ) времен неолита (КВК) [26, табл.4, с.90, со ссылкой на Schlitz, 1908], т.е. по месту и времени. С другой стороны, СВГ проявляется количественными кластерами намного раньше, чем КВК, и намного южнее, чем северо-восток Германии – в раннем неолите северных Балкан.

СВГ (северо-восток Германии) - это преимущественно равнинно-прибрежный, т.е. палеоевропеоидный, кранотип, но включающий существенный кластер неоевропеоидов, поскольку относится к неолиту.

СВГ (6) = 33±10% С2Л + 33% авары + 17% И7 / 17% Н.Е.

СВГ - это самый неэскимойдный палеоевропеоид, но в отличие от других палеоевропеоидов он включает существенную долю неоевропеоидов и примерно такую же долю исходного папуасоида - за счет примерно половины кранотипа авар. Можно добавить, что СВГ - это, с большой долей вероятности не только праславянский кранотип по кланам I2a1b-M423 (15.5±1 тлн), но и пра-палеогерманский по I2a2a-M223 (10±1.5 тлн) и пра-палеосардинский по I2a1a-M26 (7.7±1 тлн), т.е. может отвечать исходному кранотипу кланов I2a (около 36 тлн), что может относить кранотип СВГ на счет едва ли не самых первых палеоевропеоидов. По крайней мере, первых на Балканах и далее в Богемии и Моравии.

Ранний Лепенский Вир (РЛВ) и Старчево идентичны СВГ на 96% и 91%, соответственно, являясь чуть более неоевропеоидными, что указывает на то, что СВГ был присущ не только северо-германским палеоевропеоидам на стадии КВК, но обнаруживался уже в раннем неолите на Балканах, откуда, видимо, и началось ранненеолитическое распространение кланов I2a1b-M243, I2a1a-M26 и I2a2a-M223 по Европе.

Ранний Лепенский Вир, 12/22, 8.25-7.9 тлн, (6) = 96±6% СВГ / 4% Н.Е. = 32% С2Л+32% авары + 16% И7 / 20% Н.Е.

Старчево, 6/14, 9-7 тлн (6) = 91±10% СВГ / 9% Н.Е. = 30% С2Л+30% авары + 15% И7 / 25% Н.Е.

Учитывая выражения для СВГ, для кранотипа ариоидов имеем:

Ариоиды (6) = 62±6% Н.Е. / 38% СВГ = 69±6 % Н.Е. / 6% И7+13% С2Л+12% авары

Таким образом, ариоидный кранотип содержит около 69% неоевропеоидного. Понятно, что если доля неоевропеоидного кранотипа у какой-нибудь европейской популяции дает оценку минимального кластера R1+Rb, то доля ариоидного - максимальную.

Теперь следует проверить наличие корреляций кластеров ариоидного кранотипа с кластерами у-R1a+R1b и мт-Н(V). Если ариоидность появлялась в основном за счет добавления женских линий «палеоевропеоидов» и уничтожения мужских (вплоть до детей), то корреляции мт-Н(V) с ариоидным кранотипом должны быть сильнее.

В табл.9 представлены значения кластеров у-R1a+R1b, мт-Н(V) и ариоидного кранотипа для 36 популяций Евразии. В колонке кластера ариоидного кранотипа звездочкой (*) помечены значения, рассчитанные для выборок средневековых черепов (за исключением современных). Кластер ариоидного кранотипа, как правило, рассчитан разложением, как минимум, 5-ти маркерного расового кранотипа тестируемой популяции на ариоидов и палеоевропеоидов И7 или их западно-европейского аналога МД (мезолит Дании). В ряде случаев разложение производилось по 6-8 расовым маркерам, а также были применены другие аналоги палеоевропеоидов, в частности, С2Л, лапы Норвегии КХ, лапаноидный неолит Русской равнины (ЛНРР – по средним мерам Т.Алексеевой), СВГ.

Таблица 9

Корреляции кластера ариоидов с кластерами у-R и мито-Н(V)

Популяция	кластер у-R1 (R1b+R1a), %	кластер мтН(V), %	кластер ариоид. кранотипа, %	кластер неоевропеоид. кранот., %
поляки	67	50.9	51	35
русские	55	51	56.5	39
украинцы	59	46	45.5	31
белорусы	53.5	40.2	41	28
коми	49	35.4	42.5	29
мари	50.4	49.6	52	36
мордва	39.8	48.3	35	24
удмурты	12.6	20	41	28
карелы	?	44.6	25.5	18
татары Казани	42.8	33.8	34.5	24
латгаллы	?	42.1	54.5	38
юж. курши	?	42.6	48	33
сев. курши	?	59	59	41
земгаллы	?	50.8	50.5	35
литовцы	41.5	51	44.5	31
эстонцы	44	56.3	48.5	33
чехи	62	41	40*	28
словаки	62	44.2	55*	38
испанцы, 8 век	?	59	62	43
баски	88.5	66	65	45
бельгийцы	67	45	42.5*	29
англичане	77	49.2	45	31
ирландцы	89	45.4	49.5	34
финны	11	49.2	52	36
исландцы	66	41.5	37.5*	26
датчане	59	57.6	42*	29
немцы	57	53	46.5*	32
шведы	37	42.9	44.5*	31
норвежцы	59	43; 33	34*	23

болгары	29	40.4	45	31
хорваты	50	51	52.5*	36
словенцы	55	45.3	45*	31
сербы	24	?	24.5*	17
венгры	40	40.5	36*	25
узбеки	35	16	33.5	23

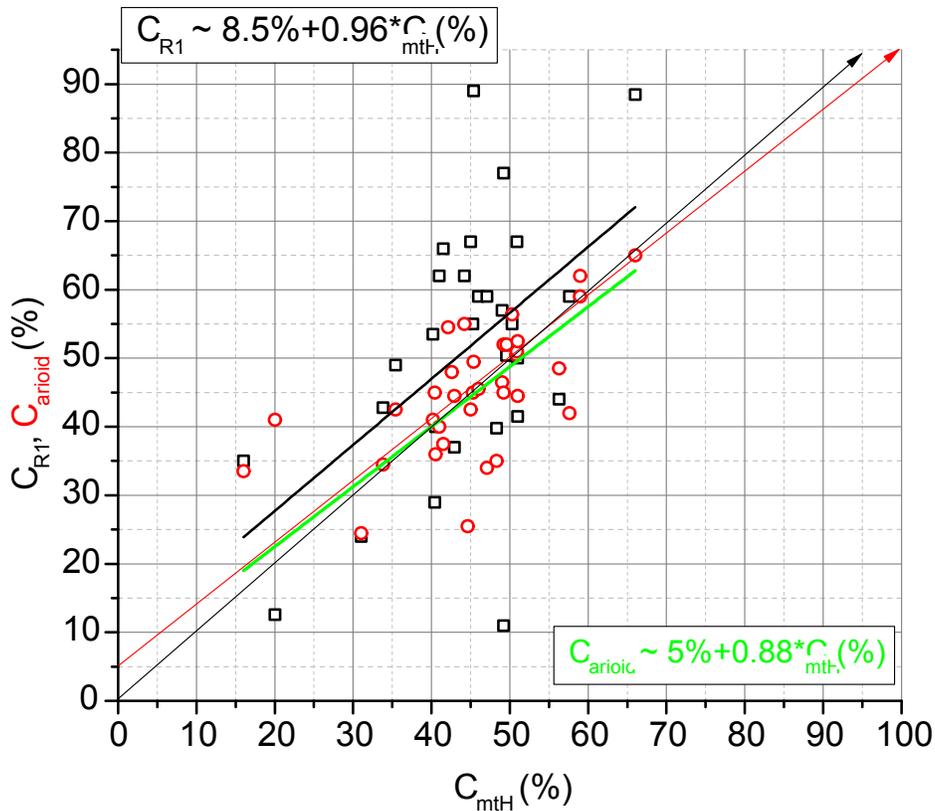


Рис.2 Корреляции кластеров y -R1a,b и ариоидного кранотипа от кластера mt-H(V)

Рис.3 демонстрирует довольно слабую корреляцию кластера ариоидного кранотипа от кластера y -R1a+R1b (синяя прямая) в случае включения 4-х ультра-маргинальных популяций в лице басков и ирландцев, у которых наблюдается значительное превышение y -R1b (+R1a) над mt-H(V), а также финнов и удмуртов, у которых наблюдается значительный недостаток R1a (+R1b) по сравнению с кластером mt-H(V). Эти популяции отмечены на графе звездочками.

Однако, если эти 4 маргинальных популяции убрать из рассмотрения, то корреляция кластера ариоидного кранотипа от кластера y -(R1a+R1b) становится сильной ($5\% + 0.71 * C_{R1}$) и существенно приближается к идеальной ($5\% + 0.90 * C_{R1}$).

Также видим, что кластер неоевропеоидного кранотипа (зеленые треугольники и линия корреляции), определенный в предположении смешения и женских, и мужских линий, т.е. как C (неоевропеоид) = $0.69 * C$ (ариод), коррелирует с кластером $R1a+R1b$ намного слабее (0.49 вместо 0.71). Это говорит в пользу того, что **смешивание неоевропеоидов с палеоевропеоидами шло преимущественно по женским линиям, тогда как мужские палеоевропеоидные линии уничтожались.**

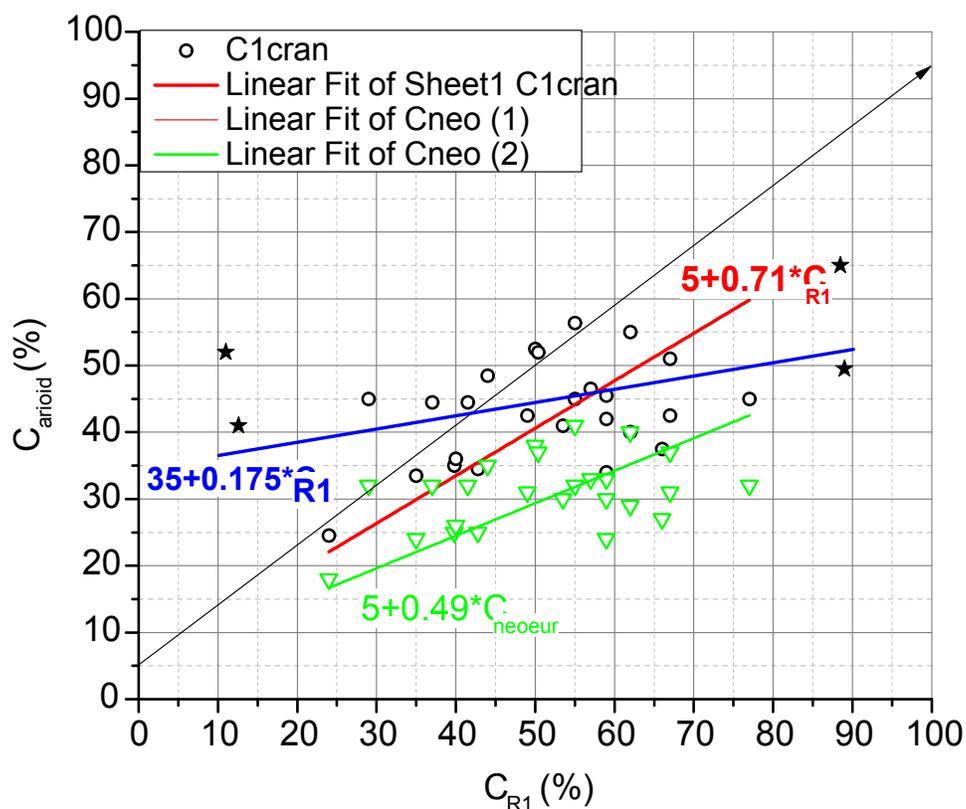


Рис.3 Корреляция кластера ариоидного и неоевропеоидного кранотипа от кластера $y-R1a,b$

Таким образом, кластер ариоидного кранотипа, возможно, вернее отображает кластер суммы линий $R1a+R1b$, чем кластер неоевропеоидного кранотипа, рассчитанный как C (неоевропеоид) = $0.69 * C$ (ариод), т.е. учитывая, что

Ариоиды (6) = 69% Н.Е. + 6% И7+13% С2Л+12% авары

Поскольку кластер $R1$ представлен суммой двух разнополярных кланов $R1a$ и $R1b$ в разных пропорциях – вплоть до почти нулевых вкладов $R1a$ или $R1b$,

то отсюда следует **очень важный вывод о примерной ИДЕНТИЧНОСТИ исходных расовых кранотипов у этих двух кланов.** Другим следствием должны быть близкие возрасты субкладов R1b и R1a. В части африканских кранотипов коллекции Хаулса (часть I) наблюдаются примеси неоевропеоидного кранотипа, что могло бы быть отнесено как на поздние примеси европейцев R1b1a2+, так и на неолитические примеси R1b1c-V88.

Предки R-M207, R1-M173, R1b-M343 и R1a-L62 датированы автором как 26±0.4, 23±2, 22.4 и 20.1 тлн, соответственно [3]. Начало неолитических экспансий R1b+ и R1a+ в Европу примерно соответствует возрасту субкладов R1b1a2-M269 (8.7±1.1 тлн) и R1a1a1-M417 (8±1.2 тлн) [3], соответственно, что говорит о том, что около 13-14 тысяч лет кланы R1b+ и R1a+ «ветвились» в одинаковых горно-лесных «убежищах», после чего стали выдвигаться в Европу.

(Прим. редактора. Как было замечено выше, работа [3] не включает никаких расчетов, ни «R1b1a2-M269 (8.7±1.1 тлн)», ни «R1a1a1-M417 (8±1.2 тлн)». Откуда эти датировки взялись – остается непонятным. Никаких данных о «начале неолитических экспансий R1b+... в Европу примерно соответствует возрасту субкладов R1b1a2-M269 (8.7±1.1 тлн)» в природе не существует. Нет никаких данных о появлении R1b в Европе ранее 4800 лет назад, и эта датировка совпадает с началом культуры колоколовидных кубков. Так что ничего не «говорит о том, что около 13-14 тысяч лет кланы R1b+ и R1a+ «ветвились» в одинаковых горно-лесных «убежищах», после чего стали выдвигаться в Европу». Более того, все имеющиеся в наличии данные говорят о том, что миграционные пути R1a и R1b в Европу были совершенно различными по географии и по времени, и никакого «ветвления в одинаковых горно-лесных «убежищах» у них не было в принципе. Это гаплогруппы пришли в Европу с разницей по времени не менее 4 тысяч лет, и, возможно, 5 тысяч лет. Так что здесь – чистые фантазии автора, ниоткуда не вытекающие).

Таким образом, мы установили, что за неоевропеоидным и, как следствие, ариоидным, кранотипами в Европе основным стоят кланы R1a+ и R1b+, поэтому определяя кластеры кранотипа ариоидов и неоевропеоидов мы получаем идею о минимальном и максимальном кластерах линий R1a+R1b, соответственно.

3. Европеоиды Евразии

В табл.10 приведены кранотипы некоторых популяций мезолита и неолита Евразии.

Таблица 10

популяции \ маркеры	гу	Очк	ово	овн	кву	влу	ску	ошо	опш	шно	м9с
Верхний палеол. Европы	71.8	1581	43.1	74.2	79.8	50	91.3	31.16	18.14	58.2	69.05
Предмостья, 2/3	73.1	1581	-	81	80.6	52.3	88.61	-	18.99	-	-
Солотр, 3	80	1607	0	71.7	83.3	49.31	91.49	28.82	19.1	66.27	68.06
П2, исх.папуасоид						54	85	32	24	75	69.8
И7=Ивановское-7, 3	74.1	1668	45.1	77.5	84.1	47.02	94.43	30.66	16.23	52.92	68.68
РНД, 2/4	72.7	1551	48.2	73.4	81.5	48.26	92.84	27.78	15.28	55	66.84
МД, 2/3	75.3	1616	43.6	70.7	84.5	50.57	93.98	29.67	15.85	53.41	69.45
СВГ, неол. Ostdorf&Rogoff, Mecklenburg, 5	72.8	1480	47.3	66.8	81.6	49.93	89.49	28.78	17.91	62.24	72.1
ариоиды						57	78.7	33.5	21	63.3	79.5
Çayönü, 9, 9.4 тлн	75.7	1385	50.1	77.6	85.2	56	82.49	32	20.74	64.81	77.3
Çatal Hüyük, 8.2-7.8 тлн	73.3	1529	43.5	71.7	84.6	55	83.21	32.38	19.91	61.43	75.49
НеаНикомедия, 8.06-7.83 тлн	76.8	1442	48.2	70.4	85	53.85	82	31.35	20.42	65.14	76.54
шумеры Убэйда 7.3-6.1 тлн	72.7	1535	46.7	75	82	56.43	82.59	31.35	20.14	64.25	76.02
неоевропеоиды						61.6	75	36.8	23.2	63	85
шумеры Киша, 4.33-4.26 тлн	72.5	1458	45	73	81.2	60.1	82.87	34.64	20.5	59.25	75.58
Волошское, 4/6,9-7 тлн	66.2	1531	43.4	66.2	84.2	59.75	83.73	34.6	20.51	59.28	73.92
Неолит Сескло, 8-7 тлн	72.3	1358	--	77.6	72.8	55.87	85.41	33.78	21.01	62.2	-
Пецель, 5.6-4.8 тлн	77.3	1402	48	75	84.6	55.92	82.38	34.2	20.49	59.9	78.86
Троицкое, 2.4 тлн	67.4	-	42.8	79.2	-	61.6	-	36.8	23.2	63.04	-

3.1 Палеоевропеоиды в Европе

3.1.1 Палеоевропеоиды верхнего палеолита

Что показывают палеоевропеоидные кранотипы с точки зрения данных, полученных нами выше, включая первую часть работы? – **Почти тотальную эскимоидность палеоевропеоидов мезолита и неолита Европы.** По сути нет ни одного кранотипа палеоевропеоидов, не включающего существенный эскимоидный вклад. Некоторые из палеоевропеоидов эскимоидны на 95%, т.е. по сути неотличимы по расовому кранотипу от эскимосов КХ (Гренландия). Более того, основные палеоевропеоиды Русской равнины в лице И7 (мезолит Ивановское-7, 9-8 тлн) и Западной Европы в лице МД (мезолит Дании, около 8 тлн) с хорошей точностью производимы из двух предков эскимосов КХ.

Но не является ли эскимойдность (как и «лаппаноидность») палеоевропеоидов более ранним приобретением за счет адаптации к европейской тундре? – Посмотрим на кранотипы более ранних европейских «кроманьонцев», т.е. у самых ранних палеоевропеоидов. Начнем с самых ранних – агрегата верхнепалеолитических кроманьонцев согласно средним мерам в [24].

Агрегат **верхнепалеолитических «кроманьонцев»** Европы, 30-20 тлн
(6) = 68±7% И7 / 32% П2, 75±12% С2Л / 25% Н.Е., 79±18% И7 / 21% Н.Е.,
(5) = 43±21% Р1 Эскимо / 57% Р2 Эскимо 57±5.5% С2Л / 43% шумеры 4-ой дин.Киша,
Шумеры 4-ой династии Киша, около 4.33-4.26 тлн (6) = 64±14% Н.Е. / 25% И7+11%С2Л

Через кранотип всей выборки эскимосов КХ этот агрегат верхнепалеолитических кроманьонцев Европы не представляется, а через предков эскимосов КХ представляется удовлетворительно (±21%), что оставляет возможность для существования исходных предков эскимосов уже в те времена, поскольку этот агрегат хорошо (±7%) представляется через эскимоида И7 и папуасоида П2, и удовлетворительно (±18%) через И7 и неоевропеоидов. Причем, удовлетворительность в последнем случае – это больше «вина» участия неоевропеоидов (R1 → R1b, R1a), поскольку для них такое участие представляется несколько ранним, поскольку субклад R1 датируется автором как около 23±2 тлн, а R1b – как около 22.4±2 тлн [3].

Лучшее представление «кроманьонцев» Европы через специфический кранотип шумер 4-ой династии Киша имело бы смысл, если бы кранотип этих шумер хорошо представлялся через базовые кранотипы палеоевропеоидов и неоевропеоидов (или П2). Поэтому лучшим представлением «кроманьонцев» Европы выглядит представление через определяющую долю (около двух третей по определению) эскимоида И7 и треть исходного горно-лесного папуасоида П2.

Участие в кранотипе верхнепалеолитических «кроманьонцев» Европы исходного папуасоида П2 вместо неоевропеоида может указывать на то, что неоевропеоидный кранотип – это всё же более позднее приобретение людей современного типа, характерное для субкладов от R-M207 (26 тлн) и, возможно, даже от R1-M173 (23 тлн), а не от R-M45 (33.5 тлн). По этой причине приписывание долей неоевропеоидного кранотипа кланам Q1+ может быть ошибочным. Хотя, заимствование неоевропеоидного кранотипа этими кланами могло происходить за счет заимствования мито-линий H(V) у кланов R1 → R1a, R1b.

Кранотип палеоевропеоид И7 в явном, 100%, виде проявляется в Ивановском-7 (Переславский район Ярославской области), относящемся к бутовской мезолитической культуре, с датировкой слоя 9.5-7.5 тлн – см. в [39]). И7 представляется через предков Р1 и Р2 эскимосов КХ **и только через них**. Долгое время И7 считался автором **базовым** (т.е. неразложимым на компоненты) палеоевропеоидом Европы вообще, и «**палеорусом**» в частности. Однако, предок Р1 эскимосов КХ оказался «базовее», что, впрочем, не отменяет палеоевропеоидность и палеорусскость кранотипа И7.

И7, мезолит Ивановское 7, 9-8 тлн (5) = 80±12% Р1 эским. КХ / 20% Р2 эским.КХ
Одним из ранних проявлений кранотипов эскимоидного палеоевропеоида И7 и неоевропеоидов выглядит кранотип мужских черепов Сунгири (23-22 тлн), что добавляет ещё один аргумент в пользу верхнепалеолитической природы эскимоидных кранотипов:

Агрегат **Сунгирь1&2**, 23-22 тлн (5) = 56±6.5% И7 / 44% Н.Е.

Лишний раз отметим, что у сунгирцев обнаружена мито-Н, выглядящая исходной мито-партнершей кланов R1, что коррелирует с неоевропеоидами.

Таким образом, верхнепалеолитические палеоевропеоиды на поверку оказываются эскимоидами, но исходное проявление этих эскимоидов в Европе означает и другую постановку вопроса – **эскимоиды = палеоевропеоиды**. Такая постановка вопроса справедлива, по крайней мере, до тех пор, пока не будет показано, что эскимоидные кранотипы могли возникнуть на другом континенте, например, в Азии. Для эскимоидов по сверхмалым ОШН и ШНО очевидна необходимость крайне бореального климата. В принципе, такой климат, видимо, достигим не только в крайне северных широтах, но и в некоторых частях Тибета, например, или на юге Горного Алтая – в Кош-Агачском районе, являющимся самым холодным местом Западной Сибири, что, видимо, обусловлено близостью ледников Гималаев.

3.1.2 Палеоевропеоиды мезолита Русской равнины

Самые ранние палеоевропеоиды мезолита Русской равнины – это «кроманьоиды» Попово (Архангельская область, 10.2 тлн), которые по расовой кранотипии относятся к истинным эскимоидам, т.к. отлично и очень хорошо представляются как через кранотипы всей выборки эскимосов КХ, так и через предков Р1 и Р2 эскимосов КХ:

Попово, мезолит, 10.2 тлн (5) = 52±6% P1 эским. КХ /48% P2 эским. КХ,
96±3.5% эским. КХ/4% Н.Е., 93±8.5% эским. КХ/7% мезолит Волошское, 9-8 тлн

Таблица 11

Кранотипы популяций мезолита и неолита Русской равнины

	гу	Очк	ово	овн	кву	влу	ску	ошо	ошн	шно	м9с
ЕМРР	72.4	1558	45.6	72.4	86.9	51.2	90.67	31.37	18.03	57.47	69.69
Попово, 2/3, 10.2 тлн	74.2	1591	44.8	74.2	87	51.8	92.16	30.17	17.23	57.11	68.93
Васильевка2,13/16	71.1	1600	46.1	71.1	89.2	50.61	88.67	31.08	17.88	57.51	70.5
Васильевка1, 4/10	68.4	1564	45.1	68.4	88	52.34	90.56	30.5	18.79	61.63	68.09
Звейниеки, мезолит, 11/12	72.8	1503	45.9	72.8	86.5	51.42	89.42	31.85	18.12	56.88	70.71
Юж.Олений о-в, мезол., 9/22	75.9	1531	46.4	75.9	84	49.93	92.55	31.51	18.07	57.33	68.91
Ивановское-7, 3 = И7	74.1	1668	45.1	77.5	84.1	47.02	94.43	30.66	16.23	52.92	68.68
ЕНРР	75.5	1574	45.1	74.2	85	49.83	92.57	31.14	17.92	57.56	68.86
сум. неолита лесной полосы	75.3	1502	47.8	74.8	84.7	49.46	91.12	30.61	18.14	59.25	67.17
Волошское, 4/6, 9-7тлн	66.2	1531	43.4	66.2	84.2	59.75	83.73	34.6	20.51	59.28	73.92
Вольненский,12	75	1721	44.3	71.6	87.5	51.39	91.11	31.19	17.56	56.3	69.08
Вовниги, 30/35	74.9	1666	45	74	86.3	49.35	91.55	30.62	18.11	59.15	69.17
Васильевка 7/8	76.9	1632	42.5	74.1	86.2	49.06	96.91	27.17	17.46	64.27	69.58
Дериивка, 16/20	74.1	1667	43.9	72.5	85.7	51.07	90.43	30.52	18.62	61	70.24
Никольское, 6	72.9	1640	42.9	73.3	84.4	51.62	91.5	31.52	18.03	57.21	69.58
Звейниеки ран.неолит, 11	72.5	1574	47.5	75.2	88.1	51.26	89.11	32.14	17.97	55.93	71.39
Звейниеки ср.и позд.неол., 28	75.5	1543	46.6	74.5	84.2	49.68	90.37	31.59	18.16	57.47	70.98
Сахт.2,льялов.,3 = С2Л	77.9	1572	47.3	76.6	82.1	44.28	97	28.42	16.52	58.14	61.93
Сахт.2,волос., 6/11 = С2В	78.3	1494	42.6	72.9	84.9	49.1	94.17	30.53	17.94	58.77	65.58
Сахт.-2,пост-волосов., 3 =С2пВ	76.6	1494	40.7	74.7	84.5	48.32	95.28	30.38	17.87	58.82	66.25
Бол.Олений о-в, 3.5 тлн, 9/10	80.4	1430	49.6	75	78.4	47.73	96.86	30.58	17.29	56.53	69.15

Наилучшее представление поповцев проходит лишь через минорный вклад неоевропеоидов, что указывает на возможное участие кланов R1→ R1a,R1b. Такая возможность поддерживается наличием ископаемой мт-Н у родственников по археологической культуре людей мезолитического Южного Оленьего острова. Согласно результатам работы [55], ископаемая мтДНК у двух людей Попово (10?-7 тлн) из 3-х относится к мт-U4, что исходно могло относиться на счет кланов F→G→G2, но в Передней Азии и при проходе Кавказа (если такой был), в принципе, могло быть приобретено и кланами Q1+.

У 9-ти людей мезолита Южного Оленьего острова [55] были обнаружены 3 восточноазиатские мт-С1 (кланы С3+), по две мт-U2e и 2 мт-U4 (F→G2+) и по одной мт-Н (R1→R1a,R1b) и мт-U5a (клан I→I2).

У 23-х людей Большого Оленьего острова времен бронзового века РР [55] - 2 мт-U4a1 (G2+), 2 мт-U5a и 4 мт-U5a1 (I→I1), 1 мт-T* (G+ или J+) и 14 восточноазиатских мтДНК (6 мт-C*, 2 мт-C5, 3 мт-D* и 3 мт-Z1a), которые в данном случае могли относиться уже на кланы N1c1d+.

В пользу отнесения мт-U2e и мт-U4 на счет кланов G2+, а не Q1+ могут свидетельствовать древние ветви G2 с участием русских и россиян:

G2a2*-P15-17Yfiler-RusChuvash2-3, 11925±4875 лет, мезолит РР?

G2a3b-M485-17Yfiler-TurMordUkrRus-4, 6650±2975 лет, мезолит РР?

G2a3b1*-P303-17Yfiler-SlvkPolUkrBelar3-6, 4025±850 лет, волосовцы?

G2a1-P16-17Yfiler-Tatar2Ru3-5, 3550±900 лет, ???

G2a3b1*-P303-17Yfiler-TatarBelorUkr2-4, 2525±575 лет, сармато-аланы?

G2a3b1a1a?-M527-17Yfiler-EstonBelarRusUkr3(Jews?)6, 1675±450 лет, аланы?, хазары?

С другой стороны, отсутствие древних ветвей Q1a+ у русских может быть обусловлено количественным уходом мужчин Q1a+ с Русской равнины, тогда как женщины этих кланов в лице (обнаруживаемых у русских) мт-X2 могли быть частично «потеряны» на Русской равнине, т.е. заимствованы другими мезолитическими кланами, например, G2+.

Кранотип людей мезолита Южного Оленьего острова (тоже север Русской равнины) на грани удовлетворительности несет идею представимости через предков эскимосов КХ, но при неплохом представлении через кранотип ЕМРР (европеоидный мезолит РР) – включает количественный вклад эскимойдов Попово (около 82% = 90%*0.91):

ЮОО, Южный Олений остров, 7.5-7 тлн (5) = 45±24% P1 Эск. /55% P2 Эск.,

(6) = 90±12% ЕМРР (см. далее) / 10% С2Л

ЕМРР (6) = 91±6.5% Попово /9% Н.Е.

Обратимся к возможной зоне и времени прохода праэскимосов с Кавказа на Русскую равнину - к днепро-донецкому «мезолит-неолиту» (ДДМН). Вопрос с днепро-донецкой «культурой» выглядит крайне запутанным. Одни начинают отсчет от мезолита Васильевки-2 с ранними датировками (около 10-9.6 тлн) и Волошского (9-8 тлн) и относят днепро-донецкие популяции к единому «днепро-донецкому мезолит-неолиту» (ДДМН), другие [Википедия] говорят лишь о днепро-донецкой субнеолитической культуре, датируя её как около 7-5 тлн. Считается [Википедия], что «днепро-донецкая керамика сходна с посудой западных субнеолитических культур: Эртебёлле, Свифтербантской и культур французского субнеолита – и отличается от кухонной утвари культуры линейно-ленточной керамики (КЛЛК), распространившейся в ту эпоху по центральной Европе с Балканским неолитом... Представители днепро-донецкой культуры были ярко выраженными

кроманьонцами, что существенно отличало их от средиземноморского облика представителей балканского неолита, но сближало их с представителями мезолита Северной Европы (Эртебелле)».

Кранотип ДДМН формируется на основе эскимойдов И7 добавками количественно неоевропеоидных волошцев. Эта узко локальная (волошская) неоевропеоидность (за которой могут стоять как кланы R1+, так и частично Q1a+) **указывает на недавний приход этих неоевропеоидов, а не на их автохтонность в «Украинском убежище»**, отводимом рядом авторов для эпипалеолитических и мезолитических кланов R1a+. Волошцы, как мы видели выше, могут являться составной частью горно-лесного предка P2 эскимосов КХ.

Волошское, 9-8 тлн (6) = 96±4.5% шумеры 4-ой династии Киша / 4% С2Л, 62±16% Н.Е. / 19% И7+19% С2Л

Интересна равная пропорция эскимойдов И7 и эскимойдных «лапаноидов» С2Л в палеоевропеоидном субстрате волошцев - точно такая же пропорция И7 и С2Л наблюдается и у большинства остальных популяций ДДМН, что указывает на палеоевропеоидный субстрат ДДМН как смесь И7 с С2Л в примерно равных пропорциях. Остальные популяции ДДМН содержат 34-46% доли кранотипа волошцев, а в основном определяются И7 и С2Л, т.е. выглядит так, что неоевропеоиды праволошцы были мезолит-неолитическими пришельцами в места, уже занятые этими палеоевропеоидами. Собственно, это понятно и по маргинальному горно-лесному кранотипу неоевропеоидов - в контрасте с ярко выраженными равнинно-прибрежными кранотипами И7 и С2Л.

Васильевка-2 ДДМН, 10-9.6 тлн (6) = 37±5% И7+36% С2Л / 27% Н.Е. , 46±13% Волошское / 27% И7+27% С2Л; (5) = 39±23% P1 эским. КХ / 61% P2 эским. КХ

Васильевка-1, ДДМН, 9-8 тлн (6) = 31±7% Волошское / 69% ЛЭ2 (среднее лаппов, С2Л и ЛНРР), 15±11% Н.Е. / 85% ЛЭ; (5) = 32±18% P1 эским. КХ / 68% P2 эским. КХ

Вовниги, ДДМН (6) = 59±4% С2Л+15% И7 / 26% Н.Е., 39±9% Волошское / 49% С2Л+12% И7; (5) = 47±24% P1 эским. КХ / 53% P2 эским. КХ
Дериивка, ДДМН (6) = 84±7.5% ЛЭ (среднее И7, лаппов, С2 и ЛНРР) / 16% Н.Е., 36±12.5% Волошское / 64% ЛЭ2; (5) = 36±21% P1 Эским. КХ / 64% P2 эским. КХ

Вольненский, ДДМН (6) = 34±8.5% Волошское / 33% И7+33% С2Л, 81±12% И7/19% Н.Е., (5) = 44±15% P1 Эским.КХ / 56% P2 Эск.КХ, 90±10.5% эскимо КХ / 10% мез. Волошское

Никольское, ДДМН, (6) = 42±5% Волошское / 29% И7+29% С2Л, 37±6% И7+37% С2Л / 26% Н.Е., (5) = 39±16.5% P1 Эск.КХ / 61% P2 Эск. КХ, 81±14% эскимосы КХ / 19% мез. Волошское,

В целом, агрегат «европеоидного мезолита Русской равнины» (ЕМРР, по средним мерам Т.И.Алексеевой [30]) – это количественный эскимойд (79%) на фоне Волошского (21%), но лучше всего наследует эскимойдам Попово – через добавление 9% неоевропеоидов:

ЕМРР (6) = 91±6.5% Попово /9% Н.Е.,
(5) = 39±17% P1 эск. Кх /61% P2 эск. КХ, 79±14% эскимой КХ /21% Волошское

Кранотип мезолита прибалтийских Звейниек едва удовлетворительно представляется через предков эскимосов КХ, но может наследовать кранотипу всей выборки эскимосов КХ или эскимойдам Попово, и неплохо представляется через эскимойда И7 и P2 эскимосов КХ, но точнее всего (±4%) определяется 51% долей эскимойда И7 в сумме с 22% С2Л и 27% неоевропеоидов.

Мезолит Звейниек, 9-8 тлн (6) = 51±4% И7+22% С2Л /27% Н.Е.,
74±9% И7 / 26% Н.Е., 89±10% Попово /11% Н.Е.,
(5) = 47±12 И7/53% P2 эским. КХ, 34±23% P1 Эск. /66% P2 Эск.,
77±16% эскимосы КХ / 23% Волошское

Кранотипы раннего и средне-позднего неолита Звейниек последовательно наследуют мезолиту Звейниек, а потому тоже частично несут частичную эскимойдность:

Ранний неолит Звейниек (6) = 57±5.5% И7+15% С2Л/ 28% Н.Е.,
94±8% Звейниеки 9-8 тлн/6% Н.Е., 90±13% Звейниеки, 9-8тлн / 10% Волошское
(5) = 32±30% P1 Эским. КХ /68% P2 Эским. КХ
Средний и поздний неолит Звейниек (6) = 37±1.5% И7 +36% С2Л / 27% Н.Е.,
81±11% Звейниеки ран.неолит /19% ЛНРР, (5) = 40±27% P1 Эск.КХ /60% P2 Эским.КХ

Если исходить из идеи наследования ранне-неолитическим Звейниекам, то видно, что у средне- и поздне-неолитических Звейниек добавляется 19% кранотипа лапаноидного неолита РР, что может означать как приход кланов N1+ и, возможно, С3+, поскольку ЛНРР определяется палеомонголоидным кранотипом Кёрёша, так и кланов R1b1a2+ - поскольку кранотип Кёрёша лучше всего определяет кранотип культуры Тиса, значительные вклады которого обнаруживаются при анализе спектров расовых маркеров у западноевропейских популяций.

Агрегат «европеоидного неолита Русской равнины» (ЕНРР – по средним мерам Т.И.Алексеевой [30]), наследующий ЕМРР через добавление лапаноидов, представляется через предков эскимосов КХ на грани

удовлетворительности, что резонно, поскольку добавляется существенная доля «лаппаноидов» (10%), а у ЕМРР к 96% доле эскимойдов Попова (у которых около 4% неоевропеоидного кранотипа) добавилась 9% доля неоевропеоидов:

ЕНРР (6) = 90±4% ЕМРР / 10% ЛЭ, (5) = 48±21% Р1 эским.КХ / 52% Р2 эским. КХ

Идея представления агрегата «лаппаноидного неолита РР» (ЛНРР – согласно средним мерам Т.И.Алексеевой [30]) очень прозрачна и в основе своей палеомонголоидна по типу палеомонголоидов Кёрёша (Венгрия, ранний неолит), которые с очень хорошей точностью на 92% идентичны Атайалам КХ, у которых 100% Y-хромосомных линий О, что может означать у исходных пра-кёрёшцев доминантность линий N1+ и, возможно, С3+:

Кёрёш, 5/12, 9-7 тлн (5, без М9ск) = 92±5% атайалы КХ / 8% Н.Е.

ЛНРР (6) = 58±20.5% Кёрёш, 5/12, 9-7 тлн / 42% С2Л

С другой стороны, с той же точностью, но даже несколько большим вкладом (94%), Кёрёш может определяться эпипалеолитическими североафриканцами Афалу, а это уже совершенно другая история. Нужен анализ спектров выборки к.Тиса, которая достаточно велика для того, чтобы обеспечить более или менее точную идентификацию её предков.

Кранотип ранне-неолитического Сескло (8 тлн) может наследовать Волошскому через добавление 30% доли Кёрёша:

Сескло, Неолит Фессалии, 8.9-8 тлн (5, без М9с) =

70±9.5% Волошское, 9-8 тлн / 30% неолит Кёрёш, 67±11% Н.Е. / 33 % С2Л

Кранотипическая производность ранне-неолитического Сескло от Волошского и палеомонголоидность кёрёшцев объясняют ископаемые монголоидные мито-линии в раннем неолите не только Венгерской равнины, но и у «мезолит-неолитчиков» днепро-донецкого бассейна. В недавней работе [20] в костяках ранне-неолитической (8 тлн) культуры Alföld (восточный аналог КЛПК) на Венгерской равнине кроме монголоидной мт-N9a были найдены и другие азиатские мито-линии: мт-С5, мт-D1, мт-G1a, мт-M, мт-R24. Последняя (мт-R24) исходно относится на счет кланов NO, тогда как остальные мито-линии исходно относятся на счет кланов С+. В днепро-донецкой неолитической Ясиноватке из 6-ти древних мито-ДНК: 2 мт-Т, 2 мт-С, 1 мт-U3 и 1 мт-U1 [22], т.е. треть монголоидных и две трети переднеазиатских. Согласно Деренко [22] «эволюционный возраст линий мтДНК кластера С5с составляет около **11.5±3.9 тлн**, а польские линии мтДНК, входящие в этот кластер (субкластер С5с1),

характеризуются высоким разнообразием в кодирующей области, которое могло сформироваться в течение примерно 10 тысяч лет».

То есть и по современным потомкам устанавливается преднеолитическое проникновение монголоидного митохондриального фонда в Европу, причем, возможно не только или не столько за счет клана N1c, сколько за счет клана C3+. У восточно-европейцев есть гаплотипы C3(c), при объединении которых в одну ветвь C3(?) - HunCzehGerPol3-7 возраст этой ветви получается даже пред-мезолитический - **13750 лет**. Однако следует помнить, что кластеры N1c у основной массы европейцев, кроме русских, поляков, прибалтов и финнов мизерны, а кластеры C3+ ещё мизернее. То же самое касается и вкладов восточно-азиатских митохондриального ДНК.

Предок европейского субклада **N1c1d-L708** датируется автором как **8.45±0.8 тлн** (по той же методике, что приведена выше для C3 и Q1+), т.е. около начала лапаноидного неолита Русской равнины (ЛНRP) и во времена ДДМН, тогда как нисходящие субклады и ветви датируются намного моложе:

N1c1d* (**3.9 тлн**), русская ветвь N1c1d*-L708-“Volga”-Russian5 (2500 лет), N1c1d1-L1026 (3.7±0.1 тлн), N1c1d1* (**2.7 тлн**) и т.д.

Выглядит так, что лапаноидный неолит Русской равнины в лице Y-хромосомных линий N1c1d+ или был немассовым явлением, или ветви N1c1d+ испытали серию сильных бутылочных горлышек при приходе различных волн неоевропеоидов (кланов R1a1a1+) в лице ямников, фатьяновцев, абашевцев, срубников, киммерийцев и скифов. Лишь с момента пришествия скифов на Русской равнине наблюдается хорошее соответствие кластеров N1c1d1+ с археологическими культурами, относимыми на счет «финно-угров», и с долями кранотипов различных «лапаноидов».

Кранотип неолита лесной полосы РР на 94% с хорошей точностью идентичен кранотипу волосовцев Сахтыша-2 (С2В) – через минорную добавку неоевропеоидов, а через предков эскимосов КХ представляется едва удовлетворительно:

Сумма неолита лесной полосы РР, 16/26 (6) = 94±6% С2В / 6% Н.Е
(5) = 46±24% Р1 эским.КХ / 54% Р2 эским. КХ

Волосовцы Сахтыша-2 (С2В) количественно определяются эскимоидными лапаноидами С2Л с 21% добавкой неоевропеоидов (возможно, в лице R1a1a1+):

С2В (6) = 79±7% С2Л / 21% Н.Е.

Возможная доля волосовского кранотипа у современных русских в среднем не превышает 4-5%.

Отметим эскимоидность людей Большого Оленего острова (3.5 тлн, БОО) по типу И7, что характерно для кранотипа карел (см. далее). Добавление кранотипа Кёрёша может означать вливание кластеров палеомонголоидов в лице N1+. Согласно [55, см. выше] у 14 из 33-х людей БОО митоДНК относится к восточноазиатским.

БОО, Большой Олений остров, 3.5 тлн, 9/10 (6) \approx 85 \pm 10% И7/15% Кёрёш
(5) = 68 \pm 27% P1 Эск. /32% P2 Эск.

3.1.3 Палеоевропеиды мезолита-неолита Скандинавии и Германии

Хотя кранотип «палеоевропеида» РНД (ранний неолит Дании времен появления КЛЛК-КВК) не включает маргинальных (крайних) расовых маркеров, тем не менее пока что он не представляется удовлетворительно другими кранотипами в силу специфической комбинации нескольких почти маргинальных расовых маркеров. Одно из почти единственно возможных (но плохих) представлений вовлекает комбинацию P1 эскимосов КХ и «классических» центральноазиатских авар (Венгрия, Margarethen Moos – см. в [29]), т.е. и этот, пока ещё выглядящий базовым, палеоевропеид может оказаться не базовым, и к тому же авароидным эскимоидом:

РНД, Дания около 7-6 тлн (5) = 66 \pm 32% P1 эским. КХ/ 34% авары

Кранотипический западно-европейский аналог эскимоида И7 в лице «палеоевропеидов» мезолита Дании (МД) представляется через предков эскимосов ещё лучше, чем И7 – на очень хорошо-отлично (\pm 5%), т.е. это тоже эскимоид, что увеличивает полосу эскимоидов мезолита-неолита (а возможно и от верхнего палеолита) от Западной Сибири и Казахстана, где доминировал кранотип И7, до Дании и Островов, где домировал МД и один из его предков в лице РНД. С другой стороны, МД хорошо представляется через равные кластеры И7 и РНД и 8% добавку неоевропеидов:

МД, мезолит Дания, около 8 тлн (6) = 46 \pm 8% И7 + 46% РНД / 8% Н.Е.
(5) = 73 \pm 5% P1 Эским.КХ / 27% P2 Эским.КХ

«Кроманьониды» Эртебёле из южно-шведского Скатехольма (ЭС) по 5-ти маркерному расовому кранотипу с высокой точностью (\pm 6%) на 94%

идентичны эскимосам КХ и на 94% эскимоидам Попово (но уже по 6-ти расовым маркерам), и добавляются неоевропеоиды, видимо, относящиеся к культуре воронкообразных кубков (КВК). Точность представления кранотипа ЭС через Р1 и Р2 эскимосов КХ лишь удовлетворительная ($\pm 22\%$), что, впрочем, все равно оставляет их в рядах эскимоеидов, поскольку для половины из 16-ти других эскимосских популяций Гренландии наблюдается не лучшее этого сходжение долей предков эскимосов.

ЭС, Эртебёле-Скатехольм, юж.Швеция, 6.4-6 тлн (6) = $94 \pm 7.5\%$ Попово % / 6% Н.Е.;
(5) = $51 \pm 22\%$ Р1 Эскимо / 49% Р2 Эскимо, $94 \pm 6\%$ эскимо КХ / 6% Н.Е.

Происхождение эртебёльцев Скатехольма от эскимоеидов Попово через добавление минорной доли неоевропеоидов КВК (6%) пока что наиболее вероятно, т.к. в этом случае задействовано 6 расовых маркеров, а не 5. Проблема эскимоеидного эртебёльского кранотипа в том, что **он почти однозначно коррелирует с кластерами кланов I→I1**, начиная со времен конца КВК-начала КШК, т.е. когда и появился субклад I1-M253 (около 5.05 тлн). У лапшов примерно половина линий относится на I1a+. Нужно отметить, что предок Р1 эскимосов КХ – маргинальный лапшо-эскимид и его основное отличие от эскимоеидного лапшаноида С2Л заключается в существенно более узком носе (ОШН=14.6). ОШН (относительная ширина носа) у С2Л и без того эскимоеидная (16.52), что и придает ему эскимоеидности, тогда как типичная ОШН у лапшов и характерных лапшаноидов намного выше – 18.5-19.

Единственная выборка черепов собственно КВК, причем, в Германии (Эльба-Зееле), лучше всего представляется через 39% неоевропеоидов на фоне ЭС и СВГ:

КВК Германии, 33 (6) = $39 \pm 4\%$ Н.Е. / 25% ЭС + 36% СВГ (палеоевропеоиды),
где
СВГ (6) = $33 \pm 10\%$ С2Л + 33% авары + 17% И7 / 17% Н.Е.

Кранотип поздней стадии КВК Германии в лице валтерниенбургской культуры (5.35-5.1 тлн) демонстрирует снижение доли неоевропеоидов на фоне эскимоеидов ЭС и МД, что может быть как свидетельством мирного вливания палеоевропеоидов в ряды неоевропеоидов (аграриев), так и о «заимствовании» мито-линий палеоевропеоидов аграриями:

Walternienburg Эльба-Зееле, 64, 5.35-5.1 тлн (6) = $76 \pm 7\%$ КВК-33 / 24% МД,
 $41 \pm 4.5\%$ ариоиды / 59% ЭС, $27 \pm 6.5\%$ Н.Е. / 73% ЭС

3.1.4 Палеоевропеоиды энеолита Русской равнины

В табл.12 представлены расовые кранотипы энеолита и бронзового века Русской равнины. Кранотип Надпорожья наследует кранотипу агрегата ДДМН через 11% добавку С2Л, а потому ещё может быть представлен и предками эскимосов КХ:

Надпорожье, 6-5тлн, 70/87, (6) = 89±6.5% агрегат ДДМН / 11% С2Л
(5) = 48±18% P1 Эским.КХ / 52% P2 Эским.КХ

Таблица 12

Расовые кранотипы энеолита и бронзового века Русской равнины

Кранотипы \ маркеры	Гу	очк	ово	овн	кву	влу	ску	ошо	ошн	шно	м9с
Хвалынская, 14/27,7-6.5тлн	73.8	1521	45.2	73.4	86.8	51.48	87.72	32.15	18	55.99	72.67
Надпорож. 6-5тлн, 70/87	75	1642	44.3	73	85.2	50.4	92.6	30.7	17.8	58.1	
Позд. Триполье 5.5-4 тлн, 19/28	73.8	1467	45.2	73.5	85.8	53.66	85.69	32.41	19.01	58.67	73.22
Сумма Триполья*	69.5	1502		70.4	84	53.1	86.1		18		
Средний Стог, 6.5-5.5 тлн	74	1625	42.2	71.4	83.6	51.97	88.49	32.24	18.3	56.76	72.12
Ямная-1, 5-4 тлн, 25/35	73.6	1516	45.5	72.7	83	51.79	88.94	30.65	17.92	58.47	
Ямная-2, 5.6-4.3 тлн	75	1624	43.7	71.8	83.7	51	88.7	31.7	18.1	57.1	
Ямная Запорожье	78	1621	43.6	70.1	82.8	51.93	88.61	31.57	18.07	57.24	70.21
Украина ^{Krenz} , 16	72.8	1551	45.6	73.7	85.1	49.18	88.38	31.06	18.19	58.58	70.93
Ямная Сев.Кавк.,18/29	80.6	1558	45.5	72.4	82.7	49.86	89.65	31.42	18.08	57.53	71.59
Ямная Калмыкии	72.9	1626	45.4	74	84.8	50.39	88.18	31.25	17.85	57.11	72.47
Ямная Казахстана	74.3	1562	43.5	72.9	79.9	53.8	89.78	32.95	18.4	55.83	74.66
Ямн.Каз., п.3, Шоктыбайз,	87.6	1537	47.6	75.45	79.6	53.31	87.97	32.21	21.47	66.67	74.26
Неолит Казахстана	83.7	1421	45.4	75	73.4	49.66	96.93	30.03	16.79	55.91	64.83
Энеолит Казахстана	73.2	1483	45.2	74	82	49.07	92.84	32.15	19.2	59.72	65.82
Лолинская к.,	68.8	1547	44.5	72.9	84.2	53.4	86.3	32.6	19.1	58.6	74.07
Катакомб. к.,4-3 тлн, 50/53	75.8	1523	45.6	72.7	83.4	51.53	88.96	31.02	18.18	58.59	-
Восточно-Маньч.катакомб	73.3	1527	45.4	72.1	85	52.01	88.58	32.31	18.24	56.46	71.94
Срубная к., 31/38	72	1533	44.4	71.9	82.9	52.8	86.72	32.49	19.12	58.85	73.71
Поздн. бронза, 3 тлн, 17/39	73.2	1509	45.1	71.3	83.6	54	86.8	31.4	18	57.2	
Сумма 4-х популяций абашевцев	74.6	1453	44.9	73.3	80.1	52.17	88.49	32.34	18.21	56.32	72.49
ран.фатьяновцы, 17	68.7	1547	48.2	70.5	83.5	52.4	87.29	32.82	18.26	55.63	72.36
позд. фатьяновцы,13	71.2	1497	47.2	69.7	80.8	54.14	86.98	33.23	18.95	57.01	73.61
Балановцы, 12, 4 тлн	72.1	1462	46.6	75.1	81.9	54.22	86.13	32.75	18.94	57.85	76.53
Древняя Греция, 2.7-2.2 тлн	75.4	1470	48	74	81.3	52.17	86.68	32.24	18.86	58.49	73.46
Русские СЗЦ, нач.20 века	81	1425	47.4	72.7	82.6	53.43	87.32	32.64	18.99	58.17	74.82

Однако, начиная с хвалынской и среднестоговской культур эскимоидность теряется всё более быстрыми темпами – за счет всё большего добавления долей неоевропеоидов:

Хвалынская к., 7-6.5 тлн, 14/27 (6) = 95±6% Средний Стог/ 3% И7+2%С2Л,
90±6% РФ/ 10% С2Л, 88.5±10% Вольненский / 11.5% Н.Е.
(5) = 31±29% Р1 Эским.КХ / 69% Р2 Эским.КХ
Средний Стог, 6.5-5.5 тлн (6) = 30±6% Н.Е. / 70% И7, 75±8% позд.Триполье / 25% И7
(5) = 29±24% Р1 Эским.КХ / 71% Р2 Эским.КХ

Позднее Триполье, 19/28, 5.5-4.5 тлн (Триполье С2? = Усатовская к.??) (6) =
78±3% мезолит Васильевка-2 / 22% Н.Е., 84.5±3% «неорусы» / 15.5% С2Л,
43±5% Н.Е. / 29% И7+28%С2Л, 70±9.5% шумеры Киша / 30% С2Л
КШК Земники Горные (22), Польша (6) = 63±5% «неорусы» / 19% СВГ+18%ЭС,
55±4% арионид/ 45% МД
«Неорусы» (РСВ южные болгары, «гунны») (6) = 51±5% МД / 49% Н.Е.,
50±9.5% Н.Е./ 50% И7

Отметим первые проявления кранотипа «неорусов» (раннесредневековых южных болгар, «гуннов») в кранотипах позднего Триполья (5.5-4.5 тлн) и шнуровиков Земников Горных (Польша). Участие кранотипа «неорусов» специфично для популяций с повышенными кластерами R1a1+ и особенно типично для популяций Русской равнины, начиная с позднего Триполья и кончая современными выборками русских. По примеси датских палеоевропеоидов очевиден приход кранотипа «неорусов» как части КВК с севера Германии-Дании. Кранотип «неорусов» (РСВ южных болгар) может быть также назван и «гуннским» - по проявлениям в европейских выборках в гуннские времена.

Среднестоговская культура датируется **6.5-5.5 тлн** [Википедия], была распространена в степях Приазовья между Днепром и Доном, на востоке доходила до среднего Поволжья, а на западе граничила с Трипольем. Считается, что среднестоговская развилась на базе днепро-донецкой культуры и эволюционировала в ямную культуру.

Ямные кранотипы действительно наследуют среднестоговской и/или хвалынской, по кранотипу на 95% идентичной среднестоговской, а потому их эскимоидность в целом снижена:

Ямная к. Украина^{Кренз}, 16 (6) = 71±11% п.Триполье / 29% С2Л,
69±12% Хвалынская к./ 31% ЛЭ2
Ямная к. Сев.Кавказ, 18/29 (6) = 84±7.5% Средний Стог/ 16% С2Л,
86±8.5% Хвалынская к./ 14% С2Л, 64±8.5% п.Триполье / 18% И7+18%С2Л
Ямная к. Калмыкия, 9/15 (6) = 96.5±5% мезол. Васильевка-2 / 3.5% Н.Е.,
36±7% И7+36%С2Л / 28% Н.Е., 89±8% Хвалынская к./ 11% С2Л,
85.5±12% Средний Стог/14.5% С2Л
Ямная Казахстана (6) = 66±8% И7 / 34% Н.Е.

Кранотип ямной Казахстана выделяется среди ямных наибольшей долей эскимойдов I7 (66%), что указывает на близость к какому-то источнику этого кранотипа.

Фатьяновцы, балановцы и абашевцы также выглядят потомками среднестоговского кранотипа, причем кранотип агрегата 4-х популяций абашевцев идентичен среднестоговскому на 99% с точностью $\pm 1.3\%$, а для ранних фатьяновцев идентичность среднестоговскому кранотипу составляет около 95% ($\pm 1.3\%$):

Балановцы, Чувашия, ~4 тлн (6) = $44\pm 6\%$ Н.Е. / 56% I7,
 $80\pm 8\%$ Средний Стог / 20% Н.Е., $87\pm 8\%$ неорусы (РСВ ЮБ= гунны) / 13% I7,
 $82\pm 12.5\%$ РФ / 18% Н.Е.

Ранние фатьяновцы (РФ), 3.8-3.6 тлн (6) = $95\pm 5\%$ Средний Стог / 5% Н.Е.,
 $31\pm 6\%$ неоевропеиды / 69% I7, $54\pm 12\%$ Волошское / 46% I7

Поздние фатьяновцы (ПФ), 3.6-3.4 тлн (6) = $88\pm 6\%$ РФ / 12% Н.Е.,
 $40\pm 6\%$ Н.Е. / 60% I7

Абашевцы, сумма 4-х популяций (6) = $99\pm 1.3\%$ Средний Стог / 1% Н.Е.,
 $30\pm 4.5\%$ Н.Е. / 70% I7

Средний Стог, 6.5-5.5 тлн (6) = $30\pm 6\%$ Н.Е. / 70% I7

Кранотип поздних фатьяновцев (ПФ) образуется из такового ранних фатьяновцев за счет добавления «свежих» неоевропеидов, что согласуется с ранними выводами по 4-х маркерным расовым кранотипам [2]. Это очень важный результат в плане датировок основных Y-хромосомных предков современных русских, лучше всего определяемых позднефатьяновским кранотипом.

Позднефатьяновский кранотип, как наследник среднестоговской культуры и «неорусов» (от КВК, КШК и ККК), у современных русских поддерживается следующими Y-хромосомными ветвями:

- R1b1a2a1-L150-UkrRus3-4, 5100 лн - похоже на конец Тисы, самые старые ветви R1b-L150 у армян (7450 лет) и левантийцев (6575 лет) могут относиться на счет раннего Шумера (Убэйд, 7.3-6.1 тлн), а у европейцев - греческая (5675 лет), польско-швейцарская (5450 лет) вместе с русской - на счет к.Тиса, как кранотипического потомка Керёша;

- R1a1a1b1a1a-L260-"Sklaveni"-Rus9, 3425 лн, субклад R1a1a1b1a1-M458, 4.7 ± 1.2 тлн (КШК, ямная) \rightarrow R1a1a1b1a1a-L260, 3.4 ± 0.4 тлн (фатьяновская, абашевская);

- R1a1a1b1a2-Z280+Ungroup1-Rus8, 3400 лн, субклад R1a1a1b1a2-Z280, 4.8 ± 0.9 тлн (КШК, ямная).

- I1(a*-DF29?)-M253-Russian6, 3625 лн, I1a-DF29, 4.8 ± 0.4 тлн (КШК, ямная);

- I1a3a1a-Z140+“Rhine”-Rus3/5, 3425 лн, субклад I1a3a1a-Z140 (с началом в Ирландии) датируется как 4 ± 0.6 тлн, т.е. как ирландская ККК (4.4-3.8 тлн);
- I2a2a-M227 - кластер у русских около 2% и ветви пока не просчитываются по возрасту, ирландская ККК;
- R1b1a2a1a1b3c-L2,Rus3, 3275 лн, ирландская ККК;
- E1b1b1a1b-V13-Russian11, 3150 лн, ирландская ККК.

Более молодые ветви R1a у русских выглядят производными от «фатьяновских» ветвей и субкладов R1a, т.е. это отражение поздних экспансий субстрата, а не отражение инвазий каких-то неоевропеоидов:

- R1a-Z280-406s1=10; 464a=12; gatah4=11; 442=12; 570=20; 576=17-“Sarmats”-Rus12, 2275 лет;
- R1a-Z280-dys520=20;459b=9;390=26-North-M5-PolUkrRusSlk2-5, 2225 лет;
- R1a-Z280-CarpatII/В WEA2-1-ArmLitRus3Pol3-11, 2200 лет;
- R1a-Z280+Ru/Kz-L1-LitFin2Rus3-6, 1800 лет;
- R1a-Z280+“Vyat West”-Rus5, 1550 лет;
- R1a-Z280-CarpatIV/Fa-ItaGerPolRusUkr2-6, 1500 лет;
- R1a-Z92?-"EastSlavic"-ArmFinLitUkrPol3Bel4Rus7-20, 2125 лет;
- R1a-Z92*-"Veneds"-Rus19, 2000 лет;
- R1a-M458*,L260neg-CDYb=36-"Ants"-Rus6, 1850 лет;
- R1a-M458*,L260neg-CDYb=40-"Ants"-Rus5, 1600 лет;
- R1a-L260-dys565=11;448=21;444=13;456=17;442=14;449=33-Rurikids-Rus3, 1075 лет.

Кранотип современных русских Севера-Запада-Центра европейской части России определяется как:

Русские СЗЦ России, 1900 г. (6) = $87 \pm 4.5\%$ ПФ / 13% лаппы (Норвегии),
 т.е. вклад позднефатьяновского кранотипа количественный (86.5%) и наиболее вероятный ($\pm 4.5\%$);
 $43 \pm 5.5\%$ Н.Е. / 29% И7+28%С2Л, т.е. **R1a $\geq 43\%$** - оценка минимума;
 $64 \pm 6.5\%$ ПФ / 36% агрегат 25 популяций русских средне-вековых славян,
 т.е. вклад средневекового русского общеславянского кранотипа около одной трети;
 $87 \pm 7.5\%$ неорусы («гунны», РСВ ЮБ) / 13% СВГ (I2a+),
 т.е. вклад «праславян» I2a1b и «палеогерманцев» I2a2a+ в сумме составляет около 13%, а вклад неорусов («гуннов») - количественный (87%) и перекликается с вкладом позднефатьяновского кранотипа;
 $84 \pm 7.5\%$ Елунинцы / 16% И7 - близкие доли кранотипов ПФ (87%), «неорусов» (87%) и елунинцев (84%) указывают на близость их неоевропеоидной основы (R1a+R1b) и палеоевропеоидных добавок (I1a+, I2a1b, I2a2a, N1c1d+, E1b-V13);
 $60 \pm 12\%$ ариоиды / 40% И7, т.е. у русских сумма **R1a+R1b $\approx 60\%$**

Семимаркерный (+M40/M45) расовый кранотип русских в пределах погрешности измерений совпадает с таковым у греков классического периода (2.7-2.2 тлн). Греки классического периода отлично ($\pm 1.5-2\%$)

выводятся из русских СЗЦ через минорные добавки кранотипа ККК (14-12%):

Классическая Греция, 2.7-2.2 тлн, 35/57 (6) =
86±1.5% русские СЗЦ / 14% эталон ККК (среднее 3-х популяций ККК Германии),
88±2% русские СЗЦ / 12% ККК Богемии и Моравии (76 черепов),
93±5% позд. Триполье, 5.5-4 тлн / 7% С2Л

Одинаково точные ($\pm 5\%$) представления русских и классических греков через позднее Триполье указывают на основное различие как на несколько увеличенную долю кранотипа С2Л у греков, что для средиземноморских популяций коррелирует с кластерами кланов G2a+, J2+. Тогда как пост-фатьяновская природа греков классического периода поддерживается у современных греков почти всеми Y-хромосомными ветвями, отмеченными в качестве фатьяновского наследства у русских:

E1b1b1a1b-V13-Greek2/6, 2675±450 лет,
R1b1a2a1a1b3c-L2-Greek2/5/7/8, 2725±800 лет,
R1b1a2a1a1a-U106-Greek1/5, ~2200 лет,
R1a-M458?-13FTDNA/17Yfiler-Crete6, 3050±500 лет,
R1a-M458?-Greek2/4/6/8, 2800±50 лет,
R1a-Z280-+Greek2/4/6/8, 2800 лет.

Средняя датировка этих 6-ти греческих ветвей – **2700±275 лет**, что как раз отмечает начало архаического классического периода Древней Греции (2.7 тлн).

4. Энеолит и бронзовый век Сибири и Казахстана

Табл.13 представляет кранотипы энеолита и бронзы Сибири и Казахстана. Кранотип людей неолита Казахстана (по мерам в [32]) эскимойден, причем, как и полагается для степей, определяется много большей долей равнинно-прибрежного предка P1 эскимосов КХ (71%), нежели горно-лесного (P2):

Неолит Казахстана (6) = 47±9% И7+46% С2Л / 7% Н.Е.;
(5) = 71±17% P1 Эским. КХ / 29% P2 Эским. КХ

Лучшее представление кранотипа неолита Казахстана вовлекает равные доли эскимойдов И7 и эскимойдных «лапшаноидов» С2Л с минорной добавкой (7%) собственно носителей неолита – неоевропеоидов. Столь малую долю кранотипа неоевропеоидов можно интерпретировать как потерю собственных женщин и растворение исходного неоевропеоидного кранотипа в много большей среде автохтонов.

Таблица 13

Кранотипы популяций энеолита и бронзового века Сибири и Казахстана

кранотипы \ маркеры	гу	очк	Ово	овн	кву	влу	ску	ошо	ошн	шно	м9с	м40с
Ямная Запорожья	78	1621	43.6	70.1	82.8	51.93	88.61	31.57	18.07	57.24	70.21	-
Афан.юж.Минусин.19/30	72.8	1516	45.6	73	81	51.36	88.55	32.11	18.44	57.44	72.3	74.28
Афанасьевс. Алтая, 23/56	74.3	1564	44.4	73.4	83.6	50.47	89.32	32.04	18.79	58.65	72.14	74.15
Афан. Урсул, 11/19	74.7	1550	43.7	72.9	82.7	50.94	88.85	32.95	18.65	56.61	72.45	74.67
Афан.Курота, 3/7	74.9	1598	43.6	76.2	83.7	50.82	89.56	31.63	19.76	62.47	71.5	76.4
Афан.Каракольская, 2/4	74.7	1583	44.9	70.5	78.9	50.68	93.29	31.03	16.92	54.53	66.03	70.89
Афанас. Сальдьяр, 4	74.5	1538	44.4	72.1	82.5	50.84	88.81	31.76	18	56.65	71.52	74.87
Афан. ю.-в. Алтай, 9/10	72	1592	46.3	73.5	85.5	49.79	89.41	31.81	18.69	58.74	71.97	75.89
Гумугоу,Синьцзян, 10	74.9	1472	45.7	74.1	85.3	50.44	89.72	31.79	19.24	60.51	68.36	74.45
Елунинская 8/11	72.5	1533	46.1	70.6	82.8	55.19	86.72	32.86	19.27	58.64	71.47	75.13
Аймырлыг, окуневцы, 4	71.3	1543	45.8	71	80.9	54.45	89.34	31.67	18.29	57.76	70.86	73.39
Кротовцы, Сопка 2, 36/56	76.8	1498	47.5	72	82.8	51.48	90.84	32.11	18.36	57.17	68.83	74.95
Андрон. Казахт., 17/32	76.8	1516	46	74.8	85	50.33	89.69	31.72	18.51	58.57	71.72	74.02
Андрон. Зап.Казах., 4/13	73.6	1518	47.3	74.5	85.7	50.56	87.71	30.84	18.53	60.1	71.68	77.32
Агндрон. Вост.Казахст. 3/4	77.5	1504	45.8	73.1	81.8	50.29	90.6	32.06	18.37	57.3	69.31	72.55
Андроновцы Алтая, 41/46	74.8	1521	45.6	72.6	84.3	51.14	88.56	31.91	18.42	57.7	70.87	75.5
Андр.Фирсово-14, 20/27	73.6	1537	44.6	72.7	84.6	51.84	87.9	32.18	17.97	55.84	70.62	76.22
Анд. Верх. Приобье, 16/18	78.7	1468	46.9	72.1	84	50.22	89.84	31.57	19.24	60.93	72.91	74.38
Андр.Сред. Енисей, 29-31	77.5	1565	46.5	73.3	84.7	48.93	90.2	31.51	18.07	57.34	71.62	72.12
Синташта Приуралье 5/8	70.2	1453	44.51	73.99	84.3	53.54	88.94	33.28	21.37	64.21	72.6	76.77
Синташта Зауралье 2/7	78.1	1595	47.17	73.44	83.2	50.48	87	31.58	18.24	57.77	71.87	72.16
Петровская, 5/7	76.2	1485	45.09	71.09	81.7	53.56	88.64	32.44	18.15	55.94	68.67	72.22
Сруб.-Алакульская, 15/25	74.1	1496	44.95	64.87	83.9	54.24	87.24	32.93	18.15	55.13	74.04	79.22
Алакульская, 4/14	76.1	1452	46.55	72.57	86.2	53.22	88.54	32.93	18.94	57.5	71.33	77.84
Тагарцы, 224/319	75.2	1541	45.7	71.9	83	52.2	90	31.5	18.1	57.45	71.8	73.91
Каменный Мыс, 5/8	77.9	1516	48.7	74.3	81.9	45.45	92.13	31.07	17.09	55	68.64	69.92

Эскимойдный кранотип у популяций неолита Сибири в основном проявляется через кранотип эскимойдного палеоевропеоида И7, тогда как кранотип агрегата монголоидного неолита Сибири (МНС - по средним мерам Т.И.Алексеевой) определяется через двух предков эскимосов КХ:

МНС (5) = 45±15% P1 Эским. КХ / 55% P2 Эским. КХ

4.1 Кранотипы афанасьевцев

Расовый, 7-ми маркерный, кранотип афанасьевцев Алтая на $95\pm 5\%$ идентичен кранотипу афанасьевцев южной части Минусинской котловины, причем, минусинские выглядят исходными - к алтайским добавляется 4.5% С2Л. Наиболее вероятным для минусинских (исходных?) афанасьевцев выглядит происхождением от ямников Запорожья - через добавление минорного вклада (6%) «свежих» неоевропеоидов или волошцев (8%). Переднеазиатский генезис менее вероятен.

Афанасьевцы юга Минусинской котл., 19/30 (6) = $94\pm 5.5\%$ Ямная Запорожья/6% Н.Е.,

$92\pm 7\%$ Ямная Запорожья/8% Волошское, $85\pm 14\%$ Ямная Запорожья/15% шум.Киша,

$57\pm 4\%$ Пецель / 35% С2Л+8%И7, $56\pm 10\%$ шумеры Киша / 35%С2Л+ 9%И7

(5) = $29\pm 26\%$ Р1 Эским. КХ / 71% Р2 Эским. КХ

Афанасьевцы Алтай, 23/56, 5.1 тлн (7) = $95\pm 4.5\%$ Афанас. юга Минусин.котл./5% С2Л,

(6) = $57\pm 4\%$ Пецель (Баден) / 43% С2Л;

(5) = $29\pm 28\%$ Р1 Эским. КХ / 71% Р2 Эским. КХ

Афанасьевцы, Ю.-В.Алтай, 9/10 (6) = $54\pm 4.5\%$ Пецель / 46% С2Л;

(5) = $33\pm 30\%$ Р1 Эским. КХ / 67% Р2 Эским. КХ

Афанасьевцы Алтай и Саян (по средним мерам из [33]) по R1a1a1+ выглядят ветвью Пецеля (Баденский комплекс, 5.6-4.8 тлн) и через кранотип эскимосов КХ не представляются, а представление предками эскимосов КХ хоть и возможное, но неудовлетворительное.

4.2 Кранотипы катакомбников, лолинцев и срубников

Для катакомбников, включая, и восточно-маньчских по расовой кранотипии наиболее вероятна среднестоговская природа ямников, что сближает их с фатьяновцами и русскими, как потомками фатьяновцев:

Катакомбная к., 4-3.25 тлн, 50/53 (5) = $59\pm 1.5\%$ Неорусы (РСВ ЮБ, гунны) / 41% С2Л,

$98\pm 4.5\%$ Ямная-1 / 2% ЛЭ, $54\pm 7.5\%$ Триполье / 46% ЛЭ, $51\pm 8\%$ Пецель / 49% С2Л,

$90\pm 10\%$ Средний Стог / 10% авары

Восточно-Маньчская Катакомбная к., 34/40 (6) = $97\pm 3\%$ Средний Стог/3%И7

$92\pm 5\%$ РФ / 6%С2Л+2%И7, $48\pm 7\%$ Пецель / 41% И7+11%С2Л

Для лолинской культуры наиболее вероятной выглядит $98\pm 3\%$ идентичность кранотипу позднего Триполья, тогда как наследование Пецелю лишь чуть менее вероятно. Лолинская считается промежуточным вариантом между катакомбными и срубными культурами:

Лолинская к., 3.7-3.5 тлн, 16/20 (6) = 44±3% Н.Е. / 28%С2Л+28%И7
98±3% позд.Триполье / 2% И7, 72±4% Пещель /28% С2Л,
83±8% Средний Стог/17% Н.Е.

Для срубников более вероятным выглядит происхождение от неоевропеоидов Пещеля через добавку 30% С2Л, но ещё более вероятнее по 8-ми расовым маркерам с отличной точностью выглядит 96% идентичность лолинцам, что, возможно, предполагает смешанную природу кланов R1a (см. дальше об аттрибутировании кланов R1a кранотипам).

Срубная к., 3.7-3.2 тлн, 31/38 (6) = 43±2% Н.Е. / 29%С2Л+28%И7,
70±2.5% Пещель /30% С2Л, 85±10% Средний Стог/15% Н.Е.;
(8, +M40с, M43с) = 96±4% Лолинская / 4% С2Л

4.3 Кранотипы андроновцев и кротовцев

Кранотип синьцзянского Гумугоу бронзового века ближе всего к афанасьевцам Куроты, кранотип которых представлен плохо (3/7 черепов), а потому отношение к ним вряд ли дает надежную идею. Более надежным выглядит соотнесение Гумугоу с хорошо представленными кранотипами суммы андроновцев Алтая и кротовцев Сопки-2. Людей Гумугоу обычно относят на счет пра-тохар:

Гумугоу, Синьцзян, бронз.век, 10 (6) = 89±12% афанас. Куроты /11% С2Л,
72±14% андроновцы Алтая / 28% ЛНРР, 79±15% кротовцы Сопка-2 /21% Кёрёш,
80±19% афанасьевцы Алтая / 20% ЛНРР; (5) = 27±28% P1 Эским. КХ /72% P2
Эским. КХ

Андроновцы, 4-3.5 тлн, сумма, 41/46 (6) = 98±4% Ямная Запорожья / 2% С2Л,
87±7% РФ/ 13% С2Л, 94±8% Кротовцы, Сопка-2 / 6% ариоиды
(5) = 30±26% P1 Эским. КХ /70% P2 Эским. КХ

Андроновцы, как и афанасьевцы, плохо представляются как через кранотип эскимосов КХ, так и через предков эскимосов. **Кранотип суммы андроновцев с отличной точностью (±4%) на 98% идентичен ямникам Запорожья**, на 87±7% - ранним фатьяновцам и на 94±8% кротовцам Сопки-2. Последняя идентичность может быть или результатом заимствования андроновцами женских линий кротовцев, а точнее автохтонных женских линий - восточно-азиатских и мт-У, либо результатом замещения исходного кротовского кранотипа андроновским (из Казахстана).

Кротовцы, Сопка-2, Зап.Сибирь, 4-3.8 тлн, 36/56 (6) =
42±6% шумеры 4-ой династии Киша / 29% И7+ 29%С2Л,
28±7.5% Н.Е./36% И7+ 36%С2Л, 81±14% Ранние Фатьян. (РФ)/ 19% С2Л,

79±14% Ямная Казахстана / 21% С2Л

Происхождение неоевропеоидного предка кротовцев выглядит месопотамским – от шумер 4-ой династии Киша (4.33-4.26 тлн), неоевропеоидный вклад (64%) у которых с большей вероятностью относится на счет кланов R1a-L342 и R1a-Z93, судя по ветвям возможных предков в лице евреев, арабов, ливанцев, месопотамцев, иранцев и анатолийцев. По 6-ти маркерному расовому кранотипу шумеры 4-ой династии Киша ближе всего к «мезолит-неолитчикам» Волошского, причем, по расовому кранотипу шумеры Киша даже несколько первичнее волошцев, определяя расовый кранотип волошцев на 96%. Очевидно, что эта большая приближенность к кранотипу неоевропеоидов означает меньшие примеси палеоевропеоидов у Киша по сравнению с Волошским.

Считается, что андроновская культурная общность развилась на базе ямной культуры – по разложению кранотипа суммы андроновцев по формуле амальгамы так оно и выглядит, а расовые спектры андроновцев Фирсова-14 уточняют предков не столько андроновцев, сколько их предка в лице ИЕ ямников.

4.3.1 Расовые компоненты андроновцев Фирсова-14

Табл.14 представляет расовые компоненты андроновцев Фирсова-14, определенные по спектрам расовых маркеров для этой выборки. Средняя датировка начала сплавления первой амальгамы - 725±200 лет до захоронения, датировка Фирсова-14 (староалейской культуры) – около 2.7-2.5 тлн, т.е. в среднем 2.6 тлн, что относит начало сплавления предков фирсовцев-14 на **3.35 тлн**.

Кранотип амальгамы-1 на 94% идентичен кранотипу «старых славян» Польши, что дает идею их возможного происхождения от И7 и Пецеля (сам кранотип Пецеля происходит от И7 и неоевропеоидов).

Кранотип амальгамы-2 лишь на 85% идентичен кранотипу балановцев, что усложняет их шансы на происхождение от Пецеля и И7, т.е. от тех же предков, что и у андроновцев Фирсова.

Палеоевропеоидный (равнинно-прибрежный) предок P1 андроновцев Фирсова на 93% идентичен эскимоидам И7, которые определяют кранотипы неолита Русской равнины и Казахстана. Необходимость 7% добавки С2Л может быть обусловлена погрешностью анализа для столь маленькой выборки.

Неоевропеоидный (горно-лесной) предок P2 фирсовцев на 89% определяется кранотипом Пецеля с добавкой 11% кранотипа КВК (Германии), который, в свою очередь, на 73% может определяться кранотипом Пецеля, т.е., учитывая повышенную погрешность анализа для столь малой выборки, можно заключить, что предок P2 (со стороны неолитических пришельцев), скорее всего, почти целиком определяется кранотипом Пецеля.

Учитывая 98% идентичность кранотипа андроновцев таковому у ямной Запорожья, можно заключить, что приход неоевропеоидных и индоевропейских по языку ямников на юг Русской равнины, скорее всего, означал миграцию кланов R1a1a1+ из Пецеля (Баденский комплекс, 5.6-4.8 тлн).

В целом, начало Баденского комплекса археологических культур выглядит началом распада ИЕ языкового единства.

Таблица 14

Расовые компоненты андроновцев Фирсово-14 по описанию выборки в [8]

	влу	ску	опо	опн	пно	м9с	среднее	Примеч., T _{зах.} лет до захорон.
андрон Фирсов	51.68	88.13	32.17	17.92	55.64	70.65	55±8%P1/45%P2 vs 75±7% И7/25% Н.Е. 59±12%И7/41% Пецель	
амал.-1	50.3	88	32	17.5	54.7	71.1	61±10%P1/39%P2, 94±10% СС Польши/6%И7	
доля1,%	45.5	45	45.8	42.9	38.1	52.2	45±5%	
SD1n	2.89	0.82	1	2.64	2.78	0.93	1.84±1	775±425 лет до захоронения
амал.-2	54.2	85.8	32.5	18.6	57.23	68.4	43±20%P1/57%P2, 85±21%баланов./15%С2Л	
доля2,%	18.2	20	20.8	23.8	28.6	21.7	22±4%	
SD2n	0.61	0.37	0.45	0.82	0.83	0.54	0.6±0.19	250±75 лет до захоронения
P1 Ф14	47	93	30.5	16	52.46	66.5	93±13%И7/7%С2Л	
доля3,%	18.2	25	16.7	19	19	13	18±4%	
SD3n	1.59	2.3	2.3	2.2	2.01	2.05	2.08±0.27	875±125 лет до захоронения
P2 Ф14	57	82.1	33.3	20.4	61.26	77	57±9% Н.Е./22% И7+21%лапшы, 89±13%Пецель/11%КВК	
доля4,%	18.2	10	16.7	14.3	14.3	13	15±3%	
SD4n	2.47	0.19	0.86	0.85	0.68	2.05	1.18±0.88	500±375 лет до захоронения
И7	47.02	94.43	30.66	16.23	52.92	68.68	80±12% P1 эским. КХ / 20% P2 эским.КХ	
С2Л	44.28	97	28.42	16.52	58.14	61.93	базовый глобальный эским. КХ / 20% P2 эским.КХ	
Пецель	55.92	82.38	34.2	20.49	59.9	78.86	38±4% И7/62% Н.Е.	
КВК	54.98	83.06	31.69	19.45	61.39	77.1	40±7% Н.Е. /30% ЭС+30% СВГ, 73±14% Пецель / 27%СВГ	
Балановцы	54.22	86.13	32.75	18.94	57.85	76.53	23±8% И7+6%С2Л / 71% Пецель, 27±13% P1Фирсово/73% P2 Фирсово	
С.Слав.	50.52	87.95	31.48	17.26	54.82	71.93	67±11% И7/33%Пецель,	

Польша							63±10% P1 Фирсово-14/37%P2 Фирсово-14
--------	--	--	--	--	--	--	---------------------------------------

4.3.2 Возможное атрибутирование ответвлений R1a1a1 ветвлениям неоевропеоидного кранотипа в Европе

В баденском комплексе популяция Пецеля (по средним мерам в [41]) выглядит исходной в части неоевропеоидов, причем участие палеоевропеоидов И7 в лучшем представлении пецельцев указывает на приход прабаденцев Пецеля с РР или из Прибалтики-Польша, где доминирующим кранотипом палеоевропеоидов был И7, тогда как на Венгерской равнине основным палеоевропеоидным кранотипом являлся эскимойдно-лаппаноидный С2Л.

Пецель (Баден), 5.6-4.8 тлн (6) = 62±4% Н.Е. / 38% И7

Сумма **Бадена** (Баден-2+ Balaton-vidéki sorozat, Budapest-környék) (6) = 75±8.5% КВК-33 / 25% И7, 59±13% Пецель / 20.5% И7 +8% С2Л+12.5% авары

Сумма **Бадена-2** (Egyéb lelet, Budakalász-Luppa, Bodrogkeresztúr) (6) = 84±6% КВК-33 / 16% ЛЭ2 (среднее лаппов + С2Л + ЛНРР), 40±9% Н.Е. / 12% И7+18% С2Л+30% авары, 61±14% Пецель / 8% И7 +8% С2Л+23% авары

В целом агрегаты раннего и позднего Бадена (Баден-1 и Баден-2), не включающие огромную выборку собственно Пецеля, лучше определяются через эталон германской КВК, что может указывать на начало Бадена/Пецеля из Прибалтики-северо-востока Германии, а не из Винчи, где неоевропеоидный кранотип, скорее всего, определялся кланами R1b1a2a+. Из кранотипов предшествующего Лендзела (являющегося кранотипическим потомком Винчи) баденские представляются с плохой точностью – не лучше ±22%.

Кранотип Пецеля не выводится из намного более раннего Волошского, для которого характерна точно такая же доля неоевропеоидов, что и для Пецеля (62%), но палеоевропеоидная часть волошцев наполовину сложена специфическим кранотипом С2Л (глобальный базовый кранотип по типу черепов льяловской культуры стоянки Сахтыш-2). Кранотип Пецеля не выводится и из более раннего и более близкого Сескло, у которых довольно большой вклад кранотипов С2Л и палеомонголоидного Кёрёша, соответственно. Кранотипы Волошского, Сескло и Пецеля родственны в

«чистой» неоевропеоидной части, но за счет разных палеоевропеоидов и разных их вкладов представляют отдельные ответвления.

Важной выглядит попытка хотя бы приблизительного атрибутирования вышеназванных неоевропеоидных кранотипов соответствующим субкладам R1a1a1+ - см. табл.4 в [3], где \pm SD относится на счет схождения оценок временных расстояний по разным ветвлениям от современности до предков этих субкладов, а не на полную погрешность, как правило, определяемую статистической составляющей погрешности.

Раннее Волошское могло относиться на счет предков субкладов R1a1a1-M417 (8 ± 1.2 тлн) и R1a1a1b-Z645 (8.2 ± 1 тлн), а чуть позже в ДДМН могли появиться метки субкладов R1a1a1b1-Z283 (8 ± 2 тлн), и R1a1a1b2-Z93 (8.3 ± 1 тлн).

(Примечание редактора – датировки автора в параграфе выше и в трех параграфах ниже [выделены желтым цветом] совершенно не показаны, не доказаны, не обоснованы. Все они, скорее всего, завышены на несколько тысяч лет каждая. По данным Rozhanskii & Klyosov, 2012, Advances in Anthropology, субклад R1a-Z283 появился ~ 5500 лет назад, Z93 ~ 5700 лет назад, Z284 - 4300 ± 500 лет назад, L342.2 - 4900 ± 500 лет назад).

В Прибалтике мог быть получен сноп субклада R1a1a1b1a-Z282 (6.8 ± 1.3 тлн), который с началом KBK, после 6.5 тыс лет назад продвигающейся от Польши к Голландии, и среднестоговской культуры порождает субклад R1a1a1b1a3-Z284 (6.05 ± 0.6 тлн), а с началом КШК (около 5-4.8 тлн) – субклады R1a1a1b1a1-M458 (4.7 ± 1.2 тлн) и R1a1a1-Z280 (4.8 ± 0.9 тлн).

На неоевропеоидов Бадена/Пецеля остается R1a1a1-M417 (8 ± 1.2 тлн) и R1a1a1b2-Z93 (8.3 ± 1 тлн) и его потомки. Ранние ответвления R1a1a1*-M417* (6.5 ± 1.2 тлн) в Европе выглядят частью мегалитической культуры, возможно, пришедшей с Балкан через север Аппенин на Пиренеи (6.5 ± 0.6 тлн) и далее во Францию и Бенилюкс в виде R1a1a1*-L664neg-388=10 (5.6 ± 0.6 тлн), и далее на Острова (5.9 ± 0.6 тлн). К поздним потомкам этого ответвления мегалитников может относиться северо-европейский субклад R1a1a1a-L664 (4.2 ± 1 тлн).

Кланы R1a1a1+ Пецеля могли относиться к R1a1a1b*-Z93* (8.3 ± 1 тлн) и его потомков в лице субкладов R1a1a1ab2a-Z94 (7.8 ± 2.8 тлн) и R1a1a1b2a1-L342.2 (5.85 ± 0.5 тлн). L342 датируется как раз перед началом комплекса Баденских культур (5.6 тлн) и после начала KBK (около 6.1 тлн). Отметим, что кластер скандинаво-финских линий R1a1a1b1a3-Z284, видимо знаменующих KBK,

датируется примерно так же **5.7±0.6 тлн**, а потому для R1a-L342 существует также возможность образования во времена КВК в Германии.

Судя по распространению расового кранотипа Пецеля основная масса неоевропеоидных линий R1a-Z93 и R1a-L342 могла уйти из Европы в Анатолию и далее в Месопотамию и Египет, дав начало династиям Древнего Египта, поздних шумерских государств, а также китайским династиям (см. АНянь в первой части) в лице неоевропеоидов R1a-L342 - как потомков андроновцев, которые суть потомки Пецеля.

Доли кранотипа Пецеля обнаруживаются в раннеэлладской Древней Греции (5-4 тлн) и на Сицилии (4-3 тлн):

Греция 5-4 тлн, 9/23, (6) = 69±11% Пецель / 31% МД (датский аналог И7)

Сицилия, 4 тлн, 6/15, (6) = 54±9% Пецель / 46% С2Л (постнатуфийский палеоевропеоид Средиземноморья?)

Тема кранотипии Древней Греции очень широкая - более 50-ти расовых кранотипов, поэтому она будет рассмотрена отдельной статьей, хотя три древнегреческие выборки, представленные спектрами расовых маркеров, кратко рассмотрены в данной работе .

Предок P2 андроновцев Алтая по типу кранотипа Пецеля может сближать андроновцев с афанасьевцами на почве кланов R1a-L342, которые лучше всего определяются через кранотип Пецеля. Однако, у автора пока нет описаний обширных выборок афанасьевцев для того, чтобы подтвердить пецельскую природу неолитических пришельцев афанасьевской культуры расовыми спектрами.

Таким образом, согласно результатам анализа спектров расовых маркеров фатьяновцы/балановцы и подобные им абашевцы, ямники, катакомбники и прочие не проходят в неолитические предки (горно-лесные P2) андроновцев Фирсово-14, потому что кранотип предка P2 у андроновцев намного ближе к исходному неоевропеоидному и вероятнее всего наиболее близок к кранотипу Пецеля, что может относить его к субкладу R1a-L324.2, а не к R1a-Z280, R1a-M458 и R1a-L260 как у русских, являющихся кранотипическими потомками фатьяновцев, а в более дальней ретроспективе - «шнуровиков», и ещё дальше - среднестоговцев. К наиболее близким родственникам андроновцев могут относиться срубники, кранотип которых также лучше всего определяется кранотипом Пецеля, но опять же нужно подтверждение через спектры расовых маркеров.

Учитывая массивность выборки андроновцев Фирсово-14, этот вывод можно распространить и на всех андроновцев – как преимущественно людей кланов R1a-L342+ (R1a-Z93*).

4.3.3 Кранотипы других андроновских субкультур

Считается, что культура Синташта-Петровка сменилась культурой Фёдорово 3.4-3.2 тлн и Алексеевки 3.2-3 тлн, также относящимся к андроновской. В Южной Сибири и Казахстане андроновскую культуру постепенно сменяет карасукская к. 3.5-2.8 тлн. На западной границе андроновская культура сменяется срубной, на которую также оказала влияние абашевская.

Кранотипы андроновцев Синташты представлены плохо, особенно зауральской Синташты (2/7 черепов), поэтому идеи представления предков Синташты носят лишь информативный характер:

Синташта, Приуралье, 5/8 (6) = 57±11% ЛНРР/43% Н.Е.

Синташта, Зауралье, 4.2-3.6 тлн, 2/7 (6) = 34±5.5% И7+34%С2Л /32% Н.Е.,
50±8% эт.КШК / 50% И7, 89±12% РФ / 11% С2Л;
(5) = 32±29% Р1 Эским. КХ /68% Р2 Эским. КХ

Видно, что вклад «чистых» неевропеоидов кранотипы Синташты снижается при продвижении на восток, что может означать исходность Синташты в Приуралье.

Агрегат андроновцев Казахстана лучше всего и отлично (±3%) представляется через примерные равные доли кранотипа Пецеля (R1a-L342) и С2Л, где С2Л могут означать кланы центральноазиатские кланы С3+:

Агрегат **андоновцев Казахстана**, 17/32, 4-3 тлн (6) = 33±2.5%Н.Е. /47%С2Л+20% И7,
53±3% Пецель/47% С2Л, 78±11% ПФ / 22% С2Л

Кранотипы андроновцев петровской и алакульской субкультур представлены плохо, что не позволяет считать плодотворными полученные идеи о их возможных предках:

Петровская к.,сев-зап.Казахстан-юго-запад Сибири, 5/7, 3.7-3.6 тлн (6) =
77±9% ПФ /23% И7, 43±14% Пецель / 34% И7+23%С2Л;
(5) = 28±22% Р1 Эским. КХ /62% Р2 Эским. КХ,

71±19% эскимосы КХ/29% шумеры 4-ой династии Киша
Алакульская к., 4.1-3.4 тлн, 4/14 (6) = 92±5.5% ПФ /8% С2Л, 91±9% ПФ /9% И7,
58±18% арионид / 42% И7, 63±18% Попово/43% шумеры Киша;
(5) = 57±17% эскимосы КХ/43% шумеры Киша;
через P1 и P2 эскимосов КХ не представляются по ОШО.

Срубно-Алакульская к., 15/25 (6) = 34±9% Н.Е. /66% И7,
89±11.5% ПФ /11% И7, 56±17% Пецель /44% И7
через P1 и P2 эскимосов КХ не представляются по ОШО.

Кранотипы андроновцев Среднего Енисея (Саян) и Верхнего Приобья (Алтая) лучше всего представляются через неоевропеоидов Пецеля, а предками эскимосов КХ представляются неудовлетворительно:

Андроновцы Среднего Енисея, 29/31 (6) = 26±4% Н.Е. /37% И7+37% С2Л,
47±7% Пецель / 53% С2Л; 64±11.5% ПФ / 36% С2Л;
(5) = 43±30% P1 Эским. КХ /57% P2 Эским. КХ

Андроновцы Верхнего Приобья, 16/18 (6) = 23±3.5% Н.Е. / 73% ЛЭ,
39±7% Пецель / 61% ЛЭ (И7+лапы+С2+ЛНРР),
(5) = 43±30% P1 Эским. КХ /57% P2 Эским. КХ

Возвращаясь к кротовцам и андроновцам Приобья, отметим, что с началом киммерийских и скифских времен при переходе от времен бронзы к раннему железу, т.е. около 2.9-2.8 тлн, согласно [32] среди ископаемых мито-ДНК Приобья (Чича-1) почти совершенно исчезают восточно-азиатские мито, но появляется целый букет европеоидных, в т.ч. и переднеазиатских, мт-линий - из 14-ти ископаемых мт-ДНК:

- лишь одна восточно-азиатская (D);
- одна J (исходно кланы J+ и/или G+);
- 2 H (включая H6a1 - исходно кланы R1a);
- 1 U5b (исходно палеоевропеоиды I);
- 3 U4 (пост-КШК J2b+), 1 U1a, 3 K (исходно кланы IJ);
- 1 U3 (может отмечать кланы E1b1b1+);
- 1 W (исходно относится на G+).

Есть две возможности источника «свежих» европеоидов в Западной Сибири - Передняя Азия (Иранское нагорье и Месопотамия) и Русская равнина. Для андроновцев в качестве такого источника более вероятно Передняя Азия и субклады R1a-Z93 и R1a-L342.

А как для скифов? - Посмотрим на кранотипы саков, скифов и сако-скифов, чтобы попытаться понять откуда были вливания «свежих» европеоидов.

5 Кранотипы скифов, их предков и потомков

В табл.15 приведены кранотипы некоторых скифских и сарматских групп.

Таблица 15

кранотипы \ маркеры	гу	очк	ово	овн	кву	влу	Ску	опо	опн	пно	м9с	м40с
Скифы Молдавии, 57	76.7	1450	46.9	77.2	81.7	51.01	88.4	29.41	18.53	63.01	72.69	76.7
пахари,18/24	72.3	1478	44.9	71.8	83.3	52.27	86.97	31.01	19.52	62.93	72.62	73.75
ран.лесостеп.,6/10	70.7	1497	44.2	71.8	84.1	53.53	87.12	30.26	19	62.78	73.05	72.52
лесостеп., 12/25	71.9	1504	45.6	72	84.6	52.37	86.88	30.28	19.01	62.78	-	-
Скифы Саян, 64	75.1	1464	45.8	72.2	83.3	52.94	89.83	29.41	18.38	62.5	72.79	-
Аймырлыг, 4	71.3	1543	45.8	71	80.9	54.45	89.34	31.67	18.29	57.76	70.86	73.39
Сако-скифы Алтая	79.9	1543	45.3	72.9	82.9	52.44	90.18	30.95	18.19	58.8	71.63	72.13
ран.степн., 20/28	75.2	1480	46.8	72.7	81.9	52.55	89.09	31.37	18.6	59.29	72.1	72.1
степные, 34/35	75	1473	46.3	72.8	82	53.61	88.6	31.45	18.66	59.34	-	-
степн. Никополь, 6/9	73.1	1534	44.3	70.9	83.7	53.04	88.41	31.21	18.1	57.98	70.7	72.67
кочевники, 7/9	75.9	1535	44.7	71.1	82.9	50.69	88.74	30.42	18.23	59.95	71.41	70.75
Заветное, 2.2-1.7 тлн	75.7	1449	46	71.5	81.1	54.15	88.66	31.79	19	59.76	73.67	74.42
Курганка, Керчь	75.1	1519	45.4	69.4	83.2	55.01	86.87	32.34	18.94	58.56	70.73	74.55
Фронтовое, 2.4-2.3 тлн	79.1	1475	47.7	-	84.1	51.43	87.56	-	18.12	-	75.04	-
Фронтовое, 2-4 вв	75.8	1381	48.7	-	83.2	51.68	86.87	-	18.94	-	73.03	-
Позд.Золот.Балка, 33/45	75.9	1474	46	71.5	82.7	53.29	88.08	30.94	18.68	60.39	71	71.9
Позд. Неаполь скиф.	75.2	1476	46.1	71.1	83.5	53.57	87.57	30.58	18.56	60.69	72.28	73.03
Позд.Неаполь скиф.*	75.5	1493	45.9	71.1	83.9	53.75	87.36	30.96	18.59	60.05	72.41	72.41
Желез.век Норвегии	71.3	1533	46.6	70.7	82.1	52.37	90.03	30.07	17.84	59.33	69.5	71.3
Скифы Венгрии, 20/31	75.8	1440	45.9	73.2	86.2	52.6	88.4	31.2	18.6	59.6		
Скифо-сарматы, 37	75.6	1488	46.6	72.5	82	52.95	87.67	30.59	18.32	59.9	-	-
Савроматы,41/45	79.9	1511	46.5	72.2	80.9	52.21	89.9	32.05	18.27	57.01	71.72	72.73
Сарматы, 21/25	80.1	1539	46.2	72.3	81.8	52.58	87.84	31	18.41	59.38	-	-
Сарматы Венгр., 32/41	78.8	1481	45.1	72.1	86.4	51.79	89.95	29.66	18.04	60.84	71.07	-
Позд.сарматы Заволж.	73.2	1440	45.4	73.2	82.1	52.45	91.02	31.26	18.04	57.71	69.76	-

5.1 Лесостепные скифы и скифы-пахари

Археологи и антропологи не вполне едины в части различной природы с одной стороны - степных (кочевых) скифов, и лесостепных скифов и

скифов-пахарей - с другой. Расовая кранотипия четко разделяет эти группы.

По расовой кранотипии, лесостепные скифы и скифы-пахари вместе со скифами Молдавии и Саян образуют отдельную группу неэскимойдных скифов, количественную основу которых составляет кранотип «праславян» СВГ (он же исходный кранотип для «палеогерманцев» и «палеосардинцев», т.е. может относиться вообще на предка субклада I2a-L460).

Исходным кранотипом для этой скифской группы выглядит молдавский: у скифов Русской равнины к молдавскому добавляются минорные вклады неоевропеоидного кранотипа, а у саянских скифов к кранотипу ранних лесостепных скифов (производных из молдавских) добавляются минорные вклады авар и С2Л, т.е. происходит обратный процесс - де-неоевропеизации.

Скифы Молдавии, 57 (6) = 92±2% СВГ/8% Н.Е.; (5) = 71±41% эскимосы КХ /29% Н.Е.

Скифы-пахари, 18/24 (6) = 80±9% СВГ/20% Н.Е., 87±8% скифы Молдавии/13% Н.Е.,

87±11% скифы Саян/13% Н.Е., (5) = 62±36% эскимосы КХ /38% Н.Е.

Ранние лесостепные скифы, 6/10 (6) = 81±7.5% СВГ/19% Н.Е.,

88±6.5% скифы Молдавии/13% Н.Е., 90±5% скифы Саян /10% Н.Е.,

(5) = 66±37% эскимосы КХ /34% Н.Е.; через P1 и P2 эскимосов не определяются

Лесостепные скифы, 12/25 (5) = 80±1% СВГ/20% Н.Е. ,

88±1% скифы Молдавии/12% Н.Е., 89±7% скифы Саян /11% Н.Е.;

(5) = 66±37% эскимосы КХ /34% Н.Е.

Скифы Саян, 64 (6) = 90±8.5% СВГ /10% Н.Е.,

79±12% ран. лесостепн. скифы / 11%авары+10%С2Л,

(5) = 36±30% P1 Эск./64% P2 Эск.

Таким образом, эта группа скифов по кранотипу близка к «праславянам» и «палеогерманцам» СВГ, и распространяется она не из Азии на РР и далее в Молдавию, а наоборот, из Молдавии (как минимум) к Поволжью (как минимум) и в Азию, на Саяны - как максимум. Важным выглядит уточнение датировок всех скифских выборок.

Отметим минорность долей неоевропеоидного кранотипа в исходной Молдавия) и конечной (Саяны) точках скифского маршрута «запад-восток» - всего около 24% (8%+16% за счет СВГ) и 26% (10%+16%), соответственно. В то же время при пересечении Русской равнины, имевшей некий источник «чистого» неоевропеоидного кранотипа (проявившийся, например, в самом центре РР - Троицком городище, 2.4 тлн), доля неоевропеоидного кранотипа у скифов маршрута «запад-восток» возростала лишь до 34%.

Можно предположить у скифов группы «запад-восток» наличие линий R1a1a1+, причем, учитывая движение с юго-запада Русской равнины на восток вероятнее всего предположить линии R1a-Z280 и R1a-M458/L260.

Группа скифов «запад-восток» на юге Русской равнины могла частично смешиваться со степными (кочевыми) скифами, выглядящими потомками сако-скифов Алтая и движущимися с востока на запад (условно «восток-запад»). Для точного прояснения данной возможности нужен анализ спектров расовых маркеров для обширных выборок скифов, каковые существуют, но автору пока недоступны.

5.2 Сако-скифы Алтая и степные скифы

5.2.1 Окуневцы Аймырлыга и сако-скифы Алтая

Наиболее яркими эскимоидами Сибири выглядят окуневцы Аймырлыга, которых отечественные антропологи [33, 34] относят на счет наиболее вероятных предков (степных, т.е. кочевых) скифов.

Окуневцы Аймырлыга, Тува (6) = 68±1.5% эскимойды Попово/32% шумеры Киша, 82±6% эскимойды Попово /18% Н.Е., 66±16% эскимойды Попово/34% Пецель, (5) = 39±16.5% P1 Эскимо /61% P2 Эскимо

Сако-скифы Новотроицкого, Алтай (6) = 88±8% окуневцы Аймырлыга /12% С2Л, 81±12% андроновцы Алтая / 19% МНС, 72±18% И7/28% Н.Е. (5) = 35±9% P1 Эск./65% P2 Эск., (4) = 93±9% ранние саки Казахстана / 7% ариойды.

Алтайские сако-скифы Новотроицкого (Тагарская культура) эскимойдны и производны как от ранних саков Казахстана, так и от окуневцев тувинского Аймырлыга, что находится в согласии с отнесением окуневской группы из Аймырлыга на роль предковой для степных скифов Козинцевым [34]. Солодовников [33] по неполной программе (245 групп) также показал, что к тувинским (енисейским же) окуневцам ближе всего скифы. Родство по неоевропеоидной линии с шумерами Киша может означать родство окуневцев Аймырлыга с елунинцами, отлично (±1.4%) определяемых через 71% поздних шумер Киша и 29% С2Л, но значительно хуже через Пецель, через который определяются неолитические предки андроновцев.

Елунинцы, 8/11 (6) = 71±1.5% шумеры Киша/29% С2Л, 73±12% Пецель / 27% С2Л

(Прим. редактора – автор статьи даже не упоминает, кто такие «елунинцы» и где и когда обитали, видимо, полагая, что читатель все это знает. Елунинская культура названа так по материалам грунтового могильника у д. Елунино Павловского р-на Алтайского края, и памятники этой культуры расположены в степной и лесостепной полосе Обь-Иртышья. Культура датируется на основании серии радиоуглеродных дат в рамках последней четверти III – первой четверти II тыс. до н.э., то есть примерно 4250 – 3750 лет назад. И вот теперь вопрос – откуда шумерам взяться в Верхнем Приобье в те времена? Мы знаем, что миграции эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, были в противоположном направлении, со стороны Алтая (или Центральной Азии, в которую Алтай входит) на Ближний Восток, в том числе в Междуречье, и это, видимо, R1b основали государство шумеров. Если так, что здесь елунинцы первичны, а шумеры – вторичны, и надо не елунинцев выводить из шумеров, а наоборот, шумеров из елунинцев. Автор такой вариант даже не рассматривает).

Если кранотипы **шумер 4-ой династии Киша** и «чистых» неоевропеоидов (18%) – это указание на **линии R1a-L342***, причем, возможно, с месопотамскими мотивами, то эскимойды Попово (10-7 тлн, Архангельская обл.) могут быть указанием на кланы Q1a3+ (или G2+ – согласно древней мтДНК) и С3+. У тувинцев самый большой кластер Q1a3+ (35%) из народов Саян и Алтая, а второй – у алтайцев-кижей, около 28%. Если афанасьевцы и андроновцы выглядят ветвью Пецеля (Бадена), то елунинцы и окуневцы намного ближе к шумерам 4-ой династии Киша – расхождение по 6-ти расовым маркерам лишь около ±1.5%.

(Прим. редактора. Нет никаких оснований полагать, что арии, носители субклада R1a-L342.2, стали шумерами, и что кранотипы шумер – якобы производные от носителей R1a. Поскольку кранотипы R1a и R1b практически не различаются, по указанию самого же автора, то с большим основанием можно предположить, что в шумерах – линии R1b. Этот вопрос рассматривался в *Klyosov, Adv. Anthropol. (2012) vol. 2, No. 2, pp. 87-105*).

Таким образом, **саки Казахстана и сако-скифы Алтая в неоевропеоидной части кранотипа пока что вероятнее всего выглядят как пришельцы из Передней Азии.** С другой стороны, не нужно забывать, что в Месопотамии (как и в Леванте и Аравии) кланы R1a-Z93, R1a-Z94 и R1a-L342 могли появиться из Пецеля/Бадена [3]. Анализ спектров расовых маркеров обширных выборок сако-скифов Алтая и степных скифов позволит точно установить их предков, поскольку кранотип шумер Киша имеет значительные отличия от кранотипа Пецеля.

(Прим. редактора. См. выше. ДНК-генеалогия не показывает якобы приход мигрантов на Алтай из Передней Азии или Месопотамии. Напротив, миграции R1a и R1b со стороны Алтая в Переднюю Азию и Ближний Восток – показывает.

Похоже, В.А. Рыжков, как это часто наблюдается, путает направления древних миграций. Если черепа на Алтае и в Междуречье похожи, то почему обязательно миграции из Междуречья на Алтай? Почему не приходит в голову простая альтернатива?)

Древняя Y-хромосома показывает у 3-х андроновцев – 2 R1a1 и 1 C(xC3), у 5-ти тагарцев – 5 R1a1, у одного таштыкца – 1 R1a1. Таштыкцы наследуют тагарцам, а тагарцев причисляют к потомкам то афанасьевцев (Археология.ру), то андроновцев (Википедия). Кранотип тагарцев базируется на мерах с 224/319 черепов [40], чего могло бы хватить на 4-5 отдельных выборок для анализа спектров расовых маркеров. К сожалению, пока что приходится оперировать лишь средними мерами этой гигантской выборки черепов тагарцев. По кранотипу эта огромная выборка тагарцев почти с одинаковой точностью производится от Пецеля и Киша, но лучше всего из исходных неоевропеоидов (30%), поэтому ясности происхождения нет. От афанасьевцев и андроновцев тагарцы производятся хуже, но от андроновцев с большей вероятностью:

Тагарцы, 224/319, 3/2.9-2.3 тлн (6) = 42±5.5% I7+28% C2Л / 30% Н.Е.,
 32±8% I7+21% C2Л / 47% Пецель, 27±8.5% I7+26% C2Л / 47% шумеры Киша,
 95±10% Андроновцы Сред.Енисея / 5% Н.Е., 73±9% Триполье / 27% C2Л

Кранотип тагарцев в 5-ти расовых маркерах из 6-ти идентичен средне-енисейским андроновцам - за исключением ВЛУ, который у тагарцев значительно выше:

Марк. Тагар	СрЕн	Н.Е.	С, %
ВЛУ	52.18	48.93	61.6 74.3 -???
СкУ	90	90.3	75 98
ОШО	31.54	31.51	36.8 99.4
ОШН	18.1	18.07	23.2 99.4
ШНО	57.37	57.34	63 99.5
М9с	71.8	71.62	85 98.7

Ни одна из афанасьевских выборок не приближается к тагарцам настолько, как средне-енисейская андроновская, поэтому можно отдать предпочтение андроновцам как предкам тагарцев, но с добавкой «свежих» неоевропеоидов.

В плане скифского наследия интересны возрасты Y-хромосомных ветвей **современных алтайцев**. По гаплотипам, приведенным в [35, 36] автором были выделены ветви и согласно методике [23] рассчитаны возрасты алтайских ветвей по 4-м отдельным и ранжированным по КСМ панелям формата 17Y-filer: 1-я панель dys438,392; 2-я – 393,437,448; 3-я – 390, 385ab, 19,

GAТАН4, 391, 389i, 635; 4-я – 389ii, 456, 439 и 458. Оказалось, что 11 ветвей разных гаплогрупп имеют близкую дату возникновения - 1050 ± 150 лет:

C3*-Kizhi9/15 (N=9/15) - 950 ± 1225
C3c-Kizhi5 (N=5) - 1150 ± 825
D3a-Kizhi4/6 (N=4/6) - T2-4 = 875 ± 700
N1b*- Kizh1Kum2/3Chelkan4/5=6/8 (N=6/8) - 1100 ± 1100
Q1a3a1c*-Chelkan4 (N=4) - 1175 ± 700
Q1a3a1c*-Kizhi5 (N=5) - 975 ± 425
Q1a3a*-TubalarChelkan7/16 (N=7/16) - 1375 ± 200
R1a1a1*-448=19,385b=17-Kizhi11/19 (N=11/19) - 1050 ± 25
R1a1a1*-448=21-Kizhi16/37 (N=16/37) - 1100 ± 50
R1a1a1*-385a=12, 448=20, 458=14-Altayan5 (N=5) - 825 ± 450
R1a1a1*-GATAh4=14-Tubalar4/5 (N=4/5) - 1000 ± 450

Если усреднять возрасты веток только алтайцев-кижей, то имеем 1050 ± 75 лет (950, 1150, 975, 1050, 1100), т.е. то же самое, но с меньшим разбросом, что дает начало алтайцев как целого этноса около 925 года н.э. (1975-1050 =925, где 1975 - средняя точка отсчета для носителей гаплотипов разных возрастов от 20 до 65 лет).

Однако, одна ветвь, R1a1a1*-dys389i=13-Altayan7 (N=7, включает 3 кижей), датируется как 4100 ± 575 лет, что может быть отнесено как на афанасьевцев, так и на андроновцев.

В работе [37] приведены 77 гаплотипов киргизов в формате 37 из 111FTDNA, из них 17 гаплотипов сильно «дырявых», которые не были приняты к расчету. 37 маркеров были ранжированы по КСМ, разбиты на 5-ть отдельных расчетных панелей (10-10-11-4-2 маркеров в панели). 60 принятых к расчету гаплотипов киргизов были разбиты на 5 ветвей, самая большая из которых содержит 40 гаплотипов. Возраст предка этой ветви – 1275 ± 300 лет, т.е. около 700 года н.э. (1975-1275) – времена тюркского каганата?

Первые 4 ветви с «молодыми» возрастными по базовому гаплотипу можно отнести как к Z93*, так и L342.2*:

R1a1a1-dys390=25,389i=14,442=19-Kyrgyz40 (1275 ± 300 лет),
R1a1a1-dys452=31, 442=18-Kyrgyz7 (1525 ± 850 лет),
R1a1a1-dys448=21,442=21-Kyrgyz5 (875 ± 875 лет),
R1a1a1-dys448=19,442=19-Kyrgyz3 (425 ± 400 лет)

Самая древняя ветвь киргизов R1a1a1-dys391=10, 458=16, 442=19-Kyrgyz5 по базовому гаплотипу выглядит ближе к Z93 и датируется как 3850 ± 1300 лет –

андроновские времена? Если считать, что все эти 5 ветвей имеют общего предка киргизов, то имеем оценку его возраста как 3.3 ± 1 тл – андроновские времена. Общий предок киргизов для 4-х «молодых» (предположительно L342.2) датируется как 2.1 ± 0.7 тл - сако-скифские времена?

Самые большие ветви киргизов (N=40 и N=7) по базовым гаплотипам имеют по 1-2 единичных отличий от базовых гаплотипов ископаемых Y-хромосом тагарцев и андроновцев. Отметим также ветви R1a1a1-L342*+L657n-C*-TatRus2Pol2Ger2-7 (3850 лет) и R1a1a1-L342*-Brit5 (3650 лет) с фатьяновско-андроновскими возрастными.

Интересна возможность какого-то средне-азиатского или сибирского источника палеоевропеоидов I7, поскольку у более поздних ранних саков Казахстана доля кранотипа I7 даже выше, чем у людей неолита Казахстана и у андроновцев Казахстана и Алтая – 83%, тогда как доля неоевропеоидного кранотипа всего лишь около 17%:

Ран. саки Казахстана, 2.5-2.4 тлн, 20/31, (4, без ОШН и ШНО) = $83 \pm 10\%$ I7/17% Н.Е.,
 $74 \pm 14\%$ I7/26% ариоиды, $67 \pm 15\%$ I7 /33% неорусы (РСВ ЮБ, «гунны»),
 $72 \pm 16\%$ I7 /28% Пецель

Несмотря на такую низкую долю неоевропеоидного кранотипа саки Казахстана вполне могли количественно (т.е. не менее 80%) определяться кланами R1a1a1+. У андроновцев Алтая (Фирсово-14) и сако-скифов Алтая (Новотроицкое) доля неоевропеоидного кранотипа на том же фоне кранотипа I7 существенно выше – 25% ($75 \pm 7\%$ I7/25% Н.Е.) и 28% ($72 \pm 18\%$ I7/28% Н.Е.), соответственно. В любом случае, эти доли неоевропеоидного кранотипа у андроновцев и сако-скифов Алтая минорны.

Интересна переключка примерно одинаковых вкладов и представлений через эскимойдных палеоевропеоидов I7 у ранних саков Казахстана, тавров времен греческой колонизации Крыма и карел 18-19 вв.:

Тавры, времен греческой колонизации, 6/10 (6) = $81 \pm 6\%$ I7 / 19% Н.Е.,
 $73 \pm 7\%$ I7/27% ариоиды, $62 \pm 5\%$ I7 /38% неорусы (РСВ ЮБ, «гунны»),
 $69 \pm 8.5\%$ I7 /31% Пецель

Карелы, 14/15, 18-19 вв (6) = $81 \pm 8\%$ I7/19% Н.Е.,
 $75 \pm 10\%$ I7/25% ариоиды, $64 \pm 11\%$ I7 /36% неорусы (РСВ ЮБ, «гунны»),
 $70 \pm 13\%$ I7 /30% Пецель

Эта переключка особенно интересна тем, что вторжение дорийцев в Аттику, Пелопонесс и на Крит отмечается добавлением почти половинных вкладов (что означает вклад одного из двух предков) кранотипа I7, что сближает

дорийцев не только с таврами, но, возможно, и с саками Казахстана и карелами.

Как мы видели выше, саки Казахстана – основа сако-скифов Алтая, которые, в свою очередь, выглядят предками степных скифов юга Русской равнины и Тавриды. Сако-скифский круг, таким образом, может замыкаться на тавров, которых можно отнести и на счет потомков киммерийцев, часть которых была вынуждена отступить в Тавриду под натиском скифов. В последнем случае семейство расширяется за счет киммерийцев, а корни его уходят в Среднюю Азию или на юг Сибири. И возникает естественный вопрос, а не могут ли все эти популяции (дорийцы, киммерийцы, саки, сако-скифы, тавры и карелы) относиться на счет потомков сеймино-турбинского феномена, для людей которого наиболее вероятны кранотипы на основе И7? Так, например, высокая доля эскимойдного кранотипа И7 обнаруживается у людей кулайской культуры Каменного Мыса в Западной Сибири (2.3-2.2 тлн), которые тоже могут относиться на счет сеймино-турбинцев. Считается, что кулайцы относились к смешанной монголоидно-европеоидной расе, хотя по кранотипии лишь 18% вклад кранотипа глобальных эскимойдных «лапаноидов» С2Л можно было бы отнести на счет монголоидов:

Каменный Мыс, кулайская к., Зап. Сибирь, 2.3-2.2 тлн (6) =
72±5% И7+18%С2Л/10% Н.Е.

5.2.2 Степные скифы Русской равнины

В плане ретроспекции идей Тура Хейердала отметим, что специфический эскимойдный кранотип «норвежцев» железного века на 72% определяется кранотипом позднего Неаполя скифского, а добавляются минорные доли специфических датских палеоевропеоидов РНД и эскимойдных лапаноидов С2Л. Скифы Неаполя скифского, в свою очередь, на 92% наследуют сако-скифам Алтая (Новотроикое) – через добавку неоевропеоидов:

Норвегия, железный век (6) =
72±8% поздний Неаполь скифск. /14% РНД+14% С2Л
(5) = 41±15% Р1 Эскимо КХ/59% Р2 Эскимо КХ
Поздний Неаполь Скифский, 2.2-2.1 тлн (6) =
92±6% сако-скифы Алтая, Новотр. /8% Н.Е.,
(5) = 24±17% Р1 Эским.КХ/ 76% Р2 Эским.КХ

В плане возможного наследия этими «норвежцами» от эскимойдных скифов Алтая есть смысл отметить скандинавско-британский кластер

субклада **Q1a3c-L527**, предок которого датируется как 2.7 ± 0.8 тлн [23], т.е. сако-скифскими временами, тогда как скандинавская ветвь **Q1a3c-L527-Scand6** датируется временами прихода сармат - 2050 лет, а английская **Q1a3c-L527-English6** - временами прихода алан 1500 лет. Также следует отметить и скандинавско-британский кластер **Q1a3a*-L804,L807neg**, датируемый как 2.3 ± 0.4 тлн [23], с британскими ветвями **Q1a3a*-L804,L807ng-British10** (2050 лет) и **Q1a3a*-464a=13-Brit6** (2050 лет), и скандинавскими ветвями **Q1a3a-L804,L807ng-Scand8** (1575 лет) и **Q1a3a*-NorSwe6** (1225 лет). Ещё одна ветвь, возможно относящаяся к этому кластеру обнаруживается у среднеазиатов - **Q(1a3a?)-M242-TurkmenTajik2-3** с возрастом около 1350 лет, т.е. времен тюркского каганата.

На этом примере мы обнаруживаем не только доли эскимойдного кранотипа, но и кластеры исходно пра-эскимойдных линий. Кроме ветвей субклада **R1a1a1-Z284**, относимого автором на счет КВК, у скандинавов и британцев пока нет ветвей других субкладов **R1a1a1+** с датировками, близкими к скифо-сармато-аланским. Исключение составляет лишь вышеупомянутая **R1a1a1-L342*-Brit5** (3650 лет) с фатьяновско-андроновским возрастом.

По этой причине у части скифов можно предположить существенные кластеры линий **Q1a3+**. Резонно предположить, что это потомки эскимойдных сако-скифов Алтая, которые, в свою очередь, по-крайней мере частично, выглядят потомками андрононцев Казахстана.

Степные скифы-кочевники Русской равнины выглядят потомками сако-скифов Алтая - через **минорные (4-16%)** добавки кранотипа неоевропеоидов:

Ранние степные скифы, 34/35 (6) =

93±4% сако-скифы Алтая (Новотроиц.) / 7% Н.Е.

Степные скифы Никопольского кург., 34/35 (5) =

87±3% сако-скифы Алтая, Новотр. / 13% Н.Е.; 23±12% P1 эским. / 77% P2 эским. КХ

Степные скифы Никопольского кург., 6/9 (6) =

96±5% сако-скифы Алтая, Новотр. / 4% Н.Е.

Кочевые скифы, 7/9 (7, +M40c) = 84±10% ран.степные скифы / 16% С2Л

Скифы Заветное, 2.2-1.7 тлн (6) = 84±4% сако-скифы Алтая (Новотр.) / 16% Н.Е.;

18±9% P1 Эским.КХ / 82% P2 Эским.КХ, (5) = 69±12% эскимосы КХ / 31% Н.Е.

Скифы Курганки, Керчь (6) = 85±12% сако-скифы Алтая (Новотр.) / 15% Н.Е.

Скифы позд. **Золотой Балки**, 33/45 (6) = 93±6% сако-скифы Алтая (Новотр.) / 7% Н.Е.,

91±11% позд. Неаполь Скифский / 9% ЛЭ;

(5) = 24±14% P1 Эским.КХ / 76% P2 Эским.КХ

Скифы **Венгрии**, 20/31 (5) = 81±6% сако-скифы Алтая / 19% эталон КШК,

91±7% сако-скифы Алтая /9% Н.Е.; 26±14% P1 Эским.КХ/ 74% P2 Эским.КХ

Таким образом, в обоих случаях встречных потоков исходных скифов Молдавии («запад-восток») и Алтая («восток-запад») на Русской равнине и, возможно, за Уралом, кранотип скифов обогащается добавками «чистых» неоевропеоидов, что указывает на два разных источника этих «чистых» неоевропеоидов - на Русской равнине (Троицкое городище, 2.4 тлн - 100% кранотипа неоевропеоидов), и в Передней Азии. Однако, остается неразгаданным вопрос о природе этого источника «чистых» неоевропеоидов на Русской равнине. Для самого маргинального горно-лесного кранотипа нужна близость лесистых гор к тому же при условии отсутствия значительных популяций равнинно-прибрежников у подножий этих гор.

5.2.3 Скифо-сарматы - кранотипические потомки сако-скифов Алтая?

Из более поздних возможных кранотипических потомков сако-скифов Алтая можно отметить савромат, сармат и поздних сармат, включая ранних, средних и поздних (по классификации и средним мерам выборок Балабановой) :

Скифо-сарматы, 37 (5) = 90±11% сако-скифы Алтая /10% Н.Е.;

Савроматы, 41/45 (6) = 96±7% сако-скифы Алтая /4% Н.Е.;

Сарматы, 21/25 (5) = 93±7% сако-скифы Алтая /7% Н.Е.;

Сарматы Венгрии, 32/41 (6) = 92±7% сако-скифы Алтая /8% С2Л;

Поздние Сарматы Заволжские (6) = 92±7% сако-скифы Алтая /8% С2Л,
(5) = 37±10% P1 Эск./ 63% P2 Эским.

Расовая кранотипия указывает на близкое к 100% наследование савроматами от сако-скифов Алтая, а сарматами - от савромат. Причем, с точки зрения расовой кранотипии, ранние, средние и поздние сарматы - это последовательные выделения савромат, отличающиеся друг от друга лишь мизерными (1-3%) добавками неоевропеоидов. Наличие минорного вклада СВГ (около 7.5%) у савромат может указывать на минорное участие (около 8-9%) лесостепных скифов и скифов-пахарей.

Наследование сако-скифам Алтая предполагает у савромат и сармат линии R1a-L342 в части неоевропеоидного кластера. Однако, следует отметить, что точное установление предков популяций возможно лишь при анализе спектров расовых маркеров.

5.3 О гипотезе Тилака о бореальной родине ариев

В последних номерах Вестника ДНК-генеалогии [42, 43] опубликована дискуссия о гипотезе Тилака о бореальной родине ариев. На основе результатов данной работы можно сделать замечание в пользу необходимости тщательного исследования этой гипотезы.

Мы знаем, что в Индию арии в частности вторгались под именем «Шакья», т.е. Саки. Мы видели выше, что у ранних саков Казахстана, как у окуневцев Аймырлыга и у сако-скифов Алтая (Новотроицкое) основа кранотипа эскимоидная. Т.е. у Шакья (саков) Индии мог быть заметный кластер линий Q1a3 как наследие праэскимосов, часть которых осела на Алтае и в Казахстане. От потомков этих пра-эскимосов и могли прийти **полярные легенды** на Алтай-в Казахстан, а далее к ариям Индии.

(Прим. редактора – не было «полярных легенд» у ариев и других народов Азии, были просто фантазийные интерпретации Тилака. Он сам многократно писал, что это – его оригинальные интерпретации, и подчеркивал, что другие в Ведах этого не видели. См. Предисловие редактора выше).

Кроме того, санскрит сближается с языками америндов и эскимосов в части словосложения и особенно инкорпорации, которые свойственны многим языкам циркумполярной зоны – эскимосским и чукотско-камчатским, а также многим языкам американских индейцев, распространённым как на Севере, так и в Центральной Америке и в бассейне Амазонки). Чередования на межсловных границах не только свойственны многим языкам американских индейцев, но и являются яркой чертой санскрита [Википедия].

6 Предки европеоидных популяций

В табл. 16 сведены предковые кранотипы ряда европеоидных популяций, для которых оказались доступны спектры расовых маркеров.

Таблица 16

кранотип\мар.	Влу	ску	ошо	ошн	шно	м9с	Возможный состав предкового кранотипа
Среднее P1-1	46.5	92.65	30.4	16.25	53.43	68.25	94±6%I7 + 6% лаппы
P1 Фирсово14	47	93	30.5	16	52.46	66.5	93±13%I7/7%С2Л
P1 Пилос ПЭ	46	92.3	30.3	16.5	54.4	70	84±4%I7/16%лаппы
Среднее P2-1	58.4	80.45	34.65	21.7	62.53	79.5	74±9% Н.Е. / 13% I7+13% лаппы
P2 Фирсово14	57	82.1	33.3	20.4	61.26	77	57±9% Н.Е./22% I7+21%лаппы, 89±13%Пецель/11%КВК
P2 Пилос ПЭ	59.8	78.8	36	23	63.8	82	86±7.5% Н.Е./14% лаппы
С2Л	44.28	97	28.42	16.52	58.14	61.93	базовый глобальный эскимоид, лапшаноид

Среднее P1-2	47.36	92.42	28.59	16.59	58.05	68.6	41±10% РНД+ 40%СВГ + 19% С2Л
SD1-2	1.83	2.03	0.5	0.6	2.8	2.26	
P1 Аргос СЭ	44.7	95	29	16.2	55.9	67	60±20%С2Л+40%И7
P1 Берг КХ	45	95.5	28.1	16.2	57.65	-	96±5%С2Л/4% P2, 94±10%С2Л/6%лапшы
P1 Афины ПЭ	49.1	91.8	28.2	17	60.3	70.2	79±5% СВГ/21%С2Л
P1 Залавар КХ	48.15	91.1	28.3	17.5	61.8	-	73±0%СВГ+19%С2Л+8% авары
P1 Гизех КХ	49.2	90.15	28.5	16.4	57.54	-	78±6% РНД/ 22% шум.Убэйда
P1 Осло КХ	47.4	92.1	28.5	17	59.65	-	55±1.5%РНД+23% манси Пелым+22%лапшы
P1 РБ Катол.	48	91.3	29.5	15.8	53.55		93±8%РНД/7% Н.Е.
Среднее P2-2	57.04	82.89	32.24	22.03	68.3	83.1	42±5.5% Н.Е. ВСПК +58% Тиса-1
SD2-2	2	1.6	0.5	0.47	1.16	2.2	
P2 Аргос СЭ	58.5	81.5	32	22	68.75	84.7	58±12%Тиса-1 /42%Н.Е.
P2 Берг КХ	54.7	84.7	31.8	22.1	69.5	-	98±2% P2 Нордики Осло/2%Н.Е., 79±11%Тиса-1/21%Н.Е.
P2 Афины ПЭ	60.4	80.9	33	22.4	67.7	81.5	43±17%Тиса-1/57%Н.Е.,68±19%Н.Е./32% авары
P2 Залавар КХ	57	82.9	31.8	21.3	67	-	49±6%Н.Е./51%авары, 69±12% Тиса-1/31%Н.Е.
P2 Гизех КХ	56.8	81.8	32.9	22.6	68.7	-	60±6%Тиса-1/40%Н.Е., 54±9%Догон/46%Н.Е.
P2 Осло КХ	54.7	85.1	32	22.3	69.7	-	72±8%Догон/28%Н.Е., 73±20%Тиса-1 /27%Н.Е.
P2 РБ Катол.	57.2	83.3	32.2	21.5	66.77		41±3.5% P2 Хайнань/59% Пецель, 56±10%Кёрёш /44%Н.Е., 65±12%Тиса-2 /35%Н.Е.
Тиса, 33	52.49	85.67	30.08	20.87	69.39	75.52	84±8.5% Кёрёш /16% Н.Е., 86±12% Лендьел Aszod / 14% авары

Кроме 4-х европеоидных популяций коллекции Хауэллса (древнеегипетский Гизех, средневековые Осло, Залавар и Берг), включены три древнегреческие выборки из [44], андроновцы Фирсова-14 (обсуждены выше) и британские ирландцы (католическое кладбище Roundburry) 17-18-го века согласно мерам в [16]. В данной работе результаты анализа спектров расовых маркеров для этих выборок будут затронуты кратко.

Предки позднеэлладского (ПЭ) Пилоса группируются вместе с андроновцами Фирсова-14, отмечая кранотипию восточно-европейского типа, т.е., с неоевропеоидным кранотипом на основе кланов R1a, причем, возможно, R1a-L342. Все остальные группируются в кластер, для которого характерны большие вклады кранотипа к.Тисы у неоевропеоидных предков (P2). Судя по западно-европейской географии, неоевропеоидные предки этого последнего кластера в основном могут определяться кланами R1b1a2+.

6.1 Популяции «восточно-европейского» типа

Кроме андроновцев Фирсова-14 в кластер «восточно-европейского» типа пока что входит лишь ПЭ Пилос, Пелопонесс, южная Мессения.

Позднеэладский период (ПЭ) датируется как 3600-3100 лн и имеет 8 подпериодов, что для методик Y-STR датирования предполагает в будущем необходимость разрешения не хуже 75 лет (3 поколения) при датировании ветвей с возрастными около 3000-4000 лет. Данная выборка ПЭ Пилоса представлена первыми (самыми верхними) 5-ю слоями, что в среднем дает датировку захоронения как около 3100+155 лет = **3250** лет назад, т.е. ближе к концу ПЭ.

Анализ спектров расовых маркеров указывает на более маргинального неоевропеоидного предка, чем Пецель или ямная Украины, т.е. на участие «свежих» неоевропеоидов (исходных ИЕ пра-ямников?) и к тому же за счет добавки кранотипа раннесредневековых лаппов Норвегии, что, в совокупности с «палеорусской» природой палеоевропеоидного предка P1=84%И7+16% лаппы скорее указывает на Русскую равнину как источник для обоих предков ПЭ Пилоса. Средние возрасты двух предков и мажорной амальгамы-2 сходятся к 1225±50 лет до захоронения, что позволяет оценить начало сплавления как 3250 +1225 = **4475 лет назад**, т.е. предки ПЭ Пилоса (3.25 тлн) начали «сплавляться» на 1225 лет раньше – и не обязательно в Греции.

Таблица 17

Расовые компоненты ПЭ Пилоса и их датировки

	влу	ску	ошо	ошн	шно	м9с	среднее	Примеч., T _{зах} лет
Пилос ПЭ	51.9	84.84	32.72	19.58	59.88	77.23	51±6%P1 / 49%P2= 43%И7+15%лаппы / 42%Н.Е. vs 78±8% Пецель/22%С2Л, 70±8% ямная Украины/ 30% Н.Е.	
амал-1	49.2	88	30.9	18.3	59.2	79.8	64±22%P1 / 36%P2	
доля1	20	8.8	16.1	20	14.7	17.6	16±4%	
SD1n	1.45	1.27	0.84	0.99	0.42	0.56	0.92±0.4	400±175 лет до захоронения
амал-2	53	85	33.5	19.8	59.1	76.2	50±5%P1/50%P2, 82±4% Пецель/18%С2Л	
доля2	43.3	47.1	51.6	56.7	58.8	52.9	52±6%	
SD2	2.72	1.6	2.39	3.61	5.31	2	2.9±1.3	1250±575 лет до захоронения
P1 Пилос	46	92.3	30.3	16.5	54.4	70	84±4%И7/16%лаппы	
доля3	20	7.4	19.4	10	11.8	17.6	14±5%	
SD3n	3.31	3.1	0.45	3.63	4.12	1.57	2.7±1.4	1150±600 лет
P2 Пилос	59.8	78.8	36	23	63.8	82	86±7.5% Н.Е./14% лаппы	
доля4	16.8	14.7	12.9	13.3	14.7	11.8	14±2%	
SD4n	5.22	1.54	3.6	2.25	2.19	2.97	2.96±1.3	1250±550 лет

Для Аттики, Пелопонесса и Крита, кранотип И7 коррелирует с наступлением «темных веков», т.е. с приходом дорийцев, а в Крыму, как мы видели выше, И7 является основой кранотипа тавров - как возможное наследование от киммерийцев или кочевых скифов. Участие прадорийцев

(кранотип И7), возможно, объясняет греческую языковую основу этих пришельцев. Можно предположить культуру многоваликовой керамики (4.2-3.8 тлн, Поднепровье и Правобережье Днепра, частично Тернопольщина) как место сплавления неоевропеоидов с этими палеоевропеоидами (эскимоидами и лапшаноидами) Русской равнины. Согласно Клейну [45] люди многоваликовой культуры могли быть людьми вторжения в Грецию и на Крит около 3.7 тлн, т.е. важной частью Микенской культуры.

Сродство андроновцев Фирсово-14 и ПЭ Пилоса может указывать на языковые параллели в лице языкового единства прототохарских и протогреческих, если принять, что тохары – потомки андроновцев.

6.2 Популяции «западно-европейского» типа

У всех «западно-европейских» выборок главная особенность – участие кранотипов культуры Тиса (6.5/6.9?-5.5 тлн), существовавшей в среднем и верхнем бассейнах реки Тиса (Венгрия). Широко считается, что венгерский вариант КЛЛК (Alföld) был унаследован культурой Тиса без временного разрыва около 6.9 тлн под сильным влиянием культуры Турдаш-Винча.

Табл.18 представляет кранотипы ранненеолитических культур, возможно связанных с кланами R1b1a2+ (или с другими европейскими гаплогруппами).

Таблица 18

Популяция \ маркер	гу	очк	ово	овн	Кву	влу	ску	ошо	ошн	шно	М9с
Çayönü, 9, 9.4 тлн	75.7	1385	50.1	77.6	85.2	56	82.49	32	20.74	64.81	77.3
Çatal Höyük, 8.2-7.8 тлн	73.3	1529	43.5	71.7	84.6	55	83.21	32.38	19.91	61.43	75.49
шумеры Убэйда 7.3-6.1 тлн	72.7	1535	46.7	75	82	56.43	82.59	31.35	20.14	64.25	76.02
Сескло, Фессал.	72.3	1358	--	77.6	72.8	55.87	85.41	33.78	21.01	62.2	-
Неа Никомедия, 8 тлн	76.8	1442	48.2	70.4	85	53.85	82	31.35	20.42	65.14	76.54
Ран.Лепенский Вир, 12/22	74.3	1628	48.3	75.7	86.7	49.08	89.58	29.9	18.05	60.38	71.37
Поздний Лепенский Вир	76.6	1556	45.3	72.6	85.7	51.1	89.3	--	19.3	-	
Старчево, 6/14	73.8	1441	44.4	71	80.6	53	88.7	28.34	17.92	63.23	73.76
Кёрёш, 5/12	76.1	1486	50.7	82	86.3	50.11	88.25	29.29	20.37	69.54	71.97
Винча-Gomolava, 6/12	73.9	1530	48	74.1	89.3	53.86	82.18	31.23	20.19	64.65	75.32
Сумма 4-х герм.австр. КЛЛК	74.5	1468	49.1	74.5	85.4	53.1	81.65	--	19.83	--	77.85
эталон КНК						54.69	78.74	32.41	20.82	64.23	76.9
КНК Брест, Кууавс, 13/16	74	1499	50.2	74.7	86	49.28	86.13	31.28	18.22	58.25	74.87
Центр.Европ. КНК, 9/17	72.6	1585	47.4	71.4	87.6	54.48	84.16	30.58	19.2	62.78	73.67
AVK (Alföld), 8/21	75.2	1512	47.4	75.6	83.7	51.15	90.29	30.09	18.98	63.07	72.08
Аггрегат 3-х Lengyel, 21/59	73.3	1532	46.9	74.1	88	51.12	83.5	30.48	20.06	65.79	74.44
Lengyel-Aszod, 7/23	72.17	1544	45.7	73.4	87.6	52.13	83.21	30.8	20.64	67	75.1

Тиса, 33	73.4	1480	48	74.3	81.8	52.49	85.67	30.08	20.87	69.39	75.52
Bodrogkerezhturi, 7/19	73.1	1473	46	72	85.3	53.64	84.98	30.47	19.38	63.61	74.73
Средн.3-х попул.ККК	-	-	-	-	-	53.03	86	30.27	18.4	60.8	74.43
Бронза Ирландии (ККК)	78.7	1549	47.4	73.6	87.4	54.32	84.4	31.09	19.17	61.67	78.53

В первую очередь обратим внимание на цепочку генезиса от кранотипа бескерамического неолита юго-восточной Анатолии в лице Чайёню, датируемого около 9.4 тлн, до ККК (культура колоколообразных кубков):

Çayönü, Анатолия, 9.36 тлн, 9 черепов, (6 расовых маркеров) = 53±5% неоевропеоиды / 33% авары +14% С2Л, 78±7% ариоид/22% авары

Шумеры Убэйда, 7.3-6.1 тлн, 17, (6) = 91.5±7% Çayönü / 8.5% С2Л, 30±7.5% авары +20% С2Л/50% Н.Е.

Çatal Hüyük, Анатолия, 8.2-7.8 тлн, 8 (6) = 40±5.5% С2Л+5% авары/55% Н.Е., 86±10% Çayönü / 14% И7

Неа Никомедия, 11, 8.06-7.83 тлн (6) = 92±8% Çayönü / 8% С2Л = 72% ариоиды / 20% авар+8% С2Л = 52% Н.Е. / 25% С2Л + 23% авар

Винча (Гомолава), 6/12, 7.5-6 тлн (6) = 95±3% Неа Никомедия / 5% С2Л, 95±8% шумеры Убэйда / 5% С2Л

Эталон ККК (6) = 81±3% Г (ЭС+СВГ) / 19% Н.Е. (среднее ЭС и СВГ - палеоевропеоиды Эртебёле-Скатехольма и северо-востока Германии, соответственно)

81±4% Баден-2 / 19% МД, 53±7.5% КВК Германии / 47% Г, 46±8.5% эт.КШК / 54% Г, 70±9% **Винча-Гомолава** / 30% МД

Убэйдский период Шумера (7.3-6.1 тлн) определяется распространением с севера Месопотамии к Персидскому заливу очень характерного стиля высококачественно расписанной керамики культуры Самарра, с первым поселением около 7.3 тлн в Эриду. По расовому кранотипу шумеры Убэйда не только ближе всего к Чайёню, но и точнее всего выводятся из него.

Из переднеазиатских кланов, ветви которых предшествуют Убэйду Шумера (начало около 7.3 тлн) обнаруживаются ветви следующих кланов:

- R1b1a2-M269+, R2-M479 и Q1a3+ - относятся на счет доли неоевропеоидного кранотипа у убэйдцев, поскольку линии Q1a3+ и R2 у возможных современных потомков Шумера мизерны, то неоевропеоидность шумер Убэйда можно отнести в основном на счет кланов R1b1a2+ ;

- G2a*, G2a1a, G2a2, G2a3a, G2a3a2, G2a3b1a - наиболее вероятно относятся на счет доли С2Л ;

- E1b1a+ - вероятно относятся на счет доли кранотипа авар.

К числу пришельцев в регион Месопотамии-юго-востока Анатолии времен Убэйда можно отнести:

- G2a3a, G2a3a2 - наиболее вероятно относятся на счет доли С2Л у шумер Убэйда;

- J2a(?), J2a3d, J2a3b – наиболее вероятно относятся на счет доли С2Л;
- E1b1b1b2a-M123 (16.3 ± 1.5 тлн) → M123* (9.1 ± 1.3 тлн), M34 (14.7 ± 3 тлн) → M84 (8.1 ± 1.5 тлн) и E1b1b1a1-M78 (15.3 ± 2 тлн) → E1b-V22 (8.7 ± 1 тлн), E1b-V12 (7.2 ± 1.8 тлн) – наиболее вероятно могут относиться на счет доли кранотипа авар (с очень вероятным происхождением этого кранотипа в Тибете).

Отметим, что предки субкладов E1b-M123* (9.1) и E1b-V22 (8.7) ближе по датировкам к Чайёню (9.36 тлн), тогда как датировки предков E1b-M84 (8.1) и E1b-V12 (7.2) ближе к началу Убэйда (7.3 тлн). Хотя и те, и другие сходятся в пределах ошибки.

Кланы J2a3d-M319 (11.8 ± 1.2 тлн) и J2a3b-M67 (13.5 ± 1.5 тлн) имеют в Европе раннемезолитическую прописку. Клан J2a3b*-M67* характеризуется самой древней ветвью в Аравии (13100 лет), но также обнаруживает чуть более молодую ветвь с кантабрийской пропиской - J2a3b*-M67-Cantabrian-Spanish3French4-7 (12500 лет) с последующим продвижением в Германию (11125 лет), Аппенины (8375 лет), Анатолию (6625 лет – у армян) и Центральную Азию (около 4500 лет у алтайских казахов).

Клан J2a3d-M319, наоборот, выглядит продвигающимся из Германии J2a3d-M319-German6 (12075 лет) на Пиренеи - J2a3d-M319-Pyrenean5 (9150 лет) и появляется в Анатолии лишь около 7225 лн (J2a3d-M319-Anatolian7). В любом случае кланы J2a3d-M319 и J2a3b-M67 появляются в Анатолии с юга центральной Европы (что предполагает характерный кранотип «палеоевропеоида» С2Л) примерно в одно время – около 6925 ± 425 лет, т.е. около начала Убэйда. А именно добавкой С2Л и отличается Убэйд от Чайёню.

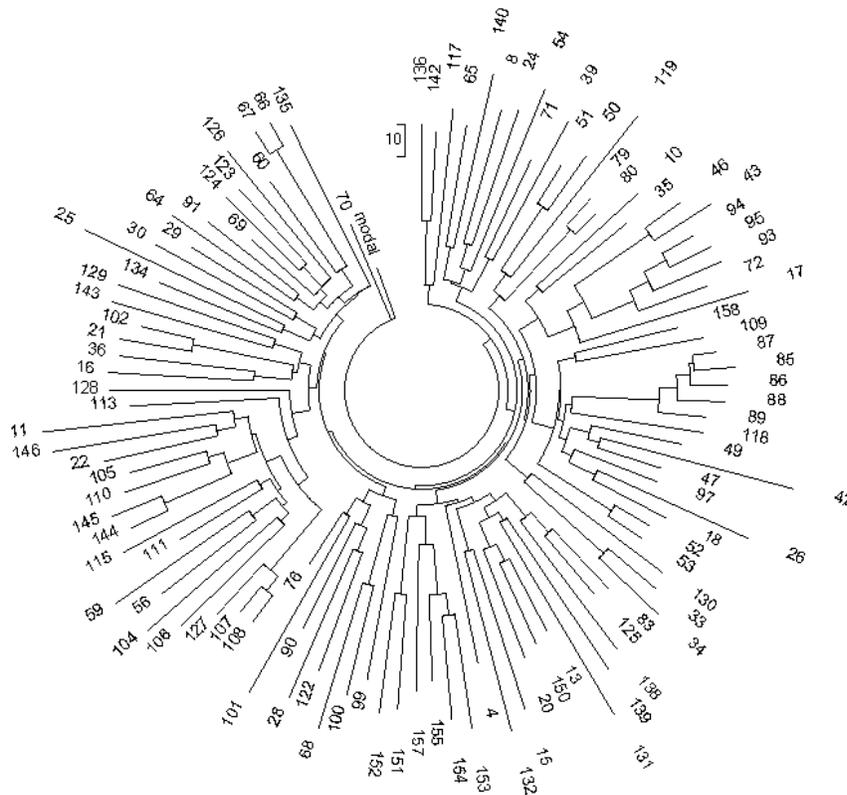
Добавка 8-9% доли С2Л, отличающая кранотип Убэйда от кранотипа Чайёню, может также определяться кланами G2a3a-M406 (9.8 ± 1 тлн) → G2a3a2-L645 (5.8 ± 1), J2a3b-M67 и J2a3d-M319. Эти кланы вместе с G2a2-P15 (L223), и G2a3b1-P303 исходно могли быть частью Натуфийской культуры, с началом голоцена начавшими осваивать европейское побережье Средиземного моря и по большим рекам продвинувшимся вглубь континента и даже на «Острова» - в Британию и Ирландию, которые в те времена были связаны сушей (реками) с материком.

Чатал-Хёйюк (8.2-7.8 тлн) тоже может быть выведен из Чайёню, но лучшее представление ($\pm 5.5\%$) предполагает независимый генезис из тех же ингредиентов, что у Чайёню и Убэйда, но в несколько других пропорциях – с намного меньшей долей кранотипа авар и значительно увеличенной долей С2Л (пост-Натуф?). Отсутствие анатолийско-левантийских ветвей

R1a+ с возрастными Чайёно и Чатал-Хейюка свидетельствуют в пользу кланов R1b1a2+ и J2a2 как основы неоевропеоидов в Чатал-Хейюке.

Причем, на Чатал-Хейюк, видимо, можно отнести появление субклада **R1b1a2a-L23 (7.85 тлн)**, тогда как субклад J2a2-P279 (7.9±1 тлн) мог появиться уже как результат миграции из Анатолии в Европу, поскольку армянских ветвей J2a2 пока нет, но есть европейские. Парагруппа R1b1a2a*-L23* пока что определяется в основном лишь ветвями армян, ливанцев и иранцев. Т.о. конец Чатал-Хейюка как около 7.8 тлн довольно четко может определяться датировками субкладов **R1b-L23** и J2a2-P279 – как начало миграций в Европу этих неоевропеоидных (ариоидных) кланов. Не забудем у Чатал-Хейюка и про небольшую долю линий E1b1b1+, в основном определяемую специфическим кранотипом авар.

(Прим. редактора – субклад R1b-L23 имеет возраст примерно 6200 лет, что многократно рассчитано по разным популяциям и по сериям гаплотипов разного формата, которые «вразброс» имеют «возраст» от 4400 до 5400 лет до общего предка (Klyosov, 2012, *Advances of Anthropology*, vol. 2, No. 2, 87-105). Например, 107 гаплотипов субклада L23 в 67-маркерном формате образуют следующее дерево:



40% гаплотипов на дереве принадлежат туркам и армянам, по 5% - иракцам и итальянцам. Гаплотипы собраны на проекте FTDNA
<http://www.familytreedna.com/public/ht35new/default.aspx>

Слева на дереве – ветвь из 38 гаплотипов с базовым гаплотипом

12 24 14 11 12 15 12 12 12 13 13 29 – 16 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 16 18 – 11 11 19
23 16 16 18 17 36 37 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 11 11 12 23 23 15 10 12 12 16 8 12 22
20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L23, branch)

Справа – ветвь из 69 гаплотипов, с базовым

12 24 14 11 **11 14** 12 12 12 13 13 29 – 16 9 10 11 11 25 15 19 **29** 15 15 16 **17** – 11 11 19
23 **15** 16 18 17 36 **38** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 **10** 11 12 23 23 **16** 10 12 12 **15** 8 12 22
20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L23, branch)

Более чем 70% турок и армян на дереве относятся к второй ветви, справа на дереве, как и все 8 иракцев и все пять иранцев. Возраст первой ветви - 4600 ± 490 лет, возраст второй - 4200 ± 440 лет. Между базовыми гаплотипами – 9 мутаций (отмечены), что дает $9/0.12 = 75 \rightarrow 81$ поколение, или примерно 2025 лет. Таким образом, общий предок обеих ветвей жил $(2025 + 4600 + 4400)/2 = 5400 (\pm 800)$ лет. Счет по 111-маркерным гаплотипам дает 5525 ± 700 лет, и не противоречит общей величине лет до общего предка 6200 лет назад.

Еще одна величина для L-23 получена при рассмотрении 115 гаплотипов этого субклада по списку Herrera et al (2011). Все они показали 784 мутации от базового гаплотипа, что дает $784/115/0.034 = 201 \rightarrow 250$ условных поколений, или 6250 ± 660 лет до общего предка.

Как у В.А. Рыжкова могло получиться 7850 лет – не имею понятия. Я не говоря, что это непременно ошибка, но он не показывает, откуда у него получаются эти цифры. А если его датировка неверна, что похоже на то, то зависят и все рассуждения про Чатал-Хейюк, и уж тем более про миграции этих R1b в Европу в те времена. Эти его рассуждения вообще противоречат всему, что известно про R1b в Европе, куда R1b прибыли не ранее 4800 лет назад).

Неа Никомедия (8.06-7.83 тлн) выглядит прямым потомком Чайёню. Доле кранотипа неоевропеоидов Неа Никомедии соответствует балканская ветвь R1b1a2*-M269,L23n?-Balkan1/2/6 (8350 лет) и, возможно, J2a2-P279-German5 (8350 лет), а доле С2Л - ветви G2a3b1a*-L140?-Greek3 (8650±2000 лет), G2a2b*-L91-19=15,17-Mediter7 (7575 лет), G2a3b1*-P303-Creto-Italian6 (7300 лет), G2a3a-M406-Greek2AnatArm4-6 (7175 лет).

Доля линий E1b1b1+ (определяемая кранотипом авар) с возрастными Неа Никомедии на Балканах пока не определяется, но есть преимущественно ашенинская ветвь E1b1b1a1c-V22-Por2Ita5-7, датируемая около **8300 лет**, и, судя по возможности участия в ней португальцев, это либо северо-ашенинская ветвь, либо еврейская.

Последующий кластер европейских ветвей в лице E1b1b1a1c-V22-CentrEur-7 (6300 лет), E1b1b1a1c-V22-Brit10 (6475 лет) и E1b1b1a1c-V22-German5 (5975 лет) вкуче с кластером E1b1b1b2a1a-M84-Italy5 (6200 лет), E1b1b1b2a1a-M84-German7 (6175 лет) и E1b1b1b2a1a-M84-English7 (4425 лет) могут указывать на распространение КЛЛК и/или мегалитчиков. Греческая ветвь кластера E1b-V22 пока что очень слабо представлена E1b1b1a1c-V22-Greek1/3, а потому её датировка (4025 лет) может быть неточной - заниженной для «мегалитчиков» (как части КВК) и завышенной для ирландской пост-ККК.

E1b-V13, обнаруживаемая в костяках неолитических пришельцев Пиреней (7 тлн), у современных потомков, согласно расчетам автора по методике [23], пока что древнее всего у армян (5375 лет), а в Европе - у ирландцев (4450 лет) и выглядит характерной меткой распространения ирландской ККК синхронно с ветвями R1b1a2a1a+ по Европе, в т.ч. и на Русскую равнину (3150 лет) и в Грецию (2675 лет). Похоже на бутылочное горлышко E1b-V13 в поздненеолитической Европе и её возрождение в Ирландии во времена появления там ККК (4.4 тлн), т.к. в целом, возрасты европейских ветвей E1b1b1+ выказывают убывающий характер из Ирландии и синхронны ветвям R1b1a2a1a+.

Таким образом, европейские ветви указывают на возможность кластера E1b1b1+ в Неа Никомедии, равно как и леванто-анатолийско-европейская ветвь E1b1b1b2a*-M123+*-JordTurGer3 (7475 лет).

Неа Никомедия (8.06-7.83 тлн) - это примерно время сразу после **R1b1a2a-L23 (7.85±0.8 тлн)** и J2a2-P279 (7.9±0.8 тлн) и около появления **R1b1a2a1-L150 (7.45±0.8 тлн)**. Отметим, что узел **R1b1a2a1b-L584 (4 тлн)** чисто анатолийский (армянский), а потому появление чисто европейского узла **R1b1a2a1a-L51 (6.3±1 тлн)**, могло произойти уже на севере Балкан, что и ознаменовало начало культуры Винча, которая кранотипически наследует Неа Никомедии лишь добавлением минорной доли кранотипа C2Л.

(Прим. редактора - отмеченные датировки уже подвергнуты сомнению, см. выше).

Цепочка от Чайёню к **Винче** (7.5-6 тлн) протягивается через Неа Никомедию, связывая их и с шумерами Убэйда. Клановый расклад Винчи

мог быть почти такой же как в Неа Никомедии, но увеличен на 4% по С2Л (G2a+, J2+?) и, соответственно, чуть уменьшен по неоевропеоидам (R1b1a2+ и J2a2) - 49% и (пра)аварам (E1b1b1+) - 22%. Доля аварского кранотипа у Винчи (в лице Димини?) может быть приблизительно отнесена на счет греческой ветви E1b1b1a1c-V22-Greek1/3 (4025±225 лет), тогда как ветвь **R1b1a2a1*-L150?-Greek4 (5675 лет)** отмечает долю неоевропеоидного кранотипа у Винчи.

(Прим. редактора – отмеченные датировки уже подвергнуты сомнению, см. выше. Эти сомнения были представлены автору, автор их проигнорировал. Поэтому – это и другие «Примечания» в тексте).

Широко считается, что в Венгрии восточная КЛЛК (Alföld) была унаследована культурой **Тиса** без временного разрыва около 6.9 тлн. Сафронов же выводил Тису из Винчи, относя Винчу к протоиндоевропейцам [38]. Венгерский вариант КЛЛК по кранотипу сильно отличается как от германо-австрийского вариантов КЛЛК, так и от популяций КНК (к. накольчатой керамики), сильно увеличенной скуластостью, что говорит о большом вкладе лапаноидов (78% в сумме):

AVK (alföldi vonaldiszes kerámia), 8/21, (6) = 26±8% лапшы+26% С2Л+26% ЛНРР / 22% Н.Е.

Кранотип суммарной выборки к.Тиса (n=33) не может наследовать кранотипу выборки Alföld (AVK). Специфическая кранотипия популяций Тисы лучше всего представляется через количественное наследование палеомонголоидному Кёрёшу (84%) – за счет минорной добавки кранотипа неоевропеоидов:

Тиса, Карпаты, 33, 6.9?/6.5?-6 тлн (6) = 84±8.5% Кёрёш /16% Н.Е.
86±12% Лендьел Aszod / 14% авары; (5) = 88±12% тейта Вост.Африка/12% Н.Е.,
65±15% тейта Вост.Африка/ 35% Убэйд Шумера
Лендьел Aszod, 7/23 (6) = 80±11.5% Винча-Гомолава /20% Афалу, Сев.Африка

Афалу тип, Сев.Африка, мезолит (6) = 84±6% Кёрёш/16% И7
Кёрёш, 5/12, 9-7 тлн (5, без М9ск) = 92±5% атайалы КХ / 8% Н.Е.,
94±5% Афалу тип / 6% Н.Е.

Наилучшее представление североафриканских эпипалеолитических «кроманьоидов» Афалу – через количественный вклад раннеолитического Кёрёша Венгерской равнины, который на 92% выглядит палеомонголоидным по типу Атайал КХ. Но с той же точностью (±5%) Кёрёш на 94% выглядит «афалуоидным» и опять же через минорную добавку неоевропеоидов. С другой стороны, нужно помнить, что для Alföld

характерны восточноазиатские митодНК. Но распространяются ли они на более ранний Кёрёш?

Как видим, для Тисы (6.9/6.5-6 тлн) также остается (менее вероятная пока) возможность кранотипического наследования Винче (7.5-6 тлн). Возможно также допустить, что Тиса была развитием Винчи именно в части неоевропеоидных кланов, т.е. кланов субкладов **R1b1a2a1-L150 (7.45±0.8 тлн)** и **R1b1a2a1a-L51 (6.3±1 тлн)**, причем, с большим недостатком собственных женщин, что и привело к количественному доминированию палеомонголоидного (или афалуоидного?) кранотипа Кёрёша, как наиболее вероятного субстрата Тисы. Франко-германо-польско-швейцарская ветвь R1b1a2a1a*-**L51,L11neg-FraGerPolSwz2-5 (5775 лет)** может быть отражением довольно короткого века Тисы.

(Прим. редактора – отмеченные датировки уже подвергнуты сомнению, см. выше).

Конец Тисы может соответствовать появлению субклада **R1b1a2a1a1-L11 (5.5±0.5 тлн)** и это уже времена пред-ККК. Наследниками Тисы считаются культуры Тиса-Полгар (6.5-6/5? тлн) и Петрешть, кранотипов для которых пока нет. Тиса-Полгар считается предковой для Бодрогкёрёштури (6-5.5 тлн, энеолита Венгерской равнины с очень развитой металлургией), кранотип которого количественно наследует Тисе через 16% добавку кранотипа палеоевропеоидов И7 или его аналога МД. Более того, 18% добавка всё тех же палеоевропеоидных кранотипов МД или И7 к кранотипу Бодрогкёрёштури приводит к кранотипу эталона ККК - как среднее трёх близких по кранотипам ККК-популяций Богемии и Моравии, Богемии и Германии.

(Прим. редактора – отмеченные датировки уже подвергнуты сомнению, см. выше).

Бодрогкёрёштури, 6-5.5 тлн (6) = 84±15% Тиса /16% МД или И7
Эталон ККК (среднее 3-х поп-й) (6) = 82±9% Бодрогкёрёштури /18% МД или И7, 81±3% Г (ЭС+СВГ) / 19% Н.Е.

Таким образом, цепочка генезиса от Чайёню до ККК Центральной Европы-Ирландии и ККК Пиреней выглядит следующим образом:

Чайёню (9.4 тлн), R1b1a2-M269, 8.7±1.1 тлн →
Чатал Хёйюк (8.2-7.8 тлн), Неа Никомедия (8.06-7.83 тлн), R1b1a2a-L23, 7.85±0.8 тлн →
Винча (7.5-6 тлн), R1b1a2a1-L150 (7.45±0.8 тлн) →
Тиса (6.9/6.5-5), R1b1a2a1a-L51 (6.3±1 тлн) →

Тиса-Полгар (6.5-6 тлн), R1b1a2a1a-L51 (6.3±1 тлн) →
Бодрогкёрёштури (6-5.5 тлн), R1b1a2a1a-L11 (5.5±0.5 тлн) →
ККК Центр.Европы (4.5 тлн) → ККК Ирландии (4.4-3.5 тлн), R1b1a2a1a-U106
(4.5±0.5 тлн)
и ККК Пиреней (4.8-4.4 тлн), R1b1a2a1a-P312 (5.7±1 тлн)

Комбинация Y-STR датирования с кранотипией выборок соответствующих культур указывают на продвижение кланов R1b1a2-M269 (8.7±1.1 тлн) в Европу из Анатолии, Чайёню (9.3 тлн) через Балканы, Неа Никомедию (8.06-7.83 тлн) к Винче (7/5), далее к Лендьелу и Тисе, от которой к Тисе-Полгар и далее к энеолиту Венгрии, Бодрогкёрёштури, для которого характерна чрезвычайно развитая металлургия.

(Прим. редактора – отмеченные датировки уже подвергнуты сомнению, см. выше).

В энеолите Венгрии около 5.5-5 тлн происходит разделение на два субклада: кланы R1b-U106 (4.5±0.5 тлн) через Моравию и Богемию уходят далее в Германию (появление ККК около 4.4 тлн) и ещё дальше в сторону Дании (ККК около 4.4-4.3 тлн) и далее на Острова, где в Ирландии около 4.4 тлн появляются колоколообразные кубки и начинается выплавка бронзы – бронзовый век. Нетрудно увидеть, что кранотип бронзы Ирландии (т.е. ККК) выводится из эталонного кранотипа ККК через добавку неоевропеоидов:

Бронза Ирландии (ККК) (6) = 81±10% эт.ККК/19% Н.Е., 65±9% Г (ЭС+СВГ)/35% Н.Е.

Откуда в Ирландии начала бронзы могут быть «свежие» неоевропеоиды, если пришельцы ККК – это количественные (81%) палеоевропеоиды?

(Прим. редактора – в работе [Klyosov, 2012, Adv. Anthropol, v. 2, No. 2, 87-105) было показано, что «пришельцы ККК» – это эрбины, носители гаплогруппы R1b. Это – не палеоевропеоиды).

6.3 О возможном генезисе ранних ирландцев

По проектам FTDNA конечных ветвей современных потомков (КВСП), включающих ирландцев или предполагающих их участие в качестве неаттрибутированных «британцев» (“British”) или «островитян» (“Isles”) составляет более 130. Таблица 19 представляет ирландские ветви старше 3450 лет – как кандидатов на распространение ирландской ККК по всей Европе, включая Русскую равнину и, как результат миграции с Русской равнины в Грецию.

Таблица 19

Ирландские ветви старше 3450 лет

Возраст, лн	Конечная ветвь современных потомков	Археологический феномен Ирландии /примечание	
11425	G2a6-L91-Isles6	первые люди послеледникового периода - ок. 10 тлн, мезолит 9/8-6 тлн, пост-натуфийцы?	
10000	G2a3a-M406?-Irish3		
7925	I2a1b-M423-British7	мезолит «островов», пра-славяне?	
7150	J2a3b1-M92?-Irish4	кардиалы, родственные La Hoguete	
6425	I2a1a*-L158-Brit4	эпикардиалы?	
7050	G2a3b1a2-L497?-Irish8	КЛПК, с 6.5 тлн - зерновые культуры, жилища	
6600	I2a2b-L38-dys448=20-Irish4	мегалиты? около 6.3 тлн - крупный рогатый скот, население ок.100-200 тыс., 5.5-5 тлн Céide Fields in County Mayo	
6475	E1b1b1a1c-V22-Brit10		
5875	R1a1a1-M417-IrishEnglish26		
5800	I2a2b-L38-dys448=19-Irish4		
5500	R1b1a2a1a1*- L11,P310-Irish6	коллапс экономики около 4.5 тлн, некоторое сокращение населения Приход людей ККК, медные шахты <i>Ross Island</i> , the Lakes of Killarney in County Kerry, металлургия с 4.4 до 3.8 тлн, экспорт меди и золотых украшений (в Германию и Скандинавию), рост населения.	
5250	R1b1a2a1a1b*-P312-Irish6		
4700	I2a1b-M423-Isles1-Irish4		
4700	R1b1a2a1a1b3c-L2-Irish11		
4450	E1b1b1a1b-V13-Irish6		
4400	E1b1b1a1a-V12?-Irish7		
4450	I2a2a-M223-dys487=12-Irish6		
4400	R1b1a2a1a1a-U106-Irish14		
4200	R1b1a2a1a1a5a*-Z156-Irish4		
4125	R1b1a2a1a1b3c1-L20-Irish6		
4075	I1a3a1a-Z140*?- Irish5		
4000	I2a1a-L158-Irish8		
3725	R1b1a2a1a1b-P312,L21n-Irish47		Начало Бронзового века, который в Ирландии длился до 2.5 тлн.
3700	I2a2a-M223-Irish7		

Из табл.19 видно, что до прихода людей ККК в Ирландию во времена мегалитов пришли неоевропеоиды R1a1a1-M417 – они могли составить необходимую европеоидную добавку к кранотипу ККК. В Англи и Шотландии природа кранотипа мегалитников по типу Long Barrow как минимум на 43% неоевропеоидная (R1a+) и на 57% - палеоевропеоидная по типу РНД (I2a+, возможно G2a3b1+):

Мегалитники Long Barrow Type, Англия и Шотландия, 25/128 (6) = 43±8.5% Н.Е. /57% РНД, 77.5±10% эт.КВК /22.5% РНД,

Появление ККК в Ирландии отмечается не только ветвями субклада R1b1a2a1a1a-U106 (4.5±0.3 тлн) и его потомков, но и ветвями E1b1b1a1b-V13 (4450 лет) и E1b1b1a1a-V12 (4400 лет) как потомков клана E1b1b1a1-M78, и I1a3a1a-Z140 (4075 лет) в паре с I2a2a-M223-dys487=12 (4450 лет).

С окончанием ККК в Ирландии (около 3.7 тлн) ветви E1b-V13

распространяются из Ирландии почти синхронно с ветвями R1b1a2a1a1+.

Во времена ККК появляются новые ветви кланов пред-ККК субстрата - ветви I2a1b-M423-Isles1-Irish4 (4700 лет) и I2a1a-L158-Irish8 (4000 лет), но нет новых ветвей «мегалитников» I2a2b-L38-dys448=20, E1b1b1a1c-V22 и R1a1a1-M417. Возможно, что популяция «мегалитников» в Ирландии испытала резкое сокращение в момент прихода людей ККК - около 4.5 тлн, когда наблюдается коллапс экономики и некоторое сокращение населения Ирландии - несмотря на приход новых масс с передовыми технологиями. Война?

Происхождение субклада I2a2b (5.8±1.4 тлн) также выглядит ирландским - с самой старой ветвью в лице кардиалов I2a2b-L38-448=20-Irish4 (6600 лет). Равно как и происхождение субклада кардиалов J2a3b1-M92 (8.8±0.5 тлн) выглядит чисто ирландским с самой старой ветвью в лице выше отмеченной ирландской J2a3b1-M92?-Irish4.

Выглядящий исходно ирландским (в лице I1a3a1a-Z140*?-Irish5, 4075 лн) и принадлежащий ККК субклад I1a3a1a-Z140, датируемый как 4±0.6 тлн, производит кластеры I1a3a1a-Z140+AS5&AS6 (3.9±1.2) и далее I1a3a1a-Z140-AS6 (2.9±1.6 тлн), которые кроме поздних британских ветвей (1600 и 675 лет) включают русскую ветвь I1a3a1a-Z140+"Rhine"-Ru3/5 (3425 лет) и франко-датско-германскую I1a3a1a-Z140-AS6-FraDen2Ger4-7 (2.450 лет). Причем, русская ветвь, как мы видели выше, имеет фатьяновский возраст и наряду с I1(a*-DF29?)-M253-Russian6 (3625 лет) и самыми древними ветвями R1a у русских определяет количественный вклад кранотипа поздних фатьяновцев у русских. Т.е. опять часть русского генезиса уходит корнями в Ирландию - кроме пост-ККК в лице русских E1b-V13 (3150 лн) и R1b-L20 (3275 лн).

Интересна фатьяновская параллель у шотландцев - то же ответвление ирландской ККК? Означает ли это, что основа фатьяновского кранотипа была заложена на Островах?

Шотландия, бронзовый век (6) = 81.5±13.5% ПФ / 18.5% С2Л

Расовый кранотип Ирландии бронзового века выглядит предковым для бронзового века Венгрии (Halomsiros), позднеэлладской Аттики и Афин в частности:

Бронза Венгрии (Halomsiros), 14/54 (6) = 93±4% бронза Ирландии / 7% СВГ, 78±6.5% ККК/22% арииды

Атика ПЭ (6) = 86±5% эт.ККК / 14% авары, 78±13% Бронза Ирландии / 22% ЛН
ПЭ Афины, около 3.25 тлн (6) = 87±7% эталон ККК / 13% авары,

87±7% Бодрогкёрёштури (венгерский энеолит) / 13% авары
72±11% Бронза Ирландии / 28% авары

Почти синхронно с расовым кранотипом бронзы Ирландии на Русской равнине, Балканах и в Греции появляются и метки ККК Ирландии E1b-V13 и R1b1a2a1a1+ и, в частности, R1b1a2a1a1b-P312+.

Тема позднего распространения кранотипа бронзы Ирландии довольно обширна и требует более детального исследования.

Проведем краткий обзор результатов анализа спектров расовых маркеров «западноевропейских» популяций.

6.4 Краткий обзор расовых компонент западноевропейских популяций

6.4.1 Афины позднеэлладского периода, Аттика

Позднеэлладский (ПЭ) период рассматривается во временных рамках 3600-3100 лн, но по представленным слоям захоронение ПЭ Афин в среднем датировается как около **3250 лн**, т.е. ближе к концу ПЭ.

Позднеэлладское время может быть отмечено следующими греческими ветвями:

J2a3b3-L210-Greek1/3/7 (3775±2575 лет), J2b*-Greek3 (3425±1075 лет), R1a-Z280?-13FTDNA/17Yfiler-Crete6 (3600±525 лет) и R1a-M458?orL342.2?-13FTDNA/17Yfiler-Crete6 (3500±550 лет).

С учетом высокой погрешности для пока что плохо представленных греческих ветвей следует иметь ввиду и кажущиеся более молодыми ветви, упомянутые выше:

E1b1b1a1b-V13-Greek2/6, 2675±450 лет,
R1b1a2a1a1b3c-L2-Greek2/5/7/8, 2725±800 лет,
R1b1a2a1a1a-U106-Greek1/5, ~2200 лет,
R1a-M458?-13FTDNA/17Yfiler-Crete6, 3050±500 лет,
R1a-M458?-Greek2/4/6/8, 2800±50 лет,
R1a-Z280-+Greek2/4/6/8, 2800 лет.

В табл. 20 представлены результаты анализа спектров расовых маркеров ПЭ Афин. В этой выборке обнаружены три компонента, две минорные выглядят родительскими, а мажорная (61±7%) – их амальгамой. С учетом

погрешности все три датируются примерно одинаково, выдавая среднюю датировку «сплавления» как около 1000 ± 150 лет до захоронения.

Неоевропеоидный предок P2 ПЭ Афин представляется через близкие доли Тисы и неоевропеоидов, что допускает участие как кланов R1a1a1+, так и R1b1a2+.

Таблица 20
Расовые компоненты ПЭ Афин и аналогов

	влу	ску	ошо	ошн	шно	м9с	Среднее	Примеч., T _{зах} лет
Афины ПЭ	53.57	86.04	29.7	19.06	62.7	73.49	63±8% P1/37%P2 vs 87±6% эт.ККК / 13% авары, 72±11% Бронза Ирландии / 28% авары	
амальг.	54.7	86.5	30.1	18.9	62.7	75.6	58±7.5% P1/42%P2, 88±13% Брон.Ирл./12%МД	
доля1	60	55.5	58	75	56	56.5	61±7%	
SD1n	2.21	2	2.27	3.1	1.97	2.64	2.71±1	1150±425 лет до захоронения
P1 Аф.	49.1	91.8	28.2	17	60.3	70.2	79±5%СВГ/21%С2Л	
доля2	30	18.5	21	12.5	25	36.5	24±8%	
SD2n	2.16	1.09	3.33	0.04	3.18	2.63	2.11±1.17	900±500 лет до захоронения
P2 Аф.	60.4	80.9	33	22.4	67.7	81.5	43±15% Тиса-1/57% Н.Е.	
доля3	10	26	21	12.5	19	7	15±7.5%	
SD3n	4	1.94	1.99	-	-	0.7	1.91±1.3	800±550 лет до захоронения
Тиса-1	53.1	85.09	29.46	21.24	72.11	76.98	89±16% Тейта/11%Н.Е.	
СВГ	49.93	89.49	28.78	17.91	62.24	72.1	33±10%С2Л + 33% авары+17% И7 /17% Н.Е.	

Палеоевропеоидный предок P1 ПЭ Афин очень хорошо представляется через количественный вклад СВГ (северо-восточная Германия) с добавкой С2Л. СВГ определяет кранотипы раннего Лепенского Вира и Старчево, т.е. это местный палеоевропеоид (с существенной долей неоевропеоидного кранотипа - 17%). Причем, в эллинистические времена СВГ определяет кранотип македонцев, а позже является характеристическим кранотипом у широкого круга славян.

6.4.2 Средневековый Залавар КХ-52

Эта выборка интересна не только как исходно славянская, но и как обнаруживающая скрытый кластер авар при анализе вероятностных распределений (далее «спектров») отклонений значений расовых маркеров от предковых для классической выборки Хауэллса для средневекового Залавара (Венгрия). Залавар был основан моравским князем Прибиной около 839-847 гг. как славянский город Блатноград (город на Балатоне, Блатно), но в 901 году захвачен венграми-мадьярами и через некоторое

время переименован в Залавар. Датировка захоронения черепов этой выборки не ясна (сказано «средневековая»), но её можно оценить либо как среднее от момента основания Блатнограда (ок. 839-847 гг.) до окончания средних веков (1400 год), т.е. около 1025 года, либо по окончании средних веков, т.е. около 1400 года.

Формальное разложение кранотипа всей выборки Залавара КХ-52 на две предковые компоненты не выявляет и не предполагает присутствия авар «классического» типа, Залавар с отличной точностью выглядит типичной ранне-славянской популяцией Венгерской равнины или Балкан:

РСВ Залавар КХ-52 (Блатноград, 839-901гг), Венгрия (5) = 84±3% СВГ /16% Н.Е.

Однако анализ спектров расовых маркеров делает существенные уточнения предков, обнаруживая вклады авар, что и должно быть, поскольку исходная славянская популяция Блатнограда формировалась в ареале аварских популяций и под давлением авар.

Таблица 21
Компоненты Залавара КХ-52

	влу	ску	ошо	ошн	шно	среднее	Примеч., T _{зах} лет до захорон.
Залавар	51.52	87.41	30.03	19.06	63.54	58±6%P1/42%P2 vs	84±3% СВГ/16% Н.Е.
амал.-1	51.1	88.6	29.5	18.9	64	65±4.5%P1/35%P2, 82±9% СВГ /18% арионд,	80±12%поляне Киева 12в.+20% авары
доля1,%	42.3	46.2	44.9	50.7	55	48±5%	
SD1n	1.86	1.34	1.73	2.46	2.5	1.98±0.5	850±200 лет до захоронения
амал.-2	53.9	87	30.64	20	65.3	36±7%P1/64%P2, 84±14% шумеры Убэйда/16%	C2Л, 88±14%Винча/12%C2Л
доля2,%	19.5	40.4	28.8	20.4	21	26±9%	
SD2n	1.49	0.69	1.17	1.37	1.14	1.17±0.3	500±125 лет до захоронения
P1 Зал.	48.15	91.1	28.3	17.5	61.8	73±0%СВГ+19%С2Л+8% авары	
доля3,%	27.3	7.1	10.5	20.1	20	17±8%	
SD3n	1.59	0.16	2.17	2.49	3.85	2.05±1.34	850±575 лет
P2 Зал.	57	82.9	31.8	21.3	67	49±6% Н.Е./51% авары, 69±12% Тиса/31% Н.Е.	
доля4,%	10.8	6.3	15.8	8.8	4	9±4.5%	
SD4n	1.31	1.98	1.55	0.51	1.17	1.3±0.53	575±225 лет до захоронения
поляне	50.4	89.2	30.8	19.1	62	50%лапшы+ 10%И7+9%РНД +8%С2Л / 23%Н.Е.	
авары	53.62	91.69	26.81	18.84	70.27	базовый равнинно-прибрежный	

Горно-лесной предок P2 Залавара лучше представляется через примерно равные пропорции неоевропеоидов и авар, чем через Тису и неоевропеоидов. Тем не менее, учитывая примерно равные кластеры линий R1a+ и R1b+ на западе Венгрии - востоке Австрии, следует допустить возможность происхождения от Тисы (на основе R1b1a2a1a+) и неоевропеоидов (на основе R1a1a1+).

Палеоевропеоидный предок R1 Залавара сложен на основе «праславянского» кранотипа СВГ, но соответственно местности уточняется её типичным автохтоном С2Л и наиболее влиятельными пришельцами времен Великого переселения народов – аварами. Судя по датировке (575 ± 225 лет до захоронения), этот предок может относиться примерно к 450 ± 225 году (1025-575), если считать дату захоронения как около 1025 года, либо к 825 ± 225 году (1400-575), если дату захоронения принять по окончанию средних веков. Необходимо как-то уточнить датировку этого захоронения, чтобы понять, что же в итоге получилось. Отметим сродство Залавара КХ (славянского Блатнограда) с ПЭ Афинами по палеоевропеоидным предкам.

Две разные амальгамы («детские» компоненты) образованы за счет разных пропорций предков в них. Наиболее массивная амальгама-1 ($48\pm 5\%$) близка по кранотипу ко всей выборке и количественно представляется кранотипом праславян СВГ в паре с ариоидами, что дает альтернативную идею формирования кранотипа СВГ. Также эта амальгама количественно определяется полянами Киева 12-го века в паре с аварами, что сближает кранотип этих полян с «праславянами» СВГ. Поздние поляне Киева 11-12 вв. лишь на 23% неоевропеоидны, а в остатке палеоевропеоидны, т.е. минимальный кластер R1a+R1b мог составлять около 23%, а максимальный определяется долей ариоидности, которая оценивается как 33% ($23\%/0.69$). Вторая амальгама представляется количественными кластерами шумер Убэйда и/или Винчи-Гомолавы (кранотип которой произведен из Убэйда) с минорными довесками глобальных эскимоидных лапаноидов С2Л, что указывает на наличие кластера линий R1b1a2+.

6.4.3 Аргос среднеэлладского периода, север Пелопонесса

Среднеэлладский (СЭ) Аргос датируется как 4000-3600 лет назад, т.е. в среднем около 3800 лет назад.

Датировки предков СЭ Аргоса и мажорной амальгамы близки и сходятся к значению 1075 ± 25 лет до захоронения, что относит начало сплавления на **4875 лет назад**, т.е. к началу раннеэлладского периода, отмеченного следующими греческими ветвями:

R1b1a2a1*-L150?-Greek4 (5675 лет) и R1a1a1-Z283*orL342?-Greek4/10 (**5325 \pm 500** лет), J1*-FT-Greek2 (4825 ± 1075 лет) и R1b1a2+13FT-Crete6 (4725 ± 900 лет) .

С учетом погрешности можно также добавить в рассмотрение кажущиеся более молодыми ветви:

R1b1a2a1*-L150-Balkan3/8/10/13 (4225±700 лет) и E1b1b1a1c-V22-Greek1/3 (4025±1300 лет).

Таблица 22

Состав Аргоса среднеэлладского времени (4000-3600 лет назад)

	влу	ску	ошо	ошн	шно	м9с	среднее	Примеч. Г _{зах} лет
Аргос	51.87	86.86	30.12	18.75	62.7	74.8	52±8% P1/48% P2, 76±8%PЭ Аттика/24%ЛНPP	
амал.-1	53.2	86.8	30.4	19.7	64.8	75.9	42±8% P1/58% P2, 91±6%энеол.Венгр./9%ЛНPP	
доля1	55.2	56.5	48.2	37	44.2	48.7	48±7%	
SD1n	3.14	1.35	2.65	2.23	2.27	3.88	2.59±0.86	1100±375 лет до захоронения
амал.-2	48	90	28	17.5	62.5	71.8	73±17%P1/27%P2, 84±13%СВГ+16% P1	
доля2	24.1	21.7	16.1	33.3	25	32	26±6%	
SD2n	1.69	0.89	2.37	2.69	2.65	0.47	1.79±0.94	750±400 лет до захоронения
P1 Арг.	44.7	95	29	16.2	55.9	67	60±20%С2Л+40%И7	
доля3	8.6	4.3	16.1	18.5	13.5	13.5	13±5%	
SD3n	2.25		1.14	2.76	3.16	3.04	2.47±0.82	1050±350 лет до захоронения
P2 Арг.	58.5	81.5	32	22	68.75	84.7	51±25%Н.Е.+49%Тиса-1	
доля4	12.1	17.4	17.9	11.1	17.3	5.3	13±5%	
SD4n	2.59	2.41	2.63	3.28	3.01	1.58	2.58±0.58	1100±250 лет до захоронения
Тиса-1	53.1	85.09	29.46	21.24	72.11	76.98	89±16% Тейта/11%Н.Е.	

Палеоевропеоидный предок P1 определяется типичным средиземноморским (пост-натуфийским?) кранотипом эскимоида «лапаноида» С2Л и 40% эскимоида «палеоруса» И7, который в «темные века» Древней Греции отмечает приход дорийцев, а на юге Русской равнины мог соответствовать приходу киммерийцев.

Горно-лесной предок СЭ Аргоса на грани удовлетворительности представляется через примерные вклады Тисы и неоевропеоидов, т.е. может отмечать кланы R1b1a2+ и R1a1a1+.

Первая, мажорная, амальгама даёт альтернативную идею формирования кранотипа Бодрогкёрёштури (энеолит Венгрии) сплавлением предков СЭ Аргоса, что указывает на участие кланов R1b1a2a1a+.

Bodrogkereszturi (Энеолит Венгрии) (6) = 43±11% P1 СЭ Аргоса/57% P2 СЭ Аргоса

Вторая, минорная по вкладу и возрасту, амальгама определяется через найденных предков лишь удовлетворительно (±17%), но лучше может быть количественно определена кранотипом балканского автохтона СВГ, который у предка P1 не обнаруживается. Таким образом, возможен третий, автохтонный, предок (СВГ), начавший сплаваться с предком P1, который определяется пра-доридами (т.е. пра-греками) И7.

6.4.4 Гизех КХ-58, Египет 27 династии

Как и в случае с выборкой Осло, в работе [3] выборка Гизеха была слегка урезана автором для удобства анализа ядра выборки, что было неверным шагом, так как истинные предки при этом были в большей степени утрачены, а датировки смещены. В данной работе исправим ошибку, допущенную в отношении предков Гизеха КХ-58, Древнего Египта 27 династии.

Таблица 23

Расовые компоненты Гизеха КХ

	влу	ску	ошо	ошн	пшно	Среднее	Примеч., T _{зах} , лет до захорон.
Гизех	53.15	85.25	30.68	19.29	62.95	49±4.5%P1/51%P2 vs 56±3.3% СВГ/44% ариоид	
амал.-1	51.8	86.85	30.2	18.3	60.6	66±5%P1/34%P2, 88±11%ККК Морав./12%P1	
доля1,%	36.2	37.9	46.6	58.6	36.2	43±10%	
SD1n	1.63	1.09	1.92	2.86	3.14	2.13±0.85	900±350 лет до захоронения
амал.-2	54.4	84	31.6	20.5	64.87	31±3%P1/68%P2, 48±7% Пецель/52% Тиса-2	
доля2,%	32.8	36.2	34.5	25.9	41.4	34±5.5%	
SD2n	1.22	0.81	1.3	2.44	2.03	1.56±0.65	650±275 лет
P1 Гизех	49.2	90.15	28.5	16.4	57.54	78±6%P1/22% шум.Убэйда	
доля3,%	13.8	10.3	6.9	8.6	10.3	10±2.5%	
SD3n	1.19	1.16	2.11	2.41	1.56	1.69±0.55	725±225 лет
P2 Гизех	56.8	81.8	32.9	22.6	68.7	60±6%Тиса-1 /40% Н.Е., 54±9%Догон/46%Н.Е.	
доля4,%	17.2	15.5	12.1	6.9	12.1	13±4%	
SD4n	1.37	1.05	0.89	3.44	2.42	1.83±1.08	775±450 лет
ККК Мор.	51.85	85.71	30.64	18.57	60.59	66±10 эт.КШК/34%С2Л, 41±11% Н.Е./59%С2Л	

По выражению амальгамы идея представления Гизеха чисто евразийская и выглядит очень точной (±3.3%):

Гизех КХ-58, Египет 27 династии, 2.4-2.3 тлн = 44±3.3% ариоиды / 56% СВГ (I2a+) = 73%СВГ / 27% Н.Е. = 24% С2Л+ 24% авары+12% И7 / 40% Н.Е.

Однако, через предков Гизеха, найденных по спектрам расовых маркеров (табл.23), состав Гизеха существенно иной и включает вклады Убэйда Шумера и к.Тиса, что указывает на участие кланов R1b1a2a+.

Гизех КХ-58 (5) = 49%P1+51%P2 = 38%РНД+11% Убэйд+30.5% Тиса-1+20.5%Н.Е.

Средний возраст предков 750 ± 25 лет совпадает со средним возрастом предковых и потомственных компонент – 750 ± 100 лет. Время 27 династии Египта – около 2.53 тлн, что относит начало сплавления предковых компонент к **3.28 тлн**, т.е. около времен Рамзеса II (1292-1225 до н.э., 19 династия).

Об африканском происхождении предка P2 выборки Гизеха речь также не идет: оба предка составлены теми же основными кранотипами, что и предки **нордики (!)** КХ-55 средневекового Осло – РНД с равнинно-прибрежной стороны, Тиса в паре с неоевропеоидами – с горно-лесной. Более того, у нордики КХ-55 доля африканцев Догон у предка P2 намного больше (72%), чем у этих египтян (54%).

Также, предок P1 у этих египтян даже более скандинавский – количественно (78%) определяется южнскандинавами раннего неолита в лице РНД, причем, на фоне 22% доли существенно более европеоидных шумер Убэйда, нежели лапшаноиды (лапшы и манси), дополняющие 55% долю РНД у предка P1 нордики КХ-55. Афроидность предка P2 – от культуры Тиса, что означает приход предков этих людей Древнего Египта после распада Тисы с Венгерской равнины.

Амальгама-1 Гизеха КХ-58 несет идею формирования кранотипа ККК Моравии:

Амальгама-1 Гизеха КХ-58 (5) = $88 \pm 11\%$ ККК Моравии/ 12% P1

Это находится в основном варианте происхождения ККК от Чайёню, Неа Никомедии, Винчи и Тисы, т.е. с основным участием в лице кланов R1b1a2a+.

Амальгама-2 выглядит как смесь Пецеля (западный Баден) и Тисы-2 (n=33), т.е. дает идею формирования кранотипов поздних неолитических культур Венгерской равнины.

6.4.5 Средневековые нордики Осло КХ-55

В работе [3] при рассмотрении спектров расовых маркеров для этой выборки были удалены черепа с крайними значениями ряда маркеров, отнесенные к лапам и «евроафриканцам». Это удаление было не вполне корректным, поскольку данные черепа составляют основу кластеров предков этой выборки - как раз таки лапаноидов и «евроафриканцев», как мы видим из результатов анализа полных спектров расовых маркеров нордиков КХ-55 (табл.24). Как результат, то, что составляет амальгамы двух этих предков было интерпретировано как независимые (предковые) компоненты, что неверно.

Согласно анализу полных спектров, предок P1 нордиков КХ-55, доля которого во всей выборке около 56%, с очень высокой точностью ($\pm 1.5\%$) представляется суммой 55% РНД (ранний неолит Дании представляет кланы I \rightarrow I1+, I2+) и в остатке равными долями средневековых манси Пельма (?) и средневековых лаппов Норвегии (I1a+, N1c1d+). Т.е. равнинно-прибрежный предок P1 нордиков - «крепкий» лапаноид.

Предок P2 - это, видимо, то, что в антропологии начала 20-го века называлось «евроафриканец», поскольку на 72% определяется кранотипом западноафриканских бантоидов Догон, а на 28% неоевропеоидами. Происхождение этого «евроафриканского» предка, судя по другому его представлению, скорее всего от неолитической культуры Тиса и он, таким образом, в большей степени относится на счет кланов R1b1a2a1a+, а в минорной (неоевропеоидной) - на кланы R1a1a1+.

Таблица 24

Расовые компоненты нордиков средневекового Осло

	влу	ску	ошо	ошн	пшо	Среднее	Примеч., T _{зах.} лет до захорон.
Norse 55	51.28	88.4	30.05	18.92	62.98	56 \pm 9%P1/44%P2 vs 71 \pm 11% ККК/29%ЛНРР	
амал.-1	49.9	89	29.6	18.3	61.82	69 \pm 9%P1/31%P2,	
доля1,%	40	40	54.5	52.7	50.9	48 \pm 7%	
SD1n	1.41	1.2	1.64	1.96	1.9	1.62 \pm 0.32	675 \pm 125 лет до захоронения
амал.-2	52.5	88	30.8	19.9	64.61	40 \pm 8%P1/60%P2	
доля2,%	36.4	34.5	32.7	32.7	30.9	33 \pm 2%	
SD2n	1.5	1.2	1.17	1.71	1.56	1.43 \pm 0.23	600 \pm 100 лет лет до захоронения
P1 Осло	47.4	92.1	28.5	17	59.65	55 \pm 1.5%РНД+23% манси Пельм+22%лапшы	
доля3,%	9.1	10.9	7.3	9.1	10.9	10 \pm 1.5%	
SD3n	1.05	1.14	1.17	1.04	1.55	1.19 \pm 0.21	500 \pm 75 лет лет до захоронения
P2 Осло	54.7	85.1	32	22.3	69.7	72 \pm 8%Догон+28%Н.Е., 73 \pm 20%Тиса-1 +27%Н.Е.	
доля4,%	14.5	14.5	5.5	5.5	7.3	9 \pm 4%	
SD4n	1.37	0.89	1.45	3.19	1.87	1.75 \pm 0.87	750 \pm 375 лет лет до захоронения

Отметим, что предок P2 нордиков Осло КХ на 98% определяет предка P2 у

средневекового Берга КХ, т.е. фактически неолитические предки у них одинаковые, а различие между «альпиноидами» Берга и «нордиками» Осло определяется палеоевропеоидными предками, которые в обоих случаях относятся к «лапаноидам», но разного типа.

6.4.6 Средневековый Берг КХ-56

Берг расположен в Австрии около восточной границы с Венгрией. Не очень далеко от Залавара, но это уже в большей степени зона влияния германских племён.

Табл.25 представляет результаты анализа расовых спектров.

Таблица 25

Расовые компоненты Берга КХ-56

	влу	ску	ошо	ошн	шно	Среднее	Примеч., T _{зах} лет до захорон.
Берг КХ56	50.11	89.62	29.64	18.79	63.47	52±5.5%P1/48%P2 vs 83±7% ЛЭ2/17% Н.Е. 91±0% бургунды#174 Ю.-В.Франции / 9% ЛНРР	
амал-1	48.7	91	29	18	62.07	66±7%P1/34%P2, 91±11% СВГ/9%С2Л	
доля1,%	42.9	50	32.1	46.4	53.6	45±8%	
SD1n	1.79	1.4	1.05	2.94	2.76	1.99±0.83	850±350 лет до захоронения
амал-2	51.35	87.5	30	19.8	66	35±9%P1/65%P2, 71±2%Тиса-1/29%И7	
доля2,%	28.6	25	42.9	35.7	19.6	30±9%	
SD2n	1.4	1.3	1.23	1.84	2.1	1.57±0.38	675±175 лет
Р1 Берг	45	95.5	28.1	16.2	57.65	96±5%С2Л/4% P2, 94±10%С2Л/6%лапшы	
доля3,%	10.7	14.3	14.3	8.9	16.1	13±3%	
SD3n	3.49	1.93	2.08	2.56	2.49	2.5±0.61	1050±250 лет
Р2 Берг	54.7	84.7	31.8	22.1	69.5	98.5±2% P2 Нордики Осло/1.5%Н.Е., 79±11%Тиса-1/21%Н.Е.	
доля4,%	17.9	10.7	10.7	8.9	10.7	12±3.5%	
SD4n	3.07	0.88	2.99	3.65	3.3	2.78±1.09	1175±450 лет
С2Л	44.28	97	28.42	16.52	58.14		
Р2 Норд	54.7	85.1	32	22.3	69.7	72±8%Догон/28%Н.Е., 73±20%Тиса-1/27%Н.Е.,	
Бургунд	51.21	89.17	29.92	18.36	61.37	70±5.5% эт.готов / 30% ЛЭ2	
Германцы	52.67 ±0.57	87.46 ±1.24	30.93 ±0.33	18.49 ±0.26	59.8 ±0.74	Среднее 8 герм. племён, без вестготов и норманнов (46 выборок черепов)	

Предок Р1 Берга с точностью ±5.5% на 96% идентичен С2Л - лишь добавляется минорная доля кранотипа предка Р2 (4%) или, по менее вероятному представлению, лапшов Норвегии. Таким образом, этот предок Берга - эскимоидный лапаноид, что, видимо, в антропологии начала 20-го века означало «альпийскую» расу у европейцев.

Предок P2 Берга с точностью $\pm 2\%$ на 98-99% идентичен P2 нордиков КХ-55 и оба относятся к так называемому «евроафриканскому» типу, количественно определяемому кранотипом к.Тиса (или африканцев Догон и/или Тейта) и добавкой неоевропеоидов.

Амальгама-1 Берга (около $45\pm 8\%$) на 91% определяется «праславянином» / «палеогерманцем» СВГ и минорным вкладом С2Л. Как результат – сниженные в сторону лапаноидности («альпийскости») лицо и ОШО, несколько увеличенная в сторону лапаноидности скуластость.

Амальгама-2 ($30\pm 9\%$) на 71% определяется кранотипом Тисы, который количественно определяется палеомонголоидами или афроидами, а в остатке эскимоеидом И7. Как результат, первые три расовых маркера этой амальгамы вполне европеоидны, но ОШН и ШНО смещены в сторону афроидности или палеомонголоидности.

Таким образом, ни одна из компонент средневекового Берга, будь то оба предка или их «потомки», не может быть отнесена на счет «чистых» европеоидов, но кранотип всей выборки можно отнести к палеоевропеоидным с небольшим оттенком афроидности или палеомонголоидности (увеличенный ШНО), что, с другой стороны, относится на счет значительного вклада кранотипа Тисы.

Ближайшим аналогом выборки Берга является выборка раннесредневековых германцев-бургундов юго-востока Франции, кранотип которых существенно смещен в сторону неоевропеоидности:

Бургунды, SE France #174, 400-600 гг, 3/19 (6) = $70\pm 5.5\%$ эт.готов / 30% ЛЭ2

При этом, как эти бургундцы, так и люди средневекового Берга достаточно далеки от кранотипа агрегата 8 германских племён, включающего 46 выборок.

6.4.7 Британские католики (ирландцы) кладбища Roundburry

Выборка британских католиков 18-го века [16] невелика ($n=25/28$), тем не менее предковые кранотипы выделяются неплохо, поскольку хорошо определяют кранотипы амальгам.

Таблица 26

Расовые компоненты британских католиков (ирландцев)

	влу	ску	ошо	ошн	шно	среднее	Примеч., T _{зах} лет до захорон.
--	-----	-----	-----	-----	-----	---------	---

RB Cathol	53.61	86.89	31.11	18.51	59.72	46±7%P1/54%P2= 43% РНД/3%Н.Е.+22%P2 Хайнань+32% Пецель vs 85±0.5% англосаксы/15%авары	
амал.-1	52.9	87	30.9	18.2	58.9	52±6%P1/48%P2, 72±9% Бронза Ирландии/28% МД	
доля1,%	44	48	40	40	48.1	44±4%	
SD1n	1.49	1.42	1.23	2.25	5.16	2.31±1.64 975±700 лет до захоронения	
амал.-2	54.9	84.4	31.3	19.7	62.93	27±8%P1/73%P2, 94±5% Бронза Ирландии/6% Н.Е.	
доля2,%	24	20	20	20	18.5	21±2%	
SD2n	0.59	0.46	0.51	1.28	2.02	1±0.67 400±275 лет до захоронения	
Р1 БК	48	91.3	29.5	15.8	53.55	93±8% РНД/7% Н.Е.	
доля3,%	12	20	16	24	18.5	18±4%	
SD3n	2.18	1.03	1.66	6.96	6.19	3.6±2.7 1525±1175 лет до захоронения	
Р2 БК	57.2	83.3	32.2	21.5	66.77	65±12% Тиса-2 /35%Н.Е., 41±3.5% Р2 Хайнань/59% Пецель, 56±4.5% Р2 сев.япон./44% Пецель, 52±9.5% Атайал/48%Н.Е., 56±10%Кёрёш /44%Н.Е., 60±18%Тейта /40% Н.Е.	
доля4,%	20	12	24	16	14.8	17±5%	
SD4n	1.54	0.13	1.58	2.13	3.66	1.81±1.27 775±550 лет до захоронения	

По выражению амальгамы эти британские ирландцы почти с идеальной точностью представляются количественным вкладом англосаксов и авар, тогда как анализ спектров расовых маркеров указывает на привычных предков.

Палеоевропеоидный предок Р1 на 93% определяется кранотипом РНД (кланы I → I2,I1, а также примеси E1b1b1+, G2a+, J2+), а в остатке неоевропеоиды (R1a+, R1b+). Возраст этого предка ранне-англосаксонский: 1750-1525 = 225 год н.э.

Неолитический предок Р2 определяется на две трети кранотипом Тисы и на треть Пецелем. Лучшие представления через Р2 палеомонголоидов и через палеомонголоидный Кёрёш с паре с неоевропеоидами – это опять же указание на кранотип Тисы, а в конечном итоге – на кланы R1b1a2a1+. Этот предок британских католиков (ирландцев) выглядит существенно моложе – 1750-775 = 975 год н.э. – около норманнских вторжений.

Амальгама-2 с очень хорошей точностью на 93% идентична кранотипу бронзы Ирландии, а амальгама-1 также представляется через этот «канонический» ирландский кранотип. Все логично и предсказуемо.

Табл.27 представляет чисто ирландские ветви от англосаксонских до норманнских времен.

Таблица 27

Ирландские ветви от англосаксонских до норманнских времен

Т, лет	Ветвь современных потомков
<i>Палеоевропеоидные</i>	
1925	<i>I2a1b-M423-Isles2-Irish5</i>
1875	<i>I2a1b-M423-Irish3</i>
1700	<i>I2a2a1-M284-Irish13</i>
1650	<i>I2a1b-M423-Isles2-Irish7</i>
1525	<i>I2a1c-L233-Irish3</i>
1450	<i>I1a2e-L813?-uN2-Irish4</i>
1150	<i>I2a2a1-M284-Irish16</i>
925	<i>I2a1b-M423-C2-Irish6</i>
875	<i>I1a3b-Z139?-AS2-Irish3</i>
800	<i>I2a2a1-M284-Irish8</i>
800	<i>I1a3a1a1-L338?AS1&8?-Irish4</i>
<i>Неоевропеоидные</i>	
1550	<i>R1a1a1-M417-IrishEnglish5</i>
1400	<i>R1a1a1a-L664?-388=10-Irish13</i>
1650	<i>R1b1a2a1a1b4f-L159.2-464c=17-Irish10</i>
1525	<i>R1b1a2a1a1b4f-L159.2-464c=16-Irish10</i>
1425	<i>R1b1a2a1a1b4h1*-P314.2, L362n-Irish4</i>
1400	<i>R1b1a2a1a1b4b-DF23-Irish196</i>
900	<i>R1b1a2a1a1b4g1-L226-Irish15</i>
875	<i>R1b1a2a1a1b4h1-P314.2,L362n-Irish5</i>

Возможные кандидаты на англосаксонские и норманнские маркеры отмечены желтым и серым фоном, соответственно. Обратим внимание на бурный рост местных ветвей в англосаксонские времена и в частности ветвей субклада R1b1a2a1a1b4-L21, особенно на суперветвь **R1b1a2a1a1b4b-DF23-Irish196** (1400 лет), включающую 196 гаплотипов ирландцев.

7. Общая статистика по анализу спектров у 33-х популяций

В табл.26 приведена средняя статистика по анализу спектров у 33-х и 30-ти популяций. В последнем случае удалены плохо представленные Сан КХ, Тейта КХ и ПЭ Афины.

Среднее число черепов в выборке составляло $n = 45 \pm 11$ и 47 ± 10 для 30-ти популяций. Средний вклад предка P1 составлял $C1 = 50.7 \pm 5\%$ и $50.4 \pm 3.7\%$ для 30-ти популяций, а медианные вклады в обоих случаях были равны 50%.

Средняя погрешность определения вклада предков составляла $SD(C1) = 7.1 \pm 3.5\%$ и $6.7 \pm 3.4\%$ для 30-ти популяций, т.е. в пределах хорошей точности.

Таблица 26

Параметры	N	Среднее	SD(i)	Миним.	Медианное	Максим.
N	33	45	11	16	50	60
C1,%	33	50.7	5.0	38	50	63
SD(C1), %	33	7.1	3.5	2	7	20
удалены Сан КХ, Тейта КХ и ПЭ Афины						
n'	30	47	10	27	50-51	60
C1',%	30	50.4	3.7	45	50	58
SD',%	30	6.7	3.4	2	6	20

Таким образом, согласно данным анализа спектров соотношение вкладов непосредственных предков в выборке получается равным, т.е. 50% на 50% – как и полагается при наследовании потомком своим родителям. Видимо, это соотношение является указанием на приближение к самым близким предкам при их представлении прямым разложением по формуле амальгамы.

Благодарности

Автор выражает благодарность А.А.Клёсову за интерес к работе и обсуждение перед публикацией.

Литература

1. W.W.Howells' Craniometric data <http://konig.la.utk.edu/howells.htm>
2. В.А.Рыжков, Солнечный шэйпинг черепа как расовообразующий фактор и маркер миграций древнего человека. Вестник Академии ДНК-генеалогии, Т.3, №9, сентябрь 2010
3. В.А.Рыжков, Кранотипическое ASD датирование предков выборок черепов. Вестник Академии ДНК-генеалогии, Т. 5, №8, август 2012, 1086-1118.
4. W.W.Howells, The Pacific Islanders, 1973.
5. W.W. Howells. Skull Shapes and the Map: Craniometric Analyses in the Dispersion of Modern Homo, Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology (Harvard Univ. Press, Cambridge, MA), (1989), Vol. 79;
6. W.W. Howells. The essay - The Importance of Being Human. pp.71-72
7. W.W. Howells Who's Who in Skulls: Ethnic Identification of Crania from Measurements, Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology (Harvard Univ. Press, Cambridge, MA) (1995), Vol. 82
8. К. Н. Солодовников. Антропологические материалы из могильника андроновской культуры Фирсово XIV к проблеме формирования населения Верхнего Приобья в эпоху бронзы <http://www.ipdn.ru/rics/doc0/DA/a6/2-sol.htm>

9. Douglas L.Oliver. Oceania, The native cultures of Australia and the Pacific Islands, volume I, 1989.
10. В.А.Рыжков, Вестник Академии ДНК-генеалогии, Т.3, №7, июль 2010, табл.3 с полными ссылками на источники в работе В.А.Рыжков, Вестник Академии ДНК-генеалогии, Т.3, №5, май 2010.
11. D.Reich et al. Denisova Admixture and the First Modern Human Dispersals into Southeast Asia and Oceania. The Amer. Journal of Human Genetics, 22 September 2011. Link
12. A.E. van der Merwe, I. Ribot, D. Morris, M Steyn, G.J.R. Maat. The origins of late nineteenth-century migrant diamond miners uncovered in a salvage excavation in Kimberley, South Africa. *South African Archaeological Bulletin* <http://www.anthro.umontreal.ca/personnel/documents/3.VanderMerweetalinpress.pdf>
13. Ericka N. L'abbé, Isabelle Ribot & Maryna Steyn. A Craniometric Study Of The 20th Century Venda . *South African Archaeological Bulletin* 61 (183): 19-25, 2006
14. P.Brown. Recent Human Evolution in East Asia and Australia, *Philos.Transac.: Biological Sci.*, (1992) V.337, N1280, pp.235-242
15. P.Brown. The first modern East Asians ?: another look at Upper Cave 101, Liujiang and Minatogawa 1. In K. Omoto (ed.) *Interdisciplinary Perspectives on the Origins of the Japanese* (1999), pp.105-130. International Research Center for Japanese Studies: Kyoto.
16. P.Brown. Database, <http://www-personal.une.edu.au/~pbrown3/palaeo.html>
17. Н.И.Конрад. Япония. Народ и государство (Исторический очерк) Петроград, 1923. <http://shounen.ru/nihon/history/japhistory3.shtml>
18. Б.А. Малярчук, М.В. Деренко. Филогеографические аспекты изменчивости митохондриального генома человека. Вестник ВОГиС, 2006, Том 10, № 1. http://www.bionet.nsc.ru/vogis/pict_pdf/2006/t10_1/vogis_10_1_03.pdf
19. А.А.Клёсов Гаплогруппа R1a1 и ее субклады в Азии. Вестник Академии ДНК-генеалогии, 2010, т. 3, № 11, стр. 1868
20. Z.Guba et al. HVS-I polymorphism screening of ancient human mitochondrial DNA provides evidence for N9a discontinuity and East Asian haplogroups in the Neolithic Hungary. *Journal of Human Genetics*, volume 56, issue 11(15 November 2011) Link
21. Malcolm C. Lilliea, Inna Potekhina, Chelsea Budd, Alexey G. Nikitin Prehistoric populations of Ukraine: Migration at the later Mesolithic to Neolithic transition.
- 22а. М.В.Деренко. Молекулярная филогеография коренного населения северной Азии по данным об изменчивости митохондриальной днк. – Автореф. дисс. на соиск. уч. степ. д.б.н., Москва. 2009.
- 22б. Б.А. Малярчук, М.В. Деренко. Филогеографические аспекты изменчивости митохондриального генома человека. Вестник ВОГиС, 2006, Том 10, № 1. http://www.bionet.nsc.ru/vogis/pict_pdf/2006/t10_1/vogis_10_1_03.pdf
23. В.А.Рыжков. Расчёт ВБОП по раздельным панелям Y-STR маркеров, отсортированных по мере возрастания констант скоростей мутаций. *RJGG* (2011), т.3, №2.
24. C. S. Coon. *The Races of Europe*. New York, The Macmillan Company (1939). <http://carnby.altervista.org/immagini/>

25. Харьков В. Н. Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы. Автореферат диссертации на соискание учёной степени доктора биологических наук. – Томск, 2012
26. Elzbieta Jaskulska. The Greenland Eskimos craniometric diversity. *Studies in Historical Anthropology*, vol. 2:2002 [2005], pp. 89–99]
- 27а. А.А.Клёсов. ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества. *Вестник ДНК-генеалогии*, 2011, Т.4, в.5, с.988 (Ч.1) и в.7, с.1367 (Ч.2).
- 27б. А.А.Клесов и И.Л.Рожанский. *Advances in Anthropology*, 2012; *Вестник*, 2011, т. 4, № 6, стр. 1127
28. Кутуев И.А. Генетическая структура и молекулярная филогеография народов Кавказа: Автореф. дис. доктора биолог. наук. Уфа, 2010
29. Homo *sungirensis*. Верхнепалеолитический человек: экологические и эволюционные аспекты исследования.
<http://www.iqlib.ru/book/book.visp?UID={46FEA0D0-6062-4EEF-B228-D94AF136444D}&page=1&resIndex=-1&resType=-1&action=NextChapter&searchWithText=False&idsLink=2004>
30. Т.И.Алексеева. Неолитическое население лесной полосы Восточной Европы.
<http://www.rfbr.ru/old/pub/knigi/alekseeva/030/010.htm>
- 31а. Dennis Stanford and Bruce Bradley. 2004. «The North Atlantic ice-edge corridor: a possible Palaeolithic route to the New World». *World Archaeology*, 36(4): 459-478.
- 31б. Dennis Stanford and Bruce Bradley. «The Solutrean-Clovis connection: reply to Straus, Meltzer and Goebel». *World Archaeology*, 2006, 38(4): 704-714.
32. Vyacheslav I. Molodin, Alexander S. Pilipenko, Aida G Romaschenko, Anton A. Zhuravlev, Rostislav O. Trapezov, Tatiana A. Chikisheva, Dmitriy V. Pozdnyakov. Human migrations in the southern region of the West Siberian Plain during the Bronze Age: Archaeological, palaeogenetic and anthropological data.
33. К.Н.Солодовников. Население горного и лесостепного Алтая эпохи ранней и развитой бронзы по данным палеоантропологии. – *Древности Алтая*, 2003.
<http://archaeology.asu.ru/images/0/09/SolodovnikovKN2007.pdf>
34. А.Г. Kozintsev. Scythians of the north pontic region: between-group cranial variation, affinities, and origins. *Archaeology, Ethnology and Anthropology of Eurasia* Volume 32, Number 1 (2007), 143-157 и А.Г. Козинцев. Так называемые средиземноморцы южной Сибири и Казахстана, индоевропейские миграции и происхождение скифов. *Arkheologiya, e'tnografiya i antropologiya Evrazii*, No. 4, 2008, page(s): 140-144.
35. M.C. Dulik et al. Mitochondrial DNA and Y Chromosome Variation Provides Evidence for a Recent Common Ancestry between Native Americans and Indigenous Altaians // *The American Journal of Human Genetics*, 26 January 2012
<http://download.cell.com/AJHG/mmc/journals/00029297/PIIS0002929711005490.mmc1.pdf>
36. M.C. Dulik, L.P. Osipova, T.G. Schurr. Y Chromosome Variation in Altaian Kazakhs Reveals a Common Paternal Gene Pool for Kazakhs and the Influence of Mongolian Expansions. *PLoS ONE* | www.plosone.org. March 2011 | Volume 6 | Issue 3 | e17548]
37. Supplement статьи Underhill 2010
<http://www.nature.com/ejhg/journal/v18/n4/extref/ejhg2009194x4.pdf>
38. Сафронов В.А. Индоевропейские прародины. Горький. 1989
39. М.Г. Жилин, <http://mizhilin.narod.ru>. Хронология и периодизация бутовской

- мезолитической культуры (2010-01-29) <http://www.neolitica.ru/article.php?id=197>
40. Краниальные меры тагарцев <http://slavanthro.mybb3.ru/viewtopic.php?t=3037>
41. И.И. Пантюхов. Расы Кавказа. ТИФЛИС, Типография М. Шарадзе и Ко. 1900
Печельская культура (Баден Культура), Венгрия,
http://era.oszk.hu/01600/01614/00002/pdf/nyjame_02_1959_015-018.pdf
42. А.А.Клесов. Фантазии Тилака о полярной родине ариев. Вестник Академии ДНК-генеалогии, Т.5, № 8, стр. 966-978
43. А.А. Лабай. Тилак и Уоррен. Оценка потомков. Вестник Академии ДНК-генеалогии, Т.5, №11, 2012, с.1464, и Предисловие редактора на стр.1458-1463.
44. Докторская диссертация G.Panagiaris, Athens, 1992. A physico-anthropological study of skeletal material from Neolithic Age to Hellenistic times in central Greece and surrounding Area. <http://thesis.ekt.gr/thesisBookReader/getPicture?id=2665&>
45. Л.С. Клейн. Древние миграции и происхождение индоевропейских народов. Санкт-Петербург, 2007.
<http://www.protobulgarians.com/Russian%20translations/Klein%20L%20S.pdf>
46. В.П.Алексеев. Происхождение народов Восточной Европы (краниологическое исследование). Наука, Москва, 1969.
47. Антропологические таблицы на <http://slavanthro.mybb3.ru/viewtopic.php?t=72>
А.Н.Багашев. Материалы к краниологии сарматов.
<http://www.ipdn.ru/rics/doc0/DA/a1/2-bag.htm>
48. М.А. Балабанова. Реконструкция социальной организации поздних сарматов по антропологическим данным http://annals.xlegio.ru/sarmat/small/nav6b.htm#_ftn1
49. М.П. Рыкун. Краниологические материалы из могильника каменской культуры Новотроицкое-1, ранний железный век, Каменка, Алтай.
<http://www.ipdn.ru/rics/doc0/DA/a4/2-ryk.htm>
50. Солодовников К. Н. Материалы к антропологии афанасьевской культуры. Древности Алтая. 2003, №10, <http://e-lib.gasu.ru/da/archive/2003/10/01.html>
51. Таблица краниометрических признаков ранне-средневековых популяций Европы -
<http://balto-slavica.com/files/table1.htm>
52. Фризен С.Ю., Пестряков А.П. Краниологические особенности населения Южного Приуралья раннесарматского времени. Вестник Московского университета. Серия XXIII. АНТРОПОЛОГИЯ 2010 г. №1. с. 46.
53. M. Krenz. Skeletal material from Zerniki Gorne (Poland) in relation to biological variability of neolithic and early bronze age populations in Central Europe. Studies in Historical Anropology, V.1 (2001), pp.75-83.
<http://www.antropologia.uw.edu.pl/SHA/sha-01-03.pdf>
54. D. Ya. Teigin The Yamna Culture and the Indo-European Homeland Problem. *J. of Indo-European Studies* (2006) Vol. 33: 3-4, p. 339
55. C.D.Sarkissian. Mitochondrial DNA in Ancient populations of Europe. Thesis. Adelaide, Australia, 2011. Table 1 on page 98.
<http://digital.library.adelaide.edu.au/dspace/bitstream/2440/74221/1/02whole.pdf>

Приложение

Пример расчета возрастов предков конечных ветвей современных потомков (КВСП) и их родительских субкладов

В качестве примера возьмем кластер конечных ветвей современных потомков (КВСП) **R1b1a2a1a1b4*-L21*,M222neg** с FTDNA.

Возраст ближайшего общего предка (ВБОП) определялся согласно методу в [23] для каждой расчетной панели 67-маркерного формата FTDNA ASD-методом и линейным методом с поправкой Адамова-Клёсова по выражениям:

$T_i(\text{ASD}) = C_i * M_i(\text{ASD}) / N$ - методом ASD,

$T_i(\text{lin}) = 0.5 * (1 + \exp(M_i(\text{lin}) / n_i * N) * C_i * M_i(\text{lin}) / N$ - линейным методом с поправкой Адамова-Клёсова;

где C_i - константа панели i , равная обратной величине суммы КСМ панели, умноженной на 25 лет (длительность поколения);

N - число гаплотипов в выборке (КВСП);

n_i - число маркеров в расчетной панели i ;

$M_i(\text{lin})$ - число единичных мутационных сдвигов для панели i ;

$M_i(\text{ASD}) = N * \sigma_i^2$ - сумма квадратов среднеквадратичных отклонений.

67-маркерный формат FTDNA разбит на 7 расчетных панелей, в которых, за исключением двух первых самых медленных панелей, маркеры отличаются по КСМ примерно не более, чем в 2 раза, т.е. динамический диапазон КСМ в панели примерно не превышает 2. При этом самый медленный маркер **DYS472** с $T_{\text{эф}} \approx 840$ тысяч лет выведен из расчетов как 0-панель (нулевая панель) и для всех ветвей рассматриваемого кластера ветвей **R1b-L21*** число повторов аллелей в этом маркере равно 8.

Для 3-х самых медленных панелей общим числом в 36 маркеров (8+15+13) базовые гаплотипы всех ветвей рассматриваемого кластера **L21*** одинаковы - в этом проявляется суть методики отбора ветвей.

1-я панель	8 маркеров, $C(1) = 20000$ лет/на 1 мутацию в панели							
Маркер	436	590	425	641	454	455	426	492
№ маркера	53	42	48	44	17	16	7	66
Тэф, тл	241	153	152	130	120	105	104	94
базов. гаплот. L21*	12	8	12	10	11	11	12	12

2-я панель	15 маркеров, $C2 = 4175$ лет /на 1 мутацию в панели													
маркер	450	388	568	578	640	594	617	531	459a	438	395S1 a,b	392	537	490

№ маркера	56	8	62	39	65	52	61	38	14	37	40 41	11	43	54
T _{эф} , тЛ	80	70	69	67	62	51	41	37	36	34	34 51	30	29	26.3
L21*	8	12	11	9	11	10	12	11	9	12	15 16	13	10	12

3-я панель	13 маркеров, C3 = 1725 лет /на 1 мутацию в панели													
маркер	уса iia	уса iib	572	487	565	413b	520	393	459b	437	511	406 S1	448	
№ маркера	28	29	64	63	67	50	59	1	15	19	47	46	20	
T _{эф} , тЛ	20.1	16.5	19.8	19.6	19.4	15.5	15.2	13.9	13.85	13.8	13.5	12.2	11.1	
L21*	19	23	11	13	12	23	20	13	10	15	10	10	19	

Отличия в базовых гаплотипах появляются лишь начиная с 4-ой панели:

4-я панель	18 маркеров, C4 = 575 лет /на 1 мутацию в панели														
маркер	39 0	385a b	464a b c d	607	446	444	557	19	ga ta h4	391	389 I	413a	447	460	
№ маркера	2	5 6	22 24 23 25	31	60	57	51	3	27	4	10	49	18	26	
T _{эф} , тЛ	8.4	8.1 7.3	~8	7.8	7.1	7	6.9	6.8	6.7	6.4	6	5.9	5.8	5.4	
R1b-L21	24	11 14	15 15 17 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
R1b-L21*	24	11 14	15 15 17 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
Spanish5	24	11 14	15 15 17 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
Scot29	24	11 14	15 15 17 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
Irish49	24	11 14	15 15 17 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
Welsh11	24	11 14	15 15 16 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
BelgNethS ws2Ger4-8	24	11 14	15 15 17 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
Scandin6	24	11 14	15 16 17 18	15	13	12	16	14	11	10	13	22	25	11	
French5	24	11 14	15 15 17 17	15	14	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
Brit92	24	11 14	15 15 16 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
Wels9Engl3 2-41	24	11 14	15 15 17 17	15	13	12	16	14	11	11	13	23	25	11	
Basque5	24	11 14	15 15 17 17	15	13	13	16	14	11	11	13	23	25	11	

5-7 панели	5-я пан., C5 = 975 лет/мут.-панель					6-я пан., C6 = 435 летмут.-панель					C7=350 л/м.-п.
Маркер	389ii	456	439	534	458	442	481	449	570	576	CDY a,b
№ маркера	12	30	9	55	13	36	58	21	33	32	34
T _{эф} , тЛ	4.6	3.9	3.4	2.8	2.5	1.8	1.56	1.43	1.4	1.2	0.475
R1b-L21	16	16	12	15	17	12	22	30	17	18	36 38
R1b-L21*	16	16	12	15	17	12	22	30	17	18	36 38
R1b-L21-Spanish5	16	16	12	15	17	12	22	30	17	18	36 38
L21*-Scot29	16	16	12	15	17	12	22	30	17	18	36 38
L21*-Irish49	16	16	12	15	17	12	22	30	17	18	36 38
L21*-Welsh11	16	16	12	15	17	12	23	29	17	18	36 38
L21*BelgNethSws 2Ger4-8	16	16	12	16	17	12	22	30	18	18	36 38

L21*Scandin6	16	16	12	16	17	12	22	29	17	19	37	39
L21*-French5	16	16	12	16	17	12	22	29	16	18	36	39
L21*-Brit92	16	16	12	15	17	12	22	29	17	18	37	38
L21*-Wels9Eng32-41	16	16	12	15	17	12	22	29	17	18	36	39
L21*-Basque5	16	16	12	15	17	12	22	29	17	17	37	38

У 3-х КВСП (испанцев, ирландцев и шотландцев) базовые гаплотипы полностью совпадают с предковыми R1b-L21 и R1b-L21*.

Примеры датирования конечных ветвей

Шотландская ветвь **R1b1a2a1a1b4*-L21,M222neg-Scot29** (N=29)

panel	const	n(i)	N	Masd	Mlin	Tiasd	Ti(lin)	
67F1	20000	8	29	4	4	3255	3283	-статистика = 4 отсчета
67F2	4175	15	29	25.8	23	3714	3401	
67F3	1725	13	29	51	48	3034	3049	
67F4	575	18	29	169.3	139	3357	3176	
67F5	975	5	29	98.7	75	3318	3376	
67F6	425	5	29	112.8	84	1653	1714	- предел датир-я ок.1300
67F7	350	2	29	116.7	61	1408	1422	

T2-5(ASD) = 3350±275 лет против T2-5 (lin) = 3350±175 лет

Ирландская ветвь **R1b1a2a1a1b4-L21,M222neg-Irish49** (N=49)

panel	const	n(i)	N	Masd	Mlin	Tiasd	Ti(lin)	
67F1	20000	8	49	7	5	3371	2424	
67F2	4175	15	49	37.8	31	3221	2698	
67F3	1725	13	49	98.4	93	3464	3531	
67F4	575	18	49	272.2	245	3194	3335	
67F5	975	5	49	187.7	132	3735	3564	
67F6	425	5	49	210.1	140	1822	1682	
67F7	350	2	49	136.5	80	975	932	

T2-5 (ASD) = 3400±250 лет против T2-5 (lin) = 3275±400 лет

Датирование предковых субкладов L21 и L21* по сдвигам базовых гаплотипов КВСП:

Панели	I-8,	II-15,	III-13,	IV-18,	V-5,	VI-5,	VII-2,	$\Delta T \pm \delta T,$ тЛ	$T_{\text{ниж}},$ ТЛН
Константа панели C_i , лет/мут.-панель	20000	4175	1725	575	975	425	350		
предел датирования	≤90	≤25	≤11	≤4-4.5	≤3.5-3	≤1.3-1	≤0.3-0.5		

$\Delta T_{max}(i)$, тл									
P312→ R1b-L21	0	0	0	0	0	1=0.5	<u>0</u>	0.25±0.3	4.7±1
..b4 → ..b4*-M222neg	0	0	0	0	0	0	0	0	4.6±1.1
..b4*L21*-Spanish5	0	0	0	0	0	0	0	0	6.400
..b4*-L21*Scottish29	0	0	0	0	0	0	0	0	3.350
..b4*-L21*-Irish49	0	0	0	0	0	0	0	0	3.325
b4*-L21*-Welsh11	0	0	0	1=0.6	<u>0</u>	1=0.5	<u>0</u>	0.25±0.4	5.400
BelgNethSws2Ger4-8	0	0	0	0	1=1.1	1=0.5	0	0.8±0.4	5.050
..b4*-L21*-Scandin6	0	0	0	4=2.6	1=1.1	2=1	2=1.3	1.85±1	3.950
..b4*-L21*-French5	0	0	0	1=0.6	1=1.1	2=1	1=0.5	0.9±0.3	3.500
not-attributedBrit92	0	0	0	1=0.6	<u>0</u>	1=0.5	1=0.5	0.4±0.3	3.400
..b4*-L21*-English32	0	0	0	0	0	1=0.5	1=0.5	0.5±0	3.350
...b4-L21*-Basque5	0	0	0	1=0.6	<u>0</u>	1=0.5	1=0.5	0.4±0.3	3.300
отделън. класт. L21*?									
..-Picts?-Scot20Brit8-28	0	1=4.2	1=1.7	4=2.6	2=2.4	0	0	2.8±1	1.700
..b4*-L21*-English10	0	1=4.2	3=5.8	0	0	1=0.5		5±1.1	5.450
L21→ M222, DF23	0	1=4.3	1=1.8	3=1.9	1=1.1	2=1	2=1.3	2.3±1.4	2.9
...b4b-DF23-Irish196	0	0	0	3=1.9	1=1.1	1=0.5	1=0.5	1.5±0.6	1.400
L21→ ...b4h-DF21	0	1+1=2.5		2=1.2	1=1.1	1=0.5	1=0.5	1.6±0.8	4
DF21→ ...b4h1-P314.2	0	1+1=2.5		1=0.6	1=1.1	1=0.5	0	1.4±1	2.6±0.3
..b4h1-P314.2-Irish9	0	0	0	0	0	0	0	0	2.275
..b4h1*-P314.2*-Irish4	0	0	0	2=1.2	1=1.1	0	1=0.5	1.15±0.1	1.425
..b4h1-P314.2-Irish5	0	1=4.3	1=1.8	1=0.6	1=1.1	0	0	2±1.6	0.875
L21→ ...b4g-Z253	0	1=4.3	1=1.8	3=1.9	1=1.1	1=0.5	1=0.5	2.3±1.4	2.8
Z253→ ...b4g1-L226	0	1+1=2.5		2=1.2	1=1.1	0	0	1.6±0.8	1.2
..b4g1-L226-Irish15	0	0	0	2=1.2	<u>0</u>	<u>0</u>	<u>0</u>	0.3±0.6	0.900
L21→ ...b4f -L159.2	0	0	1=1.8	3=1.9	<u>0</u>	1=0.5	5=11.5	1.25±1	1.8±0.2
..b4f-464c=17-Irish10	0	0	0	0	0	1=0.5	<u>0</u>	0.25±0.3	1.650
..b4f - 464c=16-Irish10	0	0	0	1=0.6	<u>0</u>	<u>0</u>	<u>0</u>	0.15±0.2	1.525

Датирование предка кластера 10-ти КВСП субклада L21*:

Сдвиг+ ВБОП = расстояние до современности

0	+6.4= 6.4
0	+3.35=3.35
0	+3.325=3.325
0.25	+5.4= 5.65
0.8	+5.05=5.85
1.85	+3.95=5.8
0.9	+3.5= 4.4
0.4	+3.4= 3.8
0.5	+3.35=3.85
0.4	+3.3= 3.7

4.6±1.2 тлн, что для родительского L21 даёт первое временное расстояние от современности как $0 + 4.6 = 4.6$ тл

Датирование **R1b1a2a1ab4b-M222, DF23:**

1.5 + 1.400 = 2.9 тлн, что для родителедельского L21 даёт второе расстояние от современности как $2.3 + 2.9 = 5.2$ тл

Датирование **R1b1a2a1ab4h-DF21** по ...b4h1-P314.2 (2.6+-0.3 тлн) - 1.4+2.6 = 4 тлн, что для родительского L21 даёт третье расстояние от современности как $1.6 + 4 = 5.6$ тлн

Датирование **R1b1a2a1ab4g-Z253** по ... b4g1-L226 (1.2 тлн) - 1.6+1.2 = 2.8 тлн, что для родительского L21 даёт 4-ое расстояние от современности как $2.3 + 2.8 = 5.1$ тлн

Датирование **R1b1a2a1ab4f -L159.2** по двум конечным ветвям дает 1.8 ± 0.2 тлн, что для родительского L21 даёт 5-ое расстояние от современности как $1.25 + 1.8 = 3.05$ тлн (что выглядит явно заниженным).

Итак, для **R1b1a2a1ab4-L21** имеем 5 временных расстояний от современности - 4.6, 5.2, 5.6, 5.1 и 3.05 тлн. Усредняем и получаем датировку предка L21 = 4.71 ± 0.99 тлн, т.е. **4.7±1 тлн.**

Если из расчета возраста L21 исключить кластер из двух ветвей **R1b1a2a1ab4f -L159.2**, как явно занижающих 5-ое временное расстояние L21 от современности (3.05 тлн), то возраст L21 будет 5.25 ± 0.25 тлн (среднее от 4.6, 5.2, 5.6, 5.1).

ПОСЛЕСЛОВИЕ РЕДАКТОРА

в отношении расчетов времен до общего предка

Расчет времени до общего предка субклада R1b-L21, приведенный В.А. Рыжковым в качестве примера, занимает более четырех страниц, включает разделение 67-маркерной панели на семь частей, анализ популяций по регионам и этничности, включает сотни промежуточных цифр, и приводит то ли к 4700 ± 1000 лет, то ли 5250 ± 250 лет, автор сам не уверен.

Вот как считается это время нормальным способом (Вестник, 2011, Июнь, т. 4, № 6, стр. 1143). 1024 67-маркерных гаплотипа образуют следующее дерево (рисунок и подпись взяты из цитируемой статьи):

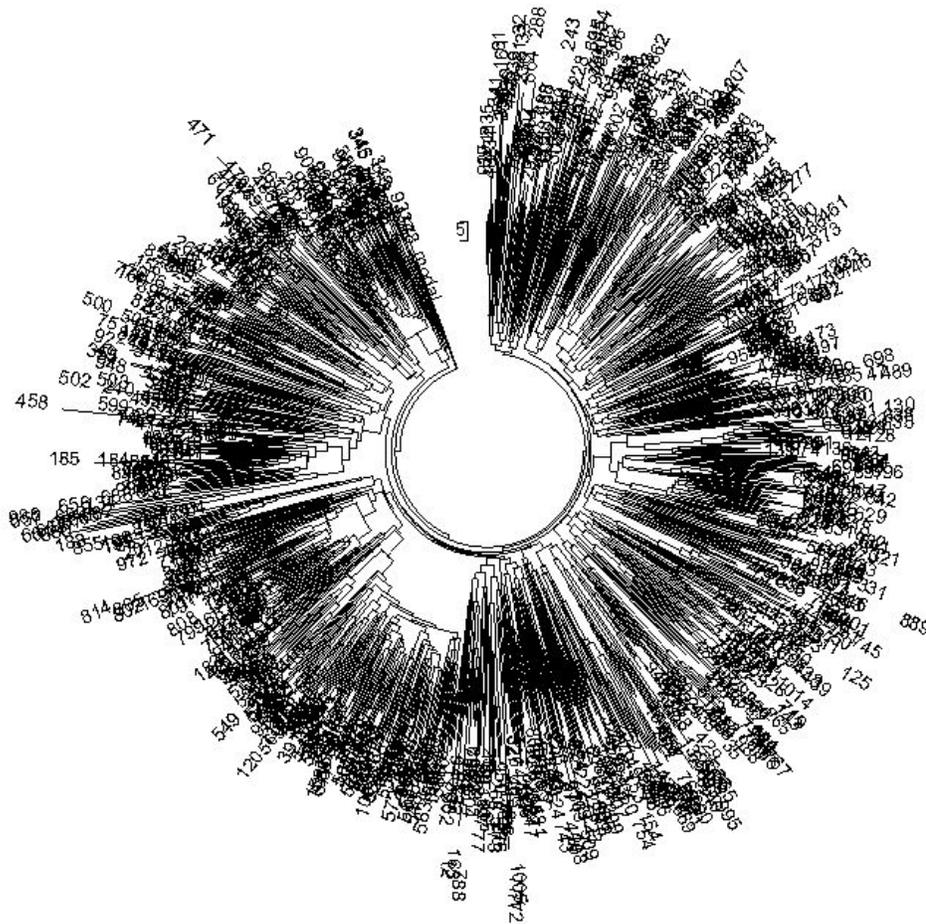


Fig. 1. 67 marker haplotype tree of 1024 haplotypes of R1b1a2-P312-L21. A list of haplotypes were provided by Michael Walsh, administrator of R1b1a2-L21 site

<http://www.familytreedna.com/public/R-L21/default.aspx?section=yresults>

Видно, что дерево вполне симметрично (хотя на 7 часов есть молодая ветвь из 108 гаплогтипов, которая немного выделяется; мы ее рассмотрим ниже).

Базовый гаплогтип дерева:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 -
 11 11 19 23 **16** 15 18 17 36 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12 (L21, 3750±380 ybp)

Все 1024 гаплогтипа имеют 16056 мутаций от указанного базового гаплогтипа, что дает $16056/1024/0.12 = 131 \rightarrow 150$ условных поколений (по 25 лет), то есть общий предок дерева (субклад R1b-L21) жил $150 \times 25 = 3750 \pm 380$ лет назад.

Вот и все расчеты.

Если вычесть отмеченные 108 гаплотипов, то оставшиеся 916 гаплотипов содержат 14278 мутаций, что дает $14278/916/0.12 = 130 \rightarrow 149$ условных поколений, то есть 3725 ± 370 лет до общего предка, то есть практически то же самое, что выше. Более того, расчеты показывают, что эта молодая ветвь из 108 гаплотипов является дочерней к основному L21 субкладу, и ее общий предок жил $798/108/0.12 = 63 \rightarrow 66$ поколений, или 1650 ± 175 лет назад. Со всеми поправками можно при желании довести возраст общего предка субклада L21 до 3800 лет, но уж никак не до 4700 или 5250 лет назад, как предлагает В.А. Рыжков.

Анатолий А. Клёсов

ПОЛЕМИКА

Полемика по статье О. Валецкого «Происхождение славян в свете работ историков сербской «автохтонной» школы. Вестник, т. 5, № 11, ноябрь 2012, стр. 1325-1393

В.А. Рыжков

Прочитал статью Олега Валецкого. Как я понял, общая направленность статьи – об автохтонности сербов на Балканах и их исходности для всех остальных европейцев, с упором на библиографию и биографии тех, кто пытался эту сверхзадачу решить, но пока не преуспел.

Мои частные замечания как читателя:

1. Если речь о том, чтобы дать полную библиографию, то лучше ссылаться на источники, доступные в Интернете. А главное, кто будет пытаться читать эту гору работ, по сути являющихся вольным сербским переложением сведений средневекового хорвата Мавро Орбини («Черный Хорбин», т.е. «черный хорват» по моему предположению). Наверное, проще и логичнее вести повествование от первоисточника?

2. Ссылки на исходных авторов через работы Авдеева могут указывать источник вдохновения - общую доктрину «Велесовой Свободы». Авдеев выдает себя за антрополога, но основа его околонучных изысканий - это интерпретации спорных находок германских антропологов времен Третьего Рейха. Кстати, в этой работе О.Валецкого Ганс Гюнтер представлен как Гюнтер Ганс, что путает имя и фамилию местами.

3. С первой строки идет неточность - *«В современной истории стала аксиомой теория о заселении славян на Балканы с Карпат.»*

На мой взгляд, это не так. Аксиомой является заселение славян на Балканы из римской провинции Норик на Дунае, что к Карпатам, вообще говоря, не относится. И не только на Балканы, но прежде в Богемию (брат Чех) и далее в Силезию (брат Лех) – см. М.Орбини.

4. Следующий посыл *«Между тем, при такой трактовке остается без ответа вопрос – как вообще славяне могли не просто расшириться по всей Восточной*

Европе, но и основать там государства, не оставляя при этом следов войн с каким-либо автохтонным" населением?», на мой взгляд, не логичен и не корректен. Очевидно, что точно так же, как и все остальные народы основывали свои государства и даже Империи. Что такое «не оставляя следов войн?», если следом автор постоянно говорит о непрерывных войнах с ромеями? Или даже с ромеями против авар? Тут можно говорить о следах вливания славянского особенного генотипа/кранотипа (если таковой был) и т.п. в генотип/кранотип автохтонов. Для этого надо сначала выделить эту славянскую особенность, а не перескакивать с одного на другое, в итоге не выявляя практически ничего.

5. *«Впрочем, в современной науке лишь в последнее время закрепилось мнение, что скифы были все таки европеоидным народом, причем широко распространенным по всей Азии».*

Таких данных пока нет. Все антропологи говорят о преимущественно европеоидном типе, но с участием монголоидности. При этом никто не знает, в чем выразить эту самую европеоидность. А если начать выражать в цифрах, то палеоевропеоидность в основном окажется эскимойдной, потому что большинство палеоевропеоидов (Европы до неолитических времен) эскимойдны, т.е. их кранотип выражается как через кранотип всей выборки эскимосов (коллекции Хауэллса), так и через ДВУХ предков этой выборки, которые выглядят предками ещё 16-ти других популяций эскимосов Гренландии.

Но в пользу автора следует добавить, что у саянских скифов действительно МОЖЕТ БЫТЬ доля праславянского кранотипа СВГ (северо-восток Германии времен КВК). Но тут надо много работы проделать, чтобы протянуть параллель вклада СВГ у саянских скифов до лесостепных скифов и скифов-пахарей (как потомков скифов Саян), а от них каким-то образом к славянам, у которых этот кластер много больше, хотя они были много позже указанных скифов.

Что значит «распространенным по всей Азии»? Дальше Саян в Сибири скифов не было, например. И в ряде других мест Азии, автору наверняка известных.

Кроме того, сако-скифы Алтая эскимойдны, а от них частично эскимойдны их потомки на Русской и Венгерской равнинах. Причем, это частичное разбавление эскимойдности скифов Алтая на Русской равнине и далее шло не за счет добавления праславянского кранотипа СВГ (и фенотипа), а за счет добавления кранотипа неоевропеоидов, т.е. свежих кланов R1a1a1+. т.е. «иранцев».

6. *«Находки в Алтае на плато Уток захоронения скифской знатной женщины показывает физиологический облик европеоидного типа и, более того, достаточно схожего со славянским обликом».*

Эта «принцесса» однозначно выглядит полумонголоидной. И что такое «славянский облик»? Как облик кавказионов Балкан в лице большей части сербов и хорват (боснийцев-герцеговинцев) согласуется с «финно-угорским» по сути и то, что у нас называется «славянским» обликом большинства русских? Как в большей мере неоевропеоидный («иранский») облик другой части балканских славян согласуется с тем, что у русских принято называть «славянским обликом», а на самом деле это в большей части достояние финноугорского фенотипа фатьяновских времен?

Моя точка зрения на наиболее вероятный исходный славянский фенотип – славяне хорватского Хвара с 70% I2a1b (или боснийцы-герцеговинцы) и соответствующей долей палеоевропеоидного (праславянского) кранотипа СВГ:



Фото хорват Хвара (типичные исходные славяне) и обобщенный портрет русских

Что называется, «найдите 10 отличий». Вам не кажется, что исходный славянский фенотип ближе к кавказскому (кавказионному)?

7. Далее *о динлинах и прочих «иранцах»*, т.е. тех, кто относились в основном на счет R1a1a1+. Но какое отношение они имеют к большей части сербов (50%+) с гаплогруппой I2a1b? У сербов всего около 10-15% линий R1a1a1. Какая связь со славянской ветвью этой гаплогруппы, которая в конце-концов выглядит пришедшей с юго-запада Балтики, причем, и по кранотипам? А до этого могла обретаться во Франции и на Островах, куда,

возможно, пришла с Балкан, но уже около 7.5 тлн? Все, что у сербов древнее I2a1b, пока получается к славянам не относящимся. Кранотипия показывает приход пра-сербов из Балтики (Польши) плюс аварские вливания.

Однако, в пользу автора можно добавить, что "праславянский" кранотип СВГ - это основа Лепенского Вира и Старчево, но не Винчи. СВГ, возможно, подойдет и для пеласгов, но нужны их черепа. И наверняка подходит для македонцев эллинистических времен (Халкидики). Но вероятнее это выглядит как возвращение славян на круги своя, т.е. на свою бывшую родину, где остались собратья по крови, но не по языку (уже). Это не многотысячелетнее сидение на месте, потому что СВГ исходно - это палеоевропеоид, т.е. охотник-собиратель. Он все время вынужден идти туда, куда идут мигрирующие животные, на которых он охотится, а потому сидеть тысячи лет на одном месте он не может. Он пойдет хоть на край света, если туда пойдут ЕГО животные. Потому и есть два основных типа кранотипов - равнинно-прибрежные и горно-лесные. Одни изначально (случайно?) приобрели навыки охоты на крупных животных равнин, а другие - на мелких животных гор и предгорий. И свернуть с узенькой тропки никак нельзя. Не тот интеллект, да и антропология всё сильнее подстраивается под свой ландшафт и технологию выживания. Вы видели как бушмены охотятся на газелей в 20-м веке? Абсолютный примитив: примитивными стрелами из примитивных луков наносятся казалось бы ничтожные раны, после чего охотники бегом преследуют животное, потихоньку истекающее кровью, и в итоге пробегают расстояния 15-20 км. И так десятки тысяч лет до сих пор. От того, видимо, кенийцы и эфиопы лучше всех бегают средние и короткие дистанции.

8. На стр.1338 *«К тому же Восточная Римская империя в седьмом веке – времени, когда славяне, согласно ряду историков якобы и появились на Балканах, была достаточно сильна и поразила своего единственного мирового соперника Иран»*

Тут получается нестыковка с тем, что автор только сказал: славяне появились на Балканах на 100 лет раньше – в середине 6-го века, о чем автор и говорит чуть раньше. И действовали славяне в кооперации с аварами (вернее под давлением авар), о чем, в частности, говорят большие вклады аварского кранотипа у раннесредневековых сербов, хорват и словенцев. То, что вклады аварского кранотипа большие, говорит об относительной малочисленности славян-пришельцев, поскольку сами исходные авары («классические» центрально-азиатские, возможно, тибетские) были малочисленным ядром аварского нашествия. Аварские могильники в Венгрии демонстрируют сильное разбавление исходного аварского кранотипа кранотипами автохтонов, которые, в свою очередь, не относятся на счет праславянских, т.е. с вкладами «палеоевропеоида» СВГ.

А вот у русских доля аварского кранотипа не выделяется, потому что доля славянского кранотипа у современных русских всего около 10-15%.

Пришли и в итоге растворились в большей массе неславян Русской равнины. Но поначалу славяне-пришельцы были самостоятельными кранотипическими славянскими единицами, т.е. с малыми примесями автохтонов. Частичное растворение исходного славянского кранотипа видно уже через пару сотен лет – на десятке выборок одних и тех славян, например поляне Киева, Переяславля и Чернигова, вятичи, кривичи. У украинцев доля исходного праславянского кранотипа СВГ больше, чем у русских, а у белоруссов ещё больше.

9. *«Каким образом за пару десятков лет славяне смогли колонизировать столь обширные просторы, что не под силу и современным государствам - совершенно неясно. Тем более неясно, как сербы - поскольку Константин Порфирогенит пишет о том, что именно сербам император Ираклий разрешил селиться вокруг Салоник - сумели ассимилировать фракийцев так, что от последних не осталось и следа».*

Тут автор, видимо не задумываясь, подменяет идею ассимиляции идеей замещения населения. Как Анатолия заговорила на турецком, а Венгерская равнина на мадьярском? Таких «как» - тьмы. Сменить язык можно вообще без вливания пришельцев – достаточно начать говорить, читать и писать в основном на английском языке вместо какого-то африканского (афроамериканцы) или русского. Надо сравнивать ДНК-генеалогию Салоник и сербов, или кранотипию Салоник (греческой Македонии) и сербов. При сравнении ДНК-генеалогии Салоник (греческой Македонии) и Сербии автора ждет разочарование, потому что они разные. Но, как было указано выше, в пользу автора то, что у македонцев (Халкидики) эллинистического периода кранотип праславянский. Кроме того, Момзен сблизил македонцев эллинистического периода именно со славянами. Но говорили ли они по-славянски? Имена у македонцев до Александра Македонского и после в основном греческие. Дедушку (или прадедушку – точно не помню) Александра Македонского звали Пердикой (Куропатка по-гречески). Вы допускаете такое имя у царя славян? Я нет.

10. Статья, похоже все же, о библиографии трудов, так и не разрешивших задачу генезиса славян в пользу сербов. Он сказал, она сказала... – 4 (!!!!) страницы о биографии мало кому известной Лукович-Лукьянович и перечисления тех, на кого она ссылалась... Но что это доказывает, если её тезисы так и не приняты пока?

«...она доказывала что сербы были коренным народом на Балканах и по сути представляли собою «пранарод», то есть народ, из которого и произошли остальные народы индоевропейской расы».

– Какие данные к этому? Основа сербов I2a1b (около 50% и чуть более) с возрастом славянской экспансии – 1800-1500 лет назад. Про другие гаплогруппы сербов, кроме E1b-V13 (около 3000 лет как и всех в этом

регионе), пока сложно сказать о возрасте, но скорее, у них возраст неславянских автохтонов как потомков Винчи и Тисы. В Европе есть намного более древние ветви, чем ветви Винчи R1b1a2a+ и G2a3b1+ у греков и балканцев. Это, кстати, «непрофильные» ветви для славян.

«Ольга Лукович-Пьянович приводила большее число доказательств данной теории и уточняла, что древнее имя славян было сербы, чьи имя и язык в значительной степени переняли сербы нынешнии...»

Про исходное имя «**сербы**» для славян можно поверить. Тем более, что кранотип **северян** выглядит исходным для славян Руси и в частности для ВСЕХ кривичей. Но вот только у меня такое ощущение, что исходный корень тут не СЕРБ, а СЕВР, т.е. север = северяне, т.е. из юго-западной Балтики или по-другому северо-востока Германии.

Далее ещё больше страниц о деяниях Милоевича, который был первее Лукович-Пьянович. А потом оказывается, что ещё первее был Шафарик. И опять подробная биография того, кто сказал, и что сказал - библиография. В конце концов на 1348-ой странице (через 23 страницы!) автор добирается до главного первоисточника - **Мавро Орбини**, отмечая *«Сами тезисы, выдвинутые в книге Орбини, немногим отличаются от тезисов Милоевича»*. Может быть всё-таки наоборот, учитывая времена в которых они жили и большую близость Орбини к исходным событиям? Может быть стоило разобрать с самого начала подробно труд Орбини?

11. Не ясен аргумент против нахождения Трои в Малой Азии - *«Ведь уже то, что нигде в тексте не упоминается переправа многочисленных союзников троянцев через проливы Босфор и Дарданеллы, служит аргументом против гипотезы Шлимана, что Троя находилась в Малой Азии»*

На мой взгляд, наоборот, это как раз и говорит в пользу того, что Троя была в Малой Азии, т.к. её многочисленные союзники и происходили, в основном, из Малой Азии.

12. *«Среди археологов одними из первых предположения об «автохтонности» сербов на Балканах высказали антропологи Бранко Шливич, являвшийся членом САНУ, и его ученик Сырболоб Живанович, занимавшиеся изучением найденных на территории Югославии могильников, в которых были найдены скелеты кроманьонского типа, что, как ранее считалось, было типичным лишь для Западной Европы.»*

Они все кроманьонские с и до определенного времени! И в Африке (до формирования негрской расы), и в Азии (до формирования монголоидов), и в Европе (до прихода неоевропеоидов). Каким образом кроманьонскость (палеоевропеоидность для Европы) может указывать именно на сербский тип? Кроманьонид - это лишь указание на то, что это тип людей современного типа, а не архаических людей. Надо сначала установить этот сербский антропологический тип (а их несколько), а потом

установить тип этих кроманьонских скелетов и уж потом сравнивать. В пользу автора то, что самые старые черепа Югославии в моей коллекции кранотипов, относящиеся на ранний Лепенский Вир (8 тлн) и Старчево (от 8 тлн) сложены на основе праславянского кранотипа СВГ.

13. *«Идеи Милоша Милоевича о том, что Индия была прародина славян, носивших имя сербов или сарбов, как и о том, что народы хеттов, гиксосов, ликийцев, айнов, как и многих других, были сербами, ныне стали в Сербии достаточно распространенными благодаря целому ряду авторов».*

Тут надо поправить, потому что

- а) Индия никак не согласуется с 50% кластером «славянских» I2a1b у сербов.
- б) (пра)айны с 85% D2 и 15% C3 и почти 100% кластером мито-ДНК никак не могли быть сербами. Часть их предков могла участвовать в генезисе раннеолитического Кёрёша (Венгерская равнина) и частично в Сескло (Греция, Фессалия), но это палеомонголоидные кранотипы, которые большинству славян не присущи, кроме потомков неолитической культуры Тиса, что относится на западных украинцев, но не на сербов. Хотя тут нужна кранотипия современных сербов. А вдруг и правда Айны?
- в) на мой взгляд, никаких общепринятых идей о кланах для хеттов, гиксосов и ликийцев пока нет.

14. Автор вслед за другими пытается отнести неиндоевропейскую Винчу к праславянам. Кранотипия (и пока что ДНК-генеалогия) не поддерживает славянской природы Винчи. Винча по кранотипии выглядит потомком анатолийского бескерамического Чайёню (9.4 тлн), причем, через кранотип Неа Никомедии (8 тлн). К потомкам Чайёню могут относиться также Убэйд Шумера и Чатал Хёйюк. Убэйд Шумера в части неоевропеоидного кранотипа - это, в основном, линии R1b1a2+ (и возможно примеси Q1a3 и J2a2), а в части долей аварского и лапаноидного кранотипа - линии E1b1b1+, G2a+ и J2+ (кроме J2a2). Т.е. линии к (пра)славянам почти не относящиеся.

Моя точка зрения на генезис славян обратно противоположна О.Валецкому и защищаемым им авторов:

Славяне пришли на Балканы из юго-западной Балтики, на что указывает сходство сербских и хорватских кранотипов с кранотипами польских славян. Ситуация выглядит так, что праславяне I2a1b (кранотип СВГ) сделали очередной круг по Европе - с Балкан Лепенского Вира и Старчево на Север Аппенин, откуда во Францию и частично на Острова (в т.ч. и в Ирландию), откуда на северо-восток Германии, где, видимо, и сформировался праславянский язык на основе палеоевропеоидного субстрата при модеризирующем влиянии кланов КВК и позднее КШК, т.е. в основном кланов R1a1a1+, кланов неолитических пришельцев. Но не все так

просто. Это огромная тема, требующая отдельного изложения и слаженности ДНК-генеалогии и кранотипии. Первая «утечка» праславянского кранотипа СВГ на восток – скифские времена, скифы Саян. Но на Русской равнине, кроме скифского юга, СВГ появляется лишь с приходом славян.

Да, нас, русских, наследников фатьяновцев, ассимилировали славяне, т.е. наши предки стали говорить на славянском языке, вернее на русском диалекте славянского языка. Но субстрат бывшего русского языка все равно достаточно сильный и потому у нас параллелей с санскритом побольше, чем у сербов.

Да, в генотипах и кранотипах русских остались следы славянского вторжения, но в среднем около 12%: около 10-15% I2a1b, около 10-15% кранотипа СВГ у русских северо-запада-центра европейской части России, но больше на Украине. И в Белоруссии, причем, по кранотипу и фенотипу, что может быть результатом большей близости к Балтике, как исходной точке славян I2a1b (с кранотипом СВГ).

Основа русских – это намного более древние (чем славянские) фатьяновские по возрасту (3800-3300 лет) R1a-Z280+ и R1a-M458 → L260 и R1b1a2a1a1b3c*-L2,L20neg, составляющие у русских в сумме 50-60%, и такая же доля соответствующего им ариоидного кранотипа, а также палеоевропеоидная часть фатьяновцев в лице I1a* и E1b-V13. Наш ранний генезис – от фатьяновцев. Он тоже «германский», но по другой основе – по неоевропеоидной R1a1a1 и «неогерманской» (палеоевропеоидной по кранотипу) I1.

Много позже у русских стали добавляться разные волны N1c1d+, но их кластер не более 15% и это то, что нас разъединяет с сербами.

Лишь в самом конце генезиса у русских добавились славянские I2a1b-M423-dys448=20 (около 1850 лет у ветви русских, украинцев и белоруссов) и кранотип праславян СВГ – то, что нас с сербами объединяет, но лишь в меньшей части кластера общеславянского кластера I2a1b-M423-dys448=20 (2100±250 лет), потому что у сербов превалируют линии чуть более молодого балканско-германско-венгерского кластера I2a1b-M423-dys448=19 (1550±300 лет), линии которого у русских очень редки. В этом плане у нас больше общего с греками, у которых превалируют I2a1b-M423-dys448=20.

Комментарий редактора

Как обычно бывает, читающие и оценивающие материал демонстрирует разные операционные системы мышления. В.А. Рыжков подметил ошибки и погрешности правильно, многие из них (плюс многие другие) я тоже заметил, но я обычно оцениваю материал не по тому, к чему я могу

придраться, а по тому, что он мне как читателю дает в целом. Я в первую очередь даю не негативный, а позитивный взгляд. Придраться я могу к любому материалу, например, к книге Л.С. Клейна, которая сейчас передо мной, тем более что у меня преимущество перед ним, что я знаю ДНК-генеалогию, а он нет. Поэтому я могу его щучить на его же поле, но обладая моими знаниями, которых у него нет.

Но у меня другой взгляд - что я могу вынести из его книги? Пусть ошибки и не те интерпретации, но есть ли что-то позитивное? Да, и масса. Вот это мне и нужно.

В.А. Рыжков посмотрел на материал О. Валецкого с высоты знания краниологии и ДНК-генеалогии, и в немалой степени критикует его за то, что он, О. Валецкий, знаниями в этих областях не обладает. Но это, на мой не очень конструктивный подход. Я тоже могу встречно покритиковать.

Вот, навскидку:

>Про другие гаплогруппы сербов, кроме E1b-V13 (около 3000 лет как и всех в этом регионе), пока сложно сказать о возрасте,

Штука в том, что ископаемые V13 в Европе дали возраст 7000 лет. А вот возраст общего предка V13 по современным потомкам - действительно, только 3600±380 лет назад (по нескольким сотням 67-маркерных гаплотипов). Так что сербы и там могут быть намного древнее. Просто популяция E1b-V13 прошли примерно 4500 лет назад жесткое бутылочное горлышко.

Вот еще. В.А. Рыжков пишет (п. 7): *Но какое отношение они имеют к большей части сербов (50%+) с гаплогруппой I2a1b? У сербов всего около 10-15% линий R1a1a1. ...Все, что у сербов древнее I2a1b, пока получается к славянам не относящимся.*

Это - типичная ошибка популяционные генетиков, которые практически всегда смотрят на **НЫНЕШНЮЮ** популяцию, и автоматически принимают, что такая же была всегда. Удивительно, что такой опытный человек, как В.А. Рыжков, делает такую же ошибку. Это **СЕЙЧАС** у сербов 30-40% гаплогруппы I2a. Это **СЕЙЧАС** у сербов всего 15-20% гаплогруппы R1a. Но дело в том, что примерно 4500 лет назад состав пра-сербской популяции драматически изменился. Это же произошло почти со всеми гаплогруппами Европы, кроме R1b. Уцелевшие пра-сербы спаслись, уйдя в Малую Азию, на Русскую равнину, на запад Европы, на Британские острова. Сербская гаплогруппа I2a1b-M423 стала по сути восточно-

европейской гаплогруппой, по гаплотипам неотличимой от русских, украинцев, белорусов, поляков, чехов, словаков, греков, болгар. Более того, все эти 30-40% этой гаплогруппы в Сербии, и немало во всех других перечисленных странах, еще 2200 лет назад практически не было. Распределение гаплогрупп у будущих сербов было совсем другим. Не исключено, что именно гаплогруппы R1a у сербов было подавляющее большинство, но этого мы сейчас не знаем.

Так вот, возвращаясь к статье О. Валецкого, у меня по отношению к ней другие критерии. Я узнал из статьи Валецкого много нового. Она дала мне перспективу исторического видения из Сербии, что немало. Она открыла много новых (для меня) фамилий исследователей, их взгляды, концепции. Она показала мне картину нынешнего противостояния научных сил в Сербии. А то что я и так знаю - меня не интересует. То, что есть ошибки и свои интерпретации - а у кого их нет, в любом самом академическом издании? Кого-то раздражает, что кому-то там для него доселе неизвестному посвящается много места, а меня это радует. Я узнаю для себя новое.

Анатолий А. Клёсов

Комментарий О. Валецкого в отношении критики

Моя работа является обзором того, как те или иные историки, лингвисты и археологи вели исследования вопроса как о происхождении сербов и славян вообще, так и самой древней истории Балкан. Мнения многих из них значительно различались, а в некоторых вопросах нередко были противоположны. В ходе работы над обзором я приложил много усилий, дабы ознакомить читателя с источниками, которые использовали сербские авторы. В их числе - Ольга Лукович-Пьянович, у которой Орбини был отнюдь не единственным источником. Нередко, как в случае с «Историей сербов и русских» Драголюбa Антича и Йован Деретича, Орбини вообще является второстепенным источником. Поэтому замечание, что мой обзор «по сути являющийся вольным сербским переложением сведений средневекового хорвата Мавро Орбини» вряд ли справедливо.

Сам Мавро Орбини - выходец из Дубровника, который до 20-го века в Хорватию не входил, тем более что таковой вообще не существовало. В Дубровнике жили не хорваты, а дубровчане, являвшиеся в своей массе принявшими католичество сербами, но сохранившими обычай «сербских слав». Из-за итальянского влияния, фамилии, как Орбини, были типичны

для Дубровника, и корни таких фамилий логичнее искать в итальянском языке, тем более что на хорватском языке имя хорватов пишется как хрвати, то есть без буквы «о».

>С первой строки идет неточность - *«В современной истории стала аксиомой теория о заселении славян на Балканы с Карпат.»* На мой взгляд, это не так. Аксиомой является заселение славян на Балканы из римской провинции Норик на Дунае, что к Карпатам, вообще говоря, не относится.

Уважаемый критик имеет право на собственные взгляды, в том числе и на то, что считать аксиомой. В Югославии с 19-го века, как упоминается в обзоре, данная аксиома - неотъемлемая часть учебных программ. Это же относится и к бывшей Югославии. Далее, это же является аксиомой (поскольку приводится без доказательств) в образовательных программах учебных заведений Российской Федерации, и потому мое заключение вполне точно.

По п. 4 критика («Что такое «не оставляя следов войн?», если следом автор постоянно говорит о непрерывных войнах с ромеями? Или даже с ромеями против авар?») – из контекста совершенно ясно, что речь идет о расширении славянской территории за счет войн с целью порабощения народов, о чем сведений в истории нет. Обратного было более чем достаточно, например, захватов славянских земель болгарами и венграми. Иначе говоря, захватнических войн у славян в Европе не было.

Далее в п. 5 уважаемый критик в ответ на моё *«в современной науке лишь в последнее время закрепилось мнение, что скифы были все таки европеоидным народом, причем широко распространенным по всей Азии»* делает замечание, что *«Все антропологи говорят о преимущественно европеоидном типе, но с участием монголоидности»*. Так какая все-таки была база - европеоидная или монголоидная? Пока примеров происхождения европеоидов от монголоидов нет. А если база была европеоидная, о чем я в обзоре и пишу, то примесная монголоидность – это вторичное. А.С. Пушкин был с примесью негроидности, но мы нигде не встретим утверждения, что русские - «с участием негроидности».

В п. 6 в ответ на моё *«Находки в Алтае на плато Уток захоронения скифской знатной женщины показывает физиологический облик европеоидного типа и, более того, достаточно схожего со славянским обликом»* критик замечает, что «эта «принцесса» однозначно выглядит полумонголоидной», и дальше углубляется в понятия «славянский облик», «финно-угорский» облик и так далее, вплоть до «финноугорского фенотипа фатьяновских времен».

Обсуждать эти понятия я и не помышлял. Но на фото реконструкции лица этой скифянки никаких следов монголоидной расы нет.

На Балканах живут представители различных рас (в их узком понимании) и тут более чем достаточно лиц с фенотипом, характерным как для Баварии или Уэльса, так и для Кавказа и Малой Азии. К тому же здесь до сих пор можно обнаружить расовые различия различных региональных типов даже в физическом облике - росте, телосложении, цвете и форме волос (прямые или кучерявые). В данном случае Балканы, и в первую очередь сербы с их до сих пор сильными родственными связями представляют собою достаточно широкое поле для исследований.

В бывшей Югославии сохранились различные фенотипы в различных горных районах, и пресловутое смешение с турками никакого отношения к этому не имеет, ибо согласно исследованиям Вука Караджича в той же Шумадии в Сербии в начале 19-го века большинство населения было либо переселенцами, либо потомками во втором-третьем поколении переселенцев из Черногории, где смешение при турках было минимальным.

Так же широко известен исторический факт, что после эпидемии чумы в 17-18 веках район Рومании и всей соседней области вокруг Сараево фактически был заново заселен переселенцами из Черногории, и оттуда волна переселенцев позднее пошла на запад и север Боснии и Герцеговины.

Различия во внешнем физическом облике в той же Боснии и Герцеговине сохранились до сих пор, и герцеговинцы в общем отличаются ростом, а нередко и формой черепов от боснийцев.

Не вдаваясь в дискуссию про кранотипы и генотипы, хотелось бы заметить, что генотип ни Лепеньского вира, ни Старчево, ни Винчи не известен, и в ходе раскопок Винчи найден всего один женский скелет, и был ли он «славянским» (праславянским) или нет, пока неизвестно.

Что касается колонизации, замещения населения, смены языка - то смены языка я вообще не касался. Речь шла о колонизации а не смене языка. Речь была о том, что столь огромные просторы завоевать, колонизировать собственным населением и навязать покоренному населению свой язык за столь ничтожное время в сотню лет просто невозможно. А славяне это сделали. Видимо, все-таки не военными действиями. О бэтом и шла речь в обзоре.

Задача автора была перенести максимально достоверно исторические факты, какими бы они не были. Сама работа не является не просербской, ни антисербской, и служит лишь для того, чтобы показать будущим исследователям направления, уже существующие в сербской исторической науке. Я хорошо знаю, в какой мере национальные идеи могут послужить целям манипулирования обществом, по опыту бывшей Югославии 90-ых годов, и думаю что выяснении истины как раз и служит одной из мер по предотвращению подобных манипуляций.

В отношении Ольги Лукович-Пьянович – она лингвист, и доказывала свою гипотезу прежде всего исследованиями в области лингвистики, широко привлекая цитаты из трудов античных и современных ей авторов. На данный момент сколько-нибудь существенного ДНК-анализа сербов по регионам не проведено, потому опровергать труды Ольги Лукович-Пьянович невозможно. К тому же речь идет о «протосербах», и еще раз можно повторить, что со временем в том или ином народе одна гаплогруппа может исчезнуть, заменившись иной, но возможность того, что протосербы были предками всех славян это никак не отрицает

Далее, труды Ольги Лукович-Пьянович достаточно подробно анализированы, и никак не могут считаться производным от трудов Орбини. Все работы являются самостоятельными, и отличия их лишь во времени работы самих авторов. Орбини первоисточником не является. Сербский историк Слободан Ярчевич в своем докладе «Сербские следы в Илиаде», прочитанном на конференции «У источника культуры и науки», прошедшей в сентябре 2012 года в Белграде, упомянул, что об автохтонности славян на Балканах писал и католический священник из ордена доминиканцев Винко Прибоевич, служивший на острове Хвар, в конце 15-го - начале 16-го веков. Винко Прибоевич в своем труде «О происхождении и славе славян» („О подријетлу и слави Славена“) писал что славяне имели многочисленные племенные имена, как Венеты, Илиры, Фракийцы, Даки, Готы, Геты, Мизы, Рашаны, Македонцы, Далматинцы.

По п. 11 критик пишет: *«Не ясен аргумент против нахождения Трои в Малой Азии – «Ведь уже то, что нигде в тексте не упоминается переправа многочисленных союзников троянцев через проливы Босфор и Дарданеллы, служит аргументом против гипотезы Шлимана, что Троя находилась в Малой Азии»*
На мой взгляд, наоборот, это как раз и говорит в пользу того, что Троя была в Малой Азии, т.к. её многочисленные союзники и происходили, в основном, из Малой Азии».

Подчеркиваю, что нигде в тексте Илиады не упоминается о преодолении союзниками троянцев Гелеспонта, что для тех времен являлось тяжелой

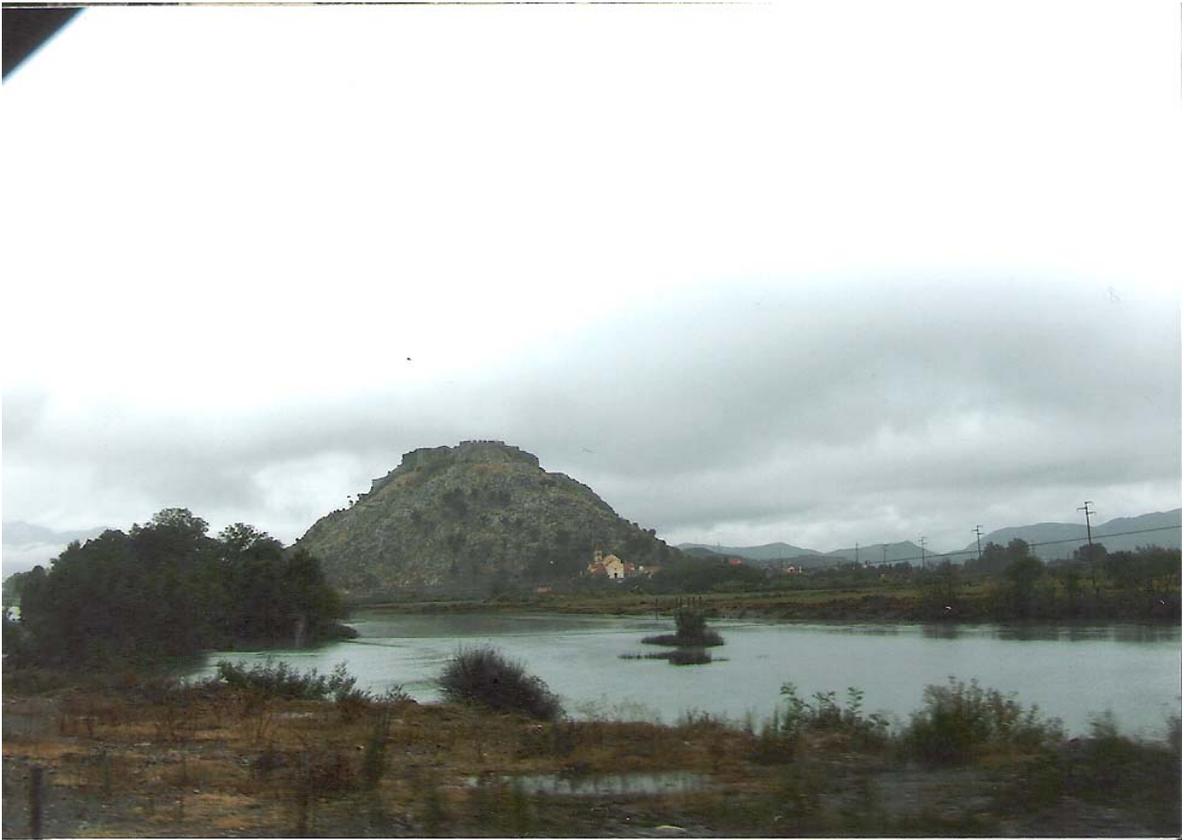
задачей. Форсирование армией Ксеркса Гелеспонта потому особо выделялось тогдашними историками.

Сербский историк Слободан Ярчевич в своем докладе «Сербские следы в Илиаде», прочитанном на конференции «У источника культуры и науки» прошедшей в сентябре 2012 года в Белграде, подробно анализировал текст Ячимовича (Милутин М. Ячимович. «Троя сербская столица Шкодер/Троја српска престоница Скадар», Белград, 2009) и отметил, что племя пеонцев во главе с Астеропеем до Трои идет одиннадцать дней, что соответствует местам их предполагаемого расселения в долине Вардара, и при том нигде не описывается форсирование ими Гелеспонта. Как известно, римский историк Апиан из Александрии пишет что о том, что пеоны - великий народ, живущий на Дунае до Дардании, и если греки их зовут пеоны, то римляне - паноны.

Древняя сербская крепость Скадар, время строительства которой, как и сами строители, до сих пор неизвестны, возвышающаяся на местности, полностью соответствующем описываемому месту битвы в Илиаде, и даже при первом взгляде на нее сразу же ассоциируется с древней Троей. Точно так же горная цепь Ида из «Илиады» вполне ассоциируется с горной цепью Проклетия, а река Скамандр с рекой Бояна. Под Троей же, которую якобы открыл Шлиман, течет не полноводная река, описанная как Скамандр в Илиаде, а небольшая речка, пересыхающая летом, и там нет горного хребта, подобного описанного в Илиаде, Иде, с которого видна была бы вся Троя и место битвы.

Ниже - фотографии древней крепости в Скадаре (ныне - албанская территория), сделанные Милутиным Ячимовичем. По его мнению, обоснованному в цитируемой выше книге, это - и есть древняя «Троя».











Наконец косвенным подтверждением того, что Троя находилась в Скадре, является и книга профессора лингвистики Сорбонского университета Милана Ристановича «Златное руно Одиссея на Адриатике» («Одисејево златно руно Јадрана».Милан Ристановић. “Пешић и синови”.Београд.2006 г.), который в ходе анализа текста Одиссеи, как и исследований на собственной яхте Адриатического побережья, подтвердил гипотезу мексиканского ученого Роберто Салинаса Прайса, согласно которой события «Одиссеи» происходили не в Малой Азии, а в Адриатике (“Homerska šaputanja”.Roberto Salinas Prajs. Prjevod Jovana Petrović.”Pešić i sinovi”.Beograd.2007. “Homeric Whispers”. Roberto Salinas Price.Instituto de Investigaciones Homericas.Mexico.2006.).

С данной точки зрения даже «Энеида» Вергилия выглядит вполне логично, ибо куда, как не к родственным мессапам Южной Италии, могли еще бежать иллиры Трои?

Ячимович, будучи единственным, кто отождествил Скадар с Троей, был не единственным, кто сделал предположение о том, что события «Илиады» происходили в Адриатике. Так, историк из Черногории Новак Андесилич также считал, что Гомеровская Троя находилась не в Малой Азии, а на Балканах. В данном случае Новак Андесилич, издавший книгу вместе с Драголюбом Андесиличем, считал, что Троя находилась на северном берегу Скадарского озера в районе Дивоша недалеко от Подгорицы, и при том приводил примеры схожести обычаев черногорцев и бывших троянцев, описанных в Илиаде, в том числе обряда оплакивания и погребения погибших в бою.

Генерал-полковник армии Югославии Любомир Домазетович также искал Трою в Черногории и тоже недалеко от Подгорицы, но в месте, где сливаются реки Зета и Морача, и где найдены остатки античного города Диоклея.

В данном случае подобные гипотезы развивают теорию мексиканца Роберто Салинаса Прайса, согласно которой события «Одиссеи» происходили не в Малой Азии а в Адриатике. После того, как Бранко Вукушич, посол Югославии в Мексике, дал возможность югославской общественности ознакомиться с гипотезой Прайса, в книге профессора Сорбонского университета Милана Ристановича «Златное руно Одиссея на Адриатике» («Одисејево златно руно Јадрана».Милан Ристановић. “Пешић и синови”.Београд.2006 г.) данное предположение было развито в достаточно стройную и убедительную гипотезу. На основании целого ряда сопоставлений строк из «Одиссеи» и современной топографической карты

Адриатики, как и заключений ряда историков, Милан Ристанович утверждал, что события, описанные в «Одиссее», происходили на Адриатическом побережье, находившейся в описываемое в «Одиссее» время вдали от центров тогдашней цивилизации и торговых путей.

«Илиада», как пишет Слободан Филипович в своем «Эссе об Илиаде», была написана - согласно ряду античных авторов - на языке пелазгов ("Есеј о Илијади". Слободан М. Филиповић. Београд. 2011 г.) в десятом веке до Р.Х. Лишь в 560 году до Р.Х. ее текст был переведен на эллинский. Способ устного переноса текста Илиады, неоднократно оспариваемый до сих пор, существует в сербском народе, когда стихотворные былины переносятся веками пением под сербские гусли, при том, что сами эти былины по своей стихотворной форме в 16 слогов достаточно похожи на тексты Илиады и Одиссеи.

Впрочем, ряд «официальных» историков Сербии соглашались с рядом положений автохтонной теории; так, академик Академии наук и искусств Сербии Милан Будимир („О српском имену у класичним траговима „Милан Будимир. Глас Српске Академије Наука. Одељење литературе и језика. Нова серија, књига 4. Београд. 1959 г.) сделал предположение о том, что пелазги могли быть славянами и что Троя могла быть славянской.

По п. 12, «Среди археологов одними из первых предположения об «автохтонности» сербов на Балканах высказали антропологи Бранко Шливич, являвшийся членом САНУ, и его ученик Сырболуб Живанович, занимавшиеся изучением найденных на территории Югославии могильников, в которых были найдены скелеты кроманьонского типа, что, как ранее считалось, было типичным лишь для Западной Европы.»

Уважаемый критик пишет - «Они все кроманьонские с и до определенного времени! И в Африке (до формирования негрской расы), и в Азии (до формирования монголоидов), и в Европе (до прихода неоевропеоидов). Каким образом кроманьонскость (палеоевропеоидность для Европы) может указывать именно на сербский тип? Кроманьонид - это лишь указание на то, что это тип людей современного типа, а не архаических людей... В пользу автора то, что самые старые черепа Югославии в моей коллекции кранотипов, относящиеся на ранний Лепенский Вир (8 тлн) и Старчево (от 8 тлн) сложены на основе праславянского кранотипа».

В принципе, по главному положению у нас разночтений нет. Упоминание в данном контексте кроманьонских скелетов служит лишь тому, чтобы показать русскому читателю, что речь идет об авторитетных археологах, которые считали славян автохтонным населением Балкан. Сам Сырболуб

Живанович, доктор антропологии и научный сотрудник Королевского антропологического института в Лондоне, сообщил в своем докладе на прошедшей в Белграде с 21 по 23 сентября 2012 года научной конференции «У источника культуры и науки», что найденные в Падине, недалеко от Лепенского Вира, скелеты кроманьонцев вызвали в тогдашнем научном мире сенсацию, ибо до этой находки считалось, что кроманьонцы жили лишь на западе Европы. Возраст скелетов кроманьонцев, согласно Живановичу, был определен в лаборатории Британского музея радиоуглеродным методом, и составил приблизительно 8 тысяч лет назад.

Предположение о том, что цивилизация Винчи могла быть славянской, высказали в своей книге «История Сербов и Русских» сербские историки Йован Деретич и Драголюб Антич („Историја Срба и Руса“ Јован И. Деретић, Драгољуб П. Антић. Сардонија.), считавшие, что эта цивилизация, являясь земледельческой, имела продолжение в государственных образованиях античного времени. Согласно Античу и Деретичу, такие племена, как геты, являлись воинскими сословиями, наподобии того, как их описывал русский историк Евграф Савельев, автор «Истории казачества», который и возводил происхождение казаков к племенам гетов.

В целом, автор считал своим долгом ознакомить русского читателя с работами сербских историков, лингвистов и археологов. Надо отметить, что на данный момент отсутствует достаточное количество доказательств, чтобы составить полную картину происхождения славян, и для этого требуются значительно большие усилия специалистам разных профессий, включая антропологию и ДНК-генеалогию.

Дискуссия была продолжена на Форуме «Родство»:

Славер:

Я коснулся проблемы с Траяном (Трояном) и Трояновых валов в Вестнике за Октябрь 2012 (стр. 1263-1270. Самой Трои я пока не касался, а попытался описать проблему войны Траяна с даками. Но вопрос с Троей пока оставил открытым. Какие могут быть варианты для дополнительных исследований?:

1. События войн с Троей и её падение (1260 г. до н. э.), война Траяна с Даками в двух походах (101-102 и 105 – 107 н. э.) и Траян, всплывающий в истории дуксом Египта между 371 и 374 годами, являются одним и тем же событием, разнесенным по трём разным первоисточникам. На это

обращали внимание и новохронологи. Но я вышел на эту проблему совсем с другой стороны, через информацию в Велесовой книге. В ней говорится о смещении этих событий, представленных в истории, на 300 лет. Но не говорится, каких из этих трёх – то ли описанных в "Илиаде", то ли войны с даками, то ли о разведении войск двух Траянов в истории. Что имеем в этом случае? Имеем две даты и двух Траянов (Троянов), в первом случае с датой 87 год н.э., и второй датой 378 год н.э.

Это, вероятно, и есть тот самый разрыв в истории, или говоря проще, искусственная растяжка одного исторического события на 300 лет. По 300 лет наши герои не живут, поэтому, на мой взгляд, в данном случае, чтобы не путать троянские события, описанные Гомером в поэме «Илиада» и Римские войны древние историки Трояна переименовали в Траяна, употребив простую логику мышления. А в войнах Римской империи в первом случае Трояна описали как императора – полководца, а во втором как дукса Египта – полководца Римской империи. Не думаю, что это было сделано намеренно. Пока я склонен считать, что речь в ВК идёт о 87 году н. э. и 378 годами. Хотя дата 1260 г. до н. э. и 87 год н. э. тоже близки к трём столетиям по смещению. Пока нет достаточных оснований склоняться в эту сторону.

Вот как сказано в славянских ведах: *«Троян налез на дулебов, и это дедов наших вновь история будет, которые шли на легионы эллинов и раскололи их. То событие было еще в три столетия к нашему времени добавленное. Это должны держать в памяти»* (ВК-20).

2. Смещение в 300 лет от Троянской войны могут поставить под сомнение место определения Трои. Шлиман мог найти не Трою, а другое торговое городище. Если это так, то Трою надо искать в другом месте, например, в районе Трояновых валов где-то в районе устья Дуная. Не исключено, что ей может оказаться та самая крепость, что Траян не смог преодолеть в первую кампанию, и вынужден был готовить вторую. Либо это сама Ульпия Трояна (Сармизегетуза), что менее вероятно.

3. Учитывая возраст Трояновых валов, вполне возможно, что Троя, описанная в "Илиаде", и война Римской империи с даками - это два разных исторических события, происходящих на Дунае, и крепость штурмовали не единожды, а в разные времена с разницей в несколько столетий.

Других вариантов и оснований для перепроверки я не вижу. Если Троя окажется на Дунае, тогда это действительно проект R1a1 совместный с I2a, и даже не исключено, что с G2a. Даки - это племена дахов (они же были дулебами на Вольни дулебской и карпенями на Карпатах) и относятся к

гаплогруппе I2a, что располагалась от левобережья Дуная до Днестра, на Карпатах. Её и видит Игорь Рожанский с возрастом 2100-2200 лет, появившуюся на Балканах откуда-то со стороны Карпат или Полесья.

Античная Дакия, уходит своими корнями за VI век до н.э., население этой территории имело родственные связи с ариями-русичами R1a1, поэтому нет ничего удивительного в том, что Трояновы валы строились при их участии на их же территории. Ещё одна деталь - их территория называлась не Дакией, а Дацихом (Дацией), а сами племена дахами. И в этой связи странным выглядит название их столицы - Сармизегетуза. Явно сарматское название, а сарматами принято считать G2a, вот почему я не сбрасываю со счетов их присутствие на данной территории.

Александр:

А "Велесова книга" разве не эти стилем написана:

"Строки лувийских иероглифов писались попеременно слева направо, затем справа налево (такое направление письма греки называли бустрофедон, буквально «по ходу вола» (пашущего поле).

Славер:

Нет, все веды писались построчно слева направо под чертой, так же как и индийские веды, только на дереве. Точнее это было даже не совсем дерево. У ясеня между стволом и корой имеется "шпоновая" довольно прочная и идеально ровная прослойка. На ней и писали, предварительно обработав, высушив и расчертив. Эта технология описана в самой ВК.

Александр:

Тогда этот довод свидетельствует в пользу Вашей версии по Трое.

Да и нижеизложенное также не укладывается в версию анатолийской Трои. «Тавры (греч. Táuroi), древнейшие, известные по античным источникам племена, населявшие южную часть Крыма, получившую от них название Таврика. Тавры занимались земледелием и скотоводством, а также охотой и рыболовством».

Исходя из того, что греки-ахейцы были эрбинами - прототюрками, то Тау - «гора» (сравним «теос» - горная обитель богов). Т.е., тавры и тевкры, вероятно, означает «жители гор», что и соответствует реальности.

И далее, «тот факт, что греческие имена троянцев не являются выдумкой Гомера, подтверждают хеттские надписи, упоминающие имена правителей Таруисы (Вилусы)». Можно предположить, что Таруиса – «Горная Русь». Это, возможно, Карпаты, Крым или Иллирия, где Карпаты – наиболее вероятный вариант. Но название (Таруиса) давалось со стороны. И вполне возможно, согласно «Велесовой книге» – это Троянова земля. И немного из Иллиады. «Разъяренный неудачей, Ахилл губит троянцев без счета, трупы их загромаждают реку, речной бог Скамандр нападает на него, захлестывая валами, но огненный бог Гефест умиряет речного». Река должна быть не маленькой. Дунай?

Своё слово должны сказать археологи.

Славер:

Вот и я о том же. Достаточно просто погуглить "Планетой земля", чтобы убедиться в том, что ни одна из ближайших речушек (иначе их не назовёшь) не подходит по описанию. А Дунай со своими Трояновыми оборонительными валами вполне подходит под описываемые Гомером события. То, что Шлиман не нашёл Трои, и искать её следует в районе Трояновых валов, я понял ещё в начале 2000-х, но руки пока не доходят представить нужную доказательную базу. А без неё это пустой разговор.

Александр:

У Гомера есть сюжет о погребении Ахилла Фетидой на острове Белом у устья Дуная. «Велесова книга» – пять с плюсом!

АК

В Белграде в 2009 году вышла книга Милутина Ячимовича "Троя - сербская столица Шкодера" (на сербском и русском языках). Он доказывает, что мифическая Троя на самом деле располагалась на побережье Адриатики, на стыке двух рек - Бояны и Дрима, недалеко от современной Подгорицы и Дубровника.

Александр:

Иллирийская версия Трои не очень проходит по масштабам и географическому расположению.

Возьмем Ахилла. Историческая справка: «Имя akireu (Ахиллей) зафиксировано в древнем Кноссе, его носят рядовые люди».

Исходя из того, что древние греки-ахейцы эрбины (R1b) и прототюрки, то «ak-igeu» можно дать в следующем переводе «белый человек». Древние источники сообщают о том, что он был голубоглаз. Но это не особо важно для рассмотрения проблемы поиска Трои. Место проживания «Скирос (греч. Σκῖρος) — остров в Греции, в Эгейском море, самый крупный и южный из островов архипелага Северные Спорады». До Адриатики далековато.

«По требованию Нестора и Одиссея и согласно воле своего отца Ахилл присоединился к походу против Трои во главе 50 кораблей (либо 60)». Обратимся к следующему источнику по основному греческому военно-транспортному судну:

http://korabley.net/news/drevnie_korabli_g.../2010-07-18-605

«Пентеконтор представлял собой 30 метровое одноярусное гребное судно, приводимое в движение двадцатью пятью весельными с каждой стороны. Пентеконторы были в основном беспалубными открытыми судами. Однако иногда этот корабль древних греков оснащался палубой. На палубе можно было перевозить припасы, лошадей, боевые колесницы и дополнительных воинов, в том числе лучников, способных противостоять неприятельским судам. Первоначальнодревнегреческие пентеконторы предназначались в основном для перевозки войск. На веслах сидели те же самые воины, которые впоследствии, сойдя на берег, вступали в сражение. Иными словами, пентеконтор не был боевым кораблем, специально предназначенным для уничтожения других военных судов, а являлся войсковым транспортом. Так же, как корабли викингов и ладьи славян, на веслах которых сидели обычные дружинники».

Т.е., только Ахилл привёл с собой не менее 2500 воинов. А весь воинский контингент «илирийской Трои» оценивается в 1000 человек. Троянцы воевали и в открытом бою. «В течение долголетней осады Илиона Ахиллес неоднократно предпринимал набеги на различные соседние города. По существующей версии он пять лет бродил по скифской земле в поисках Ифигении».

По илирийской версии он курсировал из Черного моря в Адриатическое море и обратно. Неблизко. «Царь Фракии Рес (владелец «резвых» коней) явился с многочисленным войском на помощь к Приаму, однако не в воинах была главная сила его помощи, а в его конях, так как оракул предсказал троянцам следующее. Если кони Реса напьются из реки Ксанфа, протекающей вблизи Трои, то греки никогда не возьмут их города».

Где Фракия, а где Илирия и Анатолия? Водным путём никак нельзя, греки контролируют водные маршруты. «Ксанф, Ксант (др.-греч. Ξάνθος): в

древнегреческом языке означало «рыжий, светло-золотистый». Слово не имеет индоевропейской этимологии». И это естественно. Как отмечалось выше – это эрбины и прототюрки и этимологию надо искать в тюркских языках. «Скамандр - бог одноименной реки на троянской равнине (другое название - Ксанф)».

А теперь самое главное.

«СКАМАНДР – бог большой реки в Трояде и название самой реки. Скамандр был отцом Тевкра, мифического первого царя в Трояде, праотца троянцев, и всегда поддерживал своих потомков, в том числе и в Троянской войне. У Гомера существует указание, что река Скамандр вытекает из двух источников – теплого и холодного. Это помогло в 1870 г. археологу Шлиману найти место, где стояла древняя Троя». А вот то обстоятельство, что Дунай питается из двух источников: с Балкан (теплого источника) и Германии (холодного источника) - Шлиман в расчёт не принимал. Гомер вряд ли в своих описаниях опускался бы до мелких речушек. Тем более приписывать такой речушке имя бога большой реки. Описаний Дуная, как жёлтой реки много. Возьмём отсюда: <http://lib.rus.ec/b/291260/read>

«На следующий день около четырех часов дня она остановилась на отдых у набережной Джурджево, а еще через сутки, пройдя устье Черны, стекающей с трансильванских Карпат, подошла к знаменитому ущелью Железные Ворота. Проход через него довольно опасен, здесь часто случаются кораблекрушения. На протяжении одного лье между высокими четырехсотметровыми скалами течет, вернее, мчится, сужаясь вдвое, река. У подножия скал грудятся огромные, упавшие с гребней, камни, о которые с яростью разбиваются волны, приобретающие тут темно-желтый цвет. С этого места великую европейскую реку можно называть прекрасным желтым Дунаем».

Дон:

Вот ещё версия - Лев Дьякон (XI в. н. э.), ссылаясь на «Описание морского берега» Флавия Арриана (II в. н. э.), пишет, что сын царя Пелея Ахилл был скифом, выходцем из городка Мирмикий возле Меотского озера (Азовского моря). Почему бы Ахиллу не быть R1a1 ?

Александр:

Еще небольшой комментарий по статье Олега Валецкого.

На мой взгляд, представляет интерес этимология города «Ниш» и реки «Ниша-ва». Албанцы (гаплогруппа E1b1b1) используют звук «Ш» вместо звуков «З» и «С». Характерный пример: «Шар-Дана» («Народ Моря») вместо «Сар-Дана», где «Дана» - богиня воды, «Да» - вода у ариев-славян (гаплогруппы R1a). Перевод «Сар» («Сэр») приводит нет смысла, уже много раз давался. А вот у второй составляющей славян (гаплогруппы I1) «ва» - это «вода», «ва мёрт» -водяной, где «мёрт» - человек.

Приведём основные гидронимы, в том числе показывающие путь гаплогруппы I1 на север: «Ниша-ва», «Мора-ва», «Дра-ва», «Са-ва» (Балканы), «Дауга-ва», «Нар-ва», «Не-ва» (Прибалтика), «Моск-ва» (центр России).

Т.е., «Ниш» и «Ниша-ва» - это искажённое название. Первично данное место и река могли звучать как «Низ» («Нижний») и «Низ-ва» («Нижняя вода»).

Попутно отметим, что Южная Мора-ва берёт начало в Косово.

В этом ряду уместно также привести и название реки в Центральной Европе (Чехия) - "Влта-ва", чтобы окончательно исключить основную албанскую гаплогруппу из кандидатов на первородство на Балканах, претендентов на название "Ниша-ва".

Таким образом, можно обоснованно предположить, что гаплогруппе I1 (I1-I) принадлежит право первопроходцев на Балканах. Соответствующая неолитическая культура «Лепенски Вир» - на Балканах, на Балтии - «Культура мусорных куч». По античным источникам, больше всего на данную роль претендуют венеты (или венды) - рыболовы, жители рек и приморий. В подтверждение отметим повышенный уровень гаплогруппы I1a в районе Венеции, в Прибалтике, на Неве, во французской Бретани, где, по историческим сведениям, селились венеты-мореплаватели. При этом венеты, длительное время проживая на Балканах вместе с ариями - земледельцами и скотоводами, образуя с ними союз, были в определённой степени насыщены представителями гаплогруппы R1a, по крайней мере, на уровне «волхвов» - носителей духовных и технологических знаний. Соответственно земледельческие культуры «Старчево» и «Винчи» - это культуры гаплогруппы R1a.

Представители гаплогруппы I2a «динарской» ветви, как следует из представленного исследования А.Клёсова, появились на Балканах поздно. Их пики в Иллирии и Восточных Карпатах очень хорошо соответствуют

исходу кельтов с территории Западной Европы (Франции) в Восточную Европу под натиском римлян (основа - гаплогруппа R1b) и германцев (основа - гаплогруппа R1b). Согласно историческим сведениям первый поток кельтов прошёл из Франции по долине реки По в Иллирии, второй поток - по Дунаю на запад Балканского полуострова. При этом в роли друидов (путеводителей) могли быть представители гаплогруппы R1a. По крайней мере, такое включение мы имеем по гаплогруппе I2b2, обнаруженных в скелетных останках, найденных в пещере Лихтенштейна - археологическом памятнике Бронзового века в центральной Германии. Из 19 мужских останков пещеры у 13 была обнаружена гаплогруппа I2b2, у одного - R1b, и у двоих - R1a. Бронза - это технологический конёк гаплогруппы ариев (гаплогруппа R1a).

С учётом изложенного, наиболее вероятное расположение гаплогрупп в Европе в период ледникового максимума (18 тысяч лет назад) следующее: Балканы - гаплогруппа I1, Испания и Южная Франция - гаплогруппа I2 (Италия в силу вулканической деятельности массово заселялась позже, возможно - I2c), Восточная Европа (незанятая ледником) с центром в Костёнках - гаплогруппа R1a, восточнее - гаплогруппа R1b. Поэтому и обнаруживается гаплогруппа R1a в Сибири, вероятно, частично ушедшая туда вслед за миграцией мамонтов в ледниковый период. В Европе эта особь уже начала вымирать. А вот представителей гаплогрупп I1 и I2 солидного возраста мы не обнаруживаем ни в Восточной Европе, ни в Азии.

Гаплогруппа I1, вероятно, была вытеснена с Балкан, да они и сами могли проследовать за отступающим на север ледником, за перемещающейся на север тундрой, чтобы не менять привычный уклад жизни. Возвращаясь к гаплогруппе E1b1b1, надо отметить, что каких-либо исторических сведений по приходу на Балканы племён из Северной Африки нет, из Малой Азии - да. Поэтому представителей данной гаплогруппы на Балканах можно рассматривать как потомков торгового люда из Северной Африки или, простите за неполиткорректность, потомков рабов (слуг).

Албания была первой заморской территорией, захваченной римлянами (гаплогруппа R1b). Зададимся вопросом, куда, например, делись воины Ганнибала, превращённые в рабов? Да и греки-ахейцы (гаплогруппы R1b и J2), греческая династия Птоломеев была не безгрешной в этом отношении. Знатные греки и римляне завозили египтян-земледельцев на новые территории.

В силу масштабности вышеуказанных исторических процессов гаплогруппа E1b1b1 может демонстрировать древность на территории Балкан. Надо также понимать, что территория Албании полита их потом и кровью. Исторический аналог – острова Карибского моря (Гаити и др.), южные штаты Америки: открыты западноевропейцами (гаплогруппа R1b), местное население планомерно уничтожалось, для работы на плантациях были завезены рабы из Африки.

По этимологии названия «Албания». Вероятнее всего, это взято из языка эрбин: «альб» из латинского – «белый». Поэтому старые версии о том, что албанцы пришли с территории Кавказа (там тоже была страна Албания), несостоятельна. С таким же успехом их можно выводить с Альп и реки Эльбы. Все эти названия связаны с языком эрбин и означают белый край (заснеженная горная страна) или белая река. Таким образом, албанцы получили своё название по территории, как и, например, украинцы.

О. Валецкий:

В 19-ом веке многие албанские племена, согласно Милошу Милоевичу, в своем языке использовали до 50% сербских слов, и потому для создания литературного языка было выбрано наречие тосков.

В книге «Сербь и Арбанасы» сербский историк Йован Деретич (“Срби и Арбанаси”. Јован И. Деретић. “Едиција-Ганеша клуб”. Београд. 2012 г.) упоминает что данный текст Аталиота находится на восемнадцатой странице немецкого издания Аталиота (Michael Ataliota: Corpus, scriptorum historiae Byzantinae. “Weber”. Bonn. 1853).

В книге «Сербь и Арбанасы» сербский историк Йован Деретич (“Срби и Арбанаси”. Јован И. Деретић. “Едиција-Ганеша клуб”. Београд. 2012 г.) приводит мнение английских историков Джеймса Бейкера (“Turkey in Europe”. James Beker. Cassel Peter & Galpin. London. 1877) и Джона Кэмбела (John Cambell-“The Hittites”. John Nimo. London. 1891) о том что имя «шчипетари» происходит от слова горцы, с тем, что Кэмбел считал это название каппадокийского происхождения.

Согласно Йовану Деретичу (“Срби и Арбанаси”. Јован И. Деретић. “Едиција-Ганеша клуб”. Београд. 2012 г.) английский историк Джеймс Бейкер (“Turkey in Europe”. James Beker. Cassel Peter & Galpin. London. 1877) считал что существует большое сходство между обычаями албанской этнической группы тосков и обычаями черкесов.

По мнению Деретича, арбанасы, выселившись с Кавказа какое-то время жили на арабских землях в районе Красного моря и так он приводит строки из книги («Кроз поречину Дрима и Вардара».Георг фон Хан. Државна штампарија.Београд.1876 г.) немецкого историка Георг фон Хан, где последний в свою очередь пересказывает арабский рассказ о том, что арбанасы жили в районе Красного моря, откуда потом они выселились. В книге Деретича также упомянуты исследования Атанасия Урошевича, проведенные им в 1929 году в Косово и Метохии в албанской среде. Согласно этим исследованиям, опубликованным в журнале Научного общества из Скопья (Атанасије Урошевић-“Једна традиција о пореклу арбанаса”.Гласник Скопског научног друштва. Том други.Скопје.1929-страна 311), арбанасы переселились на Балканы из Арабии под руководством их вождя Азрети Имера.

Переселение арбанасов в Сицилию и Южную Италию, по мнению Деретича, произошло в 9-м веке, когда там была арабская власть, и после 980 года власть над этими землями восстановила Византия.

Согласно книге «Сербы и Арбанасы» Йована Деретича выселение части албанцев произошло в ходе войны арабов против хазар, когда сын хазарского кагана Барджил вошел в 730 году в Албанию.

Как пишет Йован Деретич, имя Албания произошло от латинского названия Албанополис города Белиград, находившегося на Адриатическом побережье, который греки называли Пулхерополис.

В 1081 году, когда норманны захватили территории вокруг городов Валона, Белиград и Драч, они первый раз назвали данную территорию Албанией, и после окончания их владычества данное название не употреблялось, пока в 1272 году Карл Анжуйский, вновь захвативший эту территорию, опять назвал ее Албанией. Самих же предков нынешних албанцев сербы звали арбанасы, по району Рабан у подножия горного массива Ябланица, где четырьмя племенами Гегам, Тоскам, Япам и Шамидам сербский князь Воислав разрешил поселиться после поражения армии Джорджа Маниака. Район Рабана в Средневековье не входил в состав находящейся южнее района норманской Албании, отделенной от него реками Девола и Шкумби.

Согласно Йовану Деретичу (“Срби и Арбанаси”.Јован И.Деретић. “Едиција-Ганеша клуб”.Београд,2012 г.), о иллирийском происхождении арбанасов широко стали писать во второй половине 19-го века австрийские историки Й.Г.Хан и Н.Йокл, а также германский историк Г.Вайганд. Их мнение в Белградском университете в годы социалистической Югославии поддержал профессор Генрик Байрич, издавший в 1955 году в Приштине

книгу «Введение в историю албанского языка». В ней Байрич утверждал, что имена Наисус, употреблявшееся албанцами для обозначения Ниша, Шкупи, употреблявшееся албанцами для обозначения Скопья, как и Астибос, употреблявшееся для обозначения Штипа, и Скардус Монс для гор Шар-планины, были албанского происхождения. Его мнение было принято на Белградском и Новосадском университетах, среди которых самыми известными были академик Сербской Академии Наук и Искусств САНУ лингвист Павел Ивич и известный археолог Милутин Гарашанин.

Под редакцией Милутина Гарашанина, САНУ выпустила в 1988 году научный сборник «Иллиры и албанцы (Илири и албанци)» в котором гипотеза о иллирском происхождении албанцев была представлена как аксиома.

Йован Деретич заметил противоречия в самом тексте сборника, где албанцы называются остатками то романизованного населения, а то нероманизованного, и дополнительно замечает, что на самом деле Наисус было названием латинского происхождения, возникшим в конце Средневековья, а старым именем Ниша было Низа, Скопье звалось Скупи, а не Шкопи, Астибос являлось именем греческого происхождения, а Скардус Монс на самом деле выговаривалось как Сардус Монс или Сарбус Монс. Со временем некоторые лингвисты, не знакомые с албанскими названиями, стали в именах Ниш и реки Нишава искать албанский корень лишь на основании наличия звука «ш».

Директор Исторического института в Тиране Стефан Поло, автор «Истории Албании» (Stefan Pollo and Arben Puto-«The History of Albania».Routledge&Kegan, London,Boston and Henley.1981) в издании «Дрита» от 2-го июня 1981 года оценил, что расширение государства Неманичей в 12-м веке за счет владений Византии представляло собою акт оккупации албанских земель, тогда как другой албанский историк, доктор Скендер Ризай, как пишет Йован Деретич в книге «Сербы и Арбанасы», не только считал, что дарданцы являлись албанским племенем, но и сербы - по его мнению - являлись не славянами, а турками пришедшими из Кавказа на земли албанцев на Балканах.

Как видите, сколько людей, столько и мнений.

А. Клёсов

Я обычно не ввязываюсь в дискуссии, когда не имею профессионального (или близкого к нему) уровня понимания проблемы, и не имею личных оригинальных положений, новых фактов и наблюдений, которые можно

было бы высказать для обогащения дискуссии. Нет у меня этого и по дискуссии о Трое. Поэтому не буду умножать сотрясение воздуха, а просто приведу пересказ позиции специалиста по этой проблеме, известного российского археолога и историка, Л.С. Клейна. Эта позиция изложена в Википедии, в статье «Клейн, Лев Самуилович».

В области филологии наиболее оригинальны гомероведческие исследования Клейна — книги «Бесплотные герои» (1994), «Анатомия Илиады» (1998) и другие работы, которые не были переведены на иностранные языки. Клейн заинтересовался Гомером в 1980-х годах, исходя из своего изучения бронзового века Европы: он многие годы читал курс бронзового века в Ленинградском университете. При этом он обратил внимание на то, что раскопанный в Гиссарлыке (Турция) город очень отличается от описанной в «Илиаде» Трои. Кроме несовпадений его удивляло то, что основные герои и другие явления в эпосе имеют двойные имена: Троя — она же Илион, река Скамандр и Ксанф, Парис — он же Александр, главные герои греков Ахилл и Диомед совершают одинаковые подвиги и даже ранены в одно место — щиколотку. Причём в поэме они не встречаются: появляется один — исчезает другой. Клейн пришел к идее, что немцы XIX — начала XX веков (Генрих Дюнцер, Теодор Бергк, Август Фик, Пауль Кауэр, Эрих Бете и др.) были правы: эпоса составлена из разных песен, в которых имелись параллельные герои. Далее, проведя статистический анализ греческого оригинала, Клейн проследил, что с этим параллелизмом коррелирует распределение эпитетов, слов. Таким путём удалось расчленить текст Илиады на 6 самостоятельных источников, соединённых в эпосе разрозненными частями вперемежку.

Дальнейшие исследования показали, что основные герои Илиады — Ахилл, Аякс, Нестор и другие — были не историческими личностями, какими они предстают в эпосе, а полумифическими культовыми героями наподобие христианских святых, каждый отвечал за какую-то сферу жизни (например, Ахилл — охранитель кораблей, Нестор — целитель, Одиссей — маг и гадатель и т. д.), и в поэме они, в сущности, занимаются соответствующей деятельностью.

По-своему Клейн проанализировал «Каталог кораблей» в Илиаде, доказывая, что он многослоен и в основе симметричен, а его начальный состав совпадает с тем, который предполагался легендой о греческой колонизации островов.

Клейн пришел к выводу, что Троянской войны и взятия Трои греками в истории не было. По его мнению, археологических подтверждений этого нет, а опровержений — много. Таким образом, раскопанный Шлиманом город — вообще не Троя, хотя это Илион. В хеттских источниках упоминаются на западе Малой Азии два разных города: Труя — это Троя, и (В)илиуса — (В)илиос, Илион.

Резонанс. Статьи, а затем книги Клейна по гомеровскому вопросу встретили настороженное восприятие античников, а затем, начиная с работы Цымбурского 1987 г., и резкие возражения. Клейн вспоминал: «Я понимал, что натолкнусь на

ожесточённое сопротивление классицистов. Сотни лет они изучали божественного Гомера, его стиль, его сюжетные линии и прочее, и вдруг приходит аутсайдер и заявляет, что всего этого единства нет, а есть разные авторы и разные фрагменты текстов и что немцы прошлого века были в основном правы». На «Анатомию Илиады» появилось три рецензии — одна положительная, другая — с оговорками, третья — резко отрицательная. В этой третьей (Цымбурского и Файера 2002 г.) утверждалось, что статистика Клейна ничего не доказывает, так как есть примеры с возможностью противоположных выводов. В ответной статье (2004) Клейн настаивал, что его критики не понимают вероятностной природы статистики, которая предусматривает именно такое распределение возможностей.

На гомероведческие работы Клейна поступали и положительные отзывы, в частности видный русский историк древнего мира И. М. Дьяконов заявил, что в юности он мечтал о таком открытии, что выводы Клейна неопровержимы и что с этого, возможно, начнётся новая эпоха в гомероведении.

**В порядке дискуссии – что такое
ADMIXTURE, и очередной накат
жонглирования понятиями и «выводами»
в стиле «популяционной генетики» в
геномных исследованиях**

Анатолий А. Клёсов

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

Для начала – несколько вводных положений.

Первое – изучение генома человека чрезвычайно важно как для развития биомедицины, в первую очередь – «персонализированной медицины», так и для изучения происхождения человека, его эволюции, для ДНК-генеалогических исследований как популяций, так и конкретных семей, их генеалогических линий.

Второе – изучение генома в значительной степени базируется на мутациях в хромосомах ДНК (а также в митохондриальных ДНК, которые тоже часть общего генома).

Третье – изучение генома по мутациям в ДНК может проводиться на разных уровнях приближений, а именно на разных фрагментах ДНК – от малых (например, фрагментах Y хромосомы или любых других хромосом), так и по всему полному геному человека как индивидуально, так и популяций человека, вплоть до всего (в далекой перспективе) населения Земли.

Это все важные положения, и не о них мое ироническое, если не сказать саркастическое название этой постановочной полемической статьи. Любое грандиозное по важности исследование, любой передовой подход можно свести на уровень профанации, если не следовать вполне общепринятым научным принципам. К сожалению, это наблюдается, причем широким фронтом, в «популяционной генетике» человека. Почему именно в этом направлении, вполне, казалось бы, безобидном и ориентированном на конкретные исследования современных популяций? Что плохого в том, что

популяционные генетики изучают определенные популяции, этносы, наследственные линии, и выявляют в них генетические aberrации, свойственные одним популяциям и совсем несвойственные другим? Ничего плохого в этом нет, это, напротив, замечательно. Правда, плохое там может быть, когда имеет место утечка информации персонального характера, и страховые компании отказывают в страховке, или поднимают цену для конкретных людей, потому что они находятся в группе «повышенного риска». Хотя и в этом некоторые находят правильную позицию страховых компаний, что повышенный риск должен повышенно оплачиваться, тем более когда рискующие знали, на что идут, выходя замуж или женясь на человека из той же группы повышенного риска, возводя риск в квадрат, а оплачивать это в случае патологии должны другие люди. Ведь страховка профессиональных спортсменов намного выше, чем «обычных» людей, и страховка гоночных автомобилей намного выше, чем обычных. Как бы там ни было, а популяционные генетики делают хорошее и важное дело, выявляя связь генотипа и фенотипа, в общей формулировке. Собственно, это и есть главная задача популяционной генетики.

Проблема начинается тогда, когда популяционные генетики берутся не за свое дело, и выходят за пределы своей профессиональной компетентности. Например, когда берутся за ДНК-генеалогию с ее количественным математическим аппаратом, по сложности превышающем обычный уровень популяционных генетиков. Они, конечно, могут попытаться научиться, но они не хотят. Не хотят принципиально. В итоге получаются не только сплошные конфузы, но и полная дискредитация своей науки. Критический уровень этой дискредитации уже давно зашкаливает.

Сначала, в конце 1990-х - начале 2000-х, это были «датировки», которые брались «по понятиям», а на самом деле совершенно «с потолка», без всяких обоснований. Соответствующие цитаты я уже давал предостаточно в статьях, где это обсуждал. Могу только напомнить про «R1b в Европе 30 тысяч лет назад», про «украинскую гаплогруппу R1a, которая спасалась в украинском же убежище в ходе ледникового периода», про «выход современного человека из Африки 70 тысяч лет назад», и так далее. Никаких расчетов на самом деле не проводилось, да их и быть не могло. Это - стиль популяционной генетики. Потом, в середине 2000-х, взял свое начало «метод Животовского» с его «популяционными скоростями», которые совершенно некритично принимались в любом случае, для любых гаплотипов, для любых маркеров, в любом временном интервале. Самое прискорбное - что никто из «популяционных генетиков» и вопросы не задавал, применяли совершенно не думая и не осознавая. В итоге - обычное завышение результатов расчетов на 200-300% (!). Откуда это, в чем причины? Причины - в полном отсутствии нормальной научной школы, в

которой эти несурезицы вскрываются на первом же научном семинаре. Причины - в полном контроле «популяционными генетиками» профильных научных журналов. В подборе рецензентов, которые тоже полностью контролируются, а потом привыкают. Или привыкли с самого начала.

В Вестнике есть раздел «Осторожно – популяционные генетики». Заметьте, не сама наука, а ее активисты-исполнители. Там публикуются наиболее шокирующие случаи, но шокирующих слишком много, чтобы все публиковать. Один из краеугольных камней «попгенетиков», которые устремляются в «исторические науки» - это исходить из статической картины гаплогрупп: то, что наблюдается в настоящее время, то же якобы было всегда. Оттуда и возникли те самые R1b давностью в Европе 30 тысяч лет – они же есть в Европе сейчас, значит, были всегда. Ну а 30 тысяч лет – из вежливости, сверху уже неандертальцы подпирают. Так и сейчас, уже в 2012 году, нашли R1b-L51 в центре Европы – значит, там и образовались. Нашли R1b в Анатолии – значит, там и образовались, отсюда и пришли. О том, что они и в Сибири есть – автор (Mayers et al, 2010) и не знает, ее карта в статье на Турции заканчивается, восточнее и не смотрели. Популяционная генетика. Нашли стоянки в Турции давностью 10 тысяч лет назад – значит R1b, как будто других гаплогрупп нет, например, G, E, J, R1a, F, K и так далее. Разделились христиане и мусульмане на Ближнем Востоке и на юге Европы в 7-м веке, 1300 лет назад, а попгенетики применили «популяционную скорость Животовского», и «нашли», что христиане и мусульмане уже разделились 3900 лет назад, за 2000 лет до начала христианства и еще больше – до мусульманства, и не моргнув глазом опубликовали столь замечательный вывод в ведущем «академическом журнале», Euror. J. Human Genetics. Вот такая популяционная генетика.

Еще один показательный пример – некто Диенекес Понтикос, публикующий свой собственный блог «по антропологии», решил, что констант скоростей мутаций ДНК нет, точнее, что они невоспроизводимы и меняются от системы к системе. Почему он так решил? Да потому что в них не разбирается. Об этом немного ниже. И объявил о запрете рассмотрения их на своем блоге. Так и объявил – ввожу «бан» на скорости мутаций. История забавная, и она нашла отражение на страницах Вестника.

И вот тот же Д. Понтикос сейчас занялся геномом, точнее, сериями мутаций в нем. И в соответствии с ментальностью многих попгенетиков, стал применять принцип – «что вижу, о том пою». То есть беру картину мутаций в Польше – назваю ее «польской картиной». Неважно, что она такая же, как в Беларуси или в Литве – пусть будет «польской». Вижу

картину у американских индейцев, неважно, что они пришли из Сибири со своей сибирской гаплогруппой Q, пусть будет каноническая картина «американских индейцев». Причем американских индейцев в Сибири. Или американских индейцев во Франции. Или в Ирландии. Или в России. Отныне они все будут в своей части «американские индейцы». Узнаете «популяционную генетику»? «Что вижу, о том пою».

И вот такие люди закладывают основы новой дисциплины, при полном попустительстве остальных. И эти остальные чешут голову и гадают – откуда в Ирландии американские индейцы? Но раз Понтикос сказал, значит, так оно и есть. «Доктор сказал в морг, значит в морг».

Возвращаемся к началу нашего повествования.

Уже довольно давно я с определенным подозрением слежу за упражнениями Д. Понтикоса со снипами по всему геному. Понтикос, по своему незнанию и непониманию, дал большого петуха в ДНК-генеалогии, и не одного петуха, а несколько таких птиц. Сначала он объявлял, что огромные погрешности в расчетах времен до общих предков делают эти расчеты бессмысленными. Но оказалось, что он в этих расчетах ничего не понимает. Мне препираться с ним надоело, и я задал ему конкретный вопрос - есть сто 67-маркерных гаплотипов, в которых суммарно 2000 мутаций. Когда жил общий предок этих ста гаплотипов, и с какой погрешностью определяется эта величина? Понтикос не ответил и предпочел ретироваться. Больше со мной он этот вопрос не поднимал.

Ответ на самом деле очень прост - 5000 лет назад с погрешностью плюс-минус 510 лет. При этом нужно оговорить два условия - что все эти гаплотипы происходят от одного общего предка, и константа скорости мутации определена с точностью плюс-минус 10%. Если первое условие не выполняется, гаплотипы делятся на ветви, нет проблем. Второе условие обычно завышено, и погрешность на самом деле часто оказывается меньшей, ну да ладно, пусть будет для страховки. Лучше погрешность завышать, чем уменьшать.

Но Понтикос не успокоился, и после некоторого зализывания ран вылез опять, на сей раз с тем, что расчеты времен до общего предка не имеют смысла, потому что зависят от того, какие маркеры используют для расчетов. Его в этом отношении окрылила статья Busby et al (2011), которая оказалась предельно безграмотной (или запредельно безграмотной), хотя и опубликована в журнале Английского Королевского общества. Busby и соавторы взяли несколько "скоростей мутации" для отдельных маркеров, и нашли, что для разных маркеров получаются разные времена для общих

предков. Эти "скорости мутаций" они взяли из сопоставления величин аллелей в примерно 1750 парах отец-сын. При этом английские авторы оказались настолько далекими от понимания простых вещей, что не поняли, что эти "скорости мутации" просто нельзя рассматривать для подобных расчетов. Например, в 1750 парах DYS393 мутировал три раза, а DYS390 - два раза. То есть DYS393 оказался более "быстрым", чем DYS390 (!). И авторы английской статьи, а вслед за ними и Понтикос, так и посчитали, что скорость 393-го была более высокая, чем 390-го. И это и использовали в расчетах! Между тем, любой, кто хоть однажды видел серии гаплотипов, видел, что 393-й мутирует крайне редко, а 390-й строчит как из пулемета. То есть и английские авторы, и Понтикос не имеют о таких вещах ни малейшего понятия. Они не имеют понятия и о том, что 2 и 3 мутации в 1750 парах отец-сын - это никакая не статистика, там могла легко быть и 1 мутация, и 4-5 мутаций. Нельзя на таком уровне частоты событий вообще что-то рассчитывать. Это все равно, что бросить монету три раза, и на этом основании рассчитывать вероятность выпадения орла или решки. И на этом основании и английские авторы, и Понтикос делают выводы, что по мутациям ничего считать нельзя! Более того, Понтикос объявил на своем сайте, что я уже упомянул выше, что отныне он делает "бан" на расчеты ДНК-генеалогии и больше ничего на эту тему не помещает.

Тогда я появился на его сайте и развернул дискуссию, которая показала полную безграмотность Понтикоса в любых расчетах. Дискуссия была долгой, и я ее опубликовал полностью в Вестнике за сентябрь 2011 года, она заняла 60 страниц текста. Там было много примеров, показывающих безграмотность грека. Понтикос обозлился, и опубликовал на своем сайте объявление, что мои расчеты "антинаучны". Ни одного примера или иллюстрации, он, понятно, не привел и привести не смог бы. То есть это был выход его мелкой злости, и ничего больше.

Следующим действием было его увлечение расчетами возраста гаплогрупп на основании числа SNP в гаплогруппах и субкладах по данным проекта "1000 геномов". Как он считал - он сначала не показал, и просто опубликовал список "возрастов" по гаплогруппам. Три четверти из них совпадали с нашими датировками, опубликованными совместно с И.Л. Рожанским в нашей статье про Африку в *Advances in Anthropology* в мае этого года. Выкладки Понтикоса появились в июне-июле. Ссылки на нас он, понятное дело, не дал, но отметил, что считать по гаплотипам - это неправильно, надо считать по снипам. Я выступил на форуме RootsWeb, и задал ему вопрос - если он получает такие же цифры, как у нас, более того, подозрительно такие же, как он может говорить, что по снипам считать - правильно, а по гаплотипам - неправильно? Он стал скандалить, что это у нас неправильно, и стал приводить цифры по той четверти случаев, в чем у

нас разница. Там, где совпадало, он умолчал. Но это было неудивительно, его шулерскую натуру я уже знал.

Но произошла неожиданность - выступил другой человек, и сказал, что он использовал те же снипы из проекта "1000 геномов", и тот же в принципе метод расчета, и получил совершенно другие данные, чем у Понтикоса. В частности, как видно, Понтикос не делил полученные датировки на 2, хотя он получал не возрасты гаплогрупп, а РАССТОЯНИЯ между ними. Понтикос опять ретировался и замолчал. Тут уже вышел я и потребовал объяснений. Он же до того объявил, что мы считаем неправильно, а он - правильно. Мое требование пришлось повторять трижды, Понтикос молчал. Потом он вышел и повинулся, что на 2 он действительно не делил, но во всем виноват проект "1000 геномов", потому что они выдают неправильные данные, и вообще данных недостаточно для подобных замечательных расчетов, какие делает Понтикос. Короче, он дезавуирует, то есть снимает свои данные как действительно неправильные, потому что по снипам получается что угодно. Извинения мне он, конечно, не принес.

К чему я это все описываю? А для того, чтобы показать, что объявления и расчеты Понтикоса гроша ломаного не стоят. И это уже переходит в новое увлечение Понтикоса, под названием ADMIXTURE.

И вот началась эта следующая эпопея - Понтикос добрался до данных генома, и стал сравнивать сотни тысяч снипов по популяциям. Но как истый популяционный генетик по духу, он не понял всей сложности картины. Дело в том, что считают по геномам как мужчин, так и женщин, совместно, не разделяя. Все это образует, естественно, облака снипов, которые только условно могут быть приписаны конкретным регионам, и там они пересекаются, накладываются поперек регионов. Но Понтикос сразу же стал приписывать этим облакам этнические названия, чисто в популяционном духе. Более того, даже там, где он приписывал этим облакам (которые он усредняет до якобы точек) названия континентов, или популяциям континентов, эти названия настолько упрощены, что стали ошибочными. На форуме «Родство» гость уже сообщал, что у него 95.6% "польских снипов". То, что польские, литовские, белорусские, да и русские дают примерно такую же картину, он не знал. Иначе говоря, это почти все равно, что назвать "польской" гаплогруппу R1a, и продолжать писать, что у уйгуров, например, 30% польского генома. Что из этого получается - можно сказать коротко. Профанация.

Вот - конкретный пример, который имел место всего несколько дней назад. Мой знакомый ирландец, с которым у меня в печати находится статья про историю субклада M222 в Европе, выставил сообщение на RootsWeb с

недоуменным вопросом. Он скачал программу, которую составил Понтикос на своем сайте, вставил свои (и родителей) данные по геному, и с удивлением обнаружил, что он и его родители почти на 10% - американские индейцы. Он выставил свои данные и с удивлением заметил, что его родители и он сам - "коренные ирландцы" из Ирландии, и никаких индейцев у них в роду отродясь не было. Вот что он выставил:

Here are my parents and mine - all Irish from Ireland, NO ancestry from the Americas at all.

Me:

92.02% European
0.00% Asian
0.11% African
7.87% Amerindian

Father:

91.95% European
0.00% Asian
0.07% African
7.98% Amerindian

Mother:

92.13% European
0.00% Asian
0.00% African
7.87% Amerindian

Are your results similar or more Amerindian?

Paul

Поднялась дискуссия, в которой обнаружилось, что у всех заметное присутствие доли американских индейцев.

Некоторые подняли вопрос, что в программе что-то не так. Другие защищали, что раз Понтикос сказал, то так тому и быть (напоминаю - "доктор сказал в морг, значит в морг"), и стали придумывать гипотезы одни фантастичнее других, и абсурднее третьих.

А ларчик на самом деле просто открывался. Понтикос в своем популяционно-генетическом рвении, вместо того, чтобы обозначить определенные

закономерности цифрами или индексами, назвал их так, просто с потолка:

Four ancestral populations emerge at this level of resolution, which I have named: European, Asian, African, Amerindian. The names aren't important, and you can replace them with whatever you prefer.

<http://dienekes.blogspot.com/2012/10/admix...ndian-like.html>

Перевод: *четыре предковых популяции появились на этом уровне разрешения, которые я назвал: европейская, азиатская, африканская, америндская. Имена не важны, и вы можете заменить их какими хотите.*

Мой комментарий: если имена не важны, то какого дьявола их вообще называть так? Три дня эти чудачки на RootsWeb спорили о том, откуда у них в предках американские индейцы, а это вообще, судя по всему, сводная гаплогруппа Р. Она дала гаплогруппы Q, R --> R1 --> R1a + R1b, а ирландцы - это и есть гаплогруппа R1b на 90+%, и наш Paul - R1b-M222. Q ушла в Америку, и ее имеют многие американские индейцы. Вот и вся разгадка. Если геном имеет массу снипов от общего предка с шимпанзе 6 миллионов лет назад, то как же ему не иметь снипов от гаплогруппы Р, всего 40 тысяч лет назад? Они, эти снипы, и ушли как в Америку, к индейцам, так и в Ирландию, как и ко всем R1b, так и в Восточную Европу (и не только), ко всем R1a.

И действительно, у русских примерно столько же вклада "американских индейцев", о чем Понтикос старательно (и тупо) доложил:

Украинцы -	8.5% америндов
Поляки -	8.2% америндов
Литовцы -	9.1% америндов
Русские -	11.7% америндов
Славяне в целом -	9.1% америндов

Понтикос так и пишет: For example, HGDP Russians have 11.7% of Amerindian component. То есть то, что он это понятие «америнды» - он ввел число условно, он уже не вспоминает. Раз подхватили, зачем менять, не так ли?

Надеюсь, понятнее теперь, что эти цифры и этносы у Понтикоса на самом деле никакой смысловой нагрузки не несут?

Ущерность этого подхода, повторяю, и в том, что все эти облака усредняются до точки в каждом случае, и эти точки и приводятся с точностью до долей процента.

На самом деле эти данные, если их обрабатывать правильно, несут вполне ценную информацию. Обычно рассматривают сотни тысяч снипов у каждого человека, и они, ясное дело, есть объективная реальность. В эти снипы входят снипы и шимпанзе, точнее, общего предка шимпанзе и человека (но их осталось и в шимпанзе и в нас более 90%), и все снипы наших гаплогрупп и субкладов Y-хромосомы (которых у женщин нет, но все все равно усредняется между полами), и снипы наших отцов и матерей, что отражает причудливую картину их взаимного выбора, а поскольку часто мужчины в этносах выбирают женщин из того же этноса, и наоборот, то картины в целом по этносам расходятся. Примерно так: если взять группу русских (мужчин и женщин) и группу монголов-монголок, то у них будут - у тех и у других масса снипов шимпанзе, снипы альфа-гаплогруппы, снипы бета-гаплогруппы (пока все примерно одно и то же), но потом пошла разница - у монголов в немалой степени гаплогруппы C, Q, R1a у мужчин (R1a как древние, так и недавние вливания от России и СССР), и соответствующие мтДНК от женщин, которых у монголок весь иконостас, и у русских R1a, I1, I2, N1c1, и еще куча более минорных снипов, плюс гаплогруппа H (преимущественно) от женщин, плюс вся палитра других женских гаплогрупп, причем у русских это варьируется по всему горизонту. И вот эта чудовищная каша усредняется «попгенетиками» и «геногеографами» в одну точку!! И это называется "русский геном" и "могольский геном", и вот они-то сравниваются с точностью до долей процента.

Все это, конечно, полная чушь. Это я - о точке и о долях процента. На самом деле этот "русский геном" пересекается со всей восточной Европой, и его не в точку нужно стягивать, а найти другой характер представления. А именно, в виде соответствующих облаков, растянутых неравномерно в разные стороны.

Но и в этом случае различия все равно будут между русскими и монголами. Качественно и как-то полуколичественно его можно рассматривать, но не в виде профанации, как это делает Понтикос. Более того, это рассмотрение - если правильно - надо проводить не на выбранных маленьких фрагментах, а действительно по всему геному. На маленьких фрагментах будут вылезать отдельные особенности - то присущие в основном, например, гаплогруппам Y-I2 и мтДНК-H, то кому-то еще. И это еще будет зависеть от разрешения, которые и обозначают индексами K=4, K=8 и другими. То есть берут маленький фрагмент генома, да еще с малым (или бОльшим) разрешением, стягивают в точку, и все равно получают в целом ерунду. Но для коммерции годится. Годятся для коммерции и вот такие, в частности, "открытия" того же Понтикоса:

The interesting thing about this K=4 analysis is that European populations show evidence of Amerindian admixture, consistent with the pattern inferred using f-statistics, where European populations show admixture between Sardinians and a Karitiana-like population.

Как видим, Понтикос уже забыл, что названия им придуманы как попало, и уже придает им абсолютные значения. То есть пишет, что при разрешении K=4 европейская популяция показывает доказательство наличия американских индейцев, и европейцы же показывают смесь между "Сардинией" и "Каритиана".

Про Сардинию Понтикос уже вошел в состояние экзальтации. Он придает Сардинии некую пра-Европейскую значимость, на основании, конечно, этой ерунды с "геномом", который анализирует как хочет. Маленький пример - он трубил по всему свету, что Отци, "ледовый человек", имел геном "Сардинии". Однако, только что опубликована статья, что Отци - никакая не Сардиния, а типичная Центральная Европа. Ну, и что с "трубил по всему свету" делать будем?

Понтикос, с его страстным желанием сенсаций, каждый раз наступает на одни и те же грабли. Впрочем, фарс продолжается. Теперь тем же занялся некий Веренич, как рассказал нам на гость", а именно тоже насчитывает "польскую компоненту", пользуясь подходом своего гуру-Понтикоса.

Я не проводил детальный разбор все этих admixture подходов, всех этих K=4, K=7, K=12 и прочих, но беглое их рассмотрение показывает, что - как ни странно - картина в первую очередь диктуется мужскими гаплогруппами (Y хромосомы), а женские гаплогруппы (мтДНК) практически не имеют значения. На первый взгляд это абсурд, так как примерно половина участников в расчете этих admixtures - это женщины. У них мужской хромосомы нет. Но если подумать, то описанный феномен не исключен. Я уже об этом писал в свое время в Вестнике. Женские гаплогруппы хаотичны, они не образуют четкой картины, и они накладываются на значительно более упорядоченные мужские гаплогруппы. Более того, они часто образуют пары с мужскими гаплогруппами. В итоге имеем корреляции между частью мужских и женских гаплогрупп, и хаотичность женских у остальных. Женских гаплогрупп зачастую не видно, они прозрачны в своей размазанности, как прозрачен винт самолета при его вращении.

На эту мысль меня навело беглое рассмотрение картин мутаций в геноме при 50:50 наличии мужчин и женщин. Оказалось, что на вид эти

раскрашенные картинки геномов практически совпадают с картиной мужских гаплогрупп. У русских - половина одного цвета (это R), который одинаков с поляками, как и должно быть, и он совпадает с тремя четвертями у французов и 90% англичан и ирландцев, у которых столь и есть R. При том разрешении R1a и R1b не разделяются. Далее, у русских примерно 1/6 другого цвета, которого три четверти у финнов. Это, ясно, гаплогруппа N. Очень мало желтого цвета, который захлестывает монголов. Это - C или Q, надо разбираться. Совсем нет черного цвета, которого полно в Африке. Сейчас мы увидели (см. сообщение выше), что у ирландцев, русских и прочих европейцев около 10% чего-то, что доминирует у америндов. Это явно связано с гаплогруппой R или Q.

В общем, в этом нужно разбираться, и странно, что никто из тех, кто упражняется в admixture, это не заметил. Я призываю тех, кому это может быть интересно, заняться этими подходами, и посмотреть, насколько это действительно контролируется мужскими гаплогруппами. В принципе, данные по геному - объективные данные, дело в интерпретации.

Bugler:

Всё-таки хотелось бы понять, чем оперирует Понтикос. Вряд ли полным геномом. Всё-таки наверное ограниченным количеством локусов. Если да, то не понятно из каких мест генома они взяты. Входят ли в эти локусы SNP гаплогрупп?

Ответ получается такой: проанализированы геномы 934 человек из 53 групп. Выбраны 629433 сайтов (локусов), которые означены как уникальные и подтверждённые SNP (unique and validated SNPs).

Аналізу подвергаются аллели одинаковых SNP в каждой популяции. Применяются D- и F- статистики для нахождения корреляции между популяциями. Но основная цель таких расчётов объявлена как нахождение в каждой существующей популяции примесей от предковых популяций для определения генетической изменчивости и болезни. Основан такой подход на том, что даже в устоявшейся популяции, где доминируют определённые признаки, нет-нет, да проскальзывают редкие признаки исчезнувших предков. Всё это присуще больше расовым, метисным популяциям. В основе похоже лежит метод графов. А вот каким образом это может быть связано с ДНК-генеалогией - вопрос-вопросов. Если гаплогруппные SNP не входят в выбранные 629433, то наверное никак.

А. Клёсов:

Да, там много в чем надо разбираться, но от этого никуда не деться. Формируется новый и мощный подход в генетике, основанный на объективных данных по набору мутаций в хромосомах и во всем геноме. Вопрос - как эти данные трансформировать в хронологические показатели, причем выявить их отношение к регионам, древним миграциям, и провести параллели-корреляции с гаплогруппами- гаплотипами и их хронологией.

При этом либо наши данные нужно будет подправлять на основании полного (или частичного) генома, но в этом надо будет надежно убедиться (наука есть наука, и такая вероятность всегда есть), либо, напротив, геном полностью подтвердит наши подходы и данные. Тогда это будет сильным козырем, против которого не возразить. Если мы этого не сделаем, мы отстанем, чего допустить никак нельзя.

Проблема в том, что в это уже полезли попгенетики, и как им генетически присуще, начинают это дело бастардизировать, превращать в обычную для них свалку и помойку. Так что опять, к сожалению, прогрессивно формируется новое поле для схватки, для битвы, для борьбы науки с нахрапистым гаданием и жонглированием. Это у попгенетиков системное.

Поэтому принцип все тот же - если не мы, то кто же? Мы это видим в ДНК-генеалогии гаплотипов, придется увидеть и в ДНК-генеалогии генома. Это же та же ДНК-генеалогия.

Так что у меня призыв к коллегам, особенно к коллегам молодым (но не только) - засучить рукава и разобраться в новом направлении. Базы данных по геному прогрессивно растут, они доступны, программы по анализу этих данных уже есть и тоже их число нарастает. Надо понять суть всех этих K=4 и прочих, убрать эту этничность, с которой носятся попгенетики, забыть про все эти "польские компоненты", которые здесь ни к селу ни к городу и имеют плохой коммерческий привкус (или откровенное шарлатанство, чем сейчас и занимается Веренич, судя по описаниям канадского гостя), и посмотреть, насколько это привязывается к гаплогруппам и субкладам Y-хромосомы.

Дело не в том, входят ли в сотни тысяч снипов в данном подходе конкретные снипы гаплогрупп, как спрашивает уважаемый Bugler. Эти конкретные несколько снипов все равно растворятся в сотнях тысяч других. Дело в том, что эти несколько снипов гаплогруппы формируют те самые сотни тысяч анализируемых снипов, или десятки тысяч в них. Все это в

целом образует общую картину, в которой корни популяции давностью десятки тысяч лет тащат за собой всю картину, точнее, ее значительную часть, включая и женскую половину.

А женскую - потому, что мы женимся в основном не на негритянках и не на австралийских аборигенках, и не на монголках, поэтому их мутаций в нашем геноме мало. Иначе говоря, это не статистическая каша, а весьма структурированный набор снипов в геноме. Фон, естественно, есть, и сильный, от тех же предков с шимпанзе, но его либо отфильтровывают при анализе, либо учитывают другим образом.

Именно потому должна быть корреляция с гаплогруппами Y-хромосомы, или, если ее нет, то это надо четко показать. Думаю, что она будет. Вопрос, в какой степени.

Цитата(bugler @ 13.11.2012, 9:48) ↵

...основная цель таких расчётов объявлена как нахождение в каждой существующей популяции примесей от предковых популяций для определения генетической изменчивости и болезни. Основан такой подход на том, что даже в устоявшейся популяции, где доминируют определённые признаки, нет-нет, да проскальзывают редкие признаки исчезнувших предков. ... А вот каким образом это может быть связано с ДНК-генеалогией - вопрос-вопросов. Если гаплогруппные SNP не входят в выбранные 629433, то наверное никак.

А. Клёсов:

Да, это классическая цель популяционной генетики. К ДНК-генеалогии при такой постановке вопроса это не имеет отношения.

Классическая задача популяционной генетики - это нахождение связи (корреляции) между генотипом и фенотипом. Это опять не имеет отношение к ДНК-генеалогии. Поэтому я все время и повторяю, что поппгенетики лезут не в свое дело, причем при полном отсутствии знаний и квалификации в этом не своем деле.

Опять же классический вопрос поппгенетики - это выявление набора генов, являющихся причиной наследственных заболеваний. Опять к ДНК-генеалогии это не имеет отношения. Вопрос важный, и любимым объектом у поппгенетиков являются, например, евреи с их букетом характерных наследственных болезней. А у киргизов, например, их таких нет. Вот описание этого и есть поле поппгенетики. Оттого и их любимые графики F, в которых все гаплогруппы смешиваются в кучу, и вообще не рассматриваются. Потому что они в генетике (поппгенетике) не нужны.

Похоже, этот же подход сейчас используют при анализе генома. И слава Богу, пусть используют, в медицине это важно. Только это опять же не ДНК-генеалогия.

Но я о другом. Эти данные и коллективный анализ мутаций можно явно рассматривать и применять в ДНК-генеалогии. И это - очень интересное поле науки. Просто нужно по-другому смотреть на те же вещи.

Вот еще пример, в котором ясно проглядываются гаплогруппы. Это - из дискуссии на форуме RootWeb, в которой опять рассматривают мутации в геноме, но гаплогруппы не замечают:

Take a look at Dienekes' K12b spreadsheet:

- Atlantic-Mediterranean, which predominates among French Basques and Sardinians, is still quite high among French and British, and fairly high among Germans. It drops significantly among Poles, and becomes a small minority among Finns and Lithuanians.

- North European is nonexistent on Sardinia and a small minority in French Basque country, but increases as we move from France to Britain to Germany, reaching a considerable majority in Poland and predominance in Finland and Lithuania.

<https://docs.google.com/spreadsheet/ccc?key...Y3lTUVBaaFp0bC1zZlBDcTZEYlE>

То, что здесь называют "атлантик-средиземноморский" типаж, это явно в значительной степени гаплогруппа R1b. Этот геномный типаж доминирует у басков, сардинцев, французов и англичан, и довольно высок у немцев. Затем значительно падает у поляков, и становится совсем малым у литовцев и финнов. Именно так проявляется гаплогруппа R1b. Ну, и где здесь независимый вклад мтДНК, и в чем это выражается?

Далее, то, что называют "северно-европейский" геномный типаж, это явно в основном гаплогруппа N (N1c1), возможно, в комбинации с I1. Этот типаж отсутствует в Сардинии, его совсем немного у французских басков, увеличивается при движении от Франции в Британию и Германию, достигает значительных величин у поляков, и доминирует в Литве и Финляндии.

Ясно, что мужские гаплогруппы в целом могут определять картину снипмутаций в геноме, вопрос только, в какой степени и в каких ситуациях. Непредвзятые исследования это покажут.

А пока – вот что только что появилось в связи с новой системой тестирования Geno 2.0. Система исключительно маркертирована, и хочется надеяться, что-то хорошее принесет для идентификации снипов. И вот пошли первые результаты. Оказывается, в проект уже влезли "геногеографы" и началось то, о чем я писал выше. Они подразделили ожидаемые данные по регионам, и стали приписывать, кто к какому региону принадлежит, в процентах.

Вот, например, "портрет русского" по их данным:

На 51% "северные европейцы"
На 18% юго-западные азиаты
На 25% средиземноморцы
На 4% северо-восточные азиаты.

Кто-либо что понял?

Ну так вот, "портрет финна":

На 57% "северные европейцы"
На 17% юго-западные азиаты
На 17% средиземноморцы
На 7% северо-восточные азиаты.

Если не все еще поняли, то мы - это финны.

Откуда финны на 17% средиземноморцы - это тоже на трезвую голову не понять.

Немного проясняет вопрос то, что это все вычислялось по "референсной выборке" геномов из русских и финнов. Откуда эти "референсные выборки" геномов брались, например, у русских - тоже надо разбираться, как и с тем, сколько в этой "референсной выборке" было геномов. Не исключено, что было совсем немного, причем с финно-угорской территории где-нибудь севернее Пскова, где N1c1 более 30%.

Вспоминается, что на Форуме еще давно негодовали, что Балановские в качестве "русских" представили угро-финнов из какой-то "Калевалы", и

теперь это идет как "стандартная русская выборка". Если это действительно так, то пиши пропало. Никакие Geno 2.0 не помогут.

Попгенетика продолжает маршировать.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Part 46

Anatole A. Klyosov

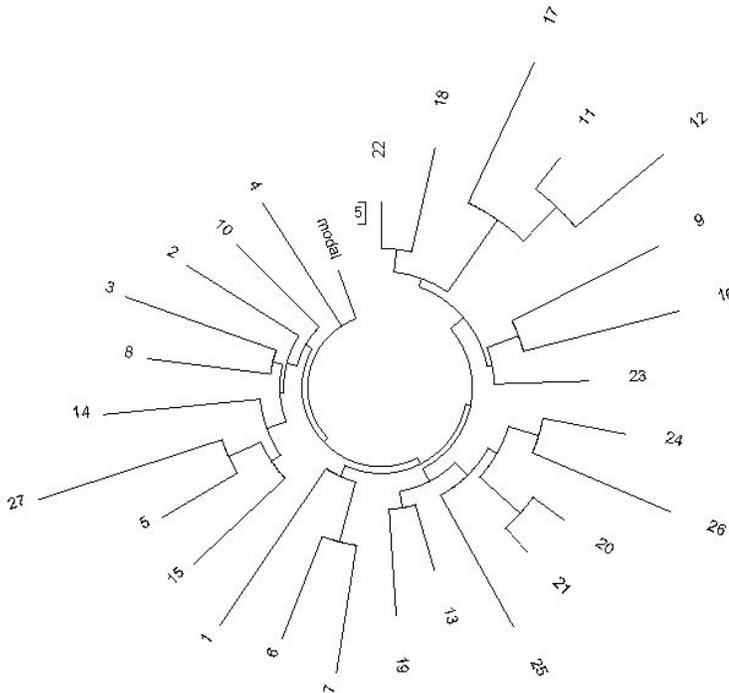
Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.
<http://aklyosov.home.comcast.net>

LETTER 156

I tested positive for SNP M417, Z280 and the new SNPs discovered L1280. I am very interested in understanding the SNP L1280 +, I hope in the future to find some information about this specific SNP. I am attaching a list of 27 of L1280 haplotypes in the 67 and/or 111 marker format, I was able to collect. Can you make sense of them? As I have read in some sources, L1280 belongs to "Southern Baltic" branch, "cluster M".

MY RESPONSE:

A haplotype tree of L1280 is attached.



The base (ancestral) haplotype of L1280 is as follows:

13 25 17 11 11 13 12 12 11 13 11 17 -- 15 9 10 11 11 14 24 20 33 **13 15 15 16** -- 11 12
19 23 16 16 17 19 35 38 **14 11** -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8
14 23 20 12 12 11 13 11 11 12 13 -- 33 15 9 15 13 27 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11
11 30 12 14 25 13 9 10 19 15 20 11 23 15 12 15 25 12 23 19 9 15 17 9 12 11

All 27 haplotypes in your list collectively have 263 mutations from the above base haplotype in the 67 marker format, which give $263/27/0.12 = 81 \rightarrow 89$ generations, or **2225±230** years from the common ancestor. All 9 haplotypes in the 111-marker format have 142 mutations, which gives $142/9/0.198 = 80 \rightarrow 87$ generations, or **2175±280** years from the common ancestor. As you see, these numbers are the same within the margin of error.

I do not know what can be a justification to call them "South Baltic" (see below), much less to call them by a vague name "cluster M", which is hard to tell anything about them. Instead of that, I can tell you that the subclade Z280-L1280 forms a rather close family with Z280-North Carpathian (2150±300 years) and Z280-North European (2600±350 years) branches. They all have characteristic **13 15 15 16** and **14 11** segments (see above), and similar timespans to their common ancestors. They all migrated at the end of the 1st millennium BC from the Russian Plain to the west, and some of them turned south to the Balkans. This is the history of your ancestors.

LETTER 157

I have received from one of the administrators of the "Y-DNA J Haplogroup Project" the calculations for the TMRCA related to the "J2a3* Cluster I", the cluster I was assigned to. Do you think that the calculation has been done in the correct way?

To have a distance of "only" 70 generations with one of our five haplotypes in the series (the third haplotype below; my haplotype is the first one) would be already an interesting results since I already know the ancient ancestry of that one haplotype.

It would be very useful for me to know your point of view on this issue before to go on with any further conclusion.

Italy 12 23 15 10 12 17 10 16 12 13 11 30 - 16 9 9 11 11 27 15 20 32 15-15-15-
16 - 18 11 10 19 21 15 14 15 18 33 37 11 9 - 11 7 14 15 8 12 10 8 11 10 12 17 17 13 11
12 12 13 8 13 22 21 13 12 11 14 12 12 12 11

Austria 13 23 15 10 13 15 10 15 12 12 11 29 - 15 9 9 11 11 27 15 20 28 14-16-16-16 - 10 10 19 21 15 14 15 18 35 40 11 9 - 11 7 15 15 8 10 10 8 11 10 12 15 17 13 11 12 12 14 8 12 21 21 14 12 11 14 11 12 12 11

Slovenia 13 23 15 10 13 15 10 15 12 12 11 29 - 15 9 9 11 11 27 15 20 29 14-16-16-16 - 10 10 19 21 15 14 15 18 35 40 11 9 -- 11 7 14 15 8 10 10 8 11 10 12 17 17 13 11 12 12 14 8 12 21 21 14 12 11 14 11 12 12 11

Germany 13 23 15 10 13 16 10 15 12 12 11 30 - 15 9 9 11 11 27 14 20 28 12-16-16-16 -- 10 10 19 21 18 14 15 16 37 38 11 9 - 11 7 14 15 8 10 10 8 11 10 12 17 17 14 11 12 12 14 8 13 21 21 15 12 11 15 11 12 12 11

MY RESPONSE:

It is unthinkable for you (the first haplotypes, Italy) and the Slovenian haplotype to have a distance of only 70 generations. I cannot imagine if someone could be serious about it. If you simply calculate a number of mutations between you two, you see that it equals to 26 mutatuons in the 67 marker haplotypes. It is a lot, and they include many principal mutations, including those in the slowest 39-67 marker panel. 26 mutations gives $26/0.12 = 217 \rightarrow 276$ generations, or 6900 years between two of you. It looks right, because there is plenty mutations between your two haplotypes.

It seems that your haplotype belong to a different cluster than the other three. All four of the haplotypes have a "common ancestor" some 3,000 ybp, however, it is a phantom "common ancestor", since you certainly belong to a different branch.

Regards,

LETTER 158

I am one of the R1a-Tenths (DYS388=10), and I follow your story on our group published, in particular, in *Advances of Anthropology* (2012) vol 2, No. 3, pp. 139-156. In this publication you have obtained that our common ancestor lived ~ 4575 years ago. Also, in that paper you have raised a question on technical (methodological) instability of the L664-, which was found in eight individuals of the Tenths group.

Indeed, recently I have asked FTDNA to check my SNP L664 test, because I could absolutely not understand why I was negative. Now I got a reply from FTDNA that they have found the mistake and they have corrected my profile to L664+.

In the meantime I have seen that also several other Tenth's who were first also negative for L664 have also changed in positive. From the original 8 negative L664 are now only two left. I expect them also to be L664 positive. So I think we can conclude now that SNP L664 is for 99,8% of the Tenth's is positive.

Now, I will switch to my main question. Some people at the "Genetic Genealogy Community" discussion forum think that the Tenth's are much older than what is so far calculated (maybe 10.000 years bp?). I also have the idea that the used calculation method gives not correct values for high values of the TMRCA.

I have seen that fast mutating markers play a much smaller role at high values of TMRCA than at low values. It looks like there is an extra force that keeps the value of the marker at mutations closer to the modal than you should expect from a random mutation of +/-1. Otherwise you should also expect that e.g. DYS CDYb should have a much wider range at high TMRCA.

Kind regards

MY RESPONSE:

Generally, all my calculations published earlier (briefly summarized in *Advances in Anthropology*) are correct. However, with more data at hand, there is a slight (maybe 15%) increase in the dating, from 4575 to 5000+ ybp (see below). The last figure published in AA states: The Tenth's, L6664+, ~ 4575 years to their common ancestor; and The Tenth's, North-West branch, ~ 4575 years to their common ancestor.

I will illustrate this statement below.

I understand that it is often tempting to reconsider the data, however, it should be done "professionally", not by vague references that "some people at the discussion forum think...". They can "think" whatever they want, however, where is the beef? Where are justified considerations, calculations, data analysis? For my rather long life in science I became totally immune to that kind of "some people think" things.

So, and what do they "think"? "...that the Tenth's are much older than what is so far calculated (maybe 10,000 years bp?)". Where did it come from? Any ground? None.

The same thing concerns the following:

"I also have the idea that the used calculation method gives not correct values for high values of the TMRCA"

Where this "idea" came from? On what ground? Specifically? All calculations are correct, however, more available haplotypes tune the figures up. This is never-ending process.

Also:

"I have seen that fast mutating markers play in ratio a much smaller role at high values of TMRCA than at low values".

The same things - what is "I have seen"? At which timespan?

A common answer is - at timespans more than 10-15-20 thousand years. However, for these timespans we have developed a different panel of markers, namely the 22-marker panel. I will show below how does it work with the Tenth's.

Also:

"It looks like there is an extra force that keeps the value of the marker at mutations closer to the modal than you should expect from a random mutation of +/-1".

Where on Earth this came from? What is "it looks like"? Is it a scientific language?

I will tell you that it can be observed at timespans more than 50 thousand years, sometimes more than 100 thousand years, and the 22-marker panel was developed to overcome it.

Please do not feel that I beat you too much. It is my duty as a scientist to insist on science, and not on some kind of "crystal balls", "he said, she said", and all kinds of "some people think". Please do not step into some rumors in the "Genetic Genealogy Community". They do not know how to calculate mutations and how to work with them.

Let me remind you how this ~ 4575 figure was obtained. The tree have separated all the Tenth's haplotypes into two branches, of 2125 and 2025 years "old", with a mutation difference between them (33 mutations in the 67 marker haplotypes) equivalent to 5000 years. Therefore, $(5000 + 2125 + 2025)/2 = 4575$ ybp. It was done with 285 haplotypes. Now the Tenth's list contains by 40 67-marker haplotypes more, and this allowed Martin Voorwinden, who has collected the haplotypes, to separate the dataset onto 6 groups, based on some characteristic alleles, in order to avoid the haplotype tree building. This is fine, as soon as the separation is accurate. I believe it is.

Now it is time to look at the data. There are many different ways to skin the cat, so let's take your approach in sorting out the data. They are still the same data.

Those six categories represent six main lineages, each one with the base haplotype, which Martin calls "modals". I do not call them "modals", since the term is damaged practically irreversibly by its reckless usage. In this particular case it does not matter. All six base haplotypes contain 68 mutations from their apparent overall base haplotype. It means that these 68 mutations separate the six base haplotypes from THEIR common ancestor, who lived by a certain timespan BELOW their average "age". $68/6/0.12 = 94 \rightarrow 104$ generations, or about 2600 years. To this figure we have to add the average "age" of all the six base haplotypes, which is equal to 2300 years. So we get $2600+2300 = 4900$ years to the common ancestor. It is pretty close to the ~4575 ybp (only 7% away), which is listed in the paper in Advances in Anthropology. In fact, it is within the margin of error of calculations.

Now, let's move to the 22 marker panel. It consists of the slowest markers, DYS 426, 388, 392, 455, 454, 438, 531, 578, 395S1a, 395S1b, 590, 641, 472, 425, 594, 436, 490, 450, 617, 568, 640, 492. Now, those six 22-marker base haplotypes contain only 8 mutations (one mutation in DYS395S1a, one in DYS594, one in DYS617, and 5 mutations in DYS492). This situation is very unusual, because DYS492 is slower than most of these markers. To see a jump in DYS492 by 2-3 mutations when all other are either 0-mutated or 1-mutated is weird. However, we have what we have. At any rate, since only 4 markers are mutated, and 18 did not mutate at all, we can say right away, that the Tenth's are a rather "young" group. It is about the same "age" as all other R1a populations. Forget about 10,000 years.

Anyway, since the mutation rate constant for the 22 marker panel is 0.006 per haplotype per 25 years (a "conditional generation"), we have $8/6/0.006 = 222$ generations. With such a timespan there is no correction for back mutations in the 22 marker panel, they are very seldom. So, $222 \times 25 = 5500$ years from the common ancestor.

This figure is in line with those for R1a-Z93 (5700 ybp), R1a-Z342.2 (4900 ybp), R1a-Z280 (4900 ybp), etc.

Now, a few more comments.

Since you have mentioned a possibility that the Tenth's belong to one of the oldest subclades of R1a1 in Europe, I can say, that the oldest R1a subclades in Europe arose around 11-10-9 thousand years ago. They have mainly vanished. The second "wave" of R1a that we see and which are survived, are around 6000-5000 ybp. The Tenth's belong to them. The third wave is around 4000-3000 ybp, then 3000-2000 ybp, then 2000-1500 ybp.

This is described in the last paper in *Advances in Anthropology*.

Now, regarding "the idea" that the fast mutating markers are hindering the calculation method at high values of the TMRCA. The idea is very old, however, it was always a fuzzy one. Nobody has ever been specific, what is "high values of the TMRCA". In science, you have to be specific.

I have done a number of studies, and found that when fast (multi-copy markers, first of all) markers are removed, the results are the same in most cases. Yes, when you go down for, say, 50,000 years, fast markers produces too many back mutations. However, how many people calculate at 50,000 ybp timespans? People love to "theoretize" without considering any specific case.

Best regards,